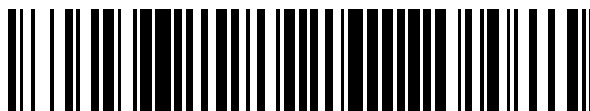


19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 750 007**

51 Int. Cl.:

C12N 15/113 (2010.01)

C12N 15/82 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

86 Fecha de presentación y número de la solicitud internacional: **27.10.2011 PCT/EP2011/068910**

87 Fecha y número de publicación internacional: **03.05.2012 WO12055982**

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **27.10.2011 E 11776169 (2)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **31.07.2019 EP 2633048**

54 Título: **Regulación descendente de la expresión génica en plagas de insectos**

30 Prioridad:

27.10.2010 US 407212 P

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

24.03.2020

73 Titular/es:

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

72 Inventor/es:

**BOGAERT, THIERRY;
RAEMAEKERS, ROMAAN y
NAUDET, YANN**

74 Agente/Representante:

LEHMANN NOVO, María Isabel

Observaciones:

Véase nota informativa (Remarks, Remarques o Bemerkungen) en el folleto original publicado por la Oficina Europea de Patentes

ES 2 750 007 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 descendente de la expresión génica en plagas de insectos

Campo de la invención

5 La presente invención se refiere, en general, al control genético de infestación por parte de especies de plagas de insectos, particularmente a la prevención y/o el control de infestación por parte de plagas de plantas. Más específicamente, la invención se refiere a la regulación descendente de la expresión de genes diana en especies de plagas de insectos por parte de moléculas de ácido ribonucleico (ARN) interferente. También se proporcionan plantas transgénicas que (i) expresan o son capaces de expresar ARN interferentes de la invención y (ii) son resistentes a la infestación por parte de especies de plagas de insectos. También se describen composiciones que
10 contienen las moléculas de ARN interferente de la invención para su uso en aplicaciones tópicos en plantas o en el entorno que las rodea.

Antecedentes de la invención

15 Existe abundancia de especies de plagas de insectos que pueden infectar o infestar una amplia variedad de entornos y organismos hospedadores. Plagas de insectos incluyen una diversidad de especies de los Órdenes de insectos *Hemiptera* (insectos verdaderos), *Coleoptera* (escarabajos), *Siphonaptera* (pulgas), *Dichyoptera* (cucarachas y mantis), *Lepidoptera* (polillas y mariposas), *Orthoptera* Orthoptera (p. ej., saltamontes) y *Diptera* (moscas verdaderas). 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 las cosechas de las plantas. Una amplia gama de diferentes tipos
20 de plantas son susceptibles a la infestación por parte de plagas, incluyendo cultivos comerciales tales como arroz, algodón, soja, patata y maíz.

25 Tradicionalmente, la infestación con plagas de insectos se ha prevenido o controlado mediante el uso de plaguicidas químicos. Sin embargo, estos productos 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. A lo largo de 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 la bacteria *Bacillus thuringiensis* que expresan de forma natural proteínas tóxicas para las plagas de insectos. Los científicos también han aislado los genes que codifican estas proteínas insecticidas y los han utilizado para generar cultivos transgénicos resistentes a las plagas de insectos, p. ej., plantas de maíz y algodón genéticamente modificadas para producir proteínas de la familia Cry.
30

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 otros enfoques más específicos para el control de plagas y, en particular, para ARN interferente o el "silenciamiento génico" como un medio para controlar las plagas a nivel genético.

35 La interferencia de ARN o 'ARNi' es un proceso mediante el cual la expresión de genes en el contexto de una célula u organismo entero es regulado de forma descendente de una manera específica para la secuencia. La ARNi actualmente es una técnica bien establecida en la técnica de inhibición o regulación descendente 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 descendente de genes diana en especies de plagas de insectos puede utilizarse como medio para controlar la infestación por parte de plagas.
40

45 El documento WO2007/074405 describe métodos para inhibir la expresión de genes diana en plagas de invertebrados, incluido el escarabajo de la patata de Colorado. El documento WO2005/110068 describe métodos para inhibir la expresión de genes diana en plagas de invertebrados, incluyendo en particular el gusano de la raíz del maíz occidental como un medio para controlar la infestación de insectos. Además, el documento WO2009/091864 describe composiciones y métodos para la supresión de genes diana de especies de plagas de insectos, incluidas las plagas del género *Lygus*.

50 Si bien el uso de ARNi para regular de forma descendente 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 descendente 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

55 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 ARNi para regular de forma descendente 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.

5 Se ha encontrado ahora que la regulación descendente mediada por ARNi de genes diana específicos, individualmente o en combinación, dentro de especies de plagas de insectos puede usarse como un medio eficaz para controlar la infestación de plagas.

En una realización, la presente invención se refiere a un ácido ribonucleico interferente (ARN o ARN de doble cadena) que inhibe o regula de forma descendente la expresión de un gen diana que codifica una proteína ribosomal de insectos L19 (p. ej., un ortólogo de insectos de la proteína CG2746 Dm).

10 Por lo tanto, de acuerdo con un primer aspecto de la invención, se proporciona un ácido ribonucleico interferente (ARN o ARN de doble cadena) que funciona tras la absorción por una especie de plagas de insectos para regular de forma descendente la expresión de un gen diana en dicha plaga de insectos, en donde el gen diana

1. (i) se selecciona del grupo de genes que tienen una secuencia de nucleótidos que comprende cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152, o que tienen una secuencia de nucleótidos que, cuando las dos secuencias se alinean y comparan óptimamente, es al menos 85%, 90%, 95%, 98% o 99% idénticos a cualquiera de las SEQ ID NO 277, 138, 253, 152 o
- 15 2. (ii) es un ortólogo de plagas de insectos de un gen que tiene una secuencia de nucleótidos que comprende cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152, en donde los dos genes ortólogos son similares en secuencia en tal grado que cuando los dos genes son alineados y comparados de manera óptima, el ortólogo tiene una secuencia que es al menos 85%, 90%, 95%, 98% o 99% idéntica a cualquiera de las secuencias representadas por las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152;
- 20

en donde dicho ARN interferente comprende al menos un elemento silenciador, en el que el elemento silenciador es una región de ARN de doble cadena que comprende cadenas complementarias reasociadas, una de las cuales comprende una secuencia de al menos 21 nucleótidos que es complementaria a una secuencia de nucleótidos diana dentro dicho gen diana.

25 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 de silenciamiento del ARN interferente, que comprende una cadena de ARN codificante hibridada mediante formación de pares de bases complementarias a una cadena de ARN no codificante, donde la cadena 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.

30 En una realización, la presente invención se refiere a una molécula de ARN interferente que comprende al menos una región de doble cadena, típicamente el elemento de silenciamiento de la molécula de ARN interferente, que comprende una cadena de ARN sentido reasociada por apareamiento de bases complementaria a una cadena de ARN antisentido, en donde la cadena sentido de la molécula de ARNdc comprende una secuencia de al menos 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 35, 40, 45, 50, 55, 60, 70, 80, 90, 100, 110, 125, 150, 175, 200, 225, 250, 300, 350, 35 400, 450, 500, 550, 600, 700, 800, 900, 1000, 1100 o 1115 nucleótidos contiguos, es decir, al menos 85%, 90%, 95%, 98%, 99% o 100% complementarios a una secuencia de nucleótidos ubicados dentro del transcrito de ARN de un gen diana que codifica una proteína ribosómica de insecto L19 (p. ej., un ortólogo de insecto de la proteína CG2746 Dm).

40 De acuerdo con un segundo aspecto de la invención, se proporciona un polinucleótido aislado seleccionado del grupo que consiste en:

1. (i) un polinucleótido que comprende al menos 21, preferiblemente al menos 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 35, 40, 45, 50, 55, 60, 70, 80, 90, 100, 110, 125, 150, 175, 200, 225, 250, 300, 350, 400, 450, 500, 550, 600, 700, 800, 900, 1000, 1100 o 1115 nucleótidos contiguos de una secuencia de nucleótidos representada por cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152 o
- 45 2. (ii) un polinucleótido que consiste en al menos 21, preferiblemente al menos 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 35, 40, 45, 50, 55, 60, 70, 80, 90, 100, 110, 125, 150, 175, 200, 225, 250, 300, 350, 400, 450, 500, 550, 600, 700, 800, 900, 1000, 1100 o 1115 nucleótidos contiguos de una secuencia de nucleótidos representada por cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152 o
- 50 3. (iii) un polinucleótido que comprende al menos 21, preferiblemente al menos 22, 23 o 24, 25, 26, 27, 28, 29, 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 representado en cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152, que, cuando las dos secuencias están óptimamente alineadas y comparadas, dicho polinucleótido es al menos 85%, 90%, 95%, 98% o 99% idéntico a cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152 o

4. (iv) un polinucleótido que comprende un fragmento de al menos 21, preferiblemente al menos 22, 23 o 24, 25, 26, 27, 28, 29, 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 un nucleótido representado en cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152, y en el que dicho fragmento o dicho complemento tiene una secuencia de nucleótidos que, cuando dicho fragmento se alinea de manera óptima y se compara con el fragmento correspondiente en cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152, dicha secuencia de nucleótidos es al menos 85%, 90%, 95%, 98% o 99% idéntica a dicho fragmento correspondiente de cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152 o
5. (v) un polinucleótido que consiste en un fragmento de al menos 21, preferiblemente al menos 22, 23 o 24, 25, 26, 27, 28, 29, 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 un nucleótido representado en cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152, y en el que dicho fragmento o dicho complemento tiene una secuencia de nucleótidos que, cuando dicho fragmento se alinea de manera óptima y se compara con el fragmento correspondiente en cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152, dicha secuencia de nucleótidos es al menos 85%, 90%, 95%, 98% o 99% idéntica a dicho fragmento correspondiente de cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152

y

en donde dicho polinucleótido no tiene más de 10000, 9000, 8000, 7000, 6000, 5000, 4000, 3000, 2000 o 1500 nucleótidos.

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 de doble cadena que comprende una cadena de ARN sentido reasociada por apareamiento de bases complementarias a una cadena de ARN antisentido, en donde la cadena sentido de la molécula de ARNdc comprende una secuencia de nucleótidos complementaria a una secuencia de nucleótidos ubicada dentro del transcrito de ARN del gen diana. Más particularmente, el polinucleótido aislado se clona en una construcción de ADN en una orientación sentido y antisentido, de modo que tras la transcripción del polinucleótido sentido y antisentido se forma una molécula de ARNdc, que funciona tras la absorción por una plaga para inhibir o regular de forma descendente la expresión de un gen diana dentro de dicha plaga.

En una realización, la presente invención se refiere a un polinucleótido aislado que se clona en una construcción de ADN en una orientación sentido y antisentido, de modo que tras la transcripción del polinucleótido sentido y antisentido se forma una molécula de ARNdc, que funciona tras la absorción por un insecto para inhibir o regular de forma descendente la expresión de un gen diana que codifica una proteína ribosómica de insecto L19 (p. ej., un ortólogo de insecto de la proteína CG2746 Dm).

De acuerdo con un tercer aspecto de la invención, se proporciona una composición para prevenir y/o controlar la infestación por plagas de insectos que comprende al menos un ácido ribonucleico (ARN) interferente y al menos un soporte, excipiente o diluyente, en donde el ARN interferente funciona tras la absorción por la plaga para regular de forma descendente la expresión de un gen diana dentro de dicha plaga, en donde el gen diana

1. (i) se selecciona del grupo de genes que tienen una secuencia de nucleótidos que comprende cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152, o que tienen una secuencia de nucleótidos que, cuando las dos secuencias se alinean y comparan óptimamente, es al menos 85%, 90%, 95%, 98% o 99% idénticos a cualquiera de las SEQ ID NO 277, 138, 253, 152 o
2. (ii) es un ortólogo de plagas de insectos de un gen que tiene una secuencia de nucleótidos que comprende cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152, en donde los dos genes ortólogos son similares en secuencia en tal grado que cuando los dos genes son alineados y comparados de manera óptima, el ortólogo tiene una secuencia que es al menos 85%, 90%, 95%, 98% o 99% idéntica a cualquiera de las secuencias representadas por las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152.

De acuerdo con un cuarto aspecto de la invención, se proporciona un método para la expresión de regulación de forma descendente de un gen diana en una especie de plaga de insectos, que comprende poner en contacto dicha especie de plaga de insectos con una cantidad eficaz de al menos un ácido ribonucleico (ARN) interferente o una cantidad efectiva de una composición que comprende al menos un ácido ribonucleico (ARN) interferente y al menos un soporte, excipiente o diluyente adecuado, en donde el ARN interferente funciona tras ser absorbido por la plaga para regular de forma descendente la expresión de un gen diana dentro de dicha plaga, y en donde el gen diana

1. (i) se selecciona del grupo de genes que tienen una secuencia de nucleótidos que comprende cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152, o que tienen una secuencia de nucleótidos que, cuando las dos secuencias se alinean y comparan óptimamente, es al menos 85%, 90%, 95%, 98% o 99% idénticos a cualquiera de las SEQ ID NO 277, 138, 253, 152 o

2. (ii) es un ortólogo de plagas de insectos de un gen que tiene una secuencia de nucleótidos que comprende cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152, en donde los dos genes ortólogos son similares en secuencia en tal grado que cuando los dos genes son alineados y comparados de manera óptima, el ortólogo tiene una secuencia que es al menos 85%, 90%, 95%, 98% o 99% idéntica a cualquiera de las secuencias representadas por las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152.

Preferiblemente, el método de la invención encuentra aplicación práctica en la prevención y/o el control de la infestación por plagas de insectos, en particular, el control de la infestación por plagas de plantas de cultivo, tales como, pero no limitadas a arroz, algodón, fresas, cultivos de semillas tales como alfalfa, soja, patata, tomate, canola, girasol, sorgo, mijo perla, maíz, berenjena, pimienta y tabaco. Además, el ARN interferente de la invención puede introducirse en las plantas a proteger mediante técnicas de ingeniería genética de rutina.

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

1. (a) transformar una célula vegetal con una construcción de ADN que comprende una secuencia polinucleotídica que codifica un ácido ribonucleico (ARN) interferente que funciona tras la captación por parte de una especie de plaga de insectos regulando por disminución la expresión de un gen diana en dicha especie de plaga de insectos, donde el gen diana
 1. (i) se selecciona del grupo de genes que tienen una secuencia de nucleótidos que comprende cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152, o que tienen una secuencia de nucleótidos que, cuando las dos secuencias se alinean y comparan óptimamente, es al menos 85%, 90%, 95%, 98% o 99% idénticos a cualquiera de las SEQ ID NO 277, 138, 253, 152 o
 2. (ii) es un ortólogo de plagas de insectos de un gen que tiene una secuencia de nucleótidos que comprende cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152, en donde los dos genes ortólogos son similares en secuencia en tal grado que cuando los dos genes son alineados y comparados de manera óptima, el ortólogo tiene una secuencia que es al menos 85%, 90%, 95%, 98% o 99% idéntica a cualquiera de las secuencias representadas por las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152;
2. (b) regenerar una planta a partir de la célula vegetal transformada; y
3. (c) cultivar la planta transformada en condiciones adecuadas para la expresión del ARN interferente de la construcción de ADN recombinante, siendo dicha planta, por tanto, resistente a dicha plaga en comparación con una planta sin transformar.

De acuerdo con un sexto aspecto de la invención, se proporciona una planta transgénica, o material de reproducción o propagación para una planta transgénica o una célula vegetal transgénica cultivada, que expresa o es capaz de expresar al menos un ácido ribonucleico (ARN) interferente que funciona tras la absorción por una especie de plaga de insectos para regular de forma descendente la expresión de un gen diana dentro de dicha plaga, en donde el gen diana

1. (i) se selecciona del grupo de genes que tienen una secuencia de nucleótidos que comprende cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152, o que tienen una secuencia de nucleótidos que, cuando las dos secuencias se alinean y comparan óptimamente, es al menos 85%, 90%, 95%, 98% o 99% idénticos a cualquiera de las SEQ ID NO 277, 138, 253, 152
2. (ii) es un ortólogo de plagas de insectos de un gen que tiene una secuencia de nucleótidos que comprende cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152, en donde los dos genes ortólogos son similares en secuencia en tal grado que cuando los dos genes son alineados y comparados de manera óptima, el ortólogo tiene una secuencia que es al menos 85%, 90%, 95%, 98% o 99% idéntica a cualquiera de las secuencias representadas por las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152.

En una realización, la presente invención se refiere a una planta transgénica o célula vegetal que comprende un ácido nucleico (ARN o ARN de doble cadena) interferente que es al menos 85%, 90%, 95%, 98%, 99% o 100% complementario a una parte de al menos 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 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 o la totalidad de un ARNm que codifica una proteína ribosómica de insecto L19 (p. ej., un ortólogo de insecto de la proteína CG2746 Dm) y en donde el ácido nucleico interferente inhibe o interfiere con la traducción de dicho ARNm y en donde la planta o célula vegetal es resistente al insecto en comparación con una planta no transformada.

Breve descripción de las Tablas y las Figuras

Tabla 1 Secuencias de polinucleótidos de genes diana identificados en *Leptinotarsa decemlineata* (escarabajo de la patata de Colorado, CPB).

Tabla 2 Secuencias de aminoácidos de genes diana identificados en *Leptinotarsa decemlineata* (escarabajo de la patata de Colorado, CPB).

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

Tabla 4 Secuencias de aminoácidos de genes diana identificados en *Lygus hesperus*.

5 **Tabla 5** ARNdc's (cadena sentido representada por una secuencia de ADN equivalente) correspondiente a genes diana de *Leptinotarsa decemlineata*.

Tabla 6 ARNdc's (cadena sentido representada por una secuencia de ADN equivalente) correspondiente a genes diana de *Lygus hesperus*.

10 **Tabla 7** Efectos de los ARNdc's derivados de diferentes genes diana en el tiempo necesario para matar el 50% (LT₅₀) de las larvas de CPB, expresados como relaciones frente al efecto de un ARNdc derivado del gen diana Ld248 de referencia (SEQ ID NO 40).

Tabla 8 Efectos de los ARNdc's derivados de diferentes genes diana en el tiempo necesario para matar el 50% (LT₅₀) de adultos de CPB, expresados como relaciones frente al efecto de un ARNdc derivado del gen diana Ld248 de referencia (SEQ ID NO 40).

15 **Tabla 9** Efectos de los ARNdc's derivados de diferentes genes diana en la producción de huevos de CPB. Abreviaturas: EM, masas de huevo normales; SE, huevos individuales; YS, mancha amarilla; ninguno, sin huevos.

20 **Tabla 10** Análisis de supervivencia de ARNdc's diana frente a ARNdc's de GFP en presencia de ARNt en un ensayo de alimentación de ninfas de *Lygus hesperus*. El test de Log-rank utilizado para someter a ensayo las diferencias entre las curvas de supervivencia del ARNdc diana (o solo la dieta) y el ARNdc de la GFP generado utilizando estimaciones de Kaplan-Meier.

Tabla 11 Clasificación de diferentes genes diana de acuerdo con la potencia.

25 **Tabla 12** Comparación de curvas de supervivencia de dianas de ensayo a 0,1, 0,05 o 0,025 µg/µL con ARNdc de la GFP a 0,1 µg/µL. Las estadísticas se realizaron sobre los datos representados gráficamente en la Figura 5. *** valor P ≤ 0,001; ** 0,001 < valor P ≤ 0,01; * 0,01 < valor P ≤ 0,05; ns: no significativo, valor P > 0,05.

Tabla 13 Dianas de *Lygus* para los que se clonaron ADNcs de longitud completa.

Tabla 14 Secuencias de polinucleótidos de longitud completa de genes diana identificados en *Lygus hesperus*.

30 **Tabla 15** Secuencias de aminoácidos correspondientes a ADNcs de longitud completa de genes diana identificados en *Lygus hesperus*.

35 **Figura 1** Efectos de ARNdc's derivados de diferentes genes diana sobre la supervivencia y la aptitud de adultos de CPB. Para cada uno de los genes diana investigados, 10 escarabajos adultos jóvenes fueron alimentados individualmente con discos de hoja de patata tratados con ARNdc diana (un total de 10 µg de ARNdc) durante las primeras 24 horas y luego se colocaron juntos en el follaje de patata no tratado. Los números de insectos muertos o moribundos se evaluaron a lo largo de un período de 14 días. Los datos se presentan como porcentaje de mortalidad o morbilidad. ARNdc de la GFP (SEQ ID NO 245) se utilizó como control. ARNbc de Ld105 (SEQ ID NO 39), ARNbc de Ld248 (SEQ ID NO 40), ARNbc de Ld516 (SEQ ID NO 29), ARNbc de Ld511 (SEQ ID NO 36), ARNbc de Ld512 (SEQ ID NO 37), ARNbc de Ld513 (SEQ ID NO 22), ARNbc de Ld520 (SEQ ID NO 24), ARNbc de Ld537 (SEQ ID NO 25), ARNbc de Ld563 (SEQ ID NO 38), ARNbc de Ld579 (SEQ ID NO 30).

40 **Figura 2** Curvas de supervivencia para ninfas de *Lygus hesperus* expuestas a 0,5 µg/µL de ARNdc diana en presencia de 5 µg/µL de ARNt de levadura en un ensayo de alimentación. (a) Dianas Lh520 (SEQ ID NO 143), Lh423 (SEQ ID NO 152), Lh537 (SEQ ID NO 144), (b) : Dianas Lh504,2 (SEQ ID NO 142), Lh512 (SEQ ID NO 153), Lh334 (SEQ ID NO 145), (c) : Dianas Lh300,1 (SEQ ID NO 151), Lh327 (SEQ ID NO 146), Lh332 (SEQ ID NO 148), (d) : Lh237 (SEQ ID NO 149), Lh579 (SEQ ID NO 147), Lh261 (SEQ ID NO 150), Lh513 (SEQ ID NO 141). ARNbc de GFP más ARNt de levadura a las mismas concentraciones, respectivamente, y tratamientos de dieta solamente se utilizaron como controles. Ninfas jóvenes fueron expuestas cada una a 25 µL de una dieta de sacarosa al 15% con o sin componentes de ensayo incorporados durante tres días antes de transferirlas a una dieta Bioserv de 50 µL. La dieta compleja se actualizó el día 7. Para todos los tratamientos, n = 24.

45

50

Figura 3 Curvas de supervivencia para ninfas de *Lygus hesperus* expuestas a 0,5 µg/µL de ARNdc diana en presencia de 5 µg/µL de ARNt de levadura en un ensayo de alimentación., en donde las dianas se agrupan en A, B, C, D de acuerdo con la potencia. Configuración descrita como en la Figura 2.

5 **Figura 4** Curvas de supervivencia a lo largo del tiempo de ninfas de *Lygus hesperus* expuestas a concentraciones más bajas (de 0,5 a 0,1 µg/µL) de ARNdc diana nuevo en presencia de ARN de transferencia de levadura (5 µg/µL) en bioensayos de alimentación. Cada uno de los tratamiento en un bioensayo consistía en 24 ninfas de un día de edad colocadas individualmente en cada uno de los pocillos de una placa de 24 pocillos. Cada una de las ninfas se expuso a una bolsita de parafilm que contenía los ácidos ribonucleicos en una solución de sacarosa al 15% durante un tiempo de 3 días. En los días 3 y 7, las dietas fueron reemplazadas por una dieta reciente de cría (Bioserv). Los siguientes controles se incluyeron en los ensayos: ARNdc de la GFP y dieta solamente.

10 **Figura 5** Curvas de supervivencia a lo largo del tiempo de ninfas de *Lygus hesperus* expuestas a concentraciones más bajas (de 0,1 a 0,025 µg/µL) de ARNdc diana nuevo en presencia de ARN de transferencia de levadura (5 µg/µL) en bioensayos de alimentación. Configuración descrita de manera similar en la Figura 4.

15 **Figura 6** Curvas de supervivencia a lo largo del tiempo de ninfas de *Lygus hesperus* expuestas a 0,5 µg/µL de ARNdc diana en presencia de ARN de transferencia de levadura (5 µg/µL) en bioensayos de alimentación. ARNdc diana sometido a ensayo: Lh105,2 (SEQ ID NO 254), Lh248,2 (SEQ ID NO 255), Lh248,3 (SEQ ID NO 256), Lh327 (SEQ ID NO 146) y Lh300 (SEQ ID NO 151) Configuración descrita de manera similar en la Figura 4.

20 **Figura 7** Representación esquemática del vector de expresión de plantas que alberga el casete ARNhp de *Lygus hesperus*. RB: límite derecho; LB: límite izquierdo; P35S: Promotor 35S del Virus del Mosaico de la Coliflor; T35S: terminador de 35S del virus del mosaico de la coliflor; TNOS: terminador de la nopalina sintasa; GFP: gen indicador fluorescente verde; NPT II: secuencia codificante del gen de la neomicina fosfotransferasa II; KmR: gen de resistencia a kanamicina; pBR322 ori: origen de replicación de pBR322; pBR322 bom: movilización de pBR322; pVS1 rep: replicón de pVS1; pVS1 sta: elemento de estabilidad de pVS1.

25 **Figura 8:** Configuración de ensayo de patata *Lygus in planta* Las flechas blancas indican los daños por los insectos.

30 **Figura 9** Ensayos de alimentación de *Lygus* en patatas transgénicas, que expresan la horquilla Lh423. Tasa de supervivencia de ninfas de *Lygus* que se alimentan de patatas transgénicas que llevan la horquilla Lh423 (P006/XX) o una horquilla GUS (P001/XX). Patatas de tipo salvaje (WT) también se utilizaron como control.

35 **Figura 10** Ensayos de alimentación de *Lygus* en patatas transgénicas positivas, que expresan la horquilla Lh423. Tasa de supervivencia de ninfas de *Lygus* que se alimentan de patatas transgénicas que llevan la horquilla Lh423 (P006/59, P006/29 y P006/22) o una horquilla GUS (P001/19, P001/28). Patatas de tipo salvaje (WT) también se utilizaron como control. Resultados del análisis estadístico, basados en el análisis de curva de supervivencia GraphPad. ***= P < 0,001; *= 0,01 < P < 0,05.

Descripción detallada de la invención

40 Los autores de la presente invención han descubierto que la regulación descendente de la expresión de genes diana particulares en especies de plagas de insectos mediante ARNi puede utilizarse para prevenir y/o controlar de modo eficaz la infestación por parte de dichas plagas de insectos. Como se utiliza en esta memoria, el término "control" de la infestación de plagas se refiere a cualquier efecto sobre una plaga que sirva para limitar y/o reducir el número de organismos de la plaga y/o el daño provocado 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 descendente de estos genes esenciales mediante técnicas de ARNi puede conducir a 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.

45 Por lo tanto, en un primer aspecto, la invención proporciona un ácido ribonucleico (ARN o ARN de doble cadena) interferente que funciona tras la absorción por una especie de plagas de insectos para regular de forma descendente la expresión de un gen diana en dicha plaga de insectos.

50 Como se utiliza en esta memoria, un "gen diana" comprende cualquier gen en la plaga de insectos que se tiene la intención de regular de forma descendente. En una realización preferida, el gen diana se regula de forma descendente con el fin de controlar la infestación por parte de la plaga, por ejemplo, alterando un proceso biológico esencial de la plaga, o disminuyendo la patogenicidad de la plaga. Genes diana preferidos incluyen, por lo tanto, aunque sin limitación, aquellos que juegan papeles 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 de forma descendente o se inhibe, la plaga de insectos muere. De acuerdo con una realización, el gen diana es tal que cuando su expresión está regulada de forma descendente o es inhibida, se previene el crecimiento de la plaga o se retarda o atrofia o retrasa o impide la reproducción de la plaga. De acuerdo con otra realización de la invención, el gen diana es tal que cuando su expresión se regula de forma descendente 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. Los términos "infestar" e "infectar" o "infestación" e "infección" generalmente se utilizan indistintamente en todas partes.
- 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.
- En aspectos específicos, la presente divulgación proporciona genes diana que codifican proteínas implicadas en la función de un proteasoma (subunidad o partícula reguladora), proteína ribosomal, el transporte intracelular de proteínas, vesícula COPI (complejo de coen proteína), el proceso de modificación de proteínas, actividad del activador del citoesqueleto, ATPasa o GTPasa (especificado en las Tablas 7 y 8).
- En realizaciones preferidas, la presente invención proporciona genes diana seleccionados del grupo de genes que tienen una secuencia de nucleótidos que comprende cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152, o que tiene una secuencia de nucleótidos que, cuando las dos secuencias están óptimamente alineado y se comparan, es al menos 85%, 90%, 95%, 98% o 99% idéntico a cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152, o que tiene una secuencia de nucleótidos que consiste en cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152, o que tienen una secuencia de nucleótidos que comprende un fragmento de al menos 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 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 cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152, o gen que es un ortólogo de plaga de insectos de un gen que tiene una secuencia de nucleótidos que comprende cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152, en donde los dos genes ortólogos son similares en secuencia en un grado tal que cuando los dos genes están óptimamente alineados, y se comparan, el ortólogo tiene una secuencia que es al menos 85%, 90%, 95%, 98% o 99% idéntica a cualquiera de las secuencias representadas por las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152; y en donde la secuencia de nucleótidos de dicho gen no es más larga que 5000, 4000, 3000, 2000 o 1500 nucleótidos.
- Como se utiliza en esta memoria, la expresión "identidad de secuencia" se utiliza para describir la relación de secuencia entre dos o más secuencias de nucleótidos o aminoácidos. El porcentaje de "identidad de secuencia" entre dos secuencias se determina comparando dos secuencias alineadas óptimamente a lo largo de una ventana de comparación (un número definido de posiciones), en el que la porción de la secuencia en la ventana de comparación puede comprender adiciones o deleciones (es decir, huecos) en comparación con la secuencia de referencia para lograr un alineamiento óptimo. El porcentaje de identidad de secuencia se calcula determinando el número de posiciones en las que aparece una base de nucleótido o un residuo de aminoácido idéntico en ambas secuencias para producir el número de posiciones 'emparejadas', dividiendo el número de posiciones emparejadas por el número total de posiciones en la ventana de comparación, y multiplicando el resultado por 100. Para la comparación de dos secuencias alineadas de manera óptima, la ventana de comparación estará determinada por la longitud total de las regiones alineadas. 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.
- Una persona experta en la técnica reconocerá que pueden ser identificados homólogos u ortólogos (homólogos existentes en diferentes especies) de los genes diana representados por cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152. Estos homólogos y/u ortólogos de plagas también están dentro del alcance de la presente invención. Homólogos y/u ortólogos preferidos son genes de secuencia similar en un grado tal que cuando los dos genes están óptimamente alineados y son comparados, el homólogo y/u ortólogo tiene una secuencia que es al menos 85%, más preferiblemente al menos 90% o 95 %, y lo más preferiblemente al menos aproximadamente 99% idéntico a cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152.
- Otros homólogos son genes que son alelos de un gen que comprende una secuencia como la representada por cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152. Homólogos preferidos son genes que comprende al menos un polimorfismo de un solo nucleótido (SNP) en comparación con un gen que comprende una secuencia representada por cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152.
- El 'ácido ribonucleico (ARN) interferente' de la presente invención abarca cualquier tipo de molécula de ARN capaz de regular de forma descendente o 'silenciar' la expresión de un gen diana, incluyendo, pero no limitado a detectar ARN sentido, ARN antisentido, ARN interferente corto (ARNic), microARN (ARNmi), ARN de doble cadena (ARNdc), ARN de horquilla corto (ARNsh) y similares. Métodos para evaluar moléculas funcionales de ARN interferente son bien conocidos en la técnica y se describen en otras partes de esta memoria.

Las moléculas de ARN interferente de la presente invención efectúan la regulación de forma descendente específica de las secuencias de la expresión de un gen diana mediante la unión a una secuencia de nucleótidos diana dentro del gen diana. La unión se produce como resultado del apareamiento de pares de bases entre regiones complementarias del ARN interferente y la secuencia de nucleótidos diana. Como se utiliza en esta memoria, la expresión "elemento silenciador" se refiere a la porción o región del ARN interferente que comprende o que consiste en una secuencia de nucleótidos que es complementaria, o al menos parcialmente complementaria, a una secuencia de nucleótidos diana dentro del gen diana, y que funciona como la porción activa del ARN interferente para dirigir la regulación de forma descendente 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 21 nucleótidos contiguos, incluso más preferiblemente de al menos 22, 23, 24 o 25 nucleótidos contiguos complementarios a una secuencia de nucleótidos diana dentro del gen diana.

Como se utiliza en esta memoria, "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 de forma descendente' se refiere a cualquiera de los métodos conocidos en la técnica mediante los cuales las moléculas de ARN interferente reducen el nivel de transcripciones de ARN primario, ARNm o proteína producida a partir de un gen diana. En ciertas realizaciones, la regulación de forma descendente 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 de forma descendente 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 (p. ej., análisis por RT-PCR cuantitativa), análisis de micromatrices, unión de anticuerpos, ensayo inmunoabsorbente ligado a enzimas (ELISA) y transferencia Western. En otra realización de la invención, la regulación de forma descendente 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 de forma descendente puede medirse, por tanto, mediante análisis fenotípico de la plaga de insectos utilizando técnicas de rutina en la técnica.

En una realización preferida de la invención, el ARN interferente regula de forma descendente la expresión de genes por interferencia de ARN o ARNi. El ARNi es un proceso de regulación génica específica de secuencia típicamente mediada por moléculas de ARN de doble cadena tales como ARNs interferentes pequeños (ARNip). Los ARNip comprenden una cadena de ARN codificante reasociada por apareamiento de bases complementarias con una cadena de ARN no codificante. La cadena sentido o 'cadena guía' de la molécula de ARNip comprende una secuencia de nucleótidos complementaria a una secuencia de nucleótidos localizados dentro del transcrito de ARN del gen diana. La cadena codificante del ARNip es capaz, por lo tanto, de hibridar con el transcrito de ARN mediante apareamiento de pares de bases de Watson-Crick y de fijar como objetivo el ARN para su degradación dentro de un complejo celular conocido como el complejo del silenciamiento inducido por ARNi 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 esta memoria puede ser una región de doble cadena que comprende cadenas complementarias reasociadas, de las cuales al menos una cadena 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 de doble cadena tiene una longitud de al menos 21, 22, 23, 24, 25, 30, 35, 40, 50, 55, 60, 70, 80, 90, 100, 125, 150, 175, 200 pares de bases.

También se contemplan dentro del alcance de la presente invención moléculas de ARN de doble cadena (ARNdc) más largas que comprenden uno o más elementos silenciadores de doble cadena funcionales como se describe en otras partes en esta memoria y capaces de lograr el silenciamiento de genes mediado por ARNi. Dichas moléculas de ARNdc más largas comprenden al menos 80, 200, 300, 350, 400, 450, 500, 550, 600, 700, 800, 900, 1000 o 1100 pares de bases. Estas moléculas de ARNdc 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 ARNdc 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 ARNdc 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 ARNdc más largo. El ARNdc puede estar formado por dos cadenas de ARN (codificante y no codificante) separadas que hibridan en virtud de la formación de pares bases complementarios. Alternativamente, el ARNdc puede ser una cadena sencilla que es capaz de plegarse sobre sí mismo para formar un ARN de horquilla corto (ARNsh) o una estructura de tallo-bucle. En el caso de un ARNsh, la región de doble cadena o 'tallo' se forma a partir de dos regiones o segmentos del ARN que son repeticiones esencialmente invertidas entre sí y poseen una complementariedad suficiente para permitir la formación de una región de doble cadena. Uno o más elementos

silenciadores de doble cadena funcionales pueden estar presentes en esta 'región de tallo' de la molécula. Las regiones de repetición invertidas están típicamente separadas por 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 auto-apareamiento entre las regiones complementarias flanqueadoras del ARN. En general, la región de bucle es básicamente de cadena sencilla y actúa como un elemento separador entre las repeticiones invertidas.

Todas las moléculas de ARN interferente de la invención producen la regulación de forma descendente 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. 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, en donde el fragmento es preferiblemente de al menos 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 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 o 1100 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 21, preferiblemente al menos 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 35, 40, 45, 50, 55, 60, 70, 80, 90, 100, 110, 125, 150, 175, 200, 225, 250, 300, 350, 400, 450, 500, 550, 600, 700, 800, 900, 1000, 1100 o 1115 nucleótidos contiguos de una secuencia de nucleótidos representada por cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152 o (ii) un polinucleótido que consiste en al menos 21, preferiblemente al menos 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 35, 40, 45, 50, 55, 60, 70, 80, 90, 100, 110, 125, 150, 175, 200, 225, 250, 300, 350, 400, 450, 500, 550, 600, 700, 800, 900, 1000, 1100 o 1115 nucleótidos contiguos de una secuencia de nucleótidos representada por cualquiera de SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152,

o (iii) un polinucleótido que comprende al menos 21, preferiblemente al menos 22, 23 o 24, 25, 26, 27, 28, 29, 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 como se representa en cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152, que, cuando las dos secuencias se alinean y comparan óptimamente, dicho polinucleótido es al menos 85%, 90%, 95%, 98% o 99% idéntico a cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152 o (iv) un polinucleótido que comprende un fragmento de al menos 21, preferiblemente al menos 22, 23 o 24, 25, 26, 27, 28, 29, 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 un nucleótido como se representa en cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152, y en donde dicho fragmento o dicho complemento tiene una secuencia de nucleótidos que, cuando dicho fragmento es óptimamente alineado y comparado con el fragmento correspondiente en cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152, dicha secuencia de nucleótidos es al menos 85%, 90%, 95%, 98% o 99% idéntica a dicho fragmento correspondiente de cualquiera de SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152. . En una realización más preferida de lo anterior, dicho polinucleótido no es más largo que 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 de doble cadena, típicamente el elemento silenciador del ARN interferente, que comprende una cadena de ARN sentido reasociada mediante apareamiento de pares de bases antisentido a una cadena de ARN no codificante, en donde la cadena codificante de la molécula de ARNdc comprende una secuencia de nucleótidos complementaria a una secuencia de nucleótidos ubicada dentro del transcrito de ARN del gen diana.

El elemento silenciador, o al menos una cadena del mismo, en donde el elemento silenciador es de doble cadena, puede ser totalmente complementario o parcialmente complementario a la secuencia de nucleótidos diana del gen diana. Como se utiliza en esta memoria, 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 menos del 100% de coincidencia 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 erróneos con respecto a la secuencia diana pueden seguir siendo eficaces para la ARNi. 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 de forma descendente 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 21, preferiblemente al menos 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 35, 40, 45, 50, 55, 60, 70, 80, 90, 100, 110, 125, 150, 175, 200, 225, 250, 300, 350, 400, 450, 500, 550, 600, 700, 800, 900, 1000, 1100 o 1115 nucleótidos contiguos de una secuencia de nucleótidos representada por cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152, o (ii) a polinucleótido que comprende al menos 21, preferiblemente al menos 22, 23 o 24, 25, 26, 27, 28, 29, 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 como se representa en cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152, que, cuando las dos secuencias se alinean y comparan de manera óptima, dicho polinucleótido es al menos 85%, 90%, 95%, 98% o 99% idéntico a cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152, en donde 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 de doble cadena que comprende cadenas complementarias reasociadas, de las cuales una cadena, la cadena 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 ubicarse dentro de la 5'UTR o 3'UTR del gen objetivo o del transcrito de ARN o dentro de las 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 que fijan como objetivo 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 *in silico*, 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, en donde cada 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 y que funciona tras la captación por parte de una especie de plaga de insectos regulando por disminución la expresión de dicho gen diana. Construcciones de ARN concatémico de este tipo se describen en el documento WO2006/046148 como se incorpora en esta memoria como referencia. 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 copias múltiples 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 de forma descendente 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 encuentran 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 en el que el gen diana se selecciona del grupo de genes que tienen una secuencia de nucleótidos que comprende cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152, o que tienen una secuencia de nucleótidos que, cuando las dos secuencias se alinean y comparan de manera óptima, es al menos 85%, 90%, 95%, 98% o 99% idéntico a cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152, o (ii) es un ortólogo de plaga de insectos de un gen que tiene una secuencia de nucleótidos que comprende cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152, en donde los dos genes ortólogos son similares en secuencia en tal grado que cuando los dos genes se alinean y comparan de

manera óptima, el ortólogo tiene una secuencia que es al menos 85%, 90%, 95%, 98% o 99% idéntica a cualquiera de las secuencias representadas por SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152. Preferiblemente, la secuencia de nucleótidos del gen diana no es más larga de 5000, 4000, 3000, 2000 o 1500 nucleótidos.

5 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 de manera diferencial en las diferentes etapas del ciclo de vida del insecto, por ejemplo, las fases de adulto maduro, larva inmadura y huevo. El ARN interferente de la invención puede utilizarse, por lo tanto, para prevenir y/o controlar la infestación de plagas de insectos en más de una fase del ciclo de vida del insecto.

10 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.

15 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.

25 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. Estructuras para potenciar la estabilidad de moléculas de ARN son bien conocidas en la técnica y se describen adicionalmente en el documento WO2006/046148.

35 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 descendente de genes diana dentro de la plaga como se describe en otras partes de esta memoria. 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 ARNi. La longitud también puede determinarse por el método de producción y la formulación para la liberación del ARN interferente a células. Preferiblemente, el ARN interferente de la presente invención será entre 21 y 10.000 nucleótidos de longitud, preferiblemente entre 50 y 5000 nucleótidos o entre 100 y 2500 nucleótidos, más preferiblemente entre 80 y 2000 nucleótidos de longitud.

45 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 esta memoria se proporciona un polinucleótido aislado que codifica cualquiera de los ARN interferentes de la presente invención.

50 También se proporciona en esta memoria un polinucleótido aislado seleccionado del grupo que consiste en (i) un polinucleótido que comprende al menos 21, preferiblemente al menos 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 35, 40, 45, 50, 55, 60, 70, 80, 90, 100, 110, 125, 150, 175, 200, 225, 250, 300, 350, 400, 450, 500, 550, 600, 700, 800, 900, 1000, 1100 o 1115 nucleótidos contiguos de una secuencia de nucleótidos representada por cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152, o (ii) un polinucleótido que consiste en al menos 21, preferiblemente al menos 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 35, 40, 45, 50, 55, 60, 70, 80, 90, 100, 110, 125, 150, 175, 200, 225, 250, 300, 350, 400, 450, 500, 550, 600, 700, 800, 900, 1000, 1100 o 1115 nucleótidos contiguos de una secuencia de nucleótidos representada por cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152, o (iii) un polinucleótido que comprende al menos 21, preferiblemente al menos 22, 23 o 24, 25, 26, 27, 28, 29, 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 tal como se representa en cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152, que, cuando dos secuencias están alineadas y comparadas de manera óptima, dicho polinucleótido es al

menos 85%, 90%, 95%, 98% o 99% idéntico a cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152, y en donde dicho polinucleótido no es más largo que 10000, 9000, 8000, 7000, 6000, 5000, 4000, 3000, 2000 o 1500 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 de doble cadena que comprende una cadena de ARN codificante hibridada por apareamiento de pares de bases complementarias a una cadena de ARN no codificante, en donde la cadena codificante de la molécula de ARNdc comprende una secuencia de nucleótidos complementaria a una secuencia de nucleótidos ubicada dentro del transcrito de ARN del gen diana. La cadena codificante del ARNdc, por lo tanto, es capaz de reasociarse con el transcrito de ARN y de fijar como objetivo el ARN para su degradación dentro del complejo silenciador inducido por ARNi o RISC.
- Los polinucleótidos de la invención pueden insertarse mediante técnicas de clonación molecular de rutina en vectores o construcciones de ADN conocidos en la técnica. Por lo tanto, de acuerdo con una realización, se proporciona una construcción de ADN que comprende cualquiera de los polinucleótidos de la presente invención. Preferiblemente, en esta memoria se proporciona una construcción de ADN que comprende un polinucleótido que codifica cualquiera de los ARNs interferentes de la presente invención. La construcción de ADN puede ser un vector de ADN recombinante, por ejemplo, un vector o plásmido bacteriano 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 secuencia reguladora capaz de dirigir la expresión de la secuencia polinucleotídica. La expresión 'secuencia reguladora' debe tomarse en un contexto amplio y pretende referirse a cualquier secuencia de nucleótidos capaz de efectuar la expresión de polinucleótidos a los que está operativamente unida, incluidos, pero no limitados a promotores, potenciadores y otros elementos activadores transcripcionales de origen natural o sintéticos. La secuencia reguladora puede ubicarse en el extremo 5' o 3' de la secuencia de polinucleótidos. La expresión 'operativamente unido' se refiere a un enlace funcional entre la secuencia reguladora y la secuencia polinucleotídica, de modo que la secuencia reguladora impulsa la expresión del polinucleótido. Los elementos unidos de forma funcional pueden ser contiguos o no contiguos.
- Preferiblemente, la secuencia reguladora es un promotor que se selecciona del grupo que comprende, aunque sin limitación, promotores constitutivos, promotores inducibles, promotores específicos de tejido y promotores específicos de etapa de crecimiento/desarrollo. En una realización, el polinucleótido se coloca bajo el control de un promotor constitutivo fuerte tal como cualquiera seleccionado del grupo que comprende el promotor CaMV35S, promotor CaMV35S doble, promotor de ubiquitina, promotor de actina, promotor de rubisco, promotor GOS2, promotor 34S del virus del mosaico de la escrofularia. En otra realización, la secuencia reguladora es un promotor de plantas para su uso en la regulación de la expresión del polinucleótido en plantas. Los promotores de plantas, en particular, los promotores específicos de tejido vegetal abarcados por el alcance de la presente invención se describen más detalladamente en otras partes de esta memoria.
- Opcionalmente, una o más secuencias de terminación de transcripción pueden incorporarse en la construcción de expresión de la invención. La expresión 'secuencia de terminación de la transcripción' abarca una secuencia de control al final de una unidad transcripcional, que señala la terminación de la transcripción, el procesamiento 3' y la poli-adenilación de una transcripción primaria. Secuencias reguladoras adicionales incluyen, pero no se limitan a 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 ARNs 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 comprende el mismo con componentes libres de células; o (ii) introducir (p. ej., por transformación, transfección o inyección) un polinucleótido que codifica dicho ARN interferente o una construcción de ADN que comprende el mismo en una célula. Por consiguiente, también se proporciona en esta memoria una célula huésped que comprende cualquiera de los ARNs interferentes de la presente invención, cualquiera de los polinucleótidos de la presente invención o una construcción de ADN que comprende los mismos. 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 se puede elegir del grupo que comprende, pero no se limita a, células Gram positivas y Gram negativas que comprenden *Escherichia* spp. (p. ej., *E. coli*), *Bacillus* spp. (p. ej., *B. thuringiensis*), *Rhizobium* spp., *Lactobacillus* spp., *Lactococcus* spp., *Pseudomonas* spp. and *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.
- La construcción de ADN de la invención puede incluir, además, un origen de replicación que se requiere para el mantenimiento y/o la replicación en un tipo de célula específica o célula hospedadora. Un ejemplo es cuando se requiere que una construcción de expresión se mantenga en una célula bacteriana como elemento genético

extracromosómico o episómico (p. ej., un plásmido o molécula de cósmido) en una célula. Orígenes preferidos de replicación incluyen, pero no se limitan a f1-ori, pBR322 ori (pMB1) y colE1 ori.

La construcción recombinante puede comprender opcionalmente un gen marcador seleccionable. Como se utiliza en esta memoria, la expresión 'gen marcador seleccionable' incluye cualquier gen, que confiere un fenotipo en una célula en la que se expresa para facilitar la identificación y/o selección de células, que se transfectan o transforman con una construcción de expresión de la invención. Ejemplos de marcadores seleccionables adecuados incluyen genes de resistencia contra ampicilina (Ampr), tetraciclina (Tcr), kanamicina (Kanr), fosfotricina y cloranfenicol (CAT). Otros genes marcadores adecuados proporcionan un rasgo metabólico, por ejemplo manA. También pueden utilizarse genes marcadores visuales e incluyen, por ejemplo, beta-glucuronidasa (GUS), luciferasa y proteína verde fluorescente (GFP).

En situaciones en donde el ARN interferente se expresa dentro de una célula hospedadora y/o se utiliza para prevenir y/o controlar la infestación de plagas de un organismo hospedador, se prefiere que el ARN interferente no presente efectos significativos 'desviados', es decir, el ARN interferente no afecta la expresión de 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.

Cualquiera de las moléculas de ARN interferente o construcciones de ADN que codifican la molécula de ARN interferente o las células hospedadoras que comprenden la molécula de ARN interferente tal como se describe en esta memoria pueden utilizarse para la prevención y/o el control de la infestación de plagas de insectos. Como tal, las construcciones de ARNs interferentes o de ADN o las células hospedadoras que las comprenden pueden denominarse plaguicidas o insecticidas. Preferiblemente, las moléculas de ARN interferentes y/o construcciones de ADN o células hospedadoras de la presente invención se utilizan para tratar plantas como un medio para prevenir y/o controlar la infestación de plagas de las mismas. En particular, las moléculas de ARN interferente y/o las construcciones de ADN o las células hospedadoras pueden proporcionarse como un kit con el fin de prevenir y/o controlar la infestación de plagas, preferiblemente la infestación de plagas de plantas.

Además, de acuerdo con otro aspecto de la invención, se proporciona en esta memoria una composición para prevenir y/o controlar la infestación por plagas de insectos que comprende al menos un ácido ribonucleico (ARN) interferente y al menos un soporte, excipiente o diluyente adecuado, en donde el ARN interferente funciona tras la absorción por la plaga para regular de forma descendente la expresión de un gen diana dentro de dicha plaga. El ARN interferente puede ser cualquiera de los divulgados en otra parte en esta memoria. Preferiblemente, el ARN interferente comprende o consiste en al menos un elemento silenciador y dicho elemento silenciador es una región de ARN de doble cadena que comprende cadenas complementarias reasociadas, una cadena de las cuales (la cadena sentido) 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 tal como se describe en otra parte de esta memoria, incluidos, pero no limitados a genes implicados en la regulación de la supervivencia, crecimiento, desarrollo, reproducción y patogenicidad de plagas. Como alternativa, la composición comprende al menos una célula hospedadora que comprende al menos una molécula de ARN interferente o construcción de ADN que la codifica y, opcionalmente, al menos un soporte, excipiente o diluyente adecuado, en donde 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 puede utilizarse para prevenir y/o controlar cualquier plaga de insectos pertenecientes a los órdenes *Coleoptera*, *Lepidoptera*, *Diptera*, *Dichoptera*, *Orthoptera*, *Hemiptera* y *Siphonaptera*. La composición, por lo tanto, puede estar en cualquier forma adecuada para su aplicación a plagas de insectos o para su aplicación a sustratos y/u organismos, en particular plagas, susceptibles a infestación por dicha plaga de insectos. En una realización, la composición es para su uso en la prevención y/o control de infestación por parte de plagas de plantas o material de propagación o reproductor de plantas y, por tanto, está dirigida a especies de plagas de insectos que infestan plantas. La composición de la presente invención es particularmente efectiva cuando la plaga de insectos pertenece a la categoría de insectos 'masticadores' que causan daños considerables a las plantas al comer tejidos vegetales tales como raíces, hojas, flores, brotes, ramitas y similares. Ejemplos de esta gran categoría de insectos incluye escarabajos y sus larvas. En una realización preferida de la invención, la plaga de insectos se selecciona del género *Leptinotarsa*. Más preferiblemente, la especie diana de plaga de insectos es *Leptinotarsa decemlineata*.

La composición de la presente invención también es eficaz contra especies de insectos que perforan y/o chupan los fluidos de las células y tejidos de plantas. Por lo tanto, en una realización preferida de la invención, la plaga de insectos se selecciona del género *Lygus*. Preferiblemente, la especie de plaga de insectos diana se selecciona del

grupo que comprende *Lygus adspersus*, *Lygus alashanensis*, *Lygus borealis*, *Lygus elisus*, *Lygus gemellatus*, *Lygus hesperus*, *Lygus lineolaris* o *Lygus rugulipennis*. Más preferiblemente, la especie diana de plaga de insectos es *Lygus hesperus*. La composición de la invención puede utilizarse para controlar plagas de insectos en todas las etapas de su ciclo vital, por ejemplo, la etapa de adulto maduro, la etapa larvaria y la de huevo.

5 En el contexto de la composición de la invención, el ARN interferente puede producirse a partir de una construcción de ADN, en particular una construcción de expresión como se describe en otra parte en esta memoria, que comprende un polinucleótido que la codifica. Además, el ARN interferente puede producirse dentro de una célula u organismo hospedador diseñado para expresar dicho ARN interferente a partir de un polinucleótido que lo codifica. Organismos hospedadores adecuados para su uso en las composiciones de la presente invención incluyen, pero no se limitan a microorganismos que se sabe que colonizan el entorno en y/o alrededor de plantas o cultivos de interés, es decir, plantas o cultivos susceptibles a la infestación por especies de plagas de insectos. Dichos microorganismos incluyen, aunque sin limitación, aquellos que ocupan el filopiano (la superficie de las hojas de la planta) y/o la rizosfera (el suelo que rodea las raíces de la planta). Estos microorganismos se seleccionan para que puedan competir satisfactoriamente con cualquier organismo de tipo silvestre presente en el entorno de la planta. 10 Microorganismos adecuados para su uso como hospedadores incluyen diversas especies de bacterias, algas y hongos. Queda claro que los microorganismos elegidos no deben ser tóxicos para las plantas. 15

Los organismos hospedadores que no colonizan de forma natural las plantas y/o su entorno también están dentro del alcance de la presente invención. En una realización, el ARN interferente se fermenta en un hospedador bacteriano, y las bacterias muertas resultantes se procesan y utilizan como un aerosol insecticida de la misma manera que las cepas de *Bacillus thuringiensis* se han usado como insecticida para una aplicación de aerosol. 20

Cuando la composición de la invención es para su uso en la prevención y/o control de la infestación por parte de plagas de una planta, la composición puede contener un soporte agrónomicamente adecuado. Dicho soporte puede ser cualquier material que la planta a tratar pueda tolerar, que no cause daños excesivos al medio ambiente u otros organismos del mismo y que permita que el ARN interferente permanezca eficaz contra la especie de insecto que es plaga. En particular, las composiciones de la invención pueden formularse para su suministro a plantas de acuerdo con prácticas agrícolas rutinarias usadas en la industria de bioinsecticidas. La composición puede contener además componentes que pueden realizar otras funciones incluyendo, aunque sin limitación, (i) potenciar o promover la captación del ARN interferente por las células de la plaga y (ii) estabilizar los componentes activos de la composición. Ejemplos específicos de dichos componentes adicionales contenidos en la composición que comprende el ARN interferente, son ARNt de levadura o ARN total de levadura. 25 30

Las composiciones pueden formularse para aplicación directa o como una concentración de una composición principal que requiere dilución antes de su uso. Como alternativa, la composición puede suministrarse 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 vehículo adecuado para el ARN o la célula hospedadora en un recipiente diferente. En la aplicación práctica de la invención, la composición puede aplicarse a una planta o cualquier parte de una planta en cualquier fase 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 de plantas en un campo. En una realización adicional, la composición se aplica a las semillas de una planta mientras están en almacenamiento o una vez se han sembrado en el suelo. Generalmente es importante obtener un buen control de las plagas en las primeras etapas de crecimiento de la planta, ya que ese es el momento en que la planta puede verse más gravemente dañada por las especies que son plagas. 35 40

La composición puede aplicarse al entorno de una plaga de insectos por diversas técnicas incluyendo, aunque sin limitación, pulverización, atomizado, espolvoreo, dispersión, inundación, recubrimiento de semillas, tratamiento de semillas, introducción en el suelo e introducción en el agua de riego. En el tratamiento de plantas susceptibles a infestación por parte de plagas, la composición puede suministrarse a la planta o parte de una planta antes de que aparezca la plaga (con fines de prevención), o una vez han empezado a aparecer signos de infestación por parte de la plaga (con fines de control de plagas). 45

En una realización adicional de la invención, la composición se formula para que contenga al menos un agente agrónomico adicional, por ejemplo, un herbicida o un plaguicida adicional. Como se utiliza en esta memoria, un 'segundo plaguicida' o 'plaguicida adicional' se refiere a un plaguicida distinto de la primera molécula de ARN interferente original de la composición. Como alternativa, la composición de la invención puede suministrarse en combinación con al menos otro agente agrónomico, por ejemplo, un herbicida o un segundo plaguicida. En una realización, la composición se proporciona en combinación con un herbicida seleccionado de cualquiera conocido en la técnica, por ejemplo, glifosato, imidazolinona, sulfonilurea y bromoxinil. En una realización adicional, la composición se proporciona en combinación con al menos un plaguicida adicional. El plaguicida adicional puede seleccionarse de cualquier plaguicida conocido en la técnica y/o puede comprender un ácido ribonucleico interferente que funcione, tras la captación por una plaga, regulando por disminución la expresión de un gen diana en dicha especie que es plaga. En una realización, la plaga diana es una especie de insecto que es plaga y el ARN interferente se selecciona de cualquiera de los ARN interferentes como se describe en este documento. En una realización adicional, el plaguicida adicional comprende un ARN interferente que funciona regulando por disminución la expresión de un gen conocido en cualquier especie diana que sea plaga, sin limitarse a plagas de insectos. La 50 55 60

molécula de ARN interferente original de la composición y el segundo plaguicida o plaguicidas adicionales puede tener como diana la misma especie de insecto que es plaga o pueden estar destinados a tener como diana diferentes especies de insectos que son plaga. Por ejemplo, el ARN interferente original y el segundo plaguicida puede tener como diana diferentes especies de plagas de insectos o puede tener como diana diferentes familias o clases de organismos que son plaga, por ejemplo, hongos o nematodos o insectos. Será evidente para los expertos en la materia la manera en que ensayar combinaciones de moléculas de ARN interferente y otros agentes agronómicos para obtener efectos sinérgicos. En una realización preferida, la composición contiene una primera molécula de ARN interferente descrita en otra parte en este documento y uno o más plaguicidas adicionales, cada uno tóxico para la misma plaga de insectos, donde el uno o más plaguicidas adicionales se seleccionan 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 donde la proteína insecticida de *Bacillus thuringiensis* se selecciona 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 de CryET33 y CryET34, CryET80 y CryET76, TIC100 y TIC101, y PS149B1, y quimeras insecticidas de cualquiera de las proteínas insecticidas precedentes.

Los diferentes componentes de las combinaciones descritas en este documento pueden administrarse, por ejemplo, a un organismo hospedador susceptible a infestación por plagas, en cualquier orden. Los componentes pueden suministrarse simultánea o secuencialmente al área u organismo a tratar.

De acuerdo con un aspecto adicional de la presente invención, se proporciona en esta memoria un método para la expresión de regulación descendente de un gen diana en una especie de plaga de insectos, que comprende poner en contacto dicha especie de plaga de insectos con una cantidad eficaz de al menos un ácido ribonucleico (ARN) interferente, en donde el ARN interferente funciona tras ser absorbido por la plaga para regular de forma descendente la expresión de un gen diana dentro de dicha plaga.

El gen diana puede ser cualquiera de los genes de plagas tal como se describe en otra parte en esta memoria. En particular, el gen diana se puede seleccionar del grupo de genes que tienen una secuencia de nucleótidos que comprende cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152, o que tienen una secuencia de nucleótidos que, cuando las dos secuencias se alinean y comparan óptimamente, es al menos 85%, 90%, 95%, 98% o 99% idénticos a cualquiera de las SEQ ID NO 277, 138, 253, 152.

El gen diana puede ser también un ortólogo de plagas de insectos de un gen que tiene una secuencia de nucleótidos que comprende cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152, en donde los dos genes ortólogos son similares en secuencia en tal grado que cuando los dos genes son alineados y comparados de manera óptima, el ortólogo tiene una secuencia que es al menos 85%, 90%, 95%, 98% o 99% idéntica a cualquiera de las secuencias representadas por las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152. Preferiblemente, la secuencia de nucleótidos de dicho gen diana no es más larga de 5000, 4000, 3000, 2000 o 1500 nucleótidos.

El ARN interferente para su uso en el presente método puede ser cualquiera de las moléculas de ARN interferente tal como se describe en otra parte en esta memoria. En una realización, el ARN interferente media en la regulación descendente de la expresión génica mediante el proceso de interferencia de ARN o ARNi, y el ARN interferente se selecciona del grupo de moléculas reguladoras de ARN capaces de efectuar ARNi o 'silenciamiento génico' que incluye, pero no se limita a ARNs interferentes cortos (ARNip), microARN (miARN), ARN de doble cadena (ARNdc) y ARN en horquilla (ARNsh).

En realizaciones preferidas, las moléculas de ARN interferente para uso en el presente método comprenden al menos un elemento silenciador, en el que el elemento silenciador es una región de ARN de doble cadena que comprende una cadena de ARN sentido reasociada por apareamiento de bases complementario a una cadena de ARN antisentido, en donde la cadena sentido de la molécula de ARNdc comprende una secuencia de nucleótidos complementaria a una secuencia de nucleótidos ubicada dentro del transcrito de ARN del gen diana. La cadena codificante del ARNdc, por lo tanto, es capaz de reasociarse con el transcrito de ARN y de fijar como objetivo el ARN para su degradación dentro del complejo de silenciamiento inducido por ARNi o RISC.

En el presente método, la plaga de insectos se trata con al menos un ARN interferente. En una realización del método, las especies de plagas de insectos pueden ponerse en contacto con múltiples moléculas de ARN interferente. Cuando la plaga se pone en contacto con múltiples ARNs interferentes, los diferentes ARNs pueden funcionar para regular de forma descendente el mismo gen diana o diferentes genes diana.

El ARN interferente para ser suministrado a las especies de plagas de insectos se pueden formular como una composición que comprende al menos un soporte, excipiente o diluyente adecuado. Además, el ARN interferente puede transcribirse desde un polinucleótido que codifica el mismo o una construcción de ADN que comprende dicho polinucleótido. En una realización, el ARN interferente se expresa dentro de una célula u organismo hospedador que incluye un hospedador procariota o eucariota. La célula u organismo hospedador puede ser un hospedador susceptible a la infestación por una plaga de insectos en la que el ARN interferente funciona para regular de forma

descendente la expresión de un gen diana en dicha plaga. En una realización preferida, el organismo hospedador es una planta susceptible a la infestación por la especie de plaga de insectos diana.

Como se usa en el contexto del presente método, la expresión 'poner en contacto' se refiere a cualquier medio por el que las especies de plagas de insectos o una célula de los mismos están expuestos al ARN interferente y que permite la captación del ARN interferente por las células de la plaga. Por lo tanto, "poner en contacto" abarca, por ejemplo, los procesos de transformación celular, microinyección y alimentación. Estas técnicas pueden llevarse a cabo con respecto a células aisladas cultivadas *in vitro* o células dentro del cuerpo intacto de las especies de plagas de insectos. Cuando la plaga de insectos intacta se pone en contacto con el ARN interferente del método, el ARN puede microinyectarse en un espacio extracelular y posteriormente ser absorbido por las células del cuerpo mediante procesos naturales tales como la endocitosis o la transcitosis. En una realización preferida de la invención, el ARN interferente se proporciona a la plaga en forma de o incluido en el alimento para ser ingerido por la plaga. Una vez ingerido, el ARN interferente puede pasar del tracto digestivo del insecto a las células del cuerpo por procesos naturales tales como la endocitosis o la transcitosis. En una realización, la plaga de insectos se expone a una planta que ha sido tratada con un ARN interferente o una composición que lo comprende, y el ARN interferente se absorbe a medida que la plaga se alimenta del tejido vegetal. El ARN interferente puede estar presente en la superficie de una planta o una parte de la misma o puede estar presente intracelularmente en la planta o en el tejido vegetal comido por la plaga de insectos.

En el contexto de un método para la expresión de regulación descendente de un gen diana en una especie de plagas de insectos, la expresión 'cantidad eficaz' debería tomarse para dar a entender la cantidad o la concentración de ARN interferente requerida para la expresión de regulación descendente del gen diana en al menos 10% o 20%, preferiblemente en al menos 33%, más preferiblemente en al menos 50%, aún más preferiblemente en al menos 80% o 90%. En realizaciones particularmente preferidas, una 'cantidad efectiva' es la cantidad o concentración requerida para regular de forma descendente la expresión del gen diana en al menos 60%, 70% u 80%, preferiblemente en al menos 90%, más preferiblemente en al menos 95%, y lo más preferiblemente en al menos 99% con respecto a la expresión en ausencia de un ARN interferente o en presencia de un ARN de control. Como se describe en otra parte de esta memoria, la regulación descendente de la expresión génica puede medirse mediante una reducción en los niveles del transcrito de ARN o de la proteína finalmente producida a partir del gen diana. Niveles de ARN y/o de proteína se pueden medir utilizando técnicas de rutina en la técnica.

En esta memoria 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 ser captado por dicha plaga para regular de forma descendente 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 esta memoria. Además, en esta memoria 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 esta memoria.

Cuando el método es para el control de la infestación de la plaga, la expresión 'cantidad eficaz' se extiende a la cantidad o concentración de ARN interferente necesaria para producir un efecto fenotípico de la plaga de tal manera que el número de organismos de plagas que infestan un organismo hospedador se reduce y/o la cantidad de daño provocado por la plaga se reduce. 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, pero no se limitan a atrofia en el crecimiento de la plaga, cese de la alimentación y puesta de huevos reducida. Las cantidades totales de organismos de la plaga que infestan un organismo hospedador pueden reducirse, por tanto, al menos un 20%, 30%, 40%, preferiblemente al menos un 50%, 60%, 70%, más preferiblemente al menos un 80% o 90% en comparación con plagas de control. De forma alternativa, el daño provocado 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 esta memoria, 'plagas de control' son plagas no contactadas con ningún agente plaguicida, o plagas contactadas con un ARN interferente dirigido a un gen no esencial, es decir, un gen no requerido para el inicio o mantenimiento de la infestación de plagas o plagas contactadas con un ARN interferente un gen no encontrado y/o no expresado en dicha plaga.

Métodos para regular de forma descendente la expresión de un gen diana en una especie de plaga de insectos pueden utilizarse para prevenir y/o controlar la infestación de plagas en un sustrato o material particular susceptible a la infestación por dicha plaga de insectos. En una realización, el método se utiliza para tratar cualquier planta susceptible a la infestación por dicha plaga. Plantas de interés para su uso de acuerdo con los métodos de la presente invención incluyen, pero no se limitan a arroz, patata, algodón, tomate, canola, soja, girasol, sorgo, mijo perla, maíz, cultivos de semillas tales como alfalfa, fresas, berenjenas, pimienta y tabaco.

Además, se proporciona en esta memoria un método para aumentar el rendimiento de un cultivo de plantas, que comprende poner en contacto dichas plantas con una cantidad eficaz de un ARN interferente que funciona tras la absorción por una especie de plagas de insectos para regular de forma descendente la expresión de un gen diana en dicha plaga, en donde la regulación descendente del gen diana afecta a una función biológica esencial de la plaga requerida para el inicio y/o el mantenimiento de la infestación, de modo que el daño provocado al cultivo de la planta se reduce en comparación con los cultivos no tratados.

Las plantas o cultivos de plantas a ser tratados de acuerdo con los métodos de la presente invención pueden ser tratados externamente con un ARN interferente o la composición que comprende el mismo. Por ejemplo, el ARN interferente o las células hospedadoras que comprenden o expresan el mismo pueden aplicarse a la superficie de la planta o al entorno de la planta mediante procesos que incluyen, pero no se limitan a pulverización, atomización, espolvoreo, dispersión, vertido, recubrimiento de semillas, tratamiento de semillas, introducción en el suelo e introducción en agua de riego. En una realización, la planta a tratar se manipula para que exprese el ARN interferente de forma intracelular mediante la transcripción de un polinucleótido incorporado en la misma. A medida que la plaga se alimenta de los tejidos de la planta, las células que contienen el ARN interferente se descompondrán dentro del tracto digestivo del insecto y, por lo tanto, el ARN interferente se distribuirá dentro del cuerpo del insecto, lo que dará como resultado la regulación descendente de los genes diana.

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

El ARN interferente expresado por la planta o parte de la misma puede ser cualquiera de los descritos en otras partes de esta memoria. Preferiblemente, el ARN interferente comprende o consiste en al menos un elemento silenciador y dicho elemento silenciador es una región de ARN de doble cadena que comprende cadenas complementarias reasociadas, una cadena de las cuales (la cadena sentido) comprende una secuencia de nucleótidos que es al menos parcialmente complementaria a una secuencia de nucleótidos diana dentro de un gen diana. Cuando parte del ARN interferente es de doble cadena, las dos cadenas de la molécula pueden expresarse a partir de al menos dos polinucleótidos separados o pueden estar codificadas por un único polinucleótido que codifica un ARN interferente con, por ejemplo, una estructura de tallo-bucle tal como se describe en otra parte en esta memoria.

El ARN interferente expresado por la planta o parte de la misma puede fijar como objetivo cualquiera de los genes descritos en otras partes de esta memoria. En particular, el gen diana se puede seleccionar del grupo de genes que tienen una secuencia de nucleótidos que comprende cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152, o que tienen una secuencia de nucleótidos que, cuando las dos secuencias se alinean y comparan óptimamente, es al menos 85%, 90%, 95%, 98% o 99% idénticos a cualquiera de las SEQ ID NO 277, 138, 253, 152. El gen diana puede ser también un ortólogo de plagas de insectos de un gen que tiene una secuencia de nucleótidos que comprende cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152, en donde los dos genes ortólogos son similares en secuencia en tal grado que cuando los dos genes son alineados y comparados de manera óptima, el ortólogo tiene una secuencia que es al menos 85%, 90%, 95%, 98% o 99% idéntica a cualquiera de las secuencias representadas por las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152. Preferiblemente, la secuencia de nucleótidos de dicho gen diana no es más larga de 5000, 4000, 3000, 2000 o 1500 nucleótidos. Además, es importante que el ARN interferente no altere la expresión de ningún gen del hospedador vegetal.

Como se utiliza en esta memoria, la expresión 'planta transgénica' o 'célula de planta transgénica' se refiere a cualquier planta o célula vegetal que ha sido diseñada genéticamente o es descendiente de una planta que ha sido manipulada genéticamente para llevar una secuencia de polinucleótido exógeno. 'Exógeno' se refiere al hecho de que el polinucleótido se origina desde fuera de la célula vegetal. Típicamente, el polinucleótido exógeno no es nativo de la planta transgénica, es decir, no se encuentra de forma natural dentro del genoma de la planta.

Como se utiliza en esta memoria, el término 'transformación' se refiere a la introducción de moléculas de polinucleótido exógeno en una planta o una célula de la misma. En la técnica se conocen técnicas para introducir polinucleótidos en plantas. En una realización de la presente invención, las plantas se 'transforman de manera estable' con una construcción de polinucleótidos o ADN que comprende la misma, es decir, la construcción de polinucleótidos o ADN introducida en la célula vegetal se integra en el genoma de la planta y es capaz de ser heredada por la progenie de la misma. Los protocolos de transformación para introducir polinucleótidos o construcciones de ADN en las células vegetales pueden variar dependiendo del tipo de planta en cuestión. Métodos de transformación adecuados incluyen, pero no se limitan a microinyección, electroporación, transformación mediada por *Agrobacterium* y aceleración de partículas balísticas. En la técnica también se conocen métodos para la inserción fijada como objetivo de un polinucleótido o construcción de ADN en una ubicación específica en el genoma de la planta utilizando sistemas de recombinación específica del sitio.

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

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

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

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

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

De acuerdo con el presente método, una planta se regenera a partir de una célula vegetal transformada utilizando técnicas conocidas en la técnica. Una de dichas técnicas comprende la digestión enzimática de la pared celular vegetal para producir un protoplasto vegetal, que posteriormente puede sufrir múltiples rondas de división y diferenciación celular para producir una planta adulta. Las plantas adultas generadas de esa forma pueden evaluarse posteriormente para determinar su resistencia a la infestación por parte de plagas. "Resistente", como se utiliza en esta memoria, debe interpretarse ampliamente y se refiere a la capacidad de la planta para defenderse del ataque de una plaga que generalmente es capaz de infligir daño o pérdida a la planta. Resistente puede significar que la planta ya no es susceptible a la infestación por parte de plagas o que cualquier síntoma de enfermedad que resulte de la infestación por parte de plagas se reduce al menos aproximadamente un 20%, preferiblemente al menos un 30%, 40% o 50%, más preferiblemente al menos un 60%, 70% o 80% y aún más preferiblemente al menos un 90%. Técnicas para medir la resistencia de una planta a las especies de plagas de insectos se conocen comúnmente en la técnica e incluyen, pero no se limitan a, medir a lo largo del tiempo el diámetro medio de la lesión, la biomasa de la plaga y/o el porcentaje general de tejidos vegetales en descomposición.

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

Los métodos de la invención pueden utilizarse para generar plantas transgénicas 'apiladas' que son resistentes a las especies de plagas de insectos y que poseen opcionalmente al menos otro rasgo deseable. Como se utiliza en esta memoria, una planta transgénica 'apilada' se refiere a una planta que lleva más de una secuencia de polinucleótidos exógenos. La expresión 'más de uno' se refiere a la posibilidad de que una planta lleve al menos 2, al menos 3, al menos 4 polinucleótidos exógenos. En una realización, la célula vegetal transformada con la construcción de ADN que codifica el ARN interferente que fija como objetivo un gen de la plaga se puede haber manipulado genéticamente previamente para portar un polinucleótido exógeno separado. De forma alternativa, el método para generar una planta transgénica a partir de una célula vegetal como se describe en esta memoria puede comprender un protocolo de transformación conjunta cuando la construcción de ADN que codifica un ARN interferente de la invención se proporciona a una célula vegetal simultánea o secuencialmente con un polinucleótido exógeno separado.

Los polinucleótidos exógenos que porta una planta transgénica apilada de la invención pueden expresarse en las mismas partes de la planta o pueden expresarse de forma diferencial en virtud del hecho de que la expresión de cada uno está controlada por un promotor específico de tejido diferente.

En una realización, el polinucleótido exógeno o gen heterólogo que confiere un rasgo deseable adicional codifica otro ARN interferente dirigido la misma o diferentes especies de plaga de insectos. En una realización adicional, el gen heterólogo codifica una proteína dañina o tóxica para una especie de plaga de insectos de plantas, por ejemplo una proteína insecticida seleccionada del grupo que incluye, pero no se limita a Cry1Ab, Cry1C, Cry2Aa, Cry3, CryET70, Cry22, CryET33, CryET34, CryET80, CryET76, TIC100, TIC101, TIC851, TIC900, TIC901, TIC1201, TIC407, TIC417, PS149B1 y proteínas insecticidas VIP. En aún una realización adicional, el gen heterólogo codifica una proteína que confiere resistencia a los herbicidas. Ejemplos de genes que confieren resistencia a herbicidas incluyen *Bar*, *EPSPS* que confiere resistencia a glifosato, *ALS* que confiere resistencia a imidazolinona y sulfonilurea y *bxn* que confiere resistencia a bromoxinilo.

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

De acuerdo con otro aspecto de la presente invención, se proporcionan plantas transgénicas resistentes a la infestación por especies de plagas de insectos. En particular, en esta memoria se proporcionan plantas transgénicas que expresan o son capaces de expresar al menos un ácido ribonucleico (ARN) interferente que funciona tras la captación por parte de una especie de plaga de insectos regulando de forma descendente la expresión de un gen diana tal como se describe en otras partes de esta memoria dentro de dicha plaga. El ARN interferente puede ser cualquiera de los divulgados en otra parte en esta memoria. Preferiblemente, el ARN interferente comprende o consiste en al menos un elemento silenciador y dicho elemento silenciador es una región de ARN de doble cadena que comprende cadenas complementarias reasociadas, una hebra de las cuales (la hebra sentido) comprende una secuencia de nucleótidos que es al menos parcialmente complementaria a una secuencia de nucleótidos diana dentro de un gen diana. La regulación descendente de un gen diana de plaga puede utilizarse para interrumpir un proceso o función biológica esencial en la plaga, en donde 'esencial' se refiere al hecho de que el proceso o la función es necesario para iniciar o mantener la infestación de plagas.

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

Incluidas en el grupo de plantas transgénicas de la presente invención se encuentran las plantas transgénicas producidas por cualquiera de los métodos descritos en esta memoria. Por tanto, en una realización de la invención

las plantas transgénicas comprenden rasgos transgénicos acumulados que portan un primer polinucleótido exógeno que confiere resistencia a plagas y al menos otro polinucleótido exógeno o gen heterólogo que confiere un rasgo deseado adicional de la planta. Los genes heterólogos adicionales pueden comprender genes que codifican agentes plaguicidas adicionales, genes que codifican proteínas tóxicas o dañinas para especies de plagas de insectos y/o genes que codifican proteínas que confieren resistencia a herbicidas como se describe en otras partes de esta memoria.

En esta memoria también se proporciona el uso del ácido ribonucleico (ARN) interferente como se describe en esta memoria o la construcción de ADN como se describe en esta memoria 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 Clonación de secuencias parciales de los genes de *Leptinotarsa decemlineata*

Se aislaron ácidos nucleicos de las células intestinales de escarabajo de la patata, CPB, (*Leptinotarsa decemlineata*) larvas) y se preparó una colección de ADNc. Los ADNc intestinales se clonaron en el vector pGN49A (como se describe en el documento WO01/88121 de modo que estaban flanqueados por promotores T7 químicamente inducibles, orientados en sentido opuesto en cada uno de los extremos del dúplex de ADNc. Las construcciones del vector recombinante se transformaron en células de la cepa de *Escherichia coli* AB301-105 (DE3). 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 colección no excediera de 5%. Se generaron entre 3000 y 4000 clones.

1.2 Ensayo del efecto de las moléculas de ARNdc expresadas bacterianamente en la supervivencia de larvas de *Leptinotarsa decemlineata*

Placas de múltiples pocillos se precargaron con medio LB (caldo de Luria) y cada uno de los pocillos se inoculó con un clon independiente de las células bacterianas transformadas tomadas de la colección de ADNc de CPB. Las bacterias se cultivaron a 28°C con agitación a 280 rpm, seguido de una etapa de inducción química a 37°C. Después de la centrifugación, el sedimento bacteriano resultante se lavó con agua y se sometió a un tratamiento térmico para inactivar las bacterias.

Las suspensiones bacterianas se sometieron a ensayo para determinar sus efectos sobre la supervivencia de larvas de CPB utilizando un ensayo de alimentación artificial basado en la dieta. Una suspensión bacteriana producida a partir de un solo clon bacteriano se aplicó por vía tópica a una dieta artificial sólida en los pocillos de una placa multipocillo y la dieta se secó en un armario de flujo laminar. Los efectos de cada uno de los clones se sometieron a ensayo por triplicado. Posteriormente, se añadió una sola larva de CPB de 2ª fase a cada uno de los pocillos. Las placas se almacenaron en una cámara de cría de insectos a 25 ± 2°C, 60 ± 5% de humedad relativa, con un fotoperíodo de luz:oscuridad de 16:8 horas. Células bacterianas transformadas con un vector vacío, pGN29 (documento WO01/88121), se utilizaron como controles. La supervivencia de las larvas de CPB en cada uno de los pocillos se evaluó el día 14.

Un cierto número de clones bacterianos exhibió una alta potencia contra las larvas de CPB, lo que indica que los ADNc que codifican los ARNs de doble cadena contenidos en ellos son esenciales para la supervivencia de las plagas y, por lo tanto, representan genes diana de interés para el control de plagas. Por lo tanto, las secuencias de ADN y las secuencias de aminoácidos correspondientes de estos genes diana se determinaron y se proporcionan en las Tablas 1 y 2, respectivamente.

Tabla 1

ID de la diana	Secuencia de ADNc (cadena sentido)
	5' → 3'
Ld556	SEQ ID NO 1
Ld513	SEQ ID NO 2
Ld504,2	SEQ ID NO 3

ES 2 750 007 T3

ID de la diana	Secuencia de ADNc (cadena sentido)
	5' → 3'
Ld520	SEQ ID NO 4
Ld537	SEQ ID NO 5
Ld334	SEQ ID NO 6
Ld327	SEQ ID NO 7
Ld502	SEQ ID NO 8
Ld516	SEQ ID NO 9
Ld579	SEQ ID NO 10
Ld332	SEQ ID NO 11
Ld237	SEQ ID NO 12
Ld261	SEQ ID NO 13
Ld300,1	SEQ ID NO 14
Ld423	SEQ ID NO 15
Ld511	SEQ ID NO 16
Ld512	SEQ ID NO 17
Ld563	SEQ ID NO 18
Ld105	SEQ ID NO 19
Ld248	SEQ ID NO 20

Tabla 2

ID de la diana	Secuencia de aminoácidos correspondiente al clon de ADNc como se representa en la Tabla 1
Ld556	SEQ ID NO 206 (marco +2)
Ld513	SEQ ID NO 207 (marco +3)
Ld504,2	SEQ ID NO 208 (marco +2)
Ld520	SEQ ID NO 209 (marco +3)
Ld537	SEQ ID NO 210 (marco +1)
Ld334	SEQ ID NO 211 (marco +1)

ID de la diana	Secuencia de aminoácidos correspondiente al clon de ADNc como se representa en la Tabla 1
Ld327	SEQ ID NO 212 (marco +3)
Ld502	SEQ ID NO 213 (marco +2)
Ld516	SEQ ID NO 214 (marco +3)
Ld579	SEQ ID NO 215 (marco +1)
Ld332	SEQ ID NO 216 (marco +3)
Ld237	SEQ ID NO 217 (marco +2)
Ld261	SEQ ID NO 218 (marco +3)
Ld300,1	SEQ ID NO 219 (marco +3)
Ld423	SEQ ID NO 220 (marco +1)
Ld511	SEQ ID NO 221 (marco +3)
Ld512	SEQ ID NO 222 (marco +3)
Ld563	SEQ ID NO 223 (marco +1)
Ld105	SEQ ID NO 224 (marco +1)
Ld248	SEQ ID NO 225 (marco +1)

1.3 Diseño de cebadores degenerados para clonar secuencias ortólogas de *Lygus hesperus*

5 Se realizó una búsqueda de proteínas (blastp) para cada uno de los genes diana de interés buscando bases de datos de proteínas no redundantes de artrópodos utilizando la secuencia de proteínas correspondiente a cada una de las dianas de *Leptinotarsa decemlineata*. Se realizó una selección de hasta veinte secuencias de proteínas a partir de los mejores éxitos que representaban una diversidad de especies de insectos.

Estas secuencias se procesaron primero en bloques utilizando el programa "Blockmaker" (<http://bioinfo.weizmann.ac.il/blockmkr-bin/makeblocks.pl>) que generó múltiples alineamientos de secuencia y análisis de las secuencias de proteínas para regiones de conservación.

10 Los bloques de secuencias de aminoácidos conservadas se presentaron a CodeHop (<http://blocks.fhcrc.org/codehop.html>). A partir de la salida de cebadores degenerados, se produjo una selección de hasta diez cebadores hacia adelante y diez hacia atrás para cada una de las dianas.

1.4 Clonación de secuencias parciales de los genes de *Lygus hesperus* mediante PCR familiar

15 ARN intacto de alta calidad se aisló de ninfas de *Lygus hesperus*. del 1º instar Cualquier ADN genómico presente en la preparación de ARN se separó mediante tratamiento con DNasa. El ADNc se generó utilizando transcriptasa inversa. Para aislar secuencias de ADNc que comprenden un segmento de los genes Lh513, Lh504,2, Lh520, Lh537, Lh334, Lh327, Lh579, Lh332, Lh237, Lh261, Lh300,1, Lh423, Lh512, Lh105 y Lh248, se realizó una serie de reacciones PCR con cebadores degenerados.

20 Los fragmentos de PCR resultantes se analizaron en gel de agarosa, se purificaron y secuenciaron. Las secuencias de los productos de PCR resultantes están representadas por las respectivas SEQ ID NO como se proporcionan en la Tabla 3 y se denominan secuencias parciales. Las secuencias de aminoácidos parciales correspondientes están representadas por las respectivas SEQ ID NOs como se proporcionan en la Tabla 4.

Tabla 3

ID de la diana	Secuencia de ADNc (cadena sentido)
	5' → 3'
Lh513,1	SEQ ID NO 121
Lh513,2	SEQ ID NO 122
Lh504,2	SEQ ID NO 123
Lh520	SEQ ID NO 124
Lh537,1	SEQ ID NO 125
Lh537,2	SEQ ID NO 126
Lh537,3	SEQ ID NO 127
Lh537,4	SEQ ID NO 128
Lh537,5	SEQ ID NO 129
Lh334	SEQ ID NO 130
Lh327	SEQ ID NO 131
Lh579,1	SEQ ID NO 132
Lh579,2	SEQ ID NO 133
Lh332	SEQ ID NO 134
Lh237	SEQ ID NO 135
Lh261	SEQ ID NO 136
Lh300,1	SEQ ID NO 137
Lh423	SEQ ID NO 138
Lh423,2	SEQ ID NO 253
Lh512,1	SEQ ID NO 139
Lh512,2	SEQ ID NO 140
Lh105	SEQ ID NO 251
Lh248	SEQ ID NO 252

Tabla 4

ID de la diana	Secuencia de aminoácidos correspondiente al clon de ADNc como se representa en la Tabla 3
Lh513,1	SEQ ID NO 226
Lh513,2	SEQ ID NO 227
Lh504,2	SEQ ID NO 228
Lh520	SEQ ID NO 229
Lh537,1	SEQ ID NO 230
Lh537,2 Lh537,3	y SEQ ID NO 231
Lh537,4	SEQ ID NO 232
Lh537,5	SEQ ID NO 233
Lh334	SEQ ID NO 234
Lh327	SEQ ID NO 235
Lh579,1	SEQ ID NO 236
Lh579,2	SEQ ID NO 237
Lh332	SEQ ID NO 238
Lh237	SEQ ID NO 239
Lh261	SEQ ID NO 240
Lh300,1	SEQ ID NO 241
Lh423	SEQ ID NO 242
Lh423,2	SEQ ID NO 271
Lh512,1	SEQ ID NO 243
Lh512,2	SEQ ID NO 244
Lh105	SEQ ID NO 269
Lh248	SEQ ID NO 270

1.5 Clonación de ADNc de longitud completa mediante RACE (amplificación rápida de extremos de ADNc)

5 Con el fin de clonar ADNc de longitud completa, a partir de un clon conocido de fragmento interno de las dianas más potentes, se utilizó el kit RACE 5'/3' (Roche, Cat. n.º 1 734 792; basado en Sambrook, J. y Russell, D.M). Se siguió el protocolo estándar, descrito en el *Instruction Manual*. Brevemente, para un RACE 5', se diseñó un cebador

antisentido específico para la secuencia diana en la secuencia conocida y se utilizó para una síntesis de ADNc de primera cadena, utilizando ARN de *Lygus* como molde. Se añadió una cola al ADNc de la primera cadena y se utilizó como ancla para la síntesis de la segunda cadena y amplificación de una porción del extremo desconocida del transcrito. Para un RACE 3', se utilizó un cebador de anclaje oligo dT para la síntesis de ADNc de la primera cadena. Para las RACEs 5' y 3' se utilizaron cebadores anidados, específicos para la secuencia diana en una segunda reacción PCR. Los fragmentos de PCR se analizaron sobre gel de agarosa, se purificaron, se clonaron y se secuenciaron para confirmación.

Las secuencias de ADNc de longitud completa correspondientes a las dianas de *Lygus* enumeradas en la Tabla 13 se ensamblaron en VectorNTI, un paquete de software de análisis de secuencia completamente integrado para el análisis de secuencia de ADN (Invitrogen). Las secuencias de nucleótidos resultantes de los conjuntos se proporcionan en la Tabla 14 y las secuencias de aminoácidos correspondientes se proporcionan en la Tabla 15.

Tabla 13

ID de la diana	Ortólogo Dm	NOMBRE	SÍMBOLO
Lh049	CG8055	shrub - snf7 (tráfico de vesículas)	shrb
Lh248	CG6699	proteína beta'-coatómica	beta'Cop
Lh105	CG1250	sec23	sec23
Lh300	CG6213	subunidad G de H[+] ATPasa vacuolar	Vha13
Lh327	CG6223	proteína beta-coatomérica	betaCop
Lh423	CG2746	proteína ribosómica L19	RpL19
Lh504	CG5271	proteína ribosómica S27A	RpS27A
Lh520	CG2960	proteína ribosómica L40	RpL40

Tabla 14

ID de la diana	Secuencia de ADNc (cadena sentido)
	5' → 3'
Lh049	SEQ ID NO 280
Lh248	SEQ ID NO 279
Lh105	SEQ ID NO 278
Lh300	SEQ ID NO 276
Lh327	SEQ ID NO 275
Lh423	SEQ ID NO 277
Lh504	SEQ ID NO 273
Lh520	SEQ ID NO 274

Tabla 15

ID de la diana	Secuencia de aminoácidos correspondiente al ADNc, como se representa en la Tabla 14
Lh049	SEQ ID NO 288
Lh248	SEQ ID NO 287
Lh105	SEQ ID NO 286
Lh300	SEQ ID NO 284
Lh327	SEQ ID NO 283
Lh423	SEQ ID NO 285
Lh504	SEQ ID NO 281
Lh520	SEQ ID NO 282

Ejemplo 2 Producción *In vitro* de ARNs de doble cadena para silenciamiento génico

5 2.1 Producción de ARNdc correspondientes a las secuencias parciales de los genes diana de *Leptinotarsa decemlineata* y *Lygus hesperus*

Se sintetizó ARN de doble cadena 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.

10 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 utilizando los cebadores directos específicos de diana y los cebadores inversos T7 específicos de diana. Las secuencias de los cebadores respectivos para amplificar los moldes sentido y antisentido mediante PCR para cada uno de los genes diana se proporcionan en la Tabla 5 (para los ADNc de *Leptinotarsa decemlineata*) y en la Tabla 6 (para los ADNc de *Lygus hesperus*). 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 de cadena sencilla producidos mediante transcripción a partir de los moldes se dejaron reasociar, se trataron con DNasa y RNasa y se purificaron mediante precipitación. La cadena sentido del ARNdc resultante producido a partir de cada uno de los genes diana se proporciona en la Tabla 5 (para *Leptinotarsa decemlineata*) y en la Tabla 6 (para *Lygus hesperus*).

Tabla 5

ID de la diana	Cebadores directos	Cebadores inversos	ARNdc: hebra codificante representada por la secuencia de ADN equivalente
	5' → 3'	5' → 3'	5' → 3'
Ld556	SEQ ID NO 41	SEQ ID NO 42	SEQ ID NO 21
	SEQ ID NO 43	SEQ ID NO 44	
Ld513	SEQ ID NO 45	SEQ ID NO 46	SEQ ID NO 22
	SEQ ID NO 47	SEQ ID NO 48	
Ld504,2	SEQ ID NO 49	SEQ ID NO 50	SEQ ID NO 23

ES 2 750 007 T3

ID de la diana	Cebadores directos	Cebadores inversos	ARNdc: hebra codificante representada por la secuencia de ADN equivalente
	5' → 3'	5' → 3'	5' → 3'
	SEQ ID NO 51	SEQ ID NO 52	
Ld520	SEQ ID NO 53	SEQ ID NO 54	SEQ ID NO 24
	SEQ ID NO 55	SEQ ID NO 56	
Ld537	SEQ ID NO 57	SEQ ID NO 58	SEQ ID NO 25
	SEQ ID NO 59	SEQ ID NO 60	
Ld334	SEQ ID NO 61	SEQ ID NO 62	SEQ ID NO 26
	SEQ ID NO 63	SEQ ID NO 64	
Ld327	SEQ ID NO 65	SEQ ID NO 66	SEQ ID NO 27
	SEQ ID NO 67	SEQ ID NO 68	
Ld502	SEQ ID NO 69	SEQ ID NO 70	SEQ ID NO 28
	SEQ ID NO 71	SEQ ID NO 72	
Ld516	SEQ ID NO 73	SEQ ID NO 74	SEQ ID NO 29
	SEQ ID NO 75	SEQ ID NO 76	
Ld579	SEQ ID NO 77	SEQ ID NO 78	SEQ ID NO 30
	SEQ ID NO 79	SEQ ID NO 80	
Ld332	SEQ ID NO 81	SEQ ID NO 82	SEQ ID NO 31
	SEQ ID NO 83	SEQ ID NO 84	
Ld237	SEQ ID NO 85	SEQ ID NO 86	SEQ ID NO 32
	SEQ ID NO 87	SEQ ID NO 88	
Ld261	SEQ ID NO 89	SEQ ID NO 90	SEQ ID NO 33
	SEQ ID NO 91	SEQ ID NO 92	
Ld300,1	SEQ ID NO 93	SEQ ID NO 94	SEQ ID NO 34
	SEQ ID NO 95	SEQ ID NO 96	
Ld423	SEQ ID NO 97	SEQ ID NO 98	SEQ ID NO 35
	SEQ ID NO 99	SEQ ID NO 100	

ES 2 750 007 T3

ID de la diana	Cebadores directos	Cebadores inversos	ARNdc: hebra codificante representada por la secuencia de ADN equivalente
	5' → 3'	5' → 3'	5' → 3'
Ld511	SEQ ID NO 101	SEQ ID NO 102	SEQ ID NO 36
	SEQ ID NO 103	SEQ ID NO 104	
Ld512	SEQ ID NO 105	SEQ ID NO 106	SEQ ID NO 37
	SEQ ID NO 107	SEQ ID NO 108	
Ld563	SEQ ID NO 109	SEQ ID NO 110	SEQ ID NO 38
	SEQ ID NO 111	SEQ ID NO 112	
Ld105	SEQ ID NO 113	SEQ ID NO 114	SEQ ID NO 39
	SEQ ID NO 115	SEQ ID NO 116	
Ld248	SEQ ID NO 113	SEQ ID NO 114	SEQ ID NO 40
	SEQ ID NO 115	SEQ ID NO 116	

Tabla 6

ID de la diana	Cebadores directos	Cebadores inversos	ARNdc: hebra codificante representada por la secuencia de ADN equivalente
	5' → 3'	5' → 3'	5' → 3'
Lh513	SEQ ID NO 154	SEQ ID NO 155	SEQ ID NO 141
	SEQ ID NO 156	SEQ ID NO 157	
Lh504. 2	SEQ ID NO 158	SEQ ID NO 159	SEQ ID NO 142
	SEQ ID NO 160	SEQ ID NO 161	
Lh520	SEQ ID NO 162	SEQ ID NO 163	SEQ ID NO 143
	SEQ ID NO 164	SEQ ID NO 165	
Lh537	SEQ ID NO 166	SEQ ID NO 167	SEQ ID NO 144
	SEQ ID NO 168	SEQ ID NO 169	
Lh334	SEQ ID NO 170	SEQ ID NO 171	SEQ ID NO 145

ES 2 750 007 T3

ID de la diana	Cebadores directos	Cebadores inversos	ARNdc: hebra codificante representada por la secuencia de ADN equivalente
	5' → 3'	5' → 3'	
			5' → 3'
	SEQ ID NO 172	SEQ ID NO 173	
Lh327	SEQ ID NO 174	SEQ ID NO 175	SEQ ID NO 146
	SEQ ID NO 176	SEQ ID NO 177	
Lh579	SEQ ID NO 178	SEQ ID NO 179	SEQ ID NO 147
	SEQ ID NO 180	SEQ ID NO 181	
Lh332	SEQ ID NO 182	SEQ ID NO 183	SEQ ID NO 148
	SEQ ID NO 184	SEQ ID NO 185	
Lh237	SEQ ID NO 186	SEQ ID NO 187	SEQ ID NO 149
	SEQ ID NO 188	SEQ ID NO 189	
Lh261	SEQ ID NO 190	SEQ ID NO 191	SEQ ID NO 150
	SEQ ID NO 192	SEQ ID NO 193	
Lh300. 1	SEQ ID NO 194	SEQ ID NO 195	SEQ ID NO 151
	SEQ ID NO 196	SEQ ID NO 197	
Lh423	SEQ ID NO 198	SEQ ID NO 199	SEQ ID NO 152
	SEQ ID NO 200	SEQ ID NO 201	
Lh512	SEQ ID NO 202	SEQ ID NO 203	SEQ ID NO 153
	SEQ ID NO 204	SEQ ID NO 205	
Lh105. 2	SEQ ID NO 257	SEQ ID NO 258	SEQ ID NO 254
	SEQ ID NO 259	SEQ ID NO 260	
Lh248. 2	SEQ ID NO 261	SEQ ID NO 262	SEQ ID NO 255
	SEQ ID NO 263	SEQ ID NO 264	
Lh248. 3	SEQ ID NO 265	SEQ ID NO 266	SEQ ID NO 256
	SEQ ID NO 267	SEQ ID NO 268	

ID de la diana	Cebadores directos	Cebadores inversos	ARNdc: hebra codificante representada por la secuencia de ADN equivalente
	5' → 3'	5' → 3'	
			5' → 3'
GFP	SEQ ID NO 246	SEQ ID NO 247	SEQ ID NO 245
	SEQ ID NO 248	SEQ ID NO 249	

Ejemplo 3 Expresión de regulación descendente de genes diana en *Leptinotarsa decemlineata* como medio para lograr el control de plagas

5 **3.1 Ensayo de moléculas de ARNdc sintetizadas *in vitro* para determinar la actividad contra las larvas de *Leptinotarsa decemlineata***

Los ARNdc sintetizados *In vitro* transcritos a partir de polinucleótidos del molde derivados de genes diana identificados de acuerdo con los métodos del Ejemplo 1 se sometieron a ensayo para determinar los efectos sobre la supervivencia de las larvas de CPB utilizando ensayos de alimentación. Brevemente, los ensayos basados en la dieta artificial se llevaron a cabo de la siguiente manera. A cada uno de los pocillos de una placa de 48 pocillos se añadieron 0,5 ml de dieta artificial pre-tratada por aplicación tópica de 1000 ng/cm² de ARNdc sintético en 25 µL. Se añadió una sola larva L2 a cada uno de los pocillos. Los ARNdc derivados de una variedad de genes diana se sometieron a ensayo utilizando este método y se analizaron 24 larvas para cada ARNdc. El número total de larvas supervivientes se contó a intervalos regulares de hasta 14 días después del inicio de la alimentación. El tiempo necesario para que cada uno de los ARNdc matara el 50% de las larvas tratadas (LT₅₀) se calculó para cada uno de los genes diana investigados y se comparó con el LT₅₀ para un gen diana de referencia (Ld248) descrito previamente en el documento WO2007/074405. Los resultados se presentan en la Tabla 7.

Tabla 7

Clasificación	Diana	Ortólogo Dm ¹	Nombre / Descripción (FlyBase)	LT ₅₀ diana X / LT ₅₀ diana Ld248	longitud del ARNdc (pb)
1	Ld556	CG11415	Tsp2A; Tetraspanina 2A, supuesta proteína de dominio transmembrana	0,60	558
2	Ld513	CG5409 y otros	Proteína perteneciente a la familia de las actinas; constituyente estructural del citoesqueleto	0,67	320
3	Ld504,2	CG5271	Proteína ribosómica S27A; constituyente estructural del ribosoma	0,70	490
4	Ld520	CG2960	Proteína ribosómica L40; constituyente estructural del ribosoma	0,70	231
5	Ld537	CG32744	Ubiquitina-5E; proceso de modificación de proteína	0,77	571
6	Ld334	CG3948	ζ-coatómero de vesícula COPI	0,80	542
7	Ld327	CG6223	β-coatómero de vesícula COPI	0,83	747
8	Ld105	CG 1250	Sec23; Activador de GTPasa involucrado	0,85	1504

Clasificación	Diana	Ortólogo Dm ¹	Nombre / Descripción (FlyBase)	LT ₅₀ diana X / LT ₅₀ diana Ld248	longitud del ARNdc (pb)
			en el transporte intracelular de proteínas		
9	Ld502	CG7595	Proteína arrugada; miosina no convencional involucrada en la actividad motora	0,90	393
10	Ld516	CG11888	Rpn2; partícula reguladora de proteasoma	0,90	779
11	Ld579	CG8392	Subunidad β1 del proteasoma	0,90	392
12	Ld332	CG1528	γ-coatómero de vesícula COPI	0,90	178
13	Ld237	CG10149	Rpn6; subunidad proteasoma p44.5	0,90	559
14	Ld261	CG5266	Pros25; subunidad proteasoma 25kD	0,90	586
15	Ld300,1	CG6213	subunidad G de H ⁺ -ATPasa vacuolar	1,00	267
16	Ld248	CG6699	proteína β'-coatómica	1,00	967
17	Ld423	CG2746	Proteína ribosómica L19	1,00	603
18	Ld511	CG3329	Prosβ2; subunidad β2 proteasoma	1,02	273
¹ <i>Drosophila melanogaster</i>					

A partir de estos resultados, se puede concluir que los ARNdc que fijan como objetivo a los genes CPB identificados en el Ejemplo 1 son más potentes o al menos tan potentes como genes diana CPB de referencia que han sido reseñados previamente en el documento WO2007/074405 es decir, en la mayoría de los casos, las larvas de CPB 'tiempo de matar' fueron más cortas que las de las dianas de referencia Ld105 y Ld248 (como se describió anteriormente en el documento WO2007/074405: Ld105 = [Diana ID NO LD010], Ld248 = [Diana ID NO LD027]). La eficacia contra las larvas de CPB después del consumo de ARNdc difirió dependiendo de la naturaleza del gen diana.

3.2 Ensayo de moléculas de ARNdc sintetizadas *in vitro* para determinar la actividad contra adultos de *Leptinotarsa decemlineata*

Los datos proporcionados más adelante ejemplifican los hallazgos que los ARNdc ingeridos producidos a partir de polinucleótidos molde derivados de una diversidad de genes diana de CPB afectaron negativamente la supervivencia, el estado físico, el comportamiento de alimentación, el comportamiento de apareamiento, la producción de huevos y la generación de descendientes de adultos de CPB.

Se sometieron a ensayo diversas dianas de genes seleccionadas de la colección de expresión de ADNc del intestino de las larvas y, como se muestra anteriormente en el Ejemplo 3.1, para ser efectivos con el propósito de matar las larvas de CPB, con el fin de evaluar los efectos de la regulación descendente del gen en escarabajos adultos. Las dianas de genes identificadas como importantes tanto en larvas de CPB como en escarabajos adultos son de particular interés, ya que pueden utilizarse para controlar y/o prevenir la infestación de plagas de insectos en diferentes fases del ciclo de vida de un insecto.

Brevemente, un ensayo en discos de hoja para testar los efectos de moléculas de ARNdc derivadas de diversos genes diana, contra escarabajos adultos, se estableció de la siguiente manera. Se colocó un disco de hoja de patata, diámetro 1,5 cm, tratado con 5 µg de ARNdc objetivo sintetizado *in vitro* en 20 µL, en un pocillo de una placa de 6 pocillos junto con un adulto de CPB de una semana de edad. Después de algunas horas, una vez que el insecto había consumido por completo el disco de la hoja, se presentó al adulto otro disco de la hoja tratado con 5 µg de ARNdc diana sintetizado *in vitro*. Para cada uno de los ARNdc a ensayar, un total de diez escarabajos adultos

jóvenes (una mezcla de machos y hembras) fueron expuestos a los discos de las hojas tratadas. Al día siguiente, después de que el segundo disco de hoja tratado se había consumido por completo, los diez adultos en cada uno de los grupos de tratamiento se agruparon en la misma caja y se alimentaron con abundante follaje de patata sin tratar. Los escarabajos adultos alimentados con ARNdc derivado del gen GFP se utilizaron como controles en este ensayo.

5 Los números de insectos adultos supervivientes y/o moribundos fueron contados a intervalos regulares desde el día 4 hasta 14 días después del comienzo del ensayo de alimentación. Los adultos de CPB se clasificaron como moribundos si parecían enfermos y con menos movilidad que los adultos sanos y no podían enderezarse por sí mismos cuando se colocaban boca arriba durante más de un minuto. Los efectos sobre la alimentación, el apareamiento, la producción de huevos y la eclosión también se evaluaron a intervalos regulares desde el día 4.

10 **Mortalidad y morbilidad**

El porcentaje de adultos CPB moribundos y/o muertos evaluados durante un período de 14 días para cada gen diana sometidos a ensayo se muestran en la Figura 1. Además, se calculó el tiempo necesario para alcanzar el 50% de mortalidad de los escarabajos adultos (LT₅₀) en cada uno de los grupos de tratamiento y los resultados mostrados en la Tabla 8 se presentan como una relación basada en el LT₅₀ calculado para un gen diana de referencia descrito previamente en el documento WO2007/074405.

15

Tabla 8

Clasificación	Diana	Ortólogo Dm	Nombre / Descripción (FlyBase)	LT ₅₀ diana X / LT ₅₀ diana Ld248	longitud del ARNdc (pb)
1	Ld537	CG32744	Ubiquitina-5E; proceso de modificación de proteína	0,63	571
2	Ld520	CG2960	Proteína ribosómica L40; constituyente estructural del ribosoma	0,70	231
3	Ld516	CG11888	Rpn2; partícula reguladora de proteasoma	0,74	779
4	Ld512	CG10370	Tbp-1; Proteína de unión a Tat	0,74	310
5	Ld511	CG3329	Prosβ2; subunidad β2 proteasoma	0,77	273
6	Ld579	CG8392	Subunidad β1 del proteasoma	0,87	392
7	Ld513	CG5409 y otros	Proteína perteneciente a la familia de las actinas; constituyente estructural del citoesqueleto	0,88	320
8	Ld248	CG6699	proteína β'-coatómica	1,00	967
9	Ld563	CG3193	Proteína de cuello torcido; involucrada en la regulación del corte y empalme de ARNm alternativo nuclear	1,05	388
10	Ld105	CG1250	Sec23; Activador de GTPasa involucrado en el transporte intracelular de proteínas	1,06	1504

20

A partir de estos resultados, se puede concluir que los ARNdc que fijan como objetivo una diversidad de genes CPB identificados en el Ejemplo 1 son más potentes o al menos tan potentes como genes diana CPB de referencia que han sido reseñados previamente en el documento WO2007/074405 es decir, en la mayoría de los casos, los adultos de CPB 'tiempo de matar' fueron más cortos que los de las dianas de referencia Ld105 y Ld248 (como se describió anteriormente en el documento WO2007/074405: Ld105 = [Diana ID NO LD010], Ld248 = [Diana ID NO LD027]). La eficacia contra los adultos de CPB después del consumo de ARNdc difirió dependiendo de la naturaleza del gen fijado como objetivo.

25 **Inhibición de la alimentación**

Para todos los genes diana de interés, se observó el cese completo de la alimentación por parte de adultos de CPB desde el día 5 en adelante del ensayo (4 días después de que el follaje de patata tratado se reemplazara por follaje de patata no tratado). Control de adultos de CPB alimentados de manera normal durante todo el ensayo.

Apareamiento, producción de huevos y eclosión de huevos.

- 5 El apareamiento, la producción de huevos y la eclosión de los huevos se evaluaron a lo largo del tiempo de 14 días del ensayo. Los resultados se muestran en la Tabla 9.

Tabla 9

Diana	Día 4	Día 5	Día 6	Día 7	Día 8	Día 14
Ld105	EM	SE	ninguna	ninguna	ninguna	ninguna
Ld248	EM	YS	YS	ninguna	ninguna	ninguna
Ld516	EM	SE	ninguna	ninguna	ninguna	ninguna
Ld511	EM y SE	YS	ninguna	ninguna	ninguna	ninguna
Ld512	EM y SE	SE	SE	ninguna	ninguna	ninguna
Ld513	EM y SE	ninguna	ninguna	ninguna	ninguna	ninguna
Ld520	SE	ninguna	ninguna	ninguna	ninguna	ninguna
Ld537	EM y SE	SE	ninguna	ninguna	ninguna	ninguna
Ld563	ninguna	SE	ninguna	ninguna	ninguna	ninguna
Ld579	EM	SE	SE	ninguna	ninguna	ninguna
GFP	EM	EM	EM	EM	EM	EM

- 10 Desde el día 5 en adelante, no se observó apareamiento en adultos de CPB en los grupos tratados, sin embargo, el apareamiento de adultos de CPB en el grupo de control de GFP fue normal.

- 15 El día 4, se observaron masas de huevo normales (con 20-30 huevos por masa de huevo) en grupos tratados con ARNdc que fijan como objetivo Ld105, Ld248, Ld516, Ld579 y GFP. (Estas masas de huevo se colocaron entre los días 1 y 3 del ensayo). Sin embargo, para los grupos tratados con ARNdc que fijan como objetivo Ld511, Ld512, Ld513 y Ld537, se encontró una mezcla de masas de huevo normales y huevos individuales. No se observaron masas de huevo normales en el grupo de CPB tratado con ARNdc que fija como objetivo Ld520; solo se observaron huevos individuales.

- 20 Los huevos identificados en el día 4 se recogieron y se evaluaron tanto la frecuencia de eclosión como la supervivencia de las larvas. En todos los grupos de tratamiento para los que se recogieron masas de huevos normales, la eclosión fue del 100%, excepto para el grupo Ld537, en el que solo el 50% de los huevos en la masa de huevos recolectados pasaron a eclosionar. Todas las larvas de estas masas de huevos se desarrollaron normalmente.

- 25 Para los grupos en los que Ld511 y Ld537 eran los genes diana de interés, menos del 10% de los huevos individuales eclosionaron y estas larvas murieron en el espacio de los 7 días posteriores a la eclosión. Para los grupos en los que los genes diana eran Ld512, Ld520 y Ld513, la frecuencia de eclosión fue del 30%, 70% y 100%, respectivamente.

- 30 En el día 5, no se observaron masas de huevo en ninguno de los grupos de tratamiento excepto para el control de GFP. Sin embargo, los huevos individuales estaban presentes en los grupos en los que los genes diana eran Ld105, Ld516, Ld512, Ld537, Ld563 y Ld579. Se observó una mancha amarilla (indicativa de ausencia de huevos intactos) en las cámaras de alimentación de insectos en los grupos tratados con ARNdc que fijan como objetivo Ld248 y Ld511. En los grupos para los que Ld513 y Ld520 eran los genes diana, no se descubrieron huevos.

Los huevos identificados en el día 5 se recogieron y se evaluaron tanto la frecuencia de eclosión como la supervivencia de las larvas. Para los grupos con genes diana Ld512, Ld516 y Ld563, la eclosión fue de entre 20 y 50%, pero todas las larvas del grupo Ld563 murieron dentro de los 7 días posteriores a la eclosión. Para el grupo con Ld579 como diana del gen, todos los huevos eclosionaron y las larvas se desarrollaron normalmente.

5 El día 6, solo se identificaron huevos individuales en los grupos de tratamiento en los que los genes diana eran Ld512 y Ld579. Se observó una mancha amarilla en el grupo diana Ld248. No hubo huevos en ninguno de los otros grupos de tratamiento. Desde el día 7 en adelante, ninguno de los escarabajos adultos tratados puso huevos. Sin embargo, las hembras de control tratadas con ARNdc de GFP continuaron depositando masas de huevo normales durante todo el ensayo.

10 **Ejemplo 4 Expresión de regulación descendente de genes diana en *Lygus hesperus* por ingestión de ARNdc como medio para lograr el control de plagas**

4.1 Modificación del ensayo de alimentación de *Lygus hesperus* para permitir una absorción más efectiva de las moléculas de ARNdc

15 Aunque la dieta de cría de BioServ utilizada para mantener los cultivos de *Lygus* durante muchas generaciones es eficaz, esta dieta puede no ser apropiada para analizar moléculas de ARNdc candidatas en un ensayo de alimentación. La dieta oligídica incluye ingredientes que no están definidos químicamente y, por lo tanto, algunos componentes pueden interactuar posiblemente con las moléculas a suministrar a las ninfas. Por lo tanto, el ensayo de alimentación de *Lygus* se ha modificado de manera que consta de dos fases: una exposición inicial de ninfas de instar temprano a moléculas de ARNdc en una dieta simplificada (solo sacarosa al 15%) durante tres días, seguido de la transferencia de las ninfas a una dieta oligídica normal de *Lygus* para el resto del ensayo.

4.2 Efectos de diversos ARNdc más ARNt de levadura sobre la supervivencia de *Lygus hesperus*

25 Ninfas de *Lygus hesperus* se expusieron a 0,5 µg/µL de ARNdc derivado de un cierto número de genes diana de *Lygus hesperus* tal como se describe en esta memoria en presencia de 5 µg/µL de ARNt de levadura (Sigma) en un ensayo de alimentación (Figura 2). Los controles son ARNdc de GFP más ARNt de levadura en las mismas concentraciones, respectivamente, y tratamientos de dieta solamente. Ninfas jóvenes fueron expuestas cada una a 25 µL de una dieta de sacarosa al 15% con o sin componentes de ensayo incorporados durante tres días antes de transferirlas a una dieta (Bioserv) compleja de 50 µL. La dieta compleja se actualizó el día 7.

30 En este ensayo, el ARNdc ingerido de todas las dianas sometidas a ensayo en combinación con ARNt condujo a una alta mortalidad de las ninfas de *L. hesperus* en comparación con el ARNdc de GFP o los tratamientos solo de control de dieta (Tabla 10).

Tabla 10

ID de la diana	Longitud del ARNdc (pb)	Ensayo Log-rank (frente a GFP)		
		Chi cuadrado	valor P	¿Diferencia significativa ? [†]
Lh520	231	18,04	<0,0001	***
Lh423	511	17,11	<0,0001	***
Lh537	300	14,63	0,0001	***
Lh504,2	168	12,99	0,0003	***
Lh512	495	11,86	0,0006	***
Lh334	172	10,39	0,0013	**
Lh300,1	235	10,22	0,0014	**
Lh327	408	9,153	0,0025	**
Lh332	1041	7,972	0,0047	**

ID de la diana	Longitud del ARNdc (pb)	Ensayo Log-rank (frente a GFP)		
		Chi cuadrado	valor P	¿Diferencia significativa ? [†]
Lh237	710	5,793	0,0161	*
Lh579	273	5,336	0,0209	*
Lh261	368	3,928	0,0475	*
Lh513	625	2,144	0,1432	ns
<i>dieta solo</i>	/	1,483	0,2233	ns

¿[†] curvas de supervivencia significativamente diferentes? *** = extremadamente significativo, ** = muy significativo, * = significativo, ns = no significativo

Una tabla que clasifica las dianas de acuerdo con la potencia se realiza en base a los resultados de este ensayo de ARNi por alimentación (Tabla 11 y Figura 3).

Tabla 11

Diana	longitud del ARNdc (pb)	ortólogo de <i>melanogaster</i>	D.	Descripción (FlyBase)	Intervalo de supervivencia el día 10	%	Figura
Lh423	511	CG2746		Proteína ribosómica L19	0 - 15		3 A
Lh520	231	CG2960		Proteína ribosómica L40			
Lh504,2	168	CG5271		Proteína ribosómica S27A	16 - 30		3 B
Lh537	300	CG32744		Ubiquitina-5E			
Lh512	495	CG10370		Tbp-1; Proteína de unión a Tat			
Lh300,1	235	CG6213		Subunidad G de H ⁺ -ATPasa vacuolar			
Lh327	408	CG6223		β-coatómero de vesícula COPI			
Lh334	172	CG3948		ζ-coatómero de vesícula COPI	31 - 45		3 D
Lh332	1041	CG1528		γ-coatómero de vesícula COPI			
Lh579	273	CG8392		Subunidad β1 del proteasoma			
Lh237	710	CG10149		Rpn6; subunidad proteasoma p44.5	>45		3 D
Lh261	368	CG5266		Pros25; subunidad proteasoma de 25 kD			

Diana	longitud del ARNdc (pb)	ortólogo de <i>melanogaster</i>	D.	Descripción (FlyBase)	Intervalo de supervivencia el día 10 %	Figura
Lh513	625	CG4027		Actina 5C		

En otro ensayo de ARNi por alimentación en las mismas condiciones descritas aquí anteriormente, los autores de la invención sometieron a ensayo los efectos del ARNdc diana de Lh105 y Lh248 sobre la supervivencia de la ninfa de *Lygus hesperus*. El ARN de doble cadena de las dianas Lh105 y Lh248 a 0,5 µg/µL en presencia de 5 µg/µL de ARNt condujo a una letalidad ninfal significativa de *L. hesperus* en el día 10 en un ensayo de alimentación (83% para Lh105.2 ARNdc y 58% para ARNdc de Lh248.2 y 71% para ARNdc de Lh248.3) (Figura 6). En el mismo ensayo, los ARNdc de Lh327 y Lh300 mostraron solo 4% y 13% de supervivientes, respectivamente, al final del bioensayo (Figura 6).

4.3 Relación dosis-respuesta a lo largo del tiempo del ARNdc diana contra las ninfas de *Lygus hesperus* en los ensayos por alimentación de ARNi

La relación dosis-respuesta se estudió para determinar la susceptibilidad de las ninfas de *L. hesperus* a disminuir las concentraciones de ARNdc de las dianas de ensayo en los ensayos por alimentación de ARNi. Los datos se representan gráficamente en las Figuras 4 y 5. Las curvas de supervivencia estimadas de Kaplan-Meier de las dianas de ensayo a las bajas concentraciones de 0,1, 0,05 y 0,025 µg/µL se compararon con las del control de ARNdc de GFP a 0,1 µg/µL utilizando el ensayo log rank (Tabla 12).

Tabla 12

ARNdc ¹ diana:	Dosis (µg/µL)	χ^2	valor P	Significancia
Lh423	0,1	30,36	< 0,0001	***
	0,05	6,759	0,0093	**
	0,025	6,239	0,0125	*
Lh504,2	0,1	5,828	0,0158	*
	0,05	0,7283	0,3934	ns
	0,025	0,4834	0,4869	ns
Lh537	0,1	2,150	0,1426	ns
	0,05	2,150	0,1426	ns
	0,025	0,007874	0,9293	ns
Lh327	0,1	13,80	0,0002	***
	0,05	6,176	0,0129	*
	0,025	3,000	0,0833	ns
Lh520	0,1	12,65	0,0004	***
	0,05	2,944	0,0862	ns
	0,025	1,893	0,1689	ns
Lh300,1	0,1	12,24	0,0005	***

ARNdc ¹ diana:	Dosis (µg/µL)	χ^2	valor P	Significancia
	0,05	10,81	0,0010	**
	0,025	1,615	0,2038	ns

¹ en presencia de 5 µg/µL de ARN de transferencia de levadura

Todas las dianas sometidas a ensayo fueron tóxicas para las ninfas de *L. hesperus* a concentraciones tan bajas como 0,1 µg/µL. El ARNdc de Lh423 diana a esta concentración proporcionó una supervivencia de ninfas de 10% hacia el final de los bioensayos. A la concentración más baja probada, es decir, 0,025 µg/µL, el Lh423 diana aún mostró una caída significativa en la supervivencia en comparación con GFP. Los ARN de doble cadena de las dianas Lh300.1 y Lh327 también demostraron una alta potencia a bajas concentraciones con caídas significativas en la supervivencia a 0,05 µg/µL.

Ejemplo 5 Generación de plantas resistentes a especies de plagas de insectos

5.1 Ensamblaje de vectores de expresión de plantas que comprenden una secuencia de horquilla de *Lygus hesperus* o una secuencia de horquilla de *Leptinotarsa decemlineata* para la transformación de patata o algodón

Dado que el mecanismo de interferencia de ARN opera a través de fragmentos de ARNdc, las secuencias de polinucleótidos diana se clonaron en orientación antisentido y sentido, separadas por un intrón (SEQ ID NO 250), para formar una construcción de horquilla de ARNdc. Las construcciones de horquilla de ARNdc que codifican la molécula de ARNdc de *L. hesperus* derivada de los genes diana como se menciona en esta memoria se subclonaron en un vector de expresión de plantas. De manera similar, una construcción de control de horquilla ARNdc de GUS, en donde la secuencia de polinucleótidos sentido que codifica GUS (SEQ ID NO 272) se clonó en orientación anti-sentido y sentido, separada por el mismo intrón (SEQ ID NO 250), se subclonó en un vector de expresión de planta.

El vector de expresión de plantas comprende también elementos necesarios para el mantenimiento del plásmido en una célula bacteriana. La construcción de la horquilla de ARNdc se encuentra entre el borde izquierdo (LB) y el borde derecho (RB), 3' aguas abajo del promotor del virus del mosaico de la coliflor 35S (P35S) y 5' aguas arriba del terminador TNOS. Se subclonó un casete de expresión de informador de GFP que comprende la secuencia de GFP flanqueada por el promotor y el terminador P35S en el vector de transformación de planta que alberga el casete de horquilla de *L. hesperus*. Un casete de expresión de NPT II que comprende la secuencia de NPT II flanqueada por el promotor y terminador P35S se utiliza para seleccionar las plantas que se han transformado eficazmente. Un ensamblaje correcto de los fragmentos genéticos en el vector de expresión de plantas se confirmó mediante secuenciación (Figura 7).

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

5.2 Transformación de la patata con un vector de expresión de planta que comprende una secuencia de horquilla de *Lygus hesperus* o secuencia de horquilla de *Leptinotarsa decemlineata* y el ensayo de las plantas de patata transformadas para resistencia frente a *L. hesperus* o *Leptinotarsa decemlineata*

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

Alimentación de ARNi de *Lygus hesperus* in planta

Transformación de patata

Plantas de patata transformadas de forma estable se obtuvieron usando un protocolo adaptado recibido por Julie Gilbert en el Proyecto de Genoma de Patata NSF (<http://www.potatogenome.org/nsf5>). Los explantes de entrenudos del tallo de la 'Línea V' de patata (obtenida originalmente del Laboratorio de Fitomejoramiento en PRI Wageningen, Países Bajos) que se derivaba del diploide susceptible *Solanum tuberosum* 6487-9 se utilizó como material de partida para la transformación. Los explantes derivados *in vitro* se inocularon con *Agrobacterium tumefaciens* C58C₁Rif^R que contenía las construcciones de horquilla. Después de tres días de cocultivo, los explantes se colocaron en un medio selectivo que contenía 100 mg/l de kanamicina y 300 mg/l de timentina. Después de 6

semanas tras la transformación, los primeros brotes putativos se retiraron y se arraigaron en un medio selectivo. Los brotes que se originan de diferentes explantes se trataron como eventos independientes, los brotes que se originan del mismo callo se denominaron 'hermanos' hasta que su estado clonal pudiera verificarse mediante transferencia Southern, y los cortes nodales de un brote se denominaron 'clones'.

- 5 El estado transgénico de los brotes de enraizamiento se verificó mediante fluorescencia por GFP y mediante PCR más/menos para la secuencia diana insertada. Los brotes positivos se propagaron clonalmente en cultivo de tejidos para asegurar que hubiera suficientes réplicas disponibles para los ensayos *Lygus hesperus* o *Leptinotarsa decemlineata*. Estos brotes se mantuvieron en medio de cultivo de tejidos para una mayor flexibilidad para someter a ensayo la resistencia a las ninfas/adultos de *Lygus* o larvas/adultos de *L. decemlineata*. Las primeras plantas
10 estuvieron disponibles para pruebas catorce semanas tras la transformación.

Bioensayo

Siguiendo los resultados positivos obtenidos en los experimentos de alimentación de ARNdc se iniciaron experimentos *in planta* de prueba de principio.

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

- 20 El ensayo *in planta* para *Lygus hesperus* se desarrolló con plántulas de patata *in vitro*, que sufrieron la supervivencia del insecto por lo menos durante 8 días, manteniendo baja mortalidad de fondo. Las ninfas de *L. hesperus* sobrevivieron y se alimentaron de plántulas de patata de tipo silvestre. Esto fue respaldado por el daño visual provocado por los insectos que se observó en las hojas y los brotes (Figura 8).

En el ensayo, *L. hesperus* se alimentó con patata transgénica, expresando ARNdc de horquilla dirigida a las dianas de *L. hesperus* identificadas en esta memoria. Se generaron plásmidos que contienen construcciones de horquilla y un control de GUS.

- 25 Plantas de patata transgénicas jóvenes se mantuvieron en medio de cultivo de tejidos en una cámara de sala de crecimiento de plantas con las siguientes condiciones: $25 \pm 1^\circ\text{C}$, $50 \pm 5\%$ de humedad relativa, 16:8 horas de fotoperíodo de luz:oscuridad.

- 30 Por construcción, se generó un cierto número de eventos, en este caso 30 (P006/XX), con un número adecuado de clones (más de 20) por evento. Se colocó un cierto número de ninfas/adultos jóvenes de *Lygus* en las plantas de patata jóvenes enjauladas individualmente (por ejemplo, en la fase de 4 a 5 hojas desplegadas) y se dejaron durante al menos siete días. La resistencia a *Lygus hesperus* se evaluó regularmente durante el período del ensayo en términos de reducción de la supervivencia de ninfas/adultos, retraso en el desarrollo y retraso en el crecimiento, y/o disminución del daño a la alimentación de las plantas. La FIGURA 9 muestra específicamente la supervivencia de ninfas de *L. hesperus*. Los eventos transgénicos se compararon con los eventos transformados con horquilla GUS de control (P001/XX) y las patatas de tipo silvestre (Figura 9 y Figura 10).

- 35 Un bioensayo para someter a ensayo plantas transgénicas, transformadas con construcciones de horquilla específicas para *L. decemlineata*, en cuanto a la resistencia contra larvas o adultos de *L. decemlineata* se realiza de la misma manera que se describe para *L. hesperus*.

- 40 **5.3 Transformación de algodón con un vector de expresión de planta que comprende una secuencia de horquilla de *Lygus hesperus* y el ensayo del material de callo de algodón transformado o plantas para la resistencia hacia *L. hesperus***

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

Transformación de algodón

- 45 La semilla Coker 312 se esteriliza superficialmente utilizando primero un lavado durante 5 minutos en etanol al 70% y luego agitando en una solución de blanqueo al 20% (Chlorox Co. USA, cloro disponible al 1%) más 10 gotas del detergente no iónico, Tween® 20, por litro. La semilla se enjuaga luego 3 veces en agua destilada estéril antes de secarse mediante transferencia por adsorción en papeles de filtro estériles. La semilla estéril se germina en medio de Germinación de Semillas (SG) durante 4-6 días, y en este punto los hipocotilos se recolectan y se cortan en
50 tramos de 0,5 cm listos para la inoculación de *Agrobacterium*. Las secciones de corte se colocan en papeles de filtro estériles superponiendo un medio basado en Murashige y Skoog que no contiene fitohormonas. Los explantes se incuban en un ciclo de 16:8 horas día:noche a $28^\circ\text{C} \pm 2^\circ\text{C}$ durante 3 días antes de la inoculación.

Para la inoculación, se cultiva durante toda la noche un cultivo de LB líquido de *Agrobacterium tumefaciens* (10 ml), cepa GV3101 (pMP90) Gent^R o cepa LBA4404 que contiene la diana de horquilla de ARN seleccionada y un casete

de selección de plantas que codifica resistencia a higromicina, y se utilizan 5 ml para inocular un cultivo de 100 ml la noche antes de la inoculación. El cultivo se centrifuga, se resuspende y se diluye hasta una OD600 de 0,15 en el medio de dilución bacteriano.

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

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

Bioensayo

25 Ninfas de *Lygus* se colocan en una placa de Petri que contiene tejido de callo de algodón no diferenciado que expresa ARN de horquilla diana. Por construcción, se genera un cierto número de callos de algodón transformados y se evalúan en un bioensayo de alimentación para supervivencia reducida de ninfas/adultos y/o desarrollo retrasado y crecimiento atrofiado. Los callos transgénicos que no expresan el fragmento del gen del ARN de horquilla diana de *Lygus* sirven como control negativo. Asimismo, las plantas de algodón regeneradas jóvenes de callos transgénicos se cultivan en suelo en una cámara de cultivo de plantas con las siguientes condiciones: 30/20°C día/noche, 50 ± 5% de humedad relativa, 14:10 horas de fotoperíodo de luz:oscuridad. Por construcción, se generan varios eventos (por ejemplo, veinte). Se colocó un cierto número de ninfas/adultos jóvenes de *Lygus* en las plantas jóvenes enjauladas individualmente (por ejemplo, en la fase de 4-5 hojas desplegadas) y se dejan durante al menos siete días antes de evaluar la resistencia a *Lygus hesperus* en términos de supervivencia reducida de ninfas/adultos, retraso en el desarrollo y retraso en el crecimiento, y/o disminución del daño a la alimentación de las plantas. Plantas de algodón no transformadas con el fragmento de gen de ARN de horquilla diana de *Lygus* sirven como control negativo.

LISTA DE SECUENCIAS

<110> DEVGEN NV

<120> Expresión descendente de genes en plagas de insectos

<130> P111805WO00

<150> US61/407,212

<151> 2010-10-27

<160> 288

<170> PatentIn versión 3.5

<210> 1

<211> 1217

<212> ADN

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 1

```

agtacgcggg gagtgttctc aatattacaa caaagtgcgg ttctgggtgg ctttaacacg      60
ttcagacggt tcagtgattg aggatattct tgtttgcttt gtcgtggaag atagcaggaa      120
agggagacgg agaaggtgag ggaacatcc tcaagttgga gaatcaaatt gccgtcatca      180
agtatgtgct gatatttacg aatatcttgt catggtacat cggaactcaa gttgccggct      240
ttatattcgg tctgtctgga gcgtctgtac tgctggataa cagcgtaga gattcccatt      300
tccagcccag gatccgagaa agtatgcgac gacttatcat gaatgccat cacgaggaat      360
ccagacaaac actcgccatg attcaggaga atattgcttg ctgtggagct gatggtgcac      420
atgattacct gtctttgcag caaccgctac caagcacttg cagagatata gttactggaa      480
atccctttta tcatggatgc gttgatgagc tgacttggtt ttctgaggag aaatgcggct      540
gggtggccgg acttgtcatg atactttgct tgatccaagt aataaacaca gtcctgtcaa      600
ttatattcct tcaagctctc aagaaagaag agggacaagc tgatacatac agaaaatgaa      660
gtgcacattc gcttttacga tttttgttgt ttcatttttg catacttgca tattcacat      720
agtcgtatth caaactgatt aatgtttgag tttgtagcgt aggtaatagt ttacttaaga      780
gtttcattca catttgtag caattccgtt agccgaagaa gaaatattct cgagttttgg      840
tgggtagtta ctgaaaagtt cattttatgt tcagcccgag ctaacgacat atatatatat      900
tatataacc cacttatttt tttatcgaat cattcgcagt tgcagaactt gaaagcattt      960
ccagatatgc cgtaaatttc gattaacatt ataaaatcac tagtctgcat aatacataaa     1020
cattatattt cacctaata ga tgtttgtcta tgatcatggt atgcccagaa taaatcgttt     1080
atcatatatg tatagcactg agtcaatccc atgatgaatg gtatgtggta tcatgattcc     1140
atgatcacia tgcactctag ctggatcatg caatttctag aattcactcg aatatattag     1200
ttgggcgtgt tccccag                                     1217

```

<210> 2

ES 2 750 007 T3

<211> 750

<212> ADN

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 2

cgcccagcag	tggtatcaac	gcagagtacg	cgggagacat	tcaagtcttg	tgatagtgca	60
ggcacggcag	ttcaaataaa	ctggtgcctt	caatttattt	atatatttat	acttttttac	120
tagaaaccaa	atactaacca	atcaacatgt	gtgacgaaga	ggttgccgca	ttagtcgtag	180
acaatggatc	tggtatgtgc	aaagctggat	ttgctgggga	tgatgcccc	cgtgcagttt	240
tcccatccat	tgttggtcgt	ccaagacatc	aaggagttat	gtaggaatg	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	aagatgacc	agatcatggt	tgaaaccttc	aataccctcg	540
ccatgtacgt	cgccatccaa	gctgtattgt	ctctgtatgc	ttctggtcgt	acaactggta	600
ttgtgctgga	ttctggagat	ggtgtttctc	acacagtacc	aatctatgaa	ggttatgccc	660
ttcctcatgc	catccttcgt	ttggacttgg	ctggtagaga	cttgactgat	taccttatga	720
aaattctgac	tgaacgtgg	tactctttca				750

<210> 3

<211> 706

<212> ADN

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 3

agtggggcgg	aaacttggt	agaatcgtct	tttcgtcata	tccactgtca	aaaagtttct	60
ttttatgagc	agcgtgtaat	ggtggagtag	aagttgtttc	aactaacttc	ccaagatgca	120
gatctttggt	aaaactttga	ctggtaagac	catcactctt	gaggtcgaac	cttcggatac	180
catcgaaaat	gttaaggcta	agattcaaga	caaggaggga	attccaccag	accaactgcg	240
tttaattttt	gctggtaaac	aattggaaga	tggacgtact	ttgtcggact	acaatataca	300
aaaggaatct	actcttcacc	ttgtattgcg	attgagggga	ggtgcaaaga	aacgtaagaa	360
gaagaattac	tccaccccaa	aaaaaatca	agcataagaa	gaagaaggtc	aagctggctg	420
tattgaaatt	ttataaagtc	gaagacaatg	gtaaaatcca	caggttgagg	cgtgagtgtc	480
ctgctgaaca	atgcggagct	ggtgtcttca	tggcagccat	ggaagacaga	cattactgtg	540
gaaagtgtgg	atacacactt	gtcttctcta	aaccagatga	taagtaaact	ccaaaccaga	600
tgagaactag	tttagggttt	aaaagtttat	aaaaacttgt	attatttcta	aataaagtaa	660
tacaaggatt	agacttgaaa	aaaaaaaaa	aaaaaaaaa	aaaaaa		706

<210> 4

<211> 313

ES 2 750 007 T3

<212> ADN

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 4

gatgtaagta gatttcaccg ttgtattatt cactaatttt cttactgtaa tttaaccaaa	60
caagaaacgc cacgatgcaa attttcgtaa aaacactcac gggaagacc atcacctcg	120
aggtcgaacc ctctgacacc atcgaaaacg tcaaggctaa gatccaagac aaggaaggga	180
tccccccaga tcagcaaagg ttggctctcg ctggaaaaca gctcgaagat ggtcgaactc	240
tttccgacta caatattcag aaggagtcca ccctccatct cgtcctcaga ttgaggggag	300
gtattatcga gcc	313

<210> 5

<211> 792

<212> ADN

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 5

agtacgcggg gaccaacaaa ggcttatctt cgctggaaaa caactggaag atggccgaac	60
cttatcagat tataacattc agaaagaatc tacacttcac ttggttcttc gtctccgtgg	120
tggtatgcag atctttgtca aaactctaac tggaagacc attaccttag aagtggaacc	180
atccgatacc attgagaatg taaaagccaa aattcaggac aaggaaggaa tccccccaga	240
ccaacaaaga ttgatcttcg ctggaaaaca acttgaagat gcccgaacct tgtcagatta	300
taacattcaa aaagaatcca cactccactt gggtcttcgt ctccgtggtg gtatgcagat	360
ctttgtcaaa actctaactg gaaagacaat taccttggaa gttgaacat ccgacaccat	420
cgagaacgtg aaagctaaaa tccaagacaa agagggcatt cccccagacc aacaaagatt	480
gatcttcgct ggaaaacgac tggaagatgg ccgaaccttg tcagattata acattcagaa	540
agaatctacg cttcatttgg ttcttcgtct cagaggaggc aaatattgac tgattttttt	600
cacttattta tttcattaaa ttgtactact ttgaagcaaa tattttattt taaaataaat	660
attcctgttc tattatatta aggcttgaaa atgttttttt gatatgaaag gcttcgaatg	720
aaattatatt tggctgtttt aagataaata aatgaagggtg tagtaaaaaa aaaaaaaaaa	780
aaaaaaaaaa aa	792

<210> 6

<211> 719

<212> ADN

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 6

agagttaag ccgcgtctta taataggtta tagaaatatt ttaattaa aaataaactt	60
--	----

ES 2 750 007 T3

gtttgctcca gtctcgaaac taogagaatt gaagccatgg aaggttcatt gttggaacco 120
actttataca ccataaaagg gatthttgatc ctggataatg atggaaacag aatcctggca 180
aatattacg acaaaaccac attccccaca tcaaaagagc agaaggcatt tgagaaaaat 240
ctatttaaca aaacacatag agcaaatgca gaaatcatca tgctggatgg attaacctgc 300
ctctatagga gcaatgtgga tttatttttc tatgttatgg gcagctcaca cgaaaacgag 360
cttattctta tgagtattct caattgtctt tatgactcag ttagccaaat actgaggaaa 420
aatgtggaaa aacgagcagt actagagtcc ctggatatag ttatgttagc gctggatgag 480
atatgtgatg gaggaattat ccttgatgct gattcgaatt ctgctgtgtc aagggtagct 540
ttgaggaatg atgatatacc aattggagag cagaccgtag cccaggtctt tcaatctgca 600
aaagaacagc tgaaatggtc attattaag taggtgattt ttataaattt aatgaaatgt 660
atgttctgaa actataagaa ttaaaatatt cgaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 719

<210> 7

<211> 1079

<212> ADN

<213> *Leptinotarsa decemlineata*

<400> 7

gtactccgca tcattcagat attcacagag cgctgcggta gtttcatgac atgcttgtcg 60
ccatgagcag aagaggctcg atcgagacga aagagaaatt cgcatacgat caacagatga 120
ccgatagctc tcagctggag gccgacaaga atggagactt gcgaaaacgt atttgagacc 180
tcgctgtcgc aagccctcgt cggtggaaga ggcagcggg cagattctgc cacaggaaca 240
aataagttga acaagataac gcagttgaca ggttttcgga tcccgtttat tcagaagctt 300
atgtccacgt caaccagtat gatattgtgc tggacgtttt gatcgtcaat caaactaatg 360
atactctgca aaattgtact ttggagctgg cgacgttggg agatctgaaa cttgtcgaaa 420
aacctcagcc agtagttctt gctcccaaag acttctgtaa catcaaagcc cacgtaaagg 480
ttgcttccac tgaaaacgga atcatctttg gaaacatcgt ttatgacgtg acgggcgcg 540
cctcagacag gaacgtagtc gtctcaatg acatccacat cgacatcatg gactatattg 600
ttccagcgtc ttgtaccgat tcagaattta tgaggatgtg ggctgaattt gaatgggaaa 660
ataaggtgac tgtcaacaca ctttgacgg accttgcgga ctacttgag cacctcatta 720
agagcaccaa catgaaatgc ttgacgccag aaaaggcgcct cagcggtcag tgtggttca 780
tggcagcaa tatgtacgct aaatccatat ttggagaaga cgctttggcc aatttgagta 840
tagagaaacc gtttaacaaa ccagaagcac ctgtagctgg acacatcaga atcagggcta 900
agagttaggg catggccttg agcttaggag acaaaaataa tatgactcaa aaaggcatac 960
caagtaagat tgttgcactc tgatttgtat gttactata tttgttattt cgccatttca 1020
ttttataatc atgtctaata ttaaatcta catagattht gaataaaaag tatcgaatt 1079

<210> 8

ES 2 750 007 T3

<211> 506

<212> ADN

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 8

acgcggygga aaaaccagca aacgaagaca tcgaatcacc ccgagatatt ataaacaaag	60
catttagaga aatTTTTgag gctgacgaaa acgggatcaa tgggtctctg gtggaaccac	120
caactccaac gcagaaaacg tttgatagac ctttccaaga agatctaagc gagttcaact	180
ttagaatata tgcagcaacg tattttacga acaatgcaa ctatcagttt tcaaagaaac	240
ctcttaagga atccctacat tatcttccga cccagatga cgtgatcgcc gcacaagcct	300
tgtggataac catcctcagg ttcattggag actatccgga gcccaaatac gacaattcga	360
cgaagaaaaa cgttcccatc atgcaaatca tctcagagtc gatcggcaaa agtttcacga	420
atcgtaaaga gtaccaggaa atactcaaag aagaaaaaaaa tatgcctctg caacaaaatc	480
aagcaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa	506

<210> 9

<211> 959

<212> ADN

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 9

tgtacggacg tttggaggaa gccgacgctc tcatccaaca gctctcttcc gacaaggatc	60
ccatcctcag gcggtcgggc atgtacacta tcgccatggc ttactgcagc accggacaca	120
accaggcgat caggaagctg cttcacgttg ctgtatccga cgtaaatgat gacgtccgac	180
gagctgccgt cacggcgctg ggtttcctct tattcagaac tcctgaacaa tgcccaagcg	240
tagtttctct gctggctgag agttacaacc ctcacgtacg ctacggagct gccatggcac	300
tcggtatcgc ctgtgctggc accggactcc gcgaagctat tgctcttctg gaaccgatgg	360
tgatgttcga tccagtcaat ttcggtcgtc aaggagctct catcgcttct gccatgatct	420
tgatccagca gaccgaacag acctgtccta aagttagttt cttcagacag acttacgctc	480
aggtcatcgc caacaaacat gaggatgta tggccaaatt cggagctatt ttggctcaag	540
gaattattga cgctggaggc aggaatgta cattatcact ccagtcgaga acaggacaca	600
ccaatatggt gccagtggtc ggaactttgg tgttcaccga gtattggtac tggttccctc	660
tctccattg tttggctctg gctttcacc caactgtgtg tatcgccctc aatgaacaac	720
tcaaaatgcc caagttgaa ctgaaatcga atgcaaaacc aagtctctac gcatatccag	780
ctccaatgga agagaaaaag cgcgaaagaga gagagaaagt aaccaccgct gttctgagta	840
tcgctgcaag acaacgtggg aaggatcatg aaaagaagca tcgggatgaa aaaaatggat	900
ggggacgaag acaagtctgc agagaaagat gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa	959

<210> 10

ES 2 750 007 T3

<211> 458

<212> ADN

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 10

ttttttgact tttttttgt tagtgatttt gtattcagat tgtctccgtt cgtaaaaatg	60
ctactgaatc aaatatccat agcagggtgcc gatgactgga gaaatgccgc tcatagcact	120
gggacttcta ttatggcagc agaattcgat ggaggagtaa ttattggtgc tgattcccgt	180
acaactacag gggcgtacat tgcaaactcgt gtaactgaca aactaactaa agtaactgac	240
catatatatt gttgtcgatc tggatcagca gcagatactc aagccattgc tgatattgta	300
tcgtaccatc tgaacttcca tggatggaa ctaggagaag agccccttgt agagggtggg	360
gctgctatct tcaggagct ttgctacaac tatagggatt ctctcatggc gggaatccta	420
gttgctggct gggacaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa	458

<210> 11

<211> 352

<212> ADN

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 11

cagttaagaa tatcattcaa ttcctaggtc tccagccagc agaaagaacg gataaggttc	60
ctgaggaaaa atcaactcat actcttttac tagcaggaat gcttcgaggg ggtattgaca	120
ttttagttag ggcaaaacta gccctagctg atgggtgtgac tatgcaactg accgtgagg	180
cacccgatgc tgatgttgct gaacttataa cctcgtctgt aggctaagag aaaagttagc	240
ttggttagat gttcgaaatt atcaggatcat gtgtattata tttgatgta ttccaatfff	300
aataaatcct cctaatttaa gctaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa	352

<210> 12

<211> 1407

<212> ADN

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 12

gagtgaaaat atggctggcg caatggtggt tgaaagagct cagtcagtac cttctcaaca	60
tgataaactg ttaaatttaa aaagaaatga agatgacgat gatcagaaca tcgtaataa	120
agaacaggac atcctcaacc tcggcgaaaa gtacaagaaa gagggtaagg ctaaagaact	180
ggcggaattg gtaaaggcta ctcgccgtt tctcagcatt ataagcaagg cgaaagctgc	240
gaaactggtc aggtctctgg tcgattatff cctagatttg gaagcaggta tcggaataga	300

ES 2 750 007 T3

agtccaactg tgtaaagaat gtatagagtg ggcaaaagaa gagaaaagga cctttcttcg 360
 tcagtctttg gaagcgcgat tgatagcctt gtatttcgat actggtatgt atgccgaggc 420
 tctgattctg gaatccacct tgttgaaag agtgaagaag ttggatgaca aaaatttact 480
 ggtagaagta cagttgcttg aaagtaagac atatcacgcc ttgagtaacc tgcccaaggc 540
 tcgtgccgca ttaacttcag ctcgtaaac agccaattcc atctattgcc ctctaagat 600
 gcaagctgog cttgaccttc agtctggagt tctgcatgca gctgatgaaa aagacttcaa 660
 aactgcctat tcatactttt atgaggcatt tgaagggttt gacagcgtag aatcaccaaa 720
 agcgttgaca gctttgaaat atatgcttct ttcaaaaatt atgatcaaca gtccggaaga 780
 tgtacaacaa attgtaagcg ggaaattagc catcagatat gctggtcaag acatagaagc 840
 aatgaaagct gttgcacgag cttctcacia gagatccttg gcagattttc agttagcagt 900
 gaagcagttc aaacatgaac tagaggatga tgttatcgtc agagccatt taggaacttt 960
 gtatgataat atgttgagc aaaatctgtg caggattata gaacatatt ccagagtaca 1020
 ggtggactat gttgcaaaaa caatcaaact tccaatgta caagtggaaa agaagctctc 1080
 gcagatgatt cttgatgcta aatttcatgg gatattggat caaggagaag gtgttttaat 1140
 agtttttgaa gcaactccag tagacaaaac atatgaaatg gccctagaaa caatacaag 1200
 catgagtaaa gtagtagata ccctatatca aaaagctaaa aagctgtcat aggtttgaca 1260
 caactaatat aaaactatta aaattattgt attttgatct ttcataaatt ttctctgttt 1320
 ggtaatatta cagtttaata taattataat gtttttttg aatataaact aactaaattc 1380
 taaaaaaaa aaaaaaaaa aaaaaaa 1407

<210> 13

<211> 821

<212> ADN

<213> *Leptinotarsa decemlineata*

<400> 13

ggttgcaagt aatcatggct tcggagcggg atagtttttc gctgacaact tccagtccat 60
 ctggaaaact agctcaaatt gaatatgccc tagctgctgt agccgctgga gctccttctg 120
 tgggcattaa agcttcaaat ggtgtagtta tcgccacaga aaacaaacat aagtcgatcc 180
 tctatgaaga acacagtgtt cataaagttg aaatgattac aaaacatata ggaatgatat 240
 attctggat gggacctgat tatcgcttgt tgggaaaca agctcgtaaa atggcccaac 300
 agtattatct agtttatcaa gaggctatac caacagttca actcgttcaa cgagttgcca 360
 ctgttatgca agaataact cagtcggag gagttaggcc gtttggggtt tcattattga 420
 tatgtggttg ggacagtgaa cgaccatact tatttcaatg tgatccatca ggagcttatt 480
 ttgcctggaa agctactgcc atgggcaaga atttcatcaa tggaaaaaca tttttggaaa 540

ES 2 750 007 T3

aaagatatag cgaggatttg gaacttgatg acgcagtaca cacagcaatt ctgacgttga 600
 aggagagttt tgaaggccaa atgacagcgg acaacattga agtgggaatt tgtgatgaag 660
 caggattcag gaggctagat ccctctcatg tgaaggatta cctagctaatt attccataag 720
 gcatttaggt tatgtaacaa gatttctctt aattttttat gaaactcatg tttcacttga 780
 ataaaaccgg atttgaacga aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 821

<210> 14

<211> 474

<212> ADN

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 14

tgaagcaggc caaagaagaa gctcaagacg aaatcgaaaa ataccgtaaa gaacgcgaac 60
 gtcaattcag ggagttcgag gccaaacata tgggctccag agaggatgta ccgtccaaaa 120
 tcgaagtgga caccaaactg agaatcgaag agatgaacaa ggctataatc agtcaaaaag 180
 aacctgttat ccaagaagtt ctcaacttag tgtacgacat caaacctgaa atccacaaga 240
 actaccgcca atagactgtg tgtggttggt aaaaagtaat tgaattttcc tgtgggaaaa 300
 ctaggaatac ctttcaattg ttctgtatag atgttcattc catttattgt atatttaatc 360
 tcttaaggca gttcactctt aagttcacag ggtagtggaa tttgtgtact tgtatattgt 420
 aagtcaaaat agaaaaata tattgtgaaa actaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa 474

<210> 15

<211> 692

<212> ADN

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 15

gcatgtgaaa atgagttcct tgaagctaca gaagaggctc gccgcctcgg ttatgcatg 60
 tggcaaaaaa aagtatggtt ggatcctaata gaaattaatg aaatcgctaa caccaactca 120
 aggcaaaaaca tccgtaagtt gatcaaatgat ggtctcataa tcaagaaacc agtagcagtg 180
 cattcccgtg ctcgagtacg caaaaacaca gaagcccgca ggaaggggaag acattgcggt 240
 ttcggtaaaa ggaagggtag agcaaatgct cgaatgcccc agaaggaatt atggattcag 300
 cgcagtagag ttttgagacg tctcttgaaa aaataccgag aagccaaaaa gatcgacagg 360
 catctgtact atgcccttta catgaaagca aagggtaacg tattcaagaa caagagagtc 420
 ctcatggaat acatccataa gaagaaggca gagaaggccc gtgccaagat gttggcagac 480
 caagccaatg ccaggagatt gaaggtaaaa caagcacgtg aacgtcgtga agaacgtatc 540
 gctaccaaga aacaggaagt tctacagaat taccagcggg aagatgaagc ccaagctgct 600
 aagaaataag tttattttta tggtaatgac aaataaagtt tgaaattact taaaaaaaaa 660
 aataaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 692

<210> 16

<211> 750

ES 2 750 007 T3

<212> ADN

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 16

aactttctgt accgaaacca aacagctaaa cttccaattg gtttatttag caaaaataga	60
atTTTTTTTg aaattcataa ataaagatgt ctgttttTgTg tcctgaaatt ccagcgccag	120
gcttttTcatt cgagaattgt aaaagaaatg cattgctgga aggcaaggga ttcgctctac	180
caaaagctac taagactggt accaccatcg taggaattac ttataaagat ggagtcatTC	240
ttggggccga taccatagcc acagaagata ccacagttgc agacaagaac tctgagaaga	300
ttcactatct tgctccaaat atgtattgTt gtggTgctgg tacagccgCg gatacagaga	360
tgaccactca gatgatctcg tcccaattgg aactccacaa actgcacact aaccgcatcg	420
ccagagtctg cacagctaac cagatgctga agcagtatct gttccgTtac cagggctaca	480
tCggTgctgc tcttatctcTc ggaggagtCg atgtcgaagg tccccatctc tacatgattt	540
acccccacgg ctctagtGac aacctcccat atggcacgat gggtcgggc tccccggccg	600
ccatagcggT attcGagtcc cgctggagac ccaactTgga ggaggaggaa ggtgtacagc	660
ttgtcagaga cgcgattgct gctggTatct tcaatgattt ggggtctgga tcgaatgtTg	720
atgtctGcat cattcGgaag gggTctgtTg	750

<210> 17

<211> 1394

<212> ADN

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 17

ttaaacagtg gctaaagcta aaactattat ttgaaatgTc gtctactcta gaagataaag	60
ctatctggga agatggggaa gaatcattgg gggaggaagt tctgaggatg tcgactgatg	120
aaatagtcag ccggacgcgt ttactcgata atgaaatcaa aataatgaag agcgaagtaa	180
tgagaataaa ccatgaactc caagcccaa acgaaaaaat caaagaaaac actgaaaaga	240
taaaggtaaa taaaaagcta ccttactTgTg tatctaattgT tatagaactg ctagatgtgg	300
accctcaaga ggaagaagaa gacggggcag ttgtagactt ggattctcaa agaaagggaa	360
aatgtgccgt tgtaaaaaca tctactcTcTc aaacatattt tctaccagta atcgggctcg	420
ttgatgaaga aaagctcaaa cctggagatt tagtgggtgt gaacaaagat tcttatctta	480
tcctagaaac attaccagcg gagtatgatg caagagtaaa agctatggaa gttgatgaaa	540
gaccaactga acaatactca gacattggTg ggctggacaa acaaatccag gaacttattg	600
aagcagtcgt attgccaatg acccacaagg ataaattTgt taatctTggg attcatccac	660

ES 2 750 007 T3

ctaaaggagt cttgttatat ggacccccag gaactggaaa aactttggtg gctagagcat 720
 gtgctgctca gacaaaatca acatTTTTga aactagctgg accccaatta gttcagatgt 780
 tcataggaga tggtgctaaa cttgtaagag atgcttttgc gttagccaag gaaaaggcac 840
 cagctataat tttcatcgat gaattggatg ctactggtac gaaacgtttt gattctgaga 900
 aggctgggga tcgtgaagta caacgtacaa tgttgggagc ttttgaatca gttggatggg 960
 tttagttcaa cagctgatat aaaagtaatt gcagctaccc atcggggttga ttttctagat 1020
 cctgctttac tttgatcagg tcggtttagat tgtaaaaaag aatttcctcc tccaaaagaa 1080
 gaaggtaggg caagaataat gcaaattccc tcaagaaaaa agactgttaa ccccgaagta 1140
 aactttgaag aattgggtag atcccctggg ggctttaacg ggggtccggg taaagccgtt 1200
 tgttttgaag ccggtttgat agctttggga agaaaagccc ccgctgtttc ccctgaagat 1260
 tttttggatg ttttttggga agttcaagcc cagaaaaaag ggaattttaa tttttttttt 1320
 taatttcccg cctacagata ataaattttg tttttgggta aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1380
 aaaaaaacia aaaa 1394

<210> 18

<211> 514

<212> ADN

<213> *Leptinotarsa decemlineata*

<400> 18

gacagatgtc gaacccttta tgaaaaatTT ttggaatttg gaccagagaa ttgtgtgacc 60
 tggatgaaat ttgccgaact agaaacttta ttaggcgaca ttgatcgagc aagggctatt 120
 tacgaattgg ctataagtca gcctaggtta gatatgccag agttactttg gaaggcttat 180
 atagactttg aaatttctca ggaagaacct gaaaatgcta gacaaatcta tgaaaggctg 240
 ctagaaaaaa catcacatgt caaagtatgg ttgtcttatg ccaaatttga acttaacaca 300
 caatcagaac ccgacatgaa tgttctgtta tccaggagag tatttgaaag agccaacgag 360
 agcctaaaaa attcatctga aaaagaggca agagttctac ttcttgaaaa ctggagggag 420
 tttgagaaag cccatggaga tgaaactggt aatgctaaag ttaatagcag gatgcccaaa 480
 cgtataaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa 514

<210> 19

<211> 2328

<212> ADN

<213> *Leptinotarsa decemlineata*

<400> 19

atggctacat acgaagagta tatccagcaa aacgaagaca gagacgggat acggttcaca 60
 tggaacgttt ggccgtccag cagaatagaa gccaccogtt tgggtggtgcc cttggcctgt 120
 ctttaccacac ccctgaaaga acgtcccgat cttccacca ttcagtacga tccagtgtctg 180

ES 2 750 007 T3

tgcactagaa acaattgtcg tgcaatactg aaccactct gccaaagtaga ttatcgtgcc	240
aagctttggg tgtgcaactt ctgctttcag aggaaccctt ttccccctca atatgccgcc	300
atttccgagc aacaccaacc agctgagctt atgccaatgt tttccacat agagtacact	360
attacaagag cacagtgttt acccccgata tatctctatg ttgtcgacac ttgcatggat	420
gaggaagaat tgggttctact caaggactcc ttgcaaatgt ctttgagctt gttgcccccg	480
aatgccttga tagggttgat tacctttggg aagatggtcc aagtgcacga actaggtacc	540
gagggctgca gcaaatctta cgttttccga gggacgaaag acctcacagc taagcaagtt	600
caagagatgt tggagtggg cagagccgca gtaagtgtc aacctgctcc tcaacaacca	660
ggacaacca tgaggcctgg agcactccag caagctccta cgccaccagc aagcaggttc	720
cttcaacca tctcgaaatg cgacatgaac ctactgatc ttattggaga gttgcaaaga	780
gacctatggc ctgtccacca aggcaaatgc gcccttagat cgaccgggac agctttatcg	840
atagccattg gttgtttgga gtgcacatac gccaaactg gtgccagggt catgctattc	900
gttggaggac cttgctctca aggccctggt caagtcttga atgatgatc gaagcaacct	960
atcagatctc accacgacat ccaaaaagac aatgccaaat acatgaagaa agcaatcaag	1020
cactatgata atttagcgat gagagcagca acgaatggcc actgcgttga catatatcca	1080
tgcgctttgg atcagacagc attgatggag atgaaacagt gttgtaattc aacaggggga	1140
catatggtca tgggcgactc gttcaattct tccctgttca agcaaactg ccagcgcata	1200
ttttcgaaag atcagaaaaa cgagctgaag atggcattta atggtactct ggaggccaag	1260
tgttccaggg agttgaaaat tcaaggcggg attggatctt gtgtttcgtt gaatgtgaag	1320
aatcctttgg tttccgacac cgaaatagga atgggtaaca cgggccagtg gaaaatgtgt	1380
acggtaactc caagtactac catggccttg ttcttcgagg tctcaacca acattccgct	1440
cccatacctc aagggggaag gggctgcata cagttcatca cgcaatatca gcatgctagt	1500
ggccagaaga ggatccgagt aacgacagtt gctagaaact gggccgatgc ttccgctaat	1560
atacatcatg tcagtgtctg attcgatcag gaggcagccg cagtgataat ggcgaggatg	1620
gcagtttaca gagcggaaac agacgatagc cctgatgttt tgagatgggt cgataggatg	1680
ttgatacgtc tgtgccagaa attcggcgaa tataacaagg acgacccgaa ttcgttccgc	1740
ttgggcgaaa acttcagcct ctaccgcag ttcattgtacc atttgagaag gtcacagttc	1800
ctgcaggtgt ttaacaattc tcccagcga acgtccttct acaggacat gcttatgcgc	1860
gaagacctca cgcagtcgct gatcatgatc cagccgatac tctacagcta cagtttcaat	1920
ggaccaccag aacctgtgct tttggatagc agttccatcc aaccgatag aattctgctc	1980
atggacacgt tcttcagat tctgatattc catggcgaga caatagccca atggcgtaac	2040
ctcaaatatc aggacatgcc tgaatacagc aactttaggc agctgctgca agctccagtg	2100
gacgatgcc aggaaattct tcaaaccagg tttcctatgc cgcgttacat cgatacggaa	2160
caaggaggat cacaggctag attcttgctc tcgaaagtca acccgagtca gactcacaac	2220
aatatgtacg cctacggagg ggacggagg gctccagttc tcaactgatga tgtatcgta	2280
caagtattca tggatcacct gaaaaactg gcagtgtcct ctacggct	2328

ES 2 750 007 T3

<210> 20

<211> 2697

<212> ADN

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 20

atgcctcttc gtttagatat caaacgaaag ttaacagccc gttcagacag ggtaaaatgt	60
gtagacctcc atccatctga accatggatg ttatgttctt tatatagtgg caatatcaat	120
gtttggaatt atgaaaatca acaacaagta aaaagtttcg aagtatgtga cctgccagtg	180
agagctgcaa aatttgctcc acgtaaaaac tggatagtca gtggatctga tgatatgcag	240
ataagaatat tcaattacaa cacttttagat agaattcatt cctttgaggc acattccgac	300
tatgtgagat gtataatagt tcatccaacc caaccttata ttctgacaag tagcgatgac	360
atgctcatca aattgtggaa ttgggataag gcttgggctt gtcagcaggt ctttgaaggc	420
cactctcatt atatcatgca aatcgccatc aatccaaaag acaacaacac atttgcgagt	480
gcttcaactgg accgtacttt gaaagtgtgg caacttgagg catcaacagc gaacttcacc	540
cttgaagggc acgagaaagg tgtcaactgt gtggactact atcacgggtg agacaagcca	600
tacttgatat cgggagcaga cgatcggttg gttaaaatct gggactatca aaacaaaacg	660
tgtgtccaaa ccttggaagg acacgcccaa aacgtaaccg cggtttgttt ccaccctgaa	720
ctacctgtgg ctctcacagg cagcgaagat ggtaccgta gagtttgga tacgaatata	780
cacagattag agaattgttt gaattatggg ttcgagagag tgtggacat ttgttgcttg	840
aagggttcga ataatgtttc tctggggtat gacgagggca gtatattagt gaaagttgga	900
agagaagaac cggcagttag tatggatgcc agtggcggta aaataatttg ggcaaggcac	960
tcggaattac aacaagctaa tttgaaggcg ctgccagaag gtggagaaat aagagatggg	1020
gagcgtttac ctgtctctgt aaaagatatg ggagcatgtg aaatataccc tcaaacaatc	1080
caacataatc cgaatggaag attcgttgta gtatgcggag acggcgaata tatcatttac	1140
acagcgatgg ctctacggaa caaggctttt ggaagcgtc aagagtttgt ctgggctcag	1200
gactccagcg agtatgcat tcgcgagtct ggtccacaa ttcggatatt caaaaacttc	1260
aaagaaagga agaacttcaa gtoggatttc agcgcggaag gaatctacgg gggttttctc	1320
ttggggatta aatcgggtgc cggtttaacg ttttacgatt gggaaacttt ggacttggtg	1380

ES 2 750 007 T3

agacggattg aaatacaacc gagggcggtt tattggtctg acagtggaaa attagtctgt 1440
 ctcgcaacgg aggacagcta cttcatcctt tcttatgatt cggagcaagt tcagaaggcc 1500
 agggagaaca atcaagtcgc agaggatggc gtagaggccg ctttcgatgt gttgggggaa 1560
 atgaacgagt ctgtccgaac aggtctttgg gttggagact gtttcattta tacaacgcc 1620
 gtcaatcgta taaattactt cgttgggtgg gaacttgtca cgatagctca tctggaccgt 1680
 cctctgtatg tgcggggta tgttcctagg gacgatcgat tgtatctcgt agacaaagaa 1740
 ttaggagttg tcagttatca gttgttactg tctgttcttg aatatcaaac ggcagttatg 1800
 aggagggact ttcctacagc ggatcgtgtc ctgccttcca ttcccaaaga gcatagaaca 1860
 agagttgctc actttttaga aaaacaaggc ttcaagcagc aagccttagc agtgagcact 1920
 gatccagagc atcgattcga actcgctgta gccctggaag acctcgatac cgccaaagta 1980
 ttagcccagg aagccaacaa tccctcaaaag tggagccaac tagcagagct tgcggcgtca 2040
 acaaataatt tacagctagc aaaagagtgt atgcagaagg ctcaggatta tggaggactt 2100
 ctcctcctag ccaccagttc tggagatgaa caactagttc aaagcttggg agaactcacg 2160
 caagccgaag gaaagcataa cctctccttc ctttcttatt ttctggtggg agatctgccg 2220
 aatgtttg atactttgg cagtacggga cgcctaccg aggctgcttt cttcgcacgc 2280
 tcgtatctgc cggacagaat atcggaaatt gttgaactgt ggaaggtgaa actgacgtca 2340
 attaatgaga aagctggtca gagtctggcg gatccgaaga gctacgagaa tctttttccg 2400
 ggtttgcaag aagcgattga aacgcaaaag tatttggagc agcaggatag ggggcttttc 2460
 cgggcttcag tatcaacaac gatcgttccc aacatgaaa ggaatttggg ggcagaggca 2520
 cgggcccaga tgaaggtgg tgcgcgggtt tttcagcaaa gcaggttact ttctggagaa 2580
 aaaacaatat cctttgaaca ggatgaagat gatctagact tagatttggg aggcgttaat 2640
 attgacgaca atatagacac aacggatatc aatatcgacg atgatttatt gagcgat 2697

<210> 21

<211> 558

<212> ADN

<213> *Leptinotarsa decemlineata*

<400> 21

gtcgtggaag atagcaggaa agggagacgg agaaggtgag gaaacatcc tcaagttgga 60
 gaatcaaatt gccgtcatca agtatgtgct gatatttacg aatatcttgt catggtacat 120
 cggaaactcaa gttgccggct ttatattcgg tctgtctgga gcgtctgtac tgctggataa 180
 cagcgcctaga gattcccatt tccagcccag gatccgagaa agtatgacgac gacttatcat 240
 gaatgccat cacgaggaat ccagacaaac actcgccatg attcaggaga atattgcttg 300
 ctgtggagct gatggtgcac atgattacct gtctttgcag caaccgctac caagcacttg 360

ES 2 750 007 T3

cagagataca gttactggaa atocctttta tcatggatgc gttgatgagc tgacttggtt 420
 tttcgaggag aaatgcggtt gggtgccgg acttgtcatg atactttgct tgatccaagt 480
 aataaacaca gtcctgtcaa ttatattcct tcaagctctc aagaaagaag agggacaagc 540
 tgatacatac agaaaatg 558

<210> 22

<211> 320

<212> ADN

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 22

atgtgtgacg aagaggttgc cgcattagtc gtagacaatg gatctggtat gtgcaaagct 60
 ggatttgctg gggatgatgc cccccgtgca gttttcccat ccattggttg tcgtccaaga 120
 catcaaggag ttatggttagg aatgggcca aaggactcgt atgtaggaga tgaagcccaa 180
 agcaaaagag gtatccttac cttgaaatac cccattgaac acggtattgt cacaaactgg 240
 gatgatatgg agaaaatctg gcaccatacc ttctacaatg aacttcgagt tgccccgaa 300
 gagcaccctg ttttggtgac 320

<210> 23

<211> 490

<212> ADN

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 23

ggtaagaatc gtcttttctg catatccact gtcaaaaagt ttctttttat gagcagcgtg 60
 taatggtgga gtagaagttg tttcaactaa cttccaaga tgcagatctt tgttaaaact 120
 ttgactggta agaccatcac tcttgaggtc gaaccttcgg ataccatcga aaatgtaag 180
 gctaagattc aagacaagga gggattcca ccagaccaac tgcgtttaat ttttgctggt 240
 aaacaattgg aagatggacg tactttgtcg gactacaata tacaaaagga atctactctt 300
 caccttgat tgcgattgag gggaggtgca aagaaacgta agaagaaga ttactccacc 360
 ccaaaaaaaaa atcaagcata agaagaaga ggtcaagctg gctgtattga aattttataa 420
 agtcgaagac aatggtaaaa tccacaggtt gaggcgtgag tgtcctgctg aacaatgcgg 480
 agctggtgtc 490

<210> 24

<211> 231

<212> ADN

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 24

ccaaacaaga aacgccacga tgcaaatttt cgtaaaaaca ctcacgggta agaccatcac 60
 cctcgaggtc gaaccctctg acaccatcga aaacgtcaag gctaagatcc aagacaagga 120

ES 2 750 007 T3

agggatcccc ccagatcagc aaaggttggc cttcgctgga aaacagctcg aagatggtcg 180

aactctttcc gactacaata ttcagaagga gtccaccctc catctcgtcc t 231

<210> 25

<211> 571

<212> ADN

<213> *Leptinotarsa decemlineata*

<400> 25

gggaccaaca aaggcttata ttogctggaa aacaactgga agatggccga accttatcag 60

attataacat tcagaaagaa tctacacttc acttggttct tcgtctccgt ggtggtatgc 120

agatctttgt caaaactcta actggaaaga ccattacctt agaagtggaa ccatccgata 180

ccattgagaa tgtaaaagcc aaaattcagc acaaggaagc aattccccca gaccaacaaa 240

gattgatctt cgctggaaaa caacttgaag atggccgaac cttgtcagat tataacattc 300

aaaaagaatc cacactccac ttggttcttc gtctccgtgg tggatgagc atctttgtca 360

aaactctaac tggaaagaca attaccttgg aagtgaacc atccgacacc atcgagaagc 420

tgaaagctaa aatccaagac aaagagggca ttccccaga ccaacaaaga ttgatcttcg 480

ctggaaaacg actggaagat ggccgaacct tgtcagatta taacattcag aaagaatcta 540

cgcttcattt ggttcttcgt ctgagaggag g 571

<210> 26

<211> 542

<212> ADN

<213> *Leptinotarsa decemlineata*

<400> 26

cttgtttgct ccagtctcga aactacgaga attgaagcca tggaaaggtc attggtggaa 60

cccactttat acaccataaa agggatthtg atcctggata atgatggaaa cagaatcctg 120

gcaaaatatt acgacaaaac cacattcccc acatcaaaag agcagaagc atttgagaaa 180

aatctattta acaaaacaca tagagcaaat gcagaaatca tcatgctgga tggattaacc 240

tgcctctata ggagcaatgt ggatttattt ttctatgta tgggcagctc acacgaaaac 300

gagcttattc ttatgagtat tctcaattgt ctttatgact cagttagcca aatactgagg 360

aaaaatgtgg aaaaacgagc agtactagag tccctggata tagttatgtt agcgctggat 420

gagatatgtg atggaggaat tacccttgat gctgattcga attctgctgt gtcaagggta 480

gctttgagga atgatgatat accaattgga gagcagaccg tagcccaggt ctttcaatct 540

gc 542

<210> 27

<211> 747

<212> ADN

ES 2 750 007 T3

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 27

gtatttgaga cctcgctgtc gcaagccctc gtcggtggaa gaggcagcgc ggcagattct 60
gccacaggaa caaataagtt gaacaagata acgcagttga caggttttcg gatcccgttt 120
attcagaagc ttatgtccac gtcaaccagt atgatattgt gctggacgtt ttgatcgtca 180
atcaaactaa tgatactctg caaaattgta ctttggagct ggcgacgttg ggagatctga 240
aacttgtcga aaaacctcag ccagtagttc ttgctcccaa agacttctgt aacatcaaag 300
cccacgtaaa ggttgcttcc actgaaaacg gaatcatctt tggaaacatc gtttatgacg 360
tgacggggcg ggcctcagac aggaacgtag tcgtcctcaa tgacatccac atcgacatca 420
tggactatat tgttccagcg tcttgtaccg attcagaatt tatgaggatg tgggctgaat 480
ttgaatggga aaataaggtg actgtcaaca cacccttgac ggaccttgcg gactacttgg 540
agcacctcat taagagcacc aacatgaaat gcttgacgcc agaaaaggcg ctcagcggtc 600
agtgtggttt catggcagcc aatatgtacg ctaaatccat atttggagaa gacgctttgg 660
ccaatttgag tatagagaaa ccgtttaaca aaccagaagc acctgtagct ggacacatca 720
gaatcagggc taagagtcag ggcattgg 747

<210> 28

<211> 393

<212> ADN

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 28

ccagcaaacg aagacatcga atcaccccca gatattataa acaaagcatt tagagaaatt 60
tttgaggctg acgaaaacgg gatcaatggg tctctggtgg aaccaccaac tccaacgcag 120
aaaacgtttg atagaccttt ccaagaagat ctaagcgagt tcaactttag aatatatgca 180
gcaacgtatt ttacgaacaa tgccaactat cagttttcaa agaaacctct taaggaatcc 240
ctacattatc ttccgacccc agatgacgtg atcgccgcac aagccttgtg gataaccatc 300
ctcaggttca tgggagacta tccggagccc aaatacgaca attcgacgaa agaaaacgtt 360
cccatcatgc aaatcatctc agagtcgatac ggc 393

<210> 29

<211> 779

<212> ADN

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 29

ggacgtttgg aggaagccga cgctctcatc caacagctct cttccgacaa ggatcccatc 60
ctcagggcgt cgggcatgta cactatcgcc atggcttact gcagcaccgg acacaaccag 120
gcgatcagga agctgcttca cgttgctgta tccgacgtaa atgatgacgt cgcgacgact 180
gccgtcacgg cgctgggttt cctcttattc agaactcctg aacaatgccc aagcgtagtt 240

ES 2 750 007 T3

tctctgctgg ctgagagtta caaccctcac gtacgctacg gagctgccat ggcactcggg 300
atcgctctgtg ctggcaccgg actccgcgaa gctattgctc ttctggaacc gatggtgatg 360
ttcgatccag tcaatttcgt tcgtcaagga gctctcatcg cttctgccat gatcttgatc 420
cagcagaccg aacagacctg tctaaagt agtttcttca gacagactta cgctcaggtc 480
atcgccaaca aacatgagga tggtatggcc aaattcggag ctattttggc tcaaggaatt 540
attgacgctg gaggcaggaa tgttacatta tcaactccagt cgagaacagg acacaccaat 600
atggttggcag tggcgggaac tttggtgttc acccagtatt ggtactgggt ccctctctcc 660
cattgtttgg ctctggcttt caccccaact tgtgttatcg ccctcaatga acaactcaaa 720
atgccaagt tggactgaa atcgaatgca aaaccaagtc tctacgcata tccagctcc 779

<210> 30

<211> 392

<212> ADN

<213> *Leptinotarsa decemlineata*

<400> 30

gttagtgatt ttgtattcag attgtctccg ttcgtaaaaa tgctactgaa tcaaatatcc 60
atagcagggtg ccgatgactg gagaaatgcc gctcatagca ctgggacttc tattatggca 120
gcagaattcg atggaggagt aattattggt gctgattccc gtacaactac aggggcgtac 180
attgcaaadc gtgtaactga caaactaact aaagtaactg accatatata ttgttgcga 240
tctggatcag cagcagatac tcaagccatt gctgatattg tatcgtacca tctgaacttc 300
catggtatgg aactaggaga agagcccctt gtagaggtgg gggctgctat cttcagggag 360
ctttgctaca actataggga ttctctcatg gc 392

<210> 31

<211> 178

<212> ADN

<213> *Leptinotarsa decemlineata*

<400> 31

ctaggtctcc agccagcaga aagaacggat aaggttcctg aggaaaaatc aactcact 60
cttttactag caggaatgct tcgaggggggt attgacattt tagttagggc aaaactagcc 120
ctagctgatg gtgtgactat gcaactgacc gtgaggtcac ccgatgctga tgttgctg 178

<210> 32

<211> 559

<212> ADN

<213> *Leptinotarsa decemlineata*

<400> 32

ES 2 750 007 T3

gtaaggctaa agaactggcg gaattggtaa aggctactcg tccgtttctc agcattataa 60
gcaaggcgaa agctgcgaaa ctggtcaggt ctctggtcga ttatttccta gatttgggaag 120

caggatcgg aatagaagtc caactgtgta aagaatgtat agagtgggca aaagaagaga 180
aaaggacctt tcttcgtcag tctttggaag cgcgattgat agccttgtat ttcgatactg 240
gtatgtatgc cgaggctctg attctggaat ccaccttggt gaaaggattg aagaagtgg 300
atgacaaaaa tttactggta gaagtacagt tgcttgaaag taagacatat cacgccttga 360
gtaacctgcc caaggctcgt gccgcattaa cttcagctcg tacaacagcc aattccatct 420
attgccctcc taagatgcaa gctgcgcttg accttcagtc tggagttctg catgcagctg 480
atgaaaaaga cttcaaaact gcctattcat acttttatga ggcatttgaa gggtttgaca 540
gcgtagaatc accaaaagc 559

<210> 33

<211> 586

<212> ADN

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 33

gcttcggagc ggtatagttt ttcgctgaca acttccagtc catctggaaa actagctcaa 60
attgaatatg ccctagctgc tgtagccgct ggagctcctt ctgtgggcat taaagcttca 120
aatggtgtag ttatgccac agaaaacaaa cataagtcga tcctctatga agaacacagt 180
gttcataaag ttgaaatgat taaaaacat ataggaatga tatattctgg tatgggacct 240
gattatcgtt tgttggtgaa acaagctcgt aaaatggccc aacagtatta tctagtttat 300
caagagccta taccaacagt tcaactcgtt caacgagttg cactgttat gcaagaatat 360
actcagtcog gaggagttag gccgtttggg gtttcattat tgatattgtg ttgggacagt 420
gaacgacct acttatttca atgtgatcca tcaggagctt attttgcctg gaaagctact 480
gccatgggca agaatttcat caatggaaaa acatttttgg aaaaagata tagcgaggat 540
ttggaacttg atgacgcagt acacacagca attctgacgt tgaagg 586

<210> 34

<211> 267

<212> ADN

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 34

gctgaagcag gccaaagaag aagctcaaga cgaaatcgaa aaataccgta aagaacgcga 60
acgtcaattc agggagttcg aggccaagca tatgggctcc agagaggatg taccgtccaa 120
aatcgaagtg gacaccaaac gtagaatcga agagatgaac aaggctataa tcagtcaaaa 180
agaacctgtt atccaagaag ttctcaactt agtgtacgac atcaaacctg aaatccacaa 240
gaactaccgc caatagactg tgtgtgg 267

ES 2 750 007 T3

<210> 35

<211> 603

<212> ADN

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 35

gcatgtgaaa atgagttcct tgaagctaca gaagaggctc gccgcctcgg ttatgcatg	60
tggcaaaaaa aagtatggtt ggatcctaata gaaattaatg aaatcgctaa caccaactca	120
aggcaaaaaca tccgtaagtt gatcaaagat ggtctcataa tcaagaaacc agtagcagtg	180
cattcccgtg ctcgagtacg caaaaacaca gaagcccga ggaagggaag acattgcggt	240
ttcggtaaaa ggaaggttac agcaaatgct cgaatgcccc agaaggaatt atggattcag	300
cgcatgagag ttttgagacg tctcttgaaa aaataccgag aagccaaaa gatcgacagg	360
catctgtact atgcccttta catgaaagca aagggtaacg tattcaagaa caagagagtc	420
ctcatggaat acatccataa gaagaaggca gagaaggccc gtgccaagat gttggcagac	480
caagccaatg ccaggagatt gaaggtaaaa caagcacgtg aacgtcgtga agaacgtatc	540
gctaccaaga aacaggaagt tctacagaat taccagcggg aagatgaagc ccaagctgct	600
aag	603

<210> 36

<211> 273

<212> ADN

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 36

gatgtctggt ttgtgtcctg aaattccagc gccaggcttt tcattcgaga attgtaaaag	60
aatgcattg ctggaaggca agggattcgc tctacaaaa gctactaaga ctggtaccac	120
catcgtagga attacttata aagatggagt cattcttggg gccgatacca tagccacaga	180
agataccaca gttgcagaca agaactctga gaagattcac tatcttgctc caaatatgta	240
ttgttggtggt gctggtacag ccgcgatac aga	273

<210> 37

<211> 310

<212> ADN

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 37

ES 2 750 007 T3

atgtcgtcta ctctagaaga taaagctatc tgggaagatg gggaagaatc attgggggag 60
 gaagttctga ggatgtcgac tgatgaaata gtcagccgga cgcgtttact cgataatgaa 120
 atcaaaataa tgaagagcga agtaatgaga ataaaccatg aactccaagc ccaaaacgaa 180
 aaaatcaaag aaaacactga aaagataaag gtaaataaaa cgctacctta cttggtatct 240
 aatgttatag aactgctaga tgtggaccct caagaggaag aagaagacgg ggcagttgta 300
 gacttgatt 310

<210> 38

<211> 388

<212> ADN

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 38

ggaatttggg ccagagaatt gtgtgacctg gatgaaattt gccgaactag aaactttatt 60
 aggcgacatt gatcgagcaa gggctattta cgaattggct ataagtcagc ctaggttaga 120
 tatgccagag ttactttgga aggcttatat agactttgaa atttctcagg aagaacctga 180
 aaatgctaga caaatctatg aaaggctgct agaaaaaaca tcacatgtca aagtatggtt 240
 gtcttatgcc aaatttgaac ttaacacaca atcagaacct gacatgaatg ttctgtatc 300
 caggagagta tttgaaagag ccaacgagag cctaaaaaat tcatctgaaa aagaggcaag 360
 agttctactt cttgaaaact ggagggag 388

<210> 39

<211> 1504

<212> ADN

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 39

ES 2 750 007 T3

gcttggtgcc cccgaatgcc ttgataggtg tgattacctt tgggaagatg gtccaagtgc 60
 acgaactagg taccgagggc tgcagcaaat cttacgtttt ccgagggacg aaagacctca 120
 cagctaagca agttcaagag atggttgaag tgggcagagc cgcagtaagt gctcaacctg 180
 ctctcaaca accaggacaa cccatgagc ctggagcact ccagcaagct cctacgccac 240
 caggaagcag gttccttcaa cccatctcga aatgcgacat gaacctcact gatcttattg 300
 gagagttgca aagagaccca tggcctgtcc accaagcaa atgcgccctt agatcgaccg 360
 ggacagcttt atcgatagcc attgggttgt tggagtgcac atacgccaat actggtgcca 420
 gggatcatgct attcggttga ggaccttgc ctcaaggccc tggatcaagtc ttgaatgatg 480
 atctgaagca acctatcaga tctcaccacg acatccaaaa agacaatgcc aaatacatga 540
 agaaagcaat caagcactat gataatttag cgatgagagc agcaacgaat ggccactgcg 600
 ttgacatata ttcgatcgct ttggatcaga caggattgat ggagatgaaa cagtgttga 660
 attcaacagg gggacatatg gtcattggcg actcgttcaa ttcttcctg ttcaagcaaa 720
 cgttccagcg catatcttcg aaagatcaga aaaacgagct gaagatggca tttaatggta 780
 ctctggaggt caagtgttcc agggagttga aaattcaagg cggatattga tcttgtgttt 840
 cgttgaatgt gaagaatcct ttggtttccg acaccgaaat aggaatgggt aacacggtcc 900
 agtggaataat gtgtacggta actccaagta ctaccatggc cttgttcttc gaggtcgtca 960
 accaacattc cgctccata cctcaagggg gaaggggctg catacagttc atcacgcaat 1020
 atcagcatgc tagtggccag aagaggatcc gagtaacgac agttgctaga aactgggccg 1080

 atgcttccgc taatatacat catgtcagtg ctggattcga tcaggaggca gccgcagtga 1140
 taatggcgag gatggcagtt tacagagcgg aatcagacga tagccctgat gttttgagat 1200
 gggatcgatag gatgttgata cgtctgtgcc agaaattcgg cgaatataac aaggacgacc 1260
 cgaattcgtt ccgcttgggc gaaaacttca gcctctaccg gcagttcatg taccatttga 1320
 gaaggtcaca gttcctgcag gtgtttaaca attctcccga cgaaacgtcc ttctacaggc 1380
 acatgcttat gcgcgaagac ctacgcagc cgctgatcat gatccagccg atactctaca 1440
 gctacagttt caatggacca ccagaacctg tgcttttggg tacgagttcc atccaaccgg 1500
 atag 1504

 <210> 40
 <211> 967
 <212> ADN
 <213> *Leptinotarsa decemlineata*
 <400> 40

ES 2 750 007 T3

gggagcagac gatcggttgg ttaaaatctg ggactatcaa aacaaaacgt gtgtccaaac 60
 cttggaagga cacgccc aaa acgtaaccgc ggtttgtttc caccctgaac tacctgtggc 120
 tctcacaggc agcgaagatg gtaccgtag agtttggcat acgaatacac acagattaga 180
 gaattgtttg aattatgggt tcgagagagt gtggaccatt tgttgcttga agggttcgaa 240
 taatgtttct ctggggtatg acgagggcag tatattagtg aaagttggaa gagaagaacc 300
 ggcagttagt atggatgcc a gtggcggtaa aataatttgg gcaaggcact cgggaattaca 360
 acaagctaat ttgaaggcgc tgccagaagg tggagaaata agagatgggg agcgtttacc 420
 tgtctctgta aaagatatgg gagcatgtga aatataccct caaacaatcc aacataatcc 480
 gaatggaaga ttcgtttag tatgcgaga cggcgaatat atcatttaca cagcgatggc 540
 tctacggaac aaggcttttg gaagcgtca agagtttgc tgggctcagg actccagcga 600
 gtatgccatt cgcgagtctg gttccacaat tcggatattc aaaaacttca aagaaaggaa 660
 gaacttcaag tcggatttca gcgcggaagg aatctacggg ggttttctct tggggattaa 720
 atcgggtgcc ggtttaacgt tttacgattg ggaaactttg gacttgggtga gacggattga 780
 aatacaaccg agggcggttt attggtctga cagtggaaaa ttagtctgtc tcgcaacgga 840
 ggacagctac ttcaccttt cttatgattc ggagcaagtt cagaaggcca gggagaacaa 900
 tcaagtcgca gaggatggcg tagaggccgc tttcgatgtg ttgggggaaa tgaacgagtc 960
 tgtccga 967

<210> 41

<211> 43

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 41

gcgtaatcg actcactata ggtcgtggaa gatagcagga aag 43

<210> 42

<211> 31

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 42

cattttctgt atgtatcagc ttgtccctct t 31

<210> 43

<211> 26

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 43

gtcgtggaag atagcaggaa agggag 26

<210> 44

<211> 41

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 44

gcgtaatcg actcactata ggcatttct gtatgatca g 41

<210> 45

<211> 44

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 45

gcgtaatcg actcactata ggatgtgtga cgaagaggtt gccg 44

<210> 46

<211> 24

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 46

gtcaacaaaa cagggtgctc ttcg 24

<210> 47

<211> 22

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 47

atgtgtgacg aagagttgc cg 22

ES 2 750 007 T3

<210> 48

<211> 46

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 48

gcgtaatacg actcactata gggtaacaac aacagggtgc tcttcg 46

<210> 49

<211> 41

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 49

gcgtaatacg actcactata ggtaagaatc gtctttcgt c 41

<210> 50

<211> 22

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 50

gacaccagct ccgcattgtt ca 22

<210> 51

<211> 29

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 51

ggtaagaatc gtctttcgt catatccac 29

<210> 52

<211> 42

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

ES 2 750 007 T3

<223> Cebador

<400> 52

gcgtaatacg actcactata ggacaccagc tccgcattgt tc 42

<210> 53

<211> 44

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 53

gcgtaatacg actcactata ggccaacaa gaaacgccac gatg 44

<210> 54

<211> 20

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 54

aggacgagat ggagggtgga 20

<210> 55

<211> 22

<212> ADN

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 55

ccaacaaga aacgccacga tg 22

<210> 56

<211> 42

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 56

gcgtaatacg actcactata ggaggacgag atggagggtg ga 42

<210> 57

<211> 43

<212> ADN

<213> Artificial

ES 2 750 007 T3

<220>

<223> Cebador

<400> 57

gcgtaatacg actcactata gggaccaaca aaggcttacc ttc 43

<210> 58

<211> 26

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 58

cctcctctga gacgaagaac caaatg 26

<210> 59

<211> 24

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 59

gggaccaaca aaggcttacc tcg 24

<210> 60

<211> 42

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 60

gcgtaatacg actcactata ggctcctct gagacgaaga ac 42

<210> 61

<211> 41

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 61

gcgtaatacg actcactata ggctgttg ctccagtcc g 41

<210> 62

<211> 24

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 62

gcagattgaa agacctgggc tacg 24

<210> 63

<211> 27

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 63

ctgtttgct ccagtctcga aactacg 27

<210> 64

<211> 40

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 64

gcgtaatacg actcactata gggcagattg aaagacctgg 40

<210> 65

<211> 41

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 65

gcgtaatacg actcactata ggtattgag acctcgctgt c 41

<210> 66

<211> 23

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

ES 2 750 007 T3

<400> 66

ccatgccctg actcttagcc ctg 23

<210> 67

<211> 25

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 67

gtatttgaga cctcgctgtc gcaag 25

<210> 68

<211> 41

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 68

gcgtaatacg actcactata ggccatgccc tgactcttag c 41

<210> 69

<211> 47

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 69

gcgtaatacg actcactata ggccagcaaa cgaagacatc gaatcac 47

<210> 70

<211> 24

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 70

gccgatcgac tctgagatga ttg 24

<210> 71

<211> 25

<212> ADN

ES 2 750 007 T3

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 71

ccagcaaacg aagacatcga atcac 25

<210> 72

<211> 46

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 72

gcgtaatcg actcactata gggccgatcg actctgagat gatttg 46

<210> 73

<211> 41

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 73

gcgtaatcg actcactata ggacgttgg aggaagccga c 41

<210> 74

<211> 27

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 74

ggagctggat atgcgtagag acttgg 27

<210> 75

<211> 21

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 75

ggacgttgg aggaagccga c 21

<210> 76

<211> 42

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 76

gcgtaatacg actcactata ggagctggat atgcgtagag ac 42

<210> 77

<211> 41

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 77

gcgtaatacg actcactata ggtagtgat ttgtattca g 41

<210> 78

<211> 28

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 78

gccatgagag aatccctata gttgtagc 28

<210> 79

<211> 30

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 79

gtagtgatt ttgtattcag attgtctccg 30

<210> 80

<211> 42

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 80

gcgtaatacg actcactata ggccatgaga gaatccctat ag 42

<210> 81

<211> 41

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 81

gcgtaatacg actcactata ggctaggtct ccagccagca g 41

<210> 82

<211> 22

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 82

cagcaacatc agcatcgggt ga 22

<210> 83

<211> 26

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 83

ctaggtctcc agccagcaga aagaac 26

<210> 84

<211> 43

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 84

gcgtaatacg actcactata ggcagcaaca tcagcatcgg gtg 43

<210> 85

<211> 41

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 85

gcgtaatagc actcactata gggtaaggct aaagaactgg c 41

<210> 86

<211> 27

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 86

gcttttggtg attctacgct gtcaaac 27

<210> 87

<211> 26

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 87

gtaaggctaa agaactggcg gaattg 26

<210> 88

<211> 42

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 88

gcgtaatagc actcactata ggcttttggg gattctacgc tg 42

<210> 89

<211> 44

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 89

ES 2 750 007 T3

gcgtaatacg actcactata ggcttcggag cgtatagtt ttc 44
<210> 90
<211> 28
<212> ADN
<213> Artificial
<220>
<223> Cebador
<400> 90
ccttcaacgt cagaattgct gtgtgtac 28
<210> 91
<211> 24
<212> ADN
<213> Artificial
<220>
<223> Cebador
<400> 91
gcttcggagc ggtatagttt ttcg 24
<210> 92
<211> 41
<212> ADN
<213> Artificial
<220>
<223> Cebador
<400> 92
gcgtaatacg actcactata ggccttcaac gtcagaattg c 41
<210> 93
<211> 46
<212> ADN
<213> Artificial
<220>
<223> Cebador
<400> 93
gcgtaatacg actcactata gggctgaagc aggccaaaga agaagc 46
<210> 94
<211> 27
<212> ADN
<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 94

ccacacacag tctattggcg gtagttc 27

<210> 95

<211> 24

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 95

gctgaagcag gccaaagaag aagc 24

<210> 96

<211> 49

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 96

gcgtaatacg actcactata ggccacacac agtctattgg cggtagttc 49

<210> 97

<211> 43

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 97

gcgtaatacg actcactata ggcatgtgaa aatgagtcc ttg 43

<210> 98

<211> 25

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 98

cttagcagct tgggcttcat ctcc 25

<210> 99

ES 2 750 007 T3

<211> 26

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 99

gcatgtgaaa atgagttcct tgaagc 26

<210> 100

<211> 43

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 100

gcgtaatacg actcactata ggcttagcag ctggggcttc atc 43

<210> 101

<211> 50

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 101

gcgtaatacg actcactata gggatgtctg tttgtgtcc tgaaattcca 50

<210> 102

<211> 22

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 102

tctgtatccg cggctgtacc ag 22

<210> 103

<211> 28

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

ES 2 750 007 T3

<400> 103

gatgtctggt ttgtgcctg aaattcca 28

<210> 104

<211> 44

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 104

gcgtaatacg actcactata ggtctgtatc cgcggtgta ccag 44

<210> 105

<211> 56

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 105

gcgtaatacg actcactata ggatgctgct tactctagaa gataaagcta tctggg 56

<210> 106

<211> 24

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 106

aatccaagtc tacaactgcc ccgt 24

<210> 107

<211> 34

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 107

atgctgtcta ctctagaaga taaagctatc tggg 34

<210> 108

<211> 46

<212> ADN

ES 2 750 007 T3

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 108

gcgtaatag actcactata ggaatccaag tctacaactg ccccg 46

<210> 109

<211> 41

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 109

gcgtaatag actcactata ggaattgga ccagagaatt g 41

<210> 110

<211> 29

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 110

ctccctccag tttcaagaa gtagaactc 29

<210> 111

<211> 27

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 111

ggaattgga ccagagaatt gtgtgac 27

<210> 112

<211> 43

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 112

gcgtaatag actcactata ggctccctcc agtttcaag aag 43

ES 2 750 007 T3

<210> 113

<211> 41

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 113

gcgtaatacg actcactata gggcttggtg cccccgaatg c 41

<210> 114

<211> 22

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 114

ctatcgggtt ggatggaact cg 22

<210> 115

<211> 19

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 115

gcttggtgcc cccgaatgc 19

<210> 116

<211> 44

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 116

gcgtaatacg actcactata ggctatcggg ttggatggaa ctcg 44

<210> 117

<211> 42

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

ES 2 750 007 T3

<223> Cebador

<400> 117

gcgtaatacg actcactata gggggagcag acgatcggtt gg 42

<210> 118

<211> 23

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 118

tggacagac tcgtcattt ccc 23

<210> 119

<211> 20

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 119

gggagcagac gatcggttgg 20

<210> 120

<211> 45

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 120

gcgtaatacg actcactata ggtcggacag actcgttcat tccc 45

<210> 121

<211> 837

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 121

ES 2 750 007 T3

gaacacggta tcgtcaccaa ctgggacgat atggagaaaa tctggcacca caccttctac 60
 aacgagttga gagtgcgccc cgaggaacac cccgtcctcc tgactgaagc ccccctcaac 120
 cctaaggcca acagggagaa gatgaccag atcatgttcg aaaccttcaa cacaccgcc 180
 atgtacgtgg ccatccaggc tgtcctgtcg ctgtacgect cgggtcgtac cactggtatc 240
 gtcctcgact ccggagatgg tgtctccac accgtcccga tctacgagg atacgctcty 300
 ccccacgcca tcctccgtct cgacttggct ggccgtgact tgaccgacta ccttatgaag 360
 atcctcaccg agagaggcta ctcttcacg accaccgccg aaagggagat cgtccgtgac 420
 atcaaggaga agctctgcta cgtcgcctc gacttcgagc aggaaatggc caccgccgcg 480
 tcctcctcgt ccctcgaaaa gtccacgag cttcccgcag gtcaagtcac caccatcgga 540
 aacgagaggt tcaggtgccc mgaagccctc ttccagcctt ccttcttggg aatggaagcc 600
 tgcggtatcc acgaaaccac ttacaactcc atcatgaagt gcgacgtgga catccgtaag 660
 gacctgtacg ccaacaccgt gctctctgga ggcaccacca tgtaccagc aatcgccgac 720
 aggatgcaga aggaaatcac cgcctcgcg ccacccacca tgaagatcaa gatcatcgct 780
 ccccagagc gcaaatactc cgtatggatc ggaggatcca tcctcgcctc cctctcc 837

<210> 122

<211> 756

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 122

gagcacggca tcatcaccaa ctgggacgac atggagaaga tctggcacca caccttctac 60
 aacgagctcc gcgtcgctcc cgaggagcac cccatcctcc tcacggaggc tcccctcaac 120
 cccaaagcca acagggagaa gatgactcag atcatgtttg agaccttcaa cacccccgcc 180
 atgtacgtcg ccatccaggc cgtmcttcc ctctacgctt cgggtcgtac caccggtatc 240
 gtcctcgact ccggagatgg tgtctccac accgtcccca tctaygaag ttacgccctt 300
 ccycacgcca tcctccgtct ggacttggct ggmcgtgact tgactgacta cctgatgaag 360
 atcctcaccg agaggggta ctctttcac accaccgctg agagggaaat cgtccgcgac 420

 atcaaggaga agctctgcta cgtcgcctc gacttcgagc aggaaatggc caccgccgcc 480
 gcctccacct ccctcgagaa gtccacgag cttcccgcag gacaggtcat caccatcgyy 540
 aacgagaggt tccgttgccc cgaagccctc ttccagcctt ccttcttggg tatggaatcc 600
 tgcggyatcc acgagaccgt ctacaactcc atcatgaagt gcgacgtcga catcaggaaa 660
 gacctgtacg ccaacaccgt cctctccgga ggcaccacca tgtaccgccg tatcgccgac 720
 aggatgcaga aggaaatcac cgcctcgcg ccctcg 756

<210> 123

<211> 213

<212> ADN

ES 2 750 007 T3

<213> Lygus hesperus

<400> 123

atccccccgg atcagcagcg tcttatcttc gccggtaagc aattggaaga tggccgcacc 60
ctttctgact acaacatcca gaaagaatcc accttgcaact trgtgctcag gcttcgyggt 120
ggtgccaaga aaaggaagaa gaagaactac tccactccca agaagatcaa gcacaagaag 180
aagaagatta agttggctgt gcttaaatac tac 213

<210> 124

<211> 265

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 124

caargchaar atccargaca aggaaggsat yccccagay cagcagaggt tgatcttcgc 60
tggcaagcag ctccaagatg gccgcacact ttcygactac aacatccaga aagagtcacc 120
ccttcacttg gtccctccgyc tgagaggagg agtcatcgag cccrcctca ggatyttggc 180
tcagaagtac aactgcgaca aratgatctg caggaagtgc tacgctcgtc tccaccccag 240
ggcgaccaac tgtcgcaaga agaaa 265

<210> 125

<211> 384

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 125

aagaccctca caggaaagac catcactctt gaggtcgagc cttctgacac catcgaaaac 60
gtcaaggcta aaattcaaga caaggaaggt attcctccag atcagcagag attgatcttc 120
gccggcaaac aactcgaaga tggccgtacc ctctctgact acaatattca aaaagagtcc 180
acccttcaact tgggtgtgag attgcgtgga ggtatgcaaa tctttgtcaa aacattgact 240
ggaaagacca tcacccttga agtcgaacct tccgacacca tcgaaaatgt caaggccaag 300
atccaggaca aggaaggcat cccccagat cagcagaggt tgatcttcgc tggcaaacaa 360

cttgaagacg gacgtaccct ctcg 384

<210> 126

<211> 156

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 126

ES 2 750 007 T3

accctgtccg actacaacat acagaaggag tccactcttc acttggtggt gagattgcgt 60
 ggtggtatgc agatcttcgt caagacgttg acaggcaaga ccatcaccct tgaagtcgag 120
 ccctctgaca ccatcgaaaa cgtcaaggct aagatc 156
 <210> 127
 <211> 156
 <212> ADN
 <213> Lygus hesperus
 <400> 127
 accctgtccg actacaacat acagaaggag tgcaccctcc atcttgcct ccgtctgcgt 60
 ggtggtatgc agatcttcgt caaaacgctg actggcaaga caatcaccct tgaagtagag 120
 ccctctgaca ccatcgaaaa tgtcaaggcg aaaatc 156
 <210> 128
 <211> 141
 <212> ADN
 <213> Lygus hesperus
 <400> 128
 cacttggtgt tgagattgcg tgggtggtatg cagatcttcg tcaaacctt gaccggcaag 60
 acgatcactt tggaaagtga gccctctgac accattgaga atgttaaagc caagatccag 120
 gacaaggaag gtatcccccc a 141
 <210> 129
 <211> 138
 <212> ADN
 <213> Lygus hesperus
 <400> 129
 cttgtactcc gtctgcgtgg tggatgcag attttcgtga agaccttgac tggcaagacc 60
 atcactcttg agtgcgagcc ctctgacacc attgaaaacg tcaaggccaa gatccaggac 120
 aaggaaggta tcccccca 138
 <210> 130
 <211> 228
 <212> ADN
 <213> Lygus hesperus
 <400> 130
 agctcycacg agaacgaact gatcctcatg agcgttctyc agtgtctgta cgactcgaty 60

ES 2 750 007 T3

agtcaaatcc tgaggaaaa cgytgagaaa cgaacgatat tcgagaacct ggagatcgtc 120
atgctcgcca tggacgagat ctgcgacggt gggatactcc tggaggccga ccctacgtcc 180
gtcgtacagc gagtcgcat ccggaccgat gacatcccct tgggcgaa 228

<210> 131

<211> 418

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 131

cttgracgta ctcatgtca accagacagc tgacactctt caaaattgca ctctggaatt 60
ggctacactt ggcgacctga aattggtcga gaagccgcaa ccctgcgttt tggcgcctca 120
tgacttctgt aacataaaag ctaacgtcaa agtggcttcc actgaaaacg gaattathtt 180
tggcaacatt gkttacgacg ttagtggagc agcttccgac cgaaacgtcg tcgtcctcaa 240
tgacattcac atcgatatta tggactacat agttcctgca tcttgttctg aactgaatt 300
ccgccaaatg tgggctgaat tcgaatggga aaacaaggta tctgtcaaca ccaacctcac 360
ggacttgcac gagtatttgg ccatttgggt caggagcacc aacatgaagt gcttgaca 418

<210> 132

<211> 348

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 132

gtcctagaca ttgtrgctta ccaactgaat ttctacagaa atgaaacgaa tgaagaaccg 60
accgtcgaaa ttgcgcccaa tgtgttccgt gatgtctact acaggtaccg wgaccagttg 120
caggtcggtc tgatcatagc tggatgggay aaagtcaagg gaggacaggt gtacaatatt 180
cctttgggtg ggatggtcat ccgtcaaaag ttctgcatgg gtggttctgg cagcacgttt 240
gtccttggtt tcaccgacac caacttcaag gagaacatga cagaagccga gtgcaagaac 300
ttcttaacra gagctattgg cctygccatc agccgcgacg gttcatct 348

<210> 133

<211> 348

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 133

gtatcggaaa tggtgacttt ccaactgaat ttatacagaa atgaaacaaa taaagaaccg 60
actgttgaaa tggcggccaa tgtgttccgt gatgtctgct acaggtaccg tgaccagctg 120
caggttggtc tgatcatagc tggatgggat gaagtcaaag gagcacaggt gtacatgatt 180
cctttgggog ggatggtcat ccgtcagaag ttcgccatga gtggttctgg cagcaccttc 240
atztatggtt tcactgacgc ccacttcaag gagaacatga ccgaagcggga gtgcaagaac 300

ES 2 750 007 T3

ttcttaacca gagctattgg ccttgccatc agccgcgacg gtgcgtct	348
<210> 134	
<211> 1115	
<212> ADN	
<213> Lygus hesperus	
<400> 134	
tcgcttcatt tgtatctgaa atcagtgatg aattcaaaat cgtcgtcgtc caggctattc	60
gtgcgctctg cctcaagttt cccagaaaagc atagtaccct aatgacattc ctgtctgcca	120
tgctccgcga tgaaggtgga ttggagtaca gagcttcgat agctgatacc atcatcacia	180
tcattgaaga taatcctgaa gctaaagaaa ttggactcgc tcatctctgc gagttcattg	240
aagattgtga gcacgttagt ttggcagtca gaatccttca tctacttggg aaagaaggac	300
cgaaaacaat tcaacottct cgatacatca gattcattta caataggggt atccttgaaa	360
tagctgttat tcgggctgct gcagtttctg cccttgctca gtttggagct ctatgtccag	420
atcttctccc caacatcttg gttttgctgg cccgatgcc aatggacact gatgacgaag	480
tgagagatag ggcgacttac tattatcatc tactgaaatt gcaggagaaa ggacttattt	540
tcaattacat tgtcgaccca atgcaggttt gtctggtgag tctcgagaaa tcgttggccc	600
aacatgttca cgataaggta cccactaaat tcgatttgaa gtcogttcca cctgctcctg	660
tcgtgtctac tactgaagac accgcacaag aaacggtacc tgaaggctcc attagttcag	720
ccccaaagta gatcgctcct ttacaatcaa cagttagtag ctatgcagag aagctgcaag	780
gagttccagg tctacaaagc ataccggga cattattcca tgtatcagaa ccagttgaac	840
tcaccgaatc cgaaactgaa tacgttgtca cgtgcaccaa acttacatac cctcatcacc	900
tcgtgttgca gtttgaatgc aagaacacgt tgagygatca rcttcttgag aatgtcagag	960
ttcwgattga gcccagtgaa ggttacagaa tcgtcaagga aataccgatc tccaagcttc	1020
cttacaacga aacacattgt gcctacgtag tgytgaatt tccagagcaa ctttccctca	1080
ccgtcackaa tttcggagct acactcagat ttatc	1115
<210> 135	
<211> 915	
<212> ADN	
<213> Lygus hesperus	
<400> 135	
aaggccaagg wattgggtga actgatccaa gcctccaggc ccttcctgtc tgagatatct	60
aaagcaaaag ctgccaaatt agtcagaact ctggtagatt tcttcctaga tttagaggcc	120
gaaactggaa gagaggttca gctgtgcaag gagtgcatag aatgggccac aaccgagaga	180
agaacgttcc tcaggcaaag tctcgaagct cgactcatcg ctttgtattt cgayacgggc	240
atgtacacgg aagccctcgg tttgggatcg agccttctca aagaactgaa aaaacttgac	300

ES 2 750 007 T3

gacaaaaatc tccttgtrga agtyctgctt ctagagtcca aaacctacca tgcactcagc 360
aatttgcca aggctagagc agctctcaca tcagcrogca caacagcaaa ttccatctac 420
tgtccaccta aatgcaggc agccctggat ctccagtctg gaataacttca tgctgctgat 480
gaacaagatt tcaaaactgc atattcctat ttctacgaag ctttcgaagg atatgattcg 540
gtagactctc cgaaagcgtt gactgctcta aaatacatgc ttctctcaaa aattatggtg 600
aacactccgg aggatgtaca gcaacttatt tcaggaaaac ttgctttgaa gcatgcaggg 660
cgagacatcg acgccatgaa aaacgtagct aaggcttctg ccaagcggtc ccttgcatgat 720
ttccagtcca ctcttgaagg ctacaagaaa gagttgaaag aagacccgat tgtgaaggcc 780
catctgggca ctctctacga caacatgctg gaacaaaatt tgtgtcgtat aatcgaacct 840
tattcaagag tacaagtgga atacgtctcg aaagccatca aactcccgac tctccagggtg 900
gagaagaagc tctcc 915

<210> 136

<211> 537

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 136

ttggccgctg tatctgctgg cgccccttcc ataggcatta aagcgcaaaa tggggtggtt 60
ttggcgactg agaacaartt caagtctatt ctctatgaag aacactcgat aaaaaagatt 120
gagatggtcg aagaacayat tggaatggtc tacagtggta tgggacctga ttacaggctg 180
ctagtgaaga gagcgcgcaa gttagctcar cagtacaagt tggtttatgg acagaggata 240
ccgacgcccc aactcgttca aaaggttgcc atggtgatgc aggagtacac gcaatcagga 300
ggcgtacggc cgttcggagt gtcgttactc atytcgggtt gggacgatgg ccgtccracc 360
ttgttccagt gcgatccttc tggcgcttac tttgcctgga aagcaactgc gatggggaag 420
aayttcatca atggaaaaac tttcytgag aagaggtaca ttgaaacca agacatcgar 480
gacgctgtmc acaccgcat attgacctg aaagaaggat tcgaaggtca aatggat 537

<210> 137

<211> 241

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 137

tgcggaagca aagaaaagga aagctcggcg tttgaagcag gccaaaggaag aggctcagga 60
ggaaattgaa aggtacaagc aagrcagaga gaagcagttc aaggagtctg aagcccagca 120
catgggctcc agggaggacg ttgctgccag gatagacgct gacactcgtc agagaattga 180
agagatgaca aaagctgtca atgtcaacaa agaacaagtg atccaaagaa tactggaact 240

t		241
<210>	138	
<211>	538	
<212>	ADN	
<213>	Lygus hesperus	
<400>	138	
cgcctcggtg	atgagatgcg gcaagaagaa agtgtggttg gaccctaataa	60
aatcgccrnc	rccaactcta ggcaaaayat ycgtaagctg atcaaggatg gtttgcacat	120
caaaaagcct	gtggctgtcc actccagrgc ccgcgtccgt aaaaacacag aagccagacg	180
gaagggtcgt	caytgtggct tyggtaagag gaagggtacs gccaacgcca gaatgcctgt	240
gaaggtcctg	tgggtsaacm gaatgagrgt cctgcgacgg ctccttaaaa aatacagaga	300
agccaagaag	atcgataggg aatgtacca cgaccttac atgaaagcca aaggtaacgt	360
cttcaaaaac	aagagggtac tgatggactt cattcacaag aagaaggctg aaaaggcgag	420
atcaaaagatg	ttgaaggacc aggcagaggc gagacgtctc aagggtcaagg aggcgaagaa	480
gaggcgcgag	gagaggatcg ccaccaagaa gcaagagatc atgcaggcgt acgcccga	538
<210>	139	
<211>	657	
<212>	ADN	
<213>	Lygus hesperus	
<220>		
<221>	característica miscelánea	
<222>	(366)..(366)	
<223>	n e s a , c , g o t	
<400>	139	
gagaaatthg	aaaatthggg tattcaaccc cccaaggggg ttctgttata tggaccacct	60
ggcactggta	agactctcct ggccagagct tgtgctgcc aaaccaaatc caccttcctg	120
aaacttgctg	gacctcagtt ggttcaaatg tttattggag acggtgcca actcgtcagg	180
gacgccttog	ctttggccaa agaaaaagct cctgccatta ttttcatcga cgaattagac	240
gcaattggta	cgaaaagatt cgactctgag aaggcagggtg acagagaagt gcagagaact	300
atgthggagt	tgctgaacca gctggatggt ttcagttcca cagctgatat caaagttatt	360
gctgcnacta	accgtgtgga cattttggac cctgctttgc tacgatcggg tegtcttgat	420
cgaaaaatcg	agtcccaca tccaacgag gacgccagg ctcgcatcat gcagatccac	480
tcgcgcaaaa	tgaacatcag cgtcgacgtc aatttcgagg aactcgcacg gtccaccgac	540
gacttcaacg	gcgctcagtg caaagcagtt tgcgtggaag ctggtatgat cgctcttcgt	600
agaagcgcga	gtgtcgtctc ccacgaagac ttcatggatg cgatattgga agtycag	657
<210>	140	

ES 2 750 007 T3

<211> 276

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 140

aacaaaaccc ttccatattt ggtctccaac gtcattgagc tacttgatgt tgaccagaa	60
gagacygagg aagatggtgc tgtggtgat ttgatgcca gaagaaaagg gaagtgcgcc	120
gtgattaaaa catctactag acaaacgtat ttcttccag tcaytggktt ggttgatgcg	180
gaaaaattaa agcctgggga tttggtcggg gtaaataagg attcctattt gattttggaa	240
acccttccag ctgartatga cgctcgagtg aaagct	276

<210> 141

<211> 625

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 141

ctaaggccaa cagggagaag atgaccaga tcatgttoga aacctcaac acaccgcca	60
tgtacgtggc catccaggct gtctgtcgc tgtacgcctc cggtcgtacc actggtatcg	120
tcctcgactc cggagatggt gtctcccaca ccgtccgat ctacgagga tacgctctcc	180
cccacgcat cctcgtctc gacttggctg gccgtgactt gaccgactac cttatgaaga	240
tcctcaccga gagaggctac tccttcacga ccaccgccga aaggagatc gtccgtgaca	300
tcaaggagaa gctctgctac gtgcacctc acttcgagca ggaaatggc accgcccgt	360
cctcctcgtc cctcgaaaag tcctacgagc ttcccagcg tcaagtcac accatcgaa	420
acgagaggtt caggtgcccc gaagccctct tccagcctc cttcttggga atggaagcct	480
gcggtatcca cgaaccact tacaactcca tcatgaagtg cgacgtggac atccgtaagg	540
acctgtacgc caacaccgtg ctctctggag gcaccacat gtaccagga atcgccgaca	600
ggatgcagaa ggaaatcacc gccct	625

<210> 142

<211> 168

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 142

tgcttgatct tcttgggagt ggagtagttc ttcttctcc ttttcttggc accaccagca	60
agcctgagca ccaagtgcaa ggtggattct ttctggatgt thtagtcaga aagggtgcgg	120
ccatcttcca attgcttacc ggccaagata agacgtgct gatccggg	168

<210> 143

<211> 231

<212> ADN

ES 2 750 007 T3

<213> Lygus hesperus

<400> 143

gctaaaaatcc aagacaagga agggattccc ccagaccagc agaggttgat cttcgctggc 60
aagcagctcg aagatggccg cacactttcc gactacaaca tccagaaaga gtccaccctt 120
cacttggtcc tccgtctgag aggaggagtc atcgagccca ccctcaggat cttggctcag 180
aagtacaact gcgacaagat gatctgcagg aagtgtacg ctcgctcca c 231

<210> 144

<211> 300

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 144

cactcttgag gtcgagcctt ctgacacat cgaaaacgtc aaggctaaaa ttcaagacaa 60
ggaaggtatt cctccagatc agcagagatt gatcttcgcc ggcaaacac tcgaagatgg 120
ccgtaccctc tctgactaca atattcaaaa agagtccacc cttcacttgg tgttgagatt 180
gcgtggaggt atgcaaatct ttgtcaaac attgactgga aagaccatca cccttgaagt 240
cgaaccctcc gacaccatcg aaaatgtcaa ggccaagatc caggacaagg aaggcatccc 300

<210> 145

<211> 172

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 145

gagcgttctc cagtgtctgt acgactcgat cagtcaaatc ctgaggaaaa acgttgagaa 60
acgaacgata ttcgagaacc tggagatcgt catgctcgcc atggacgaga tctgcgacgg 120
tgggatactc ctggaggccg accctacgtc cgctgtacag cgagtcgcca tc 172

<210> 146

<211> 408

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 146

gaacgtactc attgtcaacc agacagctga cactcttcaa aattgcactc tggaattggc 60
tacacttggc gacctgaaat tggctcgagaa gccgcaaccc tgcgttttgg cgcctcatga 120
cttctgtaac ataaaagcta acgtcaaagt ggcttccact gaaaacggaa ttatthttgg 180
caacattggt tacgacgta gtggagcagc ttccgaccga aacgtcgtcg tcctcaatga 240
cattcacatc gatattatgg actacatagt tcctgcatct tgttctgaca ctgaattccg 300
ccaaatgtgg gctgaattcg aatgggaaaa caaggtatct gtcaacacca acctcacgga 360
cttgcacgag tatttggtccc atttggctcag gagcaccaac atgaagtg 408

ES 2 750 007 T3

<210> 147

<211> 273

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 147

gaaccgaccg tcgaaattgc ggccaatgtg ttccgtgatg tctactacag gtaccgtgac	60
cagttgcagg tcggtctgat catagctgga tgggataaag tcaagggagg acaggtgtac	120
aatattcctt tgggtgggat ggtcatccgt caaaagttct gcatgggtgg ttctggcagc	180
acgtttgtct ttggtttcac cgacaccaac ttcaaggaga acatgacaga agccgagtgc	240
aagaacttct taacgagagc tattggcctt gcc	273

<210> 148

<211> 1041

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 148

gtcgtcgtcc aggctattcg tgcgctctgc ctcaagtttc ccagaaagca tagtacccta	60
atgacattcc tgtctgccat gctccgcgat gaaggtggat tggagtacag agcttcgata	120
gctgatacca tcatcacaat cattgaagat aatcctgaag ctaaagaaat tggactcgct	180
catctctgcg agttcattga agattgtgag cacgttagtt tggcagtcag aatccttcat	240
ctacttggtgta aagaaggacc gaaaacaatt caaccttctc gatacatcag attcatttac	300
aatagggtta tccttgaaat agctgttatt cgggctgctg cagtttctgc ccttgctcag	360
tttgagctc tatgtocaga tcttctcccc aacatcttgg ttttgctggc cggatgccaa	420
atggacactg atgacgaagt gagagatagg gcgacttact attatcatct actgaaattg	480
caggagaaag gacttattht caattacatt gtcgacccaa tgcaggtttg tctggtgagt	540
ctcgagaaat cgttggccca acatgttcac gataaggtag cactaaatt cgatttgaag	600
tccgttccac ctgctcctgt cgtgtctact actgaagaca ccgcacaaga aacggtagct	660
gaaggctcca ttagttcagc cccaagtaag atcgcctcctt tacaatcaac agttagtagc	720
tatgcagaga agctgcaagg agttccaggt ctacaaagca taccgggac attattccat	780
gtatcagaac cagttgaact caccgaatcc gaaactgaat acgttgtcac gtgcacaaa	840
cttacatacc ctcatcacct cgtgttgtagc tttgaatgca agaacacggt gagtgatcaa	900
cttcttgaga atgtcagagt tcagattgag gccagtgagg gttacagaat cgtcaaggaa	960
ataccgatct ccaagcttcc ttacaacgaa acacattgtg cctacgtagt gctgcaatth	1020
ccagagcaac tttccctcac c	1041

<210> 149

<211> 710

<212> ADN

ES 2 750 007 T3

<213> Lygus hesperus

<400> 149

ggatgaactga tccaagcctc caggcccttc ctgtctgaga tatctaaagc aaaagctgcc 60
aaattagtca gaactctggt agatttcttc ctagatttag aggccgaaac tggaagagag 120
gttcagctgt gcaaggagtg catagaatgg gccacaaccg agagaagaac gttcctcagg 180
caaagtctcg aagctcgact catcgctttg tatttcgaca cgggcatgta cacggaagcc 240
ctcggtttgg gatcgcgact tctcaaagaa ctgaaaaaac ttgacgacaa aaatctcctt 300
gtggaagtcc tgcttctaga gtcgaaaacc taccatgcac tcagcaattt gtccaaggct 360
agagcagctc tcacatcagc gcgcacaaca gcaaattcca tctactgtcc acctaaaatg 420
caggcagccc tgatctcca gtctggaata cttcatgctg ctgatgaaca agatttcaaa 480
actgcatatt cctatttcta cgaagctttc gaaggatatg attcggtaga ctctccgaaa 540
gcggtgactg ctctaaaata catgcttctc tcaaaaatta tgttgaacac tccggaggat 600
gtacagcaac ttatttcagg aaaacttgct ttgaagcatg cagggcgaga catcgacgcc 660
atgaaaaacg tagctaaggc ttctgccaag cggcccttg cagatttcca 710

<210> 150

<211> 368

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 150

aatggtgtgg ttttggcgac tgagaacaag ttcaagtcta ttctctatga agaactctg 60
ataaaaaaga ttgagatggt cgaagaacat attggaatgg tctacagtgg tatgggacct 120
gattacagggc tgctagttaa gagagcgcgc aagttagctc aacagtacaa gttggtttat 180
ggacagagga taccgacgcc ccaactcgtt caaaaggttg ccatggtgat gcaggagtac 240
acgcaatcag gaggcgtacg gccgttcgga gtgtcgttac tcatctgcgg gtgggacgat 300
ggccgtccga ccttgttcca gtgcgatcct tctggcgctt actttgcctg gaaagcaact 360
gcgatggg 368

<210> 151

<211> 235

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 151

gcggaagcaa agaaaaggaa agctcgccgt ttgaagcagg ccaaggaaga ggctcaggag 60
gaaattgaaa ggtacaagca agacagagag aagcagttca aggagttcga agcccagcac 120
atgggctcca gggaggacgt tgctgccagg atagacgctg aactcgtca gagaattgaa 180
gagatgacaa aagctgtcaa tgtcaacaaa gaacaagtga tccaaagaat actgg 235

<210> 152

ES 2 750 007 T3

<211> 511

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 152

ggtgatgaga	tgccgcaaga	agaaagtgtg	ggtggaccct	aatgaaatca	acgaaatcgc	60
caacaccaac	tctaggcaaa	acatccgtaa	gctgatcaag	gatggtttga	tcatcaaaaa	120
gcctgtggct	gtccactcca	gagcccgcgt	ccgtaaaaac	acagaagcca	gacggaaggg	180
tcgtcactgt	ggcttcggta	agaggaaggg	taccgccaac	gccagaatgc	ctgtgaaggt	240
cctgtgggtc	aacagaatga	gagtcctcgc	acggctcctt	aaaaaataca	gagaagccaa	300
gaagatcgat	aggcaaatgt	accacgacct	ttacatgaaa	gccaaaggtg	acgtcttcaa	360
aaacaagagg	gtactgatgg	acttcattca	caagaagaag	gctgaaaagg	cgagatcaaa	420
gatgttgaag	gaccaggcag	aggcgagacg	tctcaaggtc	aaggaggcga	agaagaggcg	480
cgaggagagg	atcgccacca	agaagcaaga	g			511

<210> 153

<211> 495

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 153

tgtgctgccc	aaaccaaadc	caccttcctg	aaacttgctg	gacctcagtt	ggttcaaatg	60
tttattggag	acggtgcaa	actcgtcagg	gacgccttcg	ctttggccaa	agaaaaagct	120
cctgccatta	ttttcatcga	cgaattagac	gcaattggta	cgaaaagatt	cgactctgag	180
aaggcagggtg	acagagaagt	gcagagaact	atgttggagt	tgctgaacca	gctggatggt	240
ttcagttcca	cagctgatat	caaagttatt	gctgctacta	accgtgtgga	cattttggac	300
cctgctttgc	tacgatcggg	tcgtcttgat	cgaaaaatcg	agttcccaca	tcccacagag	360
gacgccaggg	ctcgcacat	gcagatccac	tcgcgcaaaa	tgaacatcag	cgtcgacgtc	420
aatttcgagg	aactcgcacg	gtccaccgac	gacttcaacg	gcgctcagtg	caaagcagtt	480
tgctggaag	ctggt					495

<210> 154

<211> 45

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 154

gcgtaatag	actcactata	ggctaaggcc	aacagggaga	agatg	45
-----------	------------	------------	------------	-------	----

<210> 155

ES 2 750 007 T3

<211> 20

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 155

agggcggtga ttcctctg 20

<210> 156

<211> 23

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 156

ctaaggccaa cagggagaag atg 23

<210> 157

<211> 42

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 157

gcgtaatacg actcactata ggagggcggg gattccttc tg 42

<210> 158

<211> 45

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 158

gcgtaatacg actcactata ggtgcttgat ctcttgga gtgga 45

<210> 159

<211> 20

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

ES 2 750 007 T3

<400> 159

cccggatcag cagcgtctta 20

<210> 160

<211> 23

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 160

tgcttgatct tctgggagt gga 23

<210> 161

<211> 42

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 161

gcgtaatcgc actcactata ggcccggatc agcagcgtct ta 42

<210> 162

<211> 45

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 162

gcgtaatcgc actcactata ggctaaaatc caagacaagg aaggg 45

<210> 163

<211> 22

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 163

gtggagacga gcgtagcact tc 22

<210> 164

<211> 24

<212> ADN

ES 2 750 007 T3

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 164

gctaaaatcc aagacaagga aggg 24

<210> 165

<211> 43

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 165

gcgtaatcg actcactata ggtggagacg agcgtagcac ttc 43

<210> 166

<211> 45

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 166

gcgtaatcg actcactata ggcactcttg aggtcgagcc ttctg 45

<210> 167

<211> 20

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 167

gggatgcctt cctgtcctg 20

<210> 168

<211> 23

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 168

cactcttgag gtcgagcctt ctg 23

ES 2 750 007 T3

<210> 169

<211> 42

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 169

gcgtaatacg actcactata ggggatgcc ttcctgtcc tg 42

<210> 170

<211> 45

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 170

gcgtaatacg actcactata gggagcggtc tccagtgct gtacg 45

<210> 171

<211> 20

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 171

gatggcgact cgctgtacga 20

<210> 172

<211> 23

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 172

gagcgttctc cagtgctgt acg 23

<210> 173

<211> 42

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

ES 2 750 007 T3

<223> Cebador

<400> 173

gcgtaatacg actcactata gggatggcga ctcgctgtac ga 42

<210> 174

<211> 47

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 174

gcgtaatacg actcactata ggaacgtact cattgtcaac cagacag 47

<210> 175

<211> 23

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 175

cacttcatgt tgggtcctc gac 23

<210> 176

<211> 26

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 176

gaacgtactc attgtcaacc agacag 26

<210> 177

<211> 45

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 177

gcgtaatacg actcactata ggcacttcat gttggtgctc ctgac 45

<210> 178

<211> 42

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 178

gcgtaatagc actcactata gggaaccgac cgtcgaaatt gc 42

<210> 179

<211> 20

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 179

ggcaaggcca atagctctcg 20

<210> 180

<211> 20

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 180

gaaccgaccg tcgaaattgc 20

<210> 181

<211> 42

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 181

gcgtaatagc actcactata gggcaaggc caatagctct cg 42

<210> 182

<211> 43

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 182

gcgtaatacg actcactata ggtcgtcgtc caggctattc gtg 43

<210> 183

<211> 21

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 183

ggtgaggaa agttgctctg g 21

<210> 184

<211> 22

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 184

gtcgtcgtcc aggctattcg tg 22

<210> 185

<211> 41

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 185

gcgtaatacg actcactata ggtgaggaa agttgctctg g 41

<210> 186

<211> 44

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 186

gcgtaatacg actcactata ggggtgaact gatccaagcc tcca 44

<210> 187

<211> 20

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 187

tggaatctg caaggaccg 20

<210> 188

<211> 22

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 188

ggtgaactga tccaagcctc ca 22

<210> 189

<211> 42

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 189

gcgtaatag actcactata ggtggaaatc tgcaaggac cg 42

<210> 190

<211> 44

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 190

gcgtaatag actcactata ggaatggtg ggtttggcg actg 44

<210> 191

<211> 20

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 191

cccatcgag ttgcttcca 20

<210> 192

ES 2 750 007 T3

<211> 22

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 192

aatgggtgtgg ttttggcgac tg 22

<210> 193

<211> 42

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 193

gcgtaatacg actcactata ggcccatcgc agttgcttc ca 42

<210> 194

<211> 44

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 194

gcgtaatacg actcactata ggcggaagca aagaaaagga aagc 44

<210> 195

<211> 29

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 195

ccagtattct ttggatcact tgttctttg 29

<210> 196

<211> 23

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

ES 2 750 007 T3

<400> 196

gcggaagcaa agaaaaggaa agc 23

<210> 197

<211> 51

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 197

gcgtaatacg actcactata ggccagtatt cttggatca cttgtcttt g 51

<210> 198

<211> 42

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 198

gcgtaatacg actcactata ggtgatgaga tgcggaaga ag 42

<210> 199

<211> 22

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 199

ctcttgcttc ttggtggcga tc 22

<210> 200

<211> 22

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 200

ggtgatgaga tgcggaaga ag 22

<210> 201

<211> 44

<212> ADN

ES 2 750 007 T3

<213> Artificial
<220>
<223> Cebador
<400> 201
gcgtaatag actcactata ggctcttgct tcttggtggc gate 44
<210> 202
<211> 42
<212> ADN
<213> Artificial
<220>
<223> Cebador
<400> 202
gcgtaatag actcactata ggtgtgctgc ccaaaccaaa tc 42
<210> 203
<211> 20
<212> ADN
<213> Artificial
<220>
<223> Cebador
<400> 203
accagctcc acgcaaactg 20
<210> 204
<211> 20
<212> ADN
<213> Artificial
<220>
<223> Cebador
<400> 204
tgtgctgcc aaaccaaac 20
<210> 205
<211> 42
<212> ADN
<213> Artificial
<220>
<223> Cebador
<400> 205
gcgtaatag actcactata ggaccagctt ccacgcaaac tg 42

ES 2 750 007 T3

<210> 206

<211> 193

<212> PRT

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 206

Leu Arg Ile Phe Leu Phe Ala Leu Ser Trp Lys Ile Ala Gly Lys Gly
1 5 10 15

Asp Gly Glu Gly Glu Gly Asn Ile Leu Lys Leu Glu Asn Gln Ile Ala
20 25 30

Val Ile Lys Tyr Val Leu Ile Phe Thr Asn Ile Leu Ser Trp Tyr Ile
35 40 45

Gly Thr Gln Val Ala Gly Phe Ile Phe Gly Leu Ser Gly Ala Ser Val
50 55 60

Leu Leu Asp Asn Ser Ala Arg Asp Ser His Phe Gln Pro Arg Ile Arg
65 70 75 80

Glu Ser Met Arg Arg Leu Ile Met Asn Ala His His Glu Glu Ser Arg
85 90 95

Gln Thr Leu Ala Met Ile Gln Glu Asn Ile Ala Cys Cys Gly Ala Asp
100 105 110

Gly Ala His Asp Tyr Leu Ser Leu Gln Gln Pro Leu Pro Ser Thr Cys
115 120 125

Arg Asp Thr Val Thr Gly Asn Pro Phe Tyr His Gly Cys Val Asp Glu
130 135 140

Leu Thr Trp Phe Phe Glu Glu Lys Cys Gly Trp Val Ala Gly Leu Val
145 150 155 160

Met Ile Leu Cys Leu Ile Gln Val Ile Asn Thr Val Leu Ser Ile Ile
165 170 175

Phe Leu Gln Ala Leu Lys Lys Glu Glu Gly Gln Ala Asp Thr Tyr Arg
180 185 190

Lys

<210> 207

<211> 204

<212> PRT

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 207

ES 2 750 007 T3

Pro Ile Asn Met Cys Asp Glu Glu Val Ala Ala Leu Val Val Asp Asn
 1 5 10 15

Gly Ser Gly Met Cys Lys Ala Gly Phe Ala Gly Asp Asp Ala Pro Arg
 20 25 30

Ala Val Phe Pro Ser Ile Val Gly Arg Pro Arg His Gln Gly Val Met
 35 40 45

Val Gly Met Gly Gln Lys Asp Ser Tyr Val Gly Asp Glu Ala Gln Ser
 50 55 60

Lys Arg Gly Ile Leu Thr Leu Lys Tyr Pro Ile Glu His Gly Ile Val
 65 70 75 80

Thr Asn Trp Asp Asp Met Glu Lys Ile Trp His His Thr Phe Tyr Asn
 85 90 95

Glu Leu Arg Val Ala Pro Glu Glu His Pro Val Leu Leu Thr Glu Ala
 100 105 110

Pro Leu Asn Pro Lys Ala Asn Arg Glu Lys Met Thr Gln Ile Met Phe
 115 120 125

Glu Thr Phe Asn Thr Pro Ala Met Tyr Val Ala Ile Gln Ala Val Leu
 130 135 140

Ser Leu Tyr Ala Ser Gly Arg Thr Thr Gly Ile Val Leu Asp Ser Gly
 145 150 155 160

Asp Gly Val Ser His Thr Val Pro Ile Tyr Glu Gly Tyr Ala Leu Pro
 165 170 175

His Ala Ile Leu Arg Leu Asp Leu Ala Gly Arg Asp Leu Thr Asp Tyr
 180 185 190

Leu Met Lys Ile Leu Thr Glu Arg Gly Tyr Ser Phe
 195 200

<210> 208

<211> 96

<212> PRT

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 208

ES 2 750 007 T3

Leu Pro Lys Met Gln Ile Phe Val Lys Thr Leu Thr Gly Lys Thr Ile
1 5 10 15

Thr Leu Glu Val Glu Pro Ser Asp Thr Ile Glu Asn Val Lys Ala Lys
20 25 30

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

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

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

Lys Lys Arg Lys Lys Lys Asn Tyr Ser Thr Pro Lys Lys Asn Gln Ala
85 90 95

<210> 209

<211> 87

<212> PRT

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 209

Phe Asn Gln Thr Arg Asn Ala Thr Met Gln Ile Phe Val Lys Thr Leu
1 5 10 15

Thr Gly Lys Thr Ile Thr Leu Glu Val Glu Pro Ser Asp Thr Ile Glu
20 25 30

Asn Val Lys Ala Lys Ile Gln Asp Lys Glu Gly Ile Pro Pro Asp Gln
35 40 45

Gln Arg Leu Val Phe Ala Gly Lys Gln Leu Glu Asp Gly Arg Thr Leu
50 55 60

Ser Asp Tyr Asn Ile Gln Lys Glu Ser Thr Leu His Leu Val Leu Arg
65 70 75 80

Leu Arg Gly Gly Ile Ile Glu
85

<210> 210

<211> 192

<212> PRT

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 210

ES 2 750 007 T3

Asp Gln Gln Arg Leu Ile Phe Ala Gly Lys Gln Leu Glu Asp Gly Arg
 1 5 10 15

Thr Leu Ser Asp Tyr Asn Ile Gln Lys Glu Ser Thr Leu His Leu Val
 20 25 30

Leu Arg Leu Arg Gly Gly Met Gln Ile Phe Val Lys Thr Leu Thr Gly
 35 40 45

Lys Thr Ile Thr Leu Glu Val Glu Pro Ser Asp Thr Ile Glu Asn Val
 50 55 60

Lys Ala Lys Ile Gln Asp Lys Glu Gly Ile Pro Pro Asp Gln Gln Arg
 65 70 75 80

Leu Ile Phe Ala Gly Lys Gln Leu Glu Asp Gly Arg Thr Leu Ser Asp

85 90 95

Tyr Asn Ile Gln Lys Glu Ser Thr Leu His Leu Val Leu Arg Leu Arg
 100 105 110

Gly Gly Met Gln Ile Phe Val Lys Thr Leu Thr Gly Lys Thr Ile Thr
 115 120 125

Leu Glu Val Glu Pro Ser Asp Thr Ile Glu Asn Val Lys Ala Lys Ile
 130 135 140

Gln Asp Lys Glu Gly Ile Pro Pro Asp Gln Gln Arg Leu Ile Phe Ala
 145 150 155 160

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

Lys Glu Ser Thr Leu His Leu Val Leu Arg Leu Arg Gly Gly Lys Tyr
 180 185 190

<210> 211

<211> 195

<212> PRT

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 211

ES 2 750 007 T3

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

Ala Met Glu Gly Ser Leu Leu Glu Pro Thr Leu Tyr Thr Ile Lys Gly
20 25 30

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

Asp Lys Thr Thr Phe Pro Thr Ser Lys Glu Gln Lys Ala Phe Glu Lys
50 55 60

Asn Leu Phe Asn Lys Thr His Arg Ala Asn Ala Glu Ile Ile Met Leu
65 70 75 80

Asp Gly Leu Thr Cys Leu Tyr Arg Ser Asn Val Asp Leu Phe Phe Tyr
85 90 95

Val Met Gly Ser Ser His Glu Asn Glu Leu Ile Leu Met Ser Ile Leu
100 105 110

Asn Cys Leu Tyr Asp Ser Val Ser Gln Ile Leu Arg Lys Asn Val Glu

115

120

125

Lys Arg Ala Val Leu Glu Ser Leu Asp Ile Val Met Leu Ala Leu Asp
130 135 140

Glu Ile Cys Asp Gly Gly Ile Ile Leu Asp Ala Asp Ser Asn Ser Ala
145 150 155 160

Val Ser Arg Val Ala Leu Arg Asn Asp Asp Ile Pro Ile Gly Glu Gln
165 170 175

Thr Val Ala Gln Val Phe Gln Ser Ala Lys Glu Gln Leu Lys Trp Ser
180 185 190

Leu Leu Lys
195

<210> 212

<211> 245

<212> PRT

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 212

ES 2 750 007 T3

Val Glu Gln Asp Asn Ala Val Asp Arg Phe Ser Asp Pro Val Tyr Ser
 1 5 10 15

Glu Ala Tyr Val His Val Asn Gln Tyr Asp Ile Val Leu Asp Val Leu
 20 25 30

Ile Val Asn Gln Thr Asn Asp Thr Leu Gln Asn Cys Thr Leu Glu Leu
 35 40 45

Ala Thr Leu Gly Asp Leu Lys Leu Val Glu Lys Pro Gln Pro Val Val
 50 55 60

Leu Ala Pro Lys Asp Phe Cys Asn Ile Lys Ala His Val Lys Val Ala
 65 70 75 80

Ser Thr Glu Asn Gly Ile Ile Phe Gly Asn Ile Val Tyr Asp Val Thr
 85 90 95

Gly Ala Ala Ser Asp Arg Asn Val Val Val Leu Asn Asp Ile His Ile
 100 105 110

Asp Ile Met Asp Tyr Ile Val Pro Ala Ser Cys Thr Asp Ser Glu Phe
 115 120 125

Met Arg Met Trp Ala Glu Phe Glu Trp Glu Asn Lys Val Thr Val Asn
 130 135 140

Thr Pro Leu Thr Asp Leu Ala Asp Tyr Leu Glu His Leu Ile Lys Ser
 145 150 155 160

Thr Asn Met Lys Cys Leu Thr Pro Glu Lys Ala Leu Ser Gly Gln Cys
 165 170 175

Gly Phe Met Ala Ala Asn Met Tyr Ala Lys Ser Ile Phe Gly Glu Asp
 180 185 190

Ala Leu Ala Asn Leu Ser Ile Glu Lys Pro Phe Asn Lys Pro Glu Ala
 195 200 205

Pro Val Ala Gly His Ile Arg Ile Arg Ala Lys Ser Gln Gly Met Ala
 210 215 220

Leu Ser Leu Gly Asp Lys Ile Asn Met Thr Gln Lys Gly Ile Pro Ser
 225 230 235 240

Lys Ile Val Ala Ser
 245

<210> 213

<211> 166

<212> PRT

ES 2 750 007 T3

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 213

Glu Lys Pro Ala Asn Glu Asp Ile Glu Ser Pro Arg Asp Ile Ile Asn
 1 5 10 15

Lys Ala Phe Arg Glu Ile Phe Glu Ala Asp Glu Asn Gly Ile Asn Gly
 20 25 30

Ser Leu Val Glu Pro Pro Thr Pro Thr Gln Lys Thr Phe Asp Arg Pro
 35 40 45

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

Tyr Phe Thr Asn Asn Ala Asn Tyr Gln Phe Ser Lys Lys Pro Leu Lys
 65 70 75 80

Glu Ser Leu His Tyr Leu Pro Thr Pro Asp Asp Val Ile Ala Ala Gln
 85 90 95

Ala Leu Trp Ile Thr Ile Leu Arg Phe Met Gly Asp Tyr Pro Glu Pro

100 105 110

Lys Tyr Asp Asn Ser Thr Lys Glu Asn Val Pro Ile Met Gln Ile Ile
 115 120 125

Ser Glu Ser Ile Gly Lys Ser Phe Thr Asn Arg Lys Glu Tyr Gln Glu
 130 135 140

Ile Leu Lys Glu Glu Lys Asn Met Pro Leu Gln Gln Asn Gln Ala Lys
 145 150 155 160

Lys Lys Lys Lys Lys Lys
 165

<210> 214

<211> 309

<212> PRT

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 214

ES 2 750 007 T3

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

ES 2 750 007 T3

50 55 60

Ala Tyr Ile Ala Asn Arg Val Thr Asp Lys Leu Thr Lys Val Thr Asp
65 70 75 80

His Ile Tyr Cys Cys Arg Ser Gly Ser Ala Ala Asp Thr Gln Ala Ile
85 90 95

Ala Asp Ile Val Ser Tyr His Leu Asn Phe His Gly Met Glu Leu Gly
100 105 110

Glu Glu Pro Leu Val Glu Val Gly Ala Ala Ile Phe Arg Glu Leu Cys
115 120 125

Tyr Asn Tyr Arg Asp Ser Leu Met Ala Gly Ile Leu Val Ala Gly Trp
130 135 140

Asp Lys Lys Lys Lys Lys Lys Lys
145 150

<210> 216

<211> 74

<212> PRT

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 216

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

Asp Lys Val Pro Glu Glu Lys Ser Thr His Thr Leu Leu Leu Ala Gly
20 25 30

Met Leu Arg Gly Gly Ile Asp Ile Leu Val Arg Ala Lys Leu Ala Leu
35 40 45

Ala Asp Gly Val Thr Met Gln Leu Thr Val Arg Ser Pro Asp Ala Asp
50 55 60

Val Ala Glu Leu Ile Thr Ser Ser Val Gly
65 70

<210> 217

<211> 416

<212> PRT

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 217

Ser Glu Asn Met Ala Gly Ala Met Leu Phe Glu Arg Ala Gln Ser Val
1 5 10 15

ES 2 750 007 T3

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

ES 2 750 007 T3

260 265 270

Tyr Ala Gly Gln Asp Ile Glu Ala Met Lys Ala Val Ala Arg Ala Ser
275 280 285

His Lys Arg Ser Leu Ala Asp Phe Gln Leu Ala Val Lys Gln Phe Lys
290 295 300

His Glu Leu Glu Asp Asp Val Ile Val Arg Ala His Leu Gly Thr Leu
305 310 315 320

Tyr Asp Asn Met Leu Glu Gln Asn Leu Cys Arg Ile Ile Glu Pro Tyr
325 330 335

Ser Arg Val Gln Val Asp Tyr Val Ala Lys Thr Ile Lys Leu Pro Met
340 345 350

Leu Gln Val Glu Lys Lys Leu Ser Gln Met Ile Leu Asp Ala Lys Phe
355 360 365

His Gly Ile Leu Asp Gln Gly Glu Gly Val Leu Ile Val Phe Glu Ala
370 375 380

Thr Pro Val Asp Lys Thr Tyr Glu Met Ala Leu Glu Thr Ile Gln Ser
385 390 395 400

Met Ser Lys Val Val Asp Thr Leu Tyr Gln Lys Ala Lys Lys Leu Ser
405 410 415

<210> 218

<211> 238

<212> PRT

<213> *Leptinotarsa decemlineata*

<400> 218

Leu Gln Val Ile Met Ala Ser Glu Arg Tyr Ser Phe Ser Leu Thr Thr
1 5 10 15

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

Val Ala Ala Gly Ala Pro Ser Val Gly Ile Lys Ala Ser Asn Gly Val
35 40 45

Val Ile Ala Thr Glu Asn Lys His Lys Ser Ile Leu Tyr Glu Glu His
50 55 60

Ser Val His Lys Val Glu Met Ile Thr Lys His Ile Gly Met Ile Tyr

ES 2 750 007 T3

50 55 60

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

Tyr Arg Gln

<210> 220

<211> 202

<212> PRT

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 220

Ala Cys Glu Asn Glu Phe Leu Glu Ala Thr Glu Glu Ala Arg Arg Leu
1 5 10 15

Gly Tyr Ala Met Trp Gln Lys Lys Val Trp Leu Asp Pro Asn Glu Ile
20 25 30

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

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

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

Phe Gly Lys Arg Lys Gly Thr Ala Asn Ala Arg Met Pro Gln Lys Glu
85 90 95

Leu Trp Ile Gln Arg Met Arg Val Leu Arg Arg Leu Leu Lys Lys Tyr
100 105 110

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

Lys Ala Lys Gly Asn Val Phe Lys Asn Lys Arg Val Leu Met Glu Tyr
130 135 140

Ile His Lys Lys Lys Ala Glu Lys Ala Arg Ala Lys Met Leu Ala Asp
145 150 155 160

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

Glu Glu Arg Ile Ala Thr Lys Lys Gln Glu Val Leu Gln Asn Tyr Gln

180 185 190

Arg Glu Asp Glu Ala Gln Ala Ala Lys Lys
195 200

ES 2 750 007 T3

<210> 221

<211> 223

<212> PRT

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 221

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

Phe Glu Asn Cys Lys Arg Asn Ala Leu Leu Glu Gly Lys Gly Phe Ala
20 25 30

Leu Pro Lys Ala Thr Lys Thr Gly Thr Thr Ile Val Gly Ile Thr Tyr
35 40 45

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

Thr Val Ala Asp Lys Asn Ser Glu Lys Ile His Tyr Leu Ala Pro Asn
65 70 75 80

Met Tyr Cys Cys Gly Ala Gly Thr Ala Ala Asp Thr Glu Met Thr Thr
85 90 95

Gln Met Ile Ser Ser Gln Leu Glu Leu His Lys Leu His Thr Asn Arg
100 105 110

Ile Ala Arg Val Cys Thr Ala Asn Gln Met Leu Lys Gln Tyr Leu Phe
115 120 125

Arg Tyr Gln Gly Tyr Ile Gly Ala Ala Leu Ile Leu Gly Gly Val Asp
130 135 140

Val Glu Gly Pro His Leu Tyr Met Ile Tyr Pro His Gly Ser Ser Asp
145 150 155 160

Asn Leu Pro Tyr Gly Thr Met Gly Ser Gly Ser Pro Ala Ala Ile Ala
165 170 175

Val Phe Glu Ser Arg Trp Arg Pro Asn Leu Glu Glu Glu Glu Gly Val
180 185 190

Gln Leu Val Arg Asp Ala Ile Ala Ala Gly Ile Phe Asn Asp Leu Gly

195

200

205

Ser Gly Ser Asn Val Asp Val Cys Ile Ile Arg Lys Gly Ser Val
210 215 220

<210> 222

<211> 320

ES 2 750 007 T3

<212> PRT

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 222

Lys Gln Trp Leu Lys Leu Lys Leu Leu Phe Glu Met Ser Ser Thr Leu
 1 5 10 15

Glu Asp Lys Ala Ile Trp Glu Asp Gly Glu Glu Ser Leu Gly Glu Glu
 20 25 30

Val Leu Arg Met Ser Thr Asp Glu Ile Val Ser Arg Thr Arg Leu Leu
 35 40 45

Asp Asn Glu Ile Lys Ile Met Lys Ser Glu Val Met Arg Ile Asn His
 50 55 60

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

Lys Val Asn Lys Thr Leu Pro Tyr Leu Val Ser Asn Val Ile Glu Leu
 85 90 95

Leu Asp Val Asp Pro Gln Glu Glu Glu Glu Asp Gly Ala Val Val Asp
 100 105 110

Leu Asp Ser Gln Arg Lys Gly Lys Cys Ala Val Val Lys Thr Ser Thr
 115 120 125

Arg Gln Thr Tyr Phe Leu Pro Val Ile Gly Leu Val Asp Glu Glu Lys
 130 135 140

Leu Lys Pro Gly Asp Leu Val Gly Val Asn Lys Asp Ser Tyr Leu Ile
 145 150 155 160

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

Val Asp Glu Arg Pro Thr Glu Gln Tyr Ser Asp Ile Gly Gly Leu Asp
 180 185 190

Lys Gln Ile Gln Glu Leu Ile Glu Ala Val Val Leu Pro Met Thr His

ES 2 750 007 T3

195 200 205

Lys Asp Lys Phe Val Asn Leu Gly Ile His Pro Pro Lys Gly Val Leu
210 215 220

Leu Tyr Gly Pro Pro Gly Thr Gly Lys Thr Leu Leu Ala Arg Ala Cys
225 230 235 240

Ala Ala Gln Thr Lys Ser Thr Phe Leu Lys Leu Ala Gly Pro Gln Leu
245 250 255

Val Gln Met Phe Ile Gly Asp Gly Ala Lys Leu Val Arg Asp Ala Phe
260 265 270

Ala Leu Ala Lys Glu Lys Ala Pro Ala Ile Ile Phe Ile Asp Glu Leu
275 280 285

Asp Ala Thr Gly Thr Lys Arg Phe Asp Ser Glu Lys Ala Gly Asp Arg
290 295 300

Glu Val Gln Arg Thr Met Leu Gly Ala Phe Glu Ser Val Gly Trp Val
305 310 315 320

<210> 223

<211> 171

<212> PRT

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 223

Asp Arg Cys Arg Thr Leu Tyr Glu Lys Phe Leu Glu Phe Gly Pro Glu
1 5 10 15

Asn Cys Val Thr Trp Met Lys Phe Ala Glu Leu Glu Thr Leu Leu Gly
20 25 30

Asp Ile Asp Arg Ala Arg Ala Ile Tyr Glu Leu Ala Ile Ser Gln Pro
35 40 45

Arg Leu Asp Met Pro Glu Leu Leu Trp Lys Ala Tyr Ile Asp Phe Glu
50 55 60

Ile Ser Gln Glu Glu Pro Glu Asn Ala Arg Gln Ile Tyr Glu Arg Leu
65 70 75 80

Leu Glu Lys Thr Ser His Val Lys Val Trp Leu Ser Tyr Ala Lys Phe
85 90 95

Glu Leu Asn Thr Gln Ser Glu Pro Asp Met Asn Val Leu Leu Ser Arg

ES 2 750 007 T3

100 105 110
 Arg Val Phe Glu Arg Ala Asn Glu Ser Leu Lys Asn Ser Ser Glu Lys
 115 120 125
 Glu Ala Arg Val Leu Leu Leu Glu Asn Trp Arg Glu Phe Glu Lys Ala
 130 135 140
 His Gly Asp Glu Thr Gly Asn Ala Lys Val Asn Ser Arg Met Pro Lys
 145 150 155 160
 Arg Ile Lys Lys Lys Lys Lys Lys Lys Lys Lys
 165 170
 <210> 224
 <211> 776
 <212> PRT
 <213> Leptinotarsa decemlineata
 <400> 224
 Met Ala Thr Tyr Glu Glu Tyr Ile Gln Gln Asn Glu Asp 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 Leu Ala Cys Leu Tyr Gln Pro Leu Lys Glu Arg
 35 40 45
 Pro Asp Leu Pro Pro Ile Gln Tyr Asp Pro Val Leu Cys Thr Arg Asn
 50 55 60
 Asn Cys Arg Ala Ile Leu Asn Pro Leu Cys Gln Val Asp Tyr Arg Ala
 65 70 75 80
 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 Met Pro
 100 105 110
 Met Phe Ser Thr Ile Glu Tyr Thr Ile Thr Arg Ala Gln Cys Leu Pro
 115 120 125
 Pro Ile Tyr Leu Tyr Val Val Asp Thr Cys Met Asp Glu Glu Glu Leu
 130 135 140
 Gly Ser Leu Lys Asp Ser Leu Gln Met Ser Leu Ser Leu Leu Pro Pro

ES 2 750 007 T3

Phe Ser Lys Asp Gln Lys Asn Glu Leu Lys Met Ala Phe Asn Gly Thr
 405 410 415
 Leu Glu Val Lys Cys Ser Arg Glu Leu Lys Ile Gln Gly Gly Ile Gly
 420 425 430
 Ser Cys Val Ser Leu Asn Val Lys Asn Pro Leu Val Ser Asp Thr Glu
 435 440 445
 Ile Gly Met Gly Asn Thr Val Gln Trp Lys Met Cys Thr Val Thr Pro
 450 455 460
 Ser Thr Thr Met Ala Leu Phe Phe Glu Val Val Asn Gln His Ser Ala
 465 470 475 480
 Pro Ile Pro Gln Gly Gly Arg Gly Cys Ile Gln Phe Ile Thr Gln Tyr
 485 490 495
 Gln His Ala Ser Gly Gln Lys Arg Ile Arg Val Thr Thr Val Ala Arg
 500 505 510
 Asn Trp Ala Asp Ala Ser Ala Asn Ile His His Val Ser Ala Gly Phe
 515 520 525
 Asp Gln Glu Ala Ala Ala Val Ile Met Ala Arg Met Ala Val Tyr Arg
 530 535 540
 Ala Glu Ser Asp Asp Ser Pro Asp Val Leu Arg Trp Val Asp Arg Met
 545 550 555 560
 Leu Ile Arg Leu Cys Gln Lys Phe Gly Glu Tyr Asn Lys Asp Asp Pro
 565 570 575
 Asn Ser Phe Arg Leu Gly Glu Asn Phe Ser Leu Tyr Pro Gln Phe Met
 580 585 590
 Tyr His Leu Arg Arg Ser Gln Phe Leu Gln Val Phe Asn Asn Ser Pro
 595 600 605
 Asp Glu Thr Ser Phe Tyr Arg His Met Leu Met Arg Glu Asp Leu Thr
 610 615 620
 Gln Ser Leu Ile Met Ile Gln Pro Ile Leu Tyr Ser Tyr Ser Phe Asn
 625 630 635 640
 Gly Pro Pro Glu Pro Val Leu Leu Asp Thr Ser Ser Ile Gln Pro Asp
 645 650 655

ES 2 750 007 T3

Arg Ile Leu Leu Met Asp Thr Phe Phe Gln Ile Leu Ile Phe His Gly
660 665 670

Glu Thr Ile Ala Gln Trp Arg Asn Leu Lys Tyr Gln Asp Met Pro Glu
675 680 685

Tyr Glu Asn Phe Arg Gln Leu Leu Gln Ala Pro Val Asp Asp Ala Gln
690 695 700

Glu Ile Leu Gln Thr Arg Phe Pro Met Pro Arg Tyr Ile Asp Thr Glu
705 710 715 720

Gln Gly Gly Ser Gln Ala Arg Phe Leu Leu Ser Lys Val Asn Pro Ser
725 730 735

Gln Thr His Asn Asn Met Tyr Ala Tyr Gly Gly Asp Gly Gly Ala Pro
740 745 750

Val Leu Thr Asp Asp Val Ser Leu Gln Val Phe Met Asp His Leu Lys
755 760 765

Lys Leu Ala Val Ser Ser Thr Ala
770 775

<210> 225

<211> 899

<212> PRT

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 225

Met Pro Leu Arg Leu Asp Ile Lys Arg Lys Leu Thr Ala Arg Ser Asp
1 5 10 15

Arg Val Lys Cys Val Asp Leu His Pro Ser Glu Pro Trp Met Leu Cys
20 25 30

Ser Leu Tyr Ser Gly Asn Ile Asn Val Trp Asn Tyr Glu Asn Gln Gln
35 40 45

Gln Val Lys Ser Phe Glu Val Cys Asp Leu Pro Val Arg Ala Ala Lys
50 55 60

Phe Val Pro Arg Lys Asn Trp Ile Val Ser Gly Ser Asp Asp Met Gln
65 70 75 80

Ile Arg Ile Phe Asn Tyr Asn Thr Leu Asp Arg Ile His Ser Phe Glu
85 90 95

ES 2 750 007 T3

Ala His Ser Asp Tyr Val Arg Cys Ile Ile Val His Pro Thr Gln Pro
100 105 110

Tyr Ile Leu Thr Ser Ser Asp Asp Met Leu Ile Lys Leu Trp Asn Trp
115 120 125

Asp Lys Ala Trp Ala Cys Gln Gln Val Phe Glu Gly His Ser His Tyr
130 135 140

Ile Met Gln Ile Ala Ile Asn Pro Lys Asp Asn Asn Thr Phe Ala Ser
145 150 155 160

Ala Ser Leu Asp Arg Thr Leu Lys Val Trp Gln Leu Gly Ala Ser Thr
165 170 175

Ala Asn Phe Thr Leu Glu Gly His Glu Lys Gly Val Asn Cys Val Asp
180 185 190

Tyr Tyr His Gly Gly Asp Lys Pro Tyr Leu Ile Ser Gly Ala Asp Asp
195 200 205

Arg Leu Val Lys Ile Trp Asp Tyr Gln Asn Lys Thr Cys Val Gln Thr
210 215 220

Leu Glu Gly His Ala Gln Asn Val Thr Ala Val Cys Phe His Pro Glu
225 230 235 240

Leu Pro Val Ala Leu Thr Gly Ser Glu Asp Gly Thr Val Arg Val Trp
245 250 255

His Thr Asn Thr His Arg Leu Glu Asn Cys Leu Asn Tyr Gly Phe Glu
260 265 270

Arg Val Trp Thr Ile Cys Cys Leu Lys Gly Ser Asn Asn Val Ser Leu
275 280 285

Gly Tyr Asp Glu Gly Ser Ile Leu Val Lys Val Gly Arg Glu Glu Pro
290 295 300

Ala Val Ser Met Asp Ala Ser Gly Gly Lys Ile Ile Trp Ala Arg His
305 310 315 320

Ser Glu Leu Gln Gln Ala Asn Leu Lys Ala Leu Pro Glu Gly Gly Glu
325 330 335

Ile Arg Asp Gly Glu Arg Leu Pro Val Ser Val Lys Asp Met Gly Ala
340 345 350

ES 2 750 007 T3

Cys Glu Ile Tyr Pro Gln Thr Ile Gln His Asn Pro Asn Gly Arg Phe
 355 360 365
 Val Val Val Cys Gly Asp Gly Glu Tyr Ile Ile Tyr Thr Ala Met Ala
 370 375 380
 Leu Arg Asn Lys Ala Phe Gly Ser Ala Gln Glu Phe Val Trp Ala Gln
 385 390 395 400
 Asp Ser Ser Glu Tyr Ala Ile Arg Glu Ser Gly Ser Thr Ile Arg Ile
 405 410 415
 Phe Lys Asn Phe Lys Glu Arg Lys Asn Phe Lys Ser Asp Phe Ser Ala
 420 425 430
 Glu Gly Ile Tyr Gly Gly Phe Leu Leu Gly Ile Lys Ser Val Ser Gly
 435 440 445
 Leu Thr Phe Tyr Asp Trp Glu Thr Leu Asp Leu Val Arg Arg Ile Glu
 450 455 460
 Ile Gln Pro Arg Ala Val Tyr Trp Ser Asp Ser Gly Lys Leu Val Cys
 465 470 475 480
 Leu Ala Thr Glu Asp Ser Tyr Phe Ile Leu Ser Tyr Asp Ser Glu Gln
 485 490 495
 Val Gln Lys Ala Arg Glu Asn Asn Gln Val Ala Glu Asp Gly Val Glu
 500 505 510
 Ala Ala Phe Asp Val Leu Gly Glu Met Asn Glu Ser Val Arg Thr Gly
 515 520 525
 Leu Trp Val Gly Asp Cys Phe Ile Tyr Thr Asn Ala Val Asn Arg Ile
 530 535 540
 Asn Tyr Phe Val Gly Gly Glu Leu Val Thr Ile Ala His Leu Asp Arg
 545 550 555 560
 Pro Leu Tyr Val Leu Gly Tyr Val Pro Arg Asp Asp Arg Leu Tyr Leu
 565 570 575
 Val Asp Lys Glu Leu Gly Val Val Ser Tyr Gln Leu Leu Leu Ser Val
 580 585 590
 Leu Glu Tyr Gln Thr Ala Val Met Arg Arg Asp Phe Pro Thr Ala Asp

ES 2 750 007 T3

Ala Val Phe Gln Gln Ser Arg Leu Leu Ser Gly Glu Lys Thr Ile Ser
850 855 860

Phe Glu Gln Asp Glu Asp Asp Leu Asp Leu Asp Leu Glu Gly Val Asn
865 870 875 880

Ile Asp Asp Asn Ile Asp Thr Thr Asp Ile Asn Ile Asp Asp Asp Leu
885 890 895

Leu Ser Asp

<210> 226

<211> 279

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 226

Glu His Gly Ile Val Thr Asn Trp Asp Asp Met Glu Lys Ile Trp His
1 5 10 15

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

Leu Leu Thr Glu Ala Pro Leu Asn Pro Lys Ala Asn Arg Glu Lys Met
35 40 45

Thr Gln Ile Met Phe Glu Thr Phe Asn Thr Pro Ala Met Tyr Val Ala
50 55 60

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

Val Leu Asp Ser Gly Asp Gly Val Ser His Thr Val Pro Ile Tyr Glu
85 90 95

Gly Tyr Ala Leu Pro His Ala Ile Leu Arg Leu Asp Leu Ala Gly Arg
100 105 110

Asp Leu Thr Asp Tyr Leu Met Lys Ile Leu Thr Glu Arg Gly Tyr Ser
115 120 125

Phe Thr Thr Thr Ala Glu Arg Glu Ile Val Arg Asp Ile Lys Glu Lys
130 135 140

Leu Cys Tyr Val Ala Leu Asp Phe Glu Gln Glu Met Ala Thr Ala Ala
145 150 155 160

ES 2 750 007 T3

Ser Ser Ser Ser Leu Glu Lys Ser Tyr Glu Leu Pro Asp Gly Gln Val
 165 170 175

Ile Thr Ile Gly Asn Glu Arg Phe Arg Cys Pro Glu Ala Leu Phe Gln
 180 185 190

Pro Ser Phe Leu Gly Met Glu Ala Cys Gly Ile His Glu Thr Thr Tyr
 195 200 205

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

Asn Thr Val Leu Ser Gly Gly Thr Thr Met Tyr Pro Gly Ile Ala Asp
 225 230 235 240

Arg Met Gln Lys Glu Ile Thr Ala Leu Ala Pro Ser Thr Met Lys Ile
 245 250 255

Lys Ile Ile Ala Pro Pro Glu Arg Lys Tyr Ser Val Trp Ile Gly Gly
 260 265 270

Ser Ile Leu Ala Ser Leu Ser
 275

<210> 227

<211> 252

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 227

Glu His Gly Ile Ile Thr Asn Trp Asp Asp Met Glu Lys Ile Trp His
 1 5 10 15

His Thr Phe Tyr Asn Glu Leu Arg Val Ala Pro Glu Glu His Pro Ile
 20 25 30

Leu Leu Thr Glu Ala Pro Leu Asn Pro Lys Ala Asn Arg Glu Lys Met
 35 40 45

Thr Gln Ile Met Phe Glu Thr Phe Asn Thr Pro Ala Met Tyr Val Ala
 50 55 60

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

Val Leu Asp Ser Gly Asp Gly Val Ser His Thr Val Pro Ile Tyr Glu
 85 90 95

ES 2 750 007 T3

Gly Tyr Ala Leu Pro His Ala Ile Leu Arg Leu Asp Leu Ala Gly Arg
 100 105 110

Asp Leu Thr Asp Tyr Leu Met Lys Ile Leu Thr Glu Arg Gly Tyr Ser
 115 120 125

Phe Thr Thr Thr Ala Glu Arg Glu Ile Val Arg Asp Ile Lys Glu Lys
 130 135 140

Leu Cys Tyr Val Ala Leu Asp Phe Glu Gln Glu Met Ala Thr Ala Ala
 145 150 155 160

Ala Ser Thr Ser Leu Glu Lys Ser Tyr Glu Leu Pro Asp Gly Gln Val
 165 170 175

Ile Thr Ile Gly Asn Glu Arg Phe Arg Cys Pro Glu Ala Leu Phe Gln
 180 185 190

Pro Ser Phe Leu Gly Met Glu Ser Cys Gly Ile His Glu Thr Val Tyr
 195 200 205

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

Asn Thr Val Leu Ser Gly Gly Thr Thr Met Tyr Pro Gly Ile Ala Asp
 225 230 235 240

Arg Met Gln Lys Glu Ile Thr Ala Leu Ala Pro Ser
 245 250

<210> 228

<211> 71

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 228

Ile Pro Pro Asp Gln Gln Arg Leu Ile Phe Ala Gly Lys Gln Leu Glu
 1 5 10 15

Asp Gly Arg Thr Leu Ser Asp Tyr Asn Ile Gln Lys Glu Ser Thr Leu
 20 25 30

His Leu Val Leu Arg Leu Arg Gly Gly Ala Lys Lys Arg Lys Lys Lys
 35 40 45

Asn Tyr Ser Thr Pro Lys Lys Ile Lys His Lys Lys Lys Lys Ile Lys
 50 55 60

Leu Ala Val Leu Lys Tyr Tyr
 65 70

<210> 229

<211> 88

ES 2 750 007 T3

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<220>

<221> característica miscelánea

<222> (55)..(55)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoazúcar que se produce de forma natural

<400> 229

```
Lys Ala Lys Ile Gln Asp Lys Glu Gly Ile Pro Pro Asp Gln Gln Arg
1          5          10          15

Leu Ile Phe Ala Gly Lys Gln Leu Glu Asp Gly Arg Thr Leu Ser Asp
          20          25          30

Tyr Asn Ile Gln Lys Glu Ser Thr Leu His Leu Val Leu Arg Leu Arg
          35          40          45

Gly Gly Val Ile Glu Pro Xaa Leu Arg Ile Leu Ala Gln Lys Tyr Asn
          50          55          60

Cys Asp Lys Met Ile Cys Arg Lys Cys Tyr Ala Arg Leu His Pro Arg
65          70          75          80

Ala Thr Asn Cys Arg Lys Lys Lys
          85
```

<210> 230

<211> 128

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 230

```
Lys Thr Leu Thr Gly Lys Thr Ile Thr Leu Glu Val Glu Pro Ser Asp
1          5          10          15

Thr Ile Glu Asn Val Lys Ala Lys Ile Gln Asp Lys Glu Gly Ile Pro
          20          25          30

Pro Asp Gln Gln Arg Leu Ile Phe Ala Gly Lys Gln Leu Glu Asp Gly
          35          40          45

Arg Thr Leu Ser Asp Tyr Asn Ile Gln Lys Glu Ser Thr Leu His Leu
50          55          60
```

ES 2 750 007 T3

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

Gly Lys Thr Ile Thr Leu Glu Val Glu Pro Ser Asp Thr Ile Glu Asn
85 90 95

Val Lys Ala Lys Ile Gln Asp Lys Glu Gly Ile Pro Pro Asp Gln Gln
100 105 110

Arg Leu Ile Phe Ala Gly Lys Gln Leu Glu Asp Gly Arg Thr Leu Ser
115 120 125

<210> 231

<211> 52

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 231

Thr Leu Ser Asp Tyr Asn Ile Gln Lys Glu Ser Thr Leu His Leu Val
1 5 10 15

Leu Arg Leu Arg Gly Gly Met Gln Ile Phe Val Lys Thr Leu Thr Gly
20 25 30

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

Lys Ala Lys Ile
50

<210> 232

<211> 47

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 232

His Leu Val Leu Arg Leu Arg Gly Gly Met Gln Ile Phe Val Lys Thr
1 5 10 15

Leu Thr Gly Lys Thr Ile Thr Leu Glu Val Glu Pro Ser Asp Thr Ile
20 25 30

Glu Asn Val Lys Ala Lys Ile Gln Asp Lys Glu Gly Ile Pro Pro
35 40 45

<210> 233

<211> 46

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 233

ES 2 750 007 T3

Leu Val Leu Arg Leu Arg Gly Gly Met Gln Ile Phe Val Lys Thr Leu
1 5 10 15

Thr Gly Lys Thr Ile Thr Leu Glu Val Glu Pro Ser Asp Thr Ile Glu
20 25 30

Asn Val Lys Ala Lys Ile Gln Asp Lys Glu Gly Ile Pro Pro
35 40 45

<210> 234

<211> 76

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 234

Ser Ser His Glu Asn Glu Leu Ile Leu Met Ser Val Leu Gln Cys Leu
1 5 10 15

Tyr Asp Ser Ile Ser Gln Ile Leu Arg Lys Asn Val Glu Lys Arg Thr
20 25 30

Ile Phe Glu Asn Leu Glu Ile Val Met Leu Ala Met Asp Glu Ile Cys
35 40 45

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

Val Ala Ile Arg Thr Asp Asp Ile Pro Leu Gly Glu
65 70 75

<210> 235

<211> 139

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<220>

<221> característica miscelánea

<222> (2)..(2)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoazúcar que se produce de forma natural

<220>

<221> característica miscelánea

<222> (64)..(64)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoazúcar que se produce de forma natural

<400> 235

Leu Xaa Val Leu Ile Val Asn Gln Thr Ala Asp Thr Leu Gln Asn Cys
1 5 10 15

ES 2 750 007 T3

Thr Leu Glu Leu Ala Thr Leu Gly Asp Leu Lys Leu Val Glu Lys Pro
20 25 30

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

Val Lys Val Ala Ser Thr Glu Asn Gly Ile Ile Phe Gly Asn Ile Xaa
50 55 60

Tyr Asp Val Ser Gly Ala Ala Ser Asp Arg Asn Val Val Val Leu Asn
65 70 75 80

Asp Ile His Ile Asp Ile Met Asp Tyr Ile Val Pro Ala Ser Cys Ser
85 90 95

Asp Thr Glu Phe Arg Gln Met Trp Ala Glu Phe Glu Trp Glu Asn Lys
100 105 110

Val Ser Val Asn Thr Asn Leu Thr Asp Leu His Glu Tyr Leu Ala His
115 120 125

Leu Val Arg Ser Thr Asn Met Lys Cys Leu Thr
130 135

<210> 236

<211> 116

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 236

Val Leu Asp Ile Val Ala Tyr Gln Leu Asn Phe Tyr Arg Asn Glu Thr
1 5 10 15

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

Tyr Tyr Arg Tyr Arg Asp Gln Leu Gln Val Gly Leu Ile Ile Ala Gly
35 40 45

Trp Asp Lys Val Lys Gly Gly Gln Val Tyr Asn Ile Pro Leu Gly Gly
50 55 60

Met Val Ile Arg Gln Lys Phe Cys Met Gly Gly Ser Gly Ser Thr Phe
65 70 75 80

Val Phe Gly Phe Thr Asp Thr Asn Phe Lys Glu Asn Met Thr Glu Ala
85 90 95

Glu Cys Lys Asn Phe Leu Thr Arg Ala Ile Gly Leu Ala Ile Ser Arg
100 105 110

Asp Gly Ser Ser
115

ES 2 750 007 T3

<210> 237

<211> 116

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 237

Val Ser Glu Met Val Thr Phe Gln Leu Asn Leu Tyr Arg Asn Glu Thr
1 5 10 15

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

Cys Tyr Arg Tyr Arg Asp Gln Leu Gln Val Gly Leu Ile Ile Ala Gly
35 40 45

Trp Asp Glu Val Lys Gly Ala Gln Val Tyr Met Ile Pro Leu Gly Gly
50 55 60

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

Ile Tyr Gly Phe Thr Asp Ala His Phe Lys Glu Asn Met Thr Glu Ala
85 90 95

Glu Cys Lys Asn Phe Leu Thr Arg Ala Ile Gly Leu Ala Ile Ser Arg
100 105 110

Asp Gly Ala Ser
115

<210> 238

<211> 371

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<220>

<221> característica miscelánea

<222> (321)..(321)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoazúcar que se produce de forma natural

<400> 238

Ala Ser Phe Val Ser Glu Ile Ser Asp Glu Phe Lys Ile Val Val Val
1 5 10 15

ES 2 750 007 T3

Gln Ala Ile Arg Ala Leu Cys Leu Lys Phe Pro Arg Lys His Ser Thr
 20 25 30

Leu Met Thr Phe Leu Ser Ala Met Leu Arg Asp Glu Gly Gly Leu Glu
 35 40 45

Tyr Arg Ala Ser Ile Ala Asp Thr Ile Ile Thr Ile Ile Glu Asp Asn
 50 55 60

Pro Glu Ala Lys Glu Ile Gly Leu Ala His Leu Cys Glu Phe Ile Glu
 65 70 75 80

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

Lys Glu Gly Pro Lys Thr Ile Gln Pro Ser Arg Tyr Ile Arg Phe Ile
 100 105 110

Tyr Asn Arg Val Ile Leu Glu Ile Ala Val Ile Arg Ala Ala Ala Val
 115 120 125

Ser Ala Leu Ala Gln Phe Gly Ala Leu Cys Pro Asp Leu Leu Pro Asn
 130 135 140

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

Arg Asp Arg Ala Thr Tyr Tyr Tyr His Leu Leu Lys Leu Gln Glu Lys
 165 170 175

Gly Leu Ile Phe Asn Tyr Ile Val Asp Pro Met Gln Val Cys Leu Val
 180 185 190

Ser Leu Glu Lys Ser Leu Ala Gln His Val His Asp Lys Val Pro Thr
 195 200 205

Lys Phe Asp Leu Lys Ser Val Pro Pro Ala Pro Val Val Ser Thr Thr
 210 215 220

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

Pro Ser Lys Ile Ala Pro Leu Gln Ser Thr Val Ser Ser Tyr Ala Glu
 245 250 255

Lys Leu Gln Gly Val Pro Gly Leu Gln Ser Ile Pro Gly Thr Leu Phe

ES 2 750 007 T3

Met Tyr Thr Glu Ala Leu Gly Leu Gly Ser Ser Leu Leu Lys Glu Leu
85 90 95

Lys Lys Leu Asp Asp Lys Asn Leu Leu Val Glu Val Leu Leu Leu Glu
100 105 110

Ser Lys Thr Tyr His Ala Leu Ser Asn Leu Ser Lys Ala Arg Ala Ala
115 120 125

Leu Thr Ser Ala Arg Thr Thr Ala Asn Ser Ile Tyr Cys Pro Pro Lys
130 135 140

Met Gln Ala Ala Leu Asp Leu Gln Ser Gly Ile Leu His Ala Ala Asp
145 150 155 160

Glu Gln Asp Phe Lys Thr Ala Tyr Ser Tyr Phe Tyr Glu Ala Phe Glu
165 170 175

Gly Tyr Asp Ser Val Asp Ser Pro Lys Ala Leu Thr Ala Leu Lys Tyr
180 185 190

Met Leu Leu Ser Lys Ile Met Leu Asn Thr Pro Glu Asp Val Gln Gln
195 200 205

Leu Ile Ser Gly Lys Leu Ala Leu Lys His Ala Gly Arg Asp Ile Asp
210 215 220

Ala Met Lys Asn Val Ala Lys Ala Ser Ala Lys Arg Ser Leu Ala Asp
225 230 235 240

Phe Gln Ser Thr Leu Glu Gly Tyr Lys Lys Glu Leu Lys Glu Asp Pro
245 250 255

Ile Val Lys Ala His Leu Gly Thr Leu Tyr Asp Asn Met Leu Glu Gln
260 265 270

Asn Leu Cys Arg Ile Ile Glu Pro Tyr Ser Arg Val Gln Val Glu Tyr
275 280 285

Val Ser Lys Ala Ile Lys Leu Pro Thr Leu Gln Val Glu Lys Lys Leu
290 295 300

Ser
305

<210> 240

<211> 179

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 240

ES 2 750 007 T3

Leu Ala Ala Val Ser Ala Gly Ala Pro Ser Ile Gly Ile Lys Ala Gln
 1 5 10 15

Asn Gly Val Val Leu Ala Thr Glu Asn Lys Phe Lys Ser Ile Leu Tyr
 20 25 30

Glu Glu His Ser Ile Lys Lys Ile Glu Met Val Glu Glu His Ile Gly
 35 40 45

Met Val Tyr Ser Gly Met Gly Pro Asp Tyr Arg Leu Leu Val Lys Arg
 50 55 60

Ala Arg Lys Leu Ala Gln Gln Tyr Lys Leu Val Tyr Gly Gln Arg Ile
 65 70 75 80

Pro Thr Pro Gln Leu Val Gln Lys Val Ala Met Val Met Gln Glu Tyr
 85 90 95

Thr Gln Ser Gly Gly Val Arg Pro Phe Gly Val Ser Leu Leu Ile Cys
 100 105 110

Gly Trp Asp Asp Gly Arg Pro Thr Leu Phe Gln Cys Asp Pro Ser Gly
 115 120 125

Ala Tyr Phe Ala Trp Lys Ala Thr Ala Met Gly Lys Asn Phe Ile Asn
 130 135 140

Gly Lys Thr Phe Leu Glu Lys Arg Tyr Ile Glu Thr Gln Asp Ile Glu
 145 150 155 160

Asp Ala Val His Thr Ala Ile Leu Thr Leu Lys Glu Gly Phe Glu Gly
 165 170 175

Gln Met Asp

<210> 241

<211> 80

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<220>

<221> característica miscelánea

<222> (28)..(28)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoazúcar que se produce de forma natural

<400> 241

ES 2 750 007 T3

Ala Glu Ala Lys Lys Arg Lys Ala Arg Arg Leu Lys Gln Ala Lys Glu
1 5 10 15

Glu Ala Gln Glu Glu Ile Glu Arg Tyr Lys Gln Xaa Arg Glu Lys Gln
20 25 30

Phe Lys Glu Phe Glu Ala Gln His Met Gly Ser Arg Glu Asp Val Ala
35 40 45

Ala Arg Ile Asp Ala Asp Thr Arg Gln Arg Ile Glu Glu Met Thr Lys
50 55 60

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

<210> 242

<211> 179

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<220>

<221> característica miscelánea

<222> (23)..(24)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoazúcar que se produce de forma natural

<400> 242

Ala Ser Val Met Arg Cys Gly Lys Lys Lys Val Trp Leu Asp Pro Asn
1 5 10 15

Glu Ile Asn Glu Ile Ala Xaa Xaa Asn Ser Arg Gln Asn Ile Arg Lys
20 25 30

Leu Ile Lys Asp Gly Leu Ile Ile Lys Lys Pro Val Ala Val His Ser
35 40 45

Arg Ala Arg Val Arg Lys Asn Thr Glu Ala Arg Arg Lys Gly Arg His
50 55 60

Cys Gly Phe Gly Lys Arg Lys Gly Thr Ala Asn Ala Arg Met Pro Val
65 70 75 80

Lys Val Leu Trp Val Asn Arg Met Arg Val Leu Arg Arg Leu Leu Lys
85 90 95

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

ES 2 750 007 T3

Tyr Met Lys Ala Lys Gly Asn Val Phe Lys Asn Lys Arg Val Leu Met
 115 120 125

Asp Phe Ile His Lys Lys Lys Ala Glu Lys Ala Arg Ser Lys Met Leu
 130 135 140

Lys Asp Gln Ala Glu Ala Arg Arg Leu Lys Val Lys Glu Ala Lys Lys
 145 150 155 160

Arg Arg Glu Glu Arg Ile Ala Thr Lys Lys Gln Glu Ile Met Gln Ala
 165 170 175

Tyr Ala Arg

<210> 243

<211> 219

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 243

Glu Lys Phe Glu Asn Leu Gly Ile Gln Pro Pro Lys Gly Val Leu Leu
 1 5 10 15

Tyr Gly Pro Pro Gly Thr Gly Lys Thr Leu Leu Ala Arg Ala Cys Ala
 20 25 30

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

Gln Met Phe Ile Gly Asp Gly Ala Lys Leu Val Arg Asp Ala Phe Ala
 50 55 60

Leu Ala Lys Glu Lys Ala Pro Ala Ile Ile Phe Ile Asp Glu Leu Asp
 65 70 75 80

Ala Ile Gly Thr Lys Arg Phe Asp Ser Glu Lys Ala Gly Asp Arg Glu
 85 90 95

Val Gln Arg Thr Met Leu Glu Leu Leu Asn Gln Leu Asp Gly Phe Ser
 100 105 110

Ser Thr Ala Asp Ile Lys Val Ile Ala Ala Thr Asn Arg Val Asp Ile
 115 120 125

Leu Asp Pro Ala Leu Leu Arg Ser Gly Arg Leu Asp Arg Lys Ile Glu
 130 135 140

ES 2 750 007 T3

Phe Pro His Pro Asn Glu Asp Ala Arg Ala Arg Ile Met Gln Ile His
145 150 155 160

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

Arg Ser Thr Asp Asp Phe Asn Gly Ala Gln Cys Lys Ala Val Cys Val
180 185 190

Glu Ala Gly Met Ile Ala Leu Arg Arg Ser Ala Ser Val Val Ser His
195 200 205

Glu Asp Phe Met Asp Ala Ile Leu Glu Val Gln
210 215

<210> 244

<211> 92

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<220>

<221> característica miscelánea

<222> (55)..(55)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoazúcar que se produce de forma natural

<400> 244

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

Val Asp Pro Glu Glu Thr Glu Glu Asp Gly Ala Val Val Asp Leu Asp
20 25 30

Ala Arg Arg Lys Gly Lys Cys Ala Val Ile Lys Thr Ser Thr Arg Gln
35 40 45

Thr Tyr Phe Leu Pro Val Xaa Gly Leu Val Asp Ala Glu Lys Leu Lys
50 55 60

Pro Gly Asp Leu Val Gly Val Asn Lys Asp Ser Tyr Leu Ile Leu Glu
65 70 75 80

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

<210> 245

<211> 258

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> GFP

ES 2 750 007 T3

<400> 245
agatacccg atcatatgaa acggcatgac ttttcaaga gtgccatgcc cgaaggttat 60
gtacaggaaa gaactatatt tttcaaagat gacgggaact acaagacacg taagtttaa 120
cagttcggta ctaactaacc atacatattt aaattttcag gtgctgaagt caagtttgaa 180
ggtgataccc ttgttaatag aatcgagtta aaaggtattg attttaaga agatggaac 240
attcttgac acaaattg 258

<210> 246

<211> 46

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 246

gcgtaatcg actcactata ggagataccc agatcatatg aaacgg 46

<210> 247

<211> 24

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 247

caatttgtt ccaagaatgt ttcc 24

<210> 248

<211> 24

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 248

agatacccg atcatatgaa acgg 24

<210> 249

<211> 46

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 249

ES 2 750 007 T3

gcgtaatacg actcactata ggcaattgt gtccaagaat gttcc 46
<210> 250
<211> 170
<212> ADN
<213> Artificial
<220>
<223> Intrón
<400> 250
ctcgagcctg agagaaaagc atgaagtata cccataacta acccattagt tatgcattta 60
tgttatatct attcatgctt ctactttaga taatcaatca ccaaacaatg agaatctcaa 120
cggtcgcaat aatgttcagc aaaatgtagt gtgtacactt accttctaga 170
<210> 251
<211> 2752
<212> ADN
<213> Lygus hesperus
<400> 251

ES 2 750 007 T3

gaagtgacgt	gtgacgtggt	cttttgccta	tgtcaaatta	ttgcatgtcc	gtgattttct	60
tcgtaatfff	gttccaaaaa	ctctaaattc	ccatgtgatt	tcttctacgg	cgaagcccca	120
ggaaaaaaga	atgacgacct	acgaggagtt	cattcaacag	agcgaggagc	gcgacggtat	180
caggttcact	tggaaagtct	ggccatcaag	tcgcatcgaa	gccaccaggt	tggtcgtacc	240
cgtaggatgt	ctctatcaac	cactaaaaga	acgcacggat	cttccagcta	ttcaatacga	300
tcccgttcta	tgcactagga	atacctgtag	agccatactc	aaccogatgt	gccaagtaaa	360
ctatagggca	aagttgtggg	tgtgtaactt	ctgtttccag	aggaatccgt	tcccaccaca	420
atagcccgca	atttccgagc	agcatcagcc	tgctgagttg	attccatcat	tctcaactat	480
agagtatact	atatctagag	ctcaatffff	gcctcctata	ttcctattgg	tggtggatac	540
gtgtttggat	gatgacgagc	taggagctct	gaaagattcg	ttacaaacgt	ctctatcttt	600
gctaccaaac	aactccctag	ttggtctgat	cacgtttggg	aaaatggfcc	aagttcacga	660
acttgggtgt	gaaggttggt	cccggagcta	cgtgttcaga	ggcaccaagg	atttgacgtc	720
caagcaagta	caggacatgc	ttgggatcgg	aaaggtttcc	gcttctcctc	agcaacagca	780
gcaaagggca	atgggcgggc	agcagccatt	ccccaccaat	cggttcattc	agccgattca	840
aagttgtgac	atgagcctca	ccgacttggt	gggcgaaatg	cagcgtgatc	catggccagt	900
gggtcagggg	aagcgacctc	ttagatcaac	gggtgctgct	ctagctattg	ccattggggt	960
gttggagtgc	tcctacccca	acacgggagc	aaaagtcatg	ttgttccttg	gtggcccttg	1020
ttccaagggg	cctggtcaag	ttgtcaatga	tgacctgagg	gaacctatcc	gctctcatca	1080
tgacatccag	aaagataatg	cccgctacat	gaaaaaagcc	attaaacatt	acgattcttt	1140
ggcattgaga	gcagccacta	atgggcattc	agtagacatt	tattcctgtg	ctttagatca	1200
gacaggtttg	gcggaaatga	agcaatgttg	caattctact	gggggtcata	tggtgatggg	1260

ES 2 750 007 T3

tgacaccttc aactccactt tgttcaaaca gacgttccag agggtgctct cccgtgatca 1320
 aaaaggcgaa ttcaaaatgg ctttcaatgg cgtagttgaa gtcaaacct cccgagagct 1380
 aaaagttatg ggagccattg ggccttgctt ttcattgaat acgaaaggtc cgtgtgttag 1440
 tgaaactgac atagggcttg gaggaacttg ccagtggag ttctgcacat ttaacccaaa 1500
 taccactgct gccatgttct ttgaggtagt aaaccaacac gctgctccta tccctcaagg 1560
 tggagagga tgtatacagt tcataactca ataccagcat gcgtcgggcc aaaggcgcac 1620
 ccgagtaacc actgtagcca ggaattgggc tgatgcgact accaacatgc accatgttag 1680
 tgcaggattt gatcaggaag ctggagcggc actcatggcc aggatggtcg ttcacagagc 1740
 tgaaactgat gatggacctg atgtcatgag atgggctgat cgcatgttga ttcgtctttg 1800
 ccagaaattc ggcgagtaca acaaggatga tccaaatagt ttccgcctcc cagaaaactt 1860
 ctgcgtttac ccacagtcca tgtatcactt gagaaggctc caattcttgc aggtattcaa 1920
 caacagccca gacgaaacgt cgtactatcg tcacatcttg atgcgggaag atttgtcgca 1980
 gagcttgatc atgattcagc cgatcctgta cagttacagt ttcaacggtc cagaaccagt 2040
 ccttttgac acttccagca ttcaacctga tcggatcctg ctgatggaca ccttctcca 2100
 aatcctcatc ttccacggcg agaccatcgc ccagtggcgt gcccaaaggc accaggacct 2160
 acctgaatat gagaacttca agcagctcct acaggctcct gtagacgatg ctaaggaaat 2220
 cctgcacact cggttcccca tgccgaggtta cattgacacc gaacagggcg gatcacaagc 2280
 tagattcctt ctctccaaag tcaaccatc ccaaactcac aacaacatgt acggctatgg 2340
 aggggaattt ggagcccctg tgctcactga tgatgtttcc ctccaagtct tcatggaaca 2400
 ccttaaaaag ctgaccgttt catttactgc ctgatgttt attcccagct caaaaatcca 2460
 tttagaaaag aagcctgttt tttttcagta tcaaattcac aatTTTTTTT tgtaaatatt 2520
 ttcgtgcaat gaggaaata cttacacttt attgatcact ttgttttga ccatagtaaa 2580
 cttttttca tttttacca cttactaag aatgaagtat ttgggtaaat ttacgttgca 2640
 aattatattt aaaattattg tttatatcaa tgggtatatt ttttaattaa tcgttgatac 2700
 attgattttg tattagctca ttaagttatt aaaaataaat ttatatatta cc 2752

<210> 252

<211> 3191

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 252

gatctgataa gagattgatg tggtttagtt tgtttgacgt agatttgtaa cattttgatt 60
 ccgaatttaa ttgatatttc tcacaatgcc tctcaaattg gacatcaaga gaaagctgct 120
 tgctcgatca gaccgtgtga aatgtgtcga tctgcacca actgagccgt ggatgttggc 180

ES 2 750 007 T3

ttctctctac aacggaaacg ttcacatttg gaaccacgaa actcaacagc ttctgaaatc	240
cttcgaagta tgcgagcttc caatcagggc tgcagttttc gtaccgagga agaactgggt	300
ggtcacaggc tcggacgaca tgcacgttcg tgtcttcaac tacaacactc tcgagcgtgt	360
acattccttc gaggcccatt ctgattatth gagatgcata atcgtacata ctacacagcc	420
ttacataattg acgtgcagcg atgacatgct gatcaagctg tggaaactggg aaaaaaattg	480
gctatgccag caagtcttcg aaagccacac ccattacgta atgcagatcg tgctgaaccc	540
gaaggataac aacacttttcg cctctgcctc gctcgaccac accctcaaag tgtggcagtt	600
ggactctgca gcggccaact tcactttgga cggacacgaa aaaggagta actgcgtcga	660
ctactaccac ggaggagata agccgtatct catctctggc gcggacgata acatggtcaa	720
aatatgggat taccagaaca aaacgtgctg tcagactttg gagggacacg ctcaaaatat	780
aactgcagtt tgcctccaca ctgaactacc aatcgcaatt actggctcgg aagatggaac	840
cgttcgttg tggcactcag caacctatcg acttgaatcg tccttgaact acggctttga	900
aagagtatgg gccatacgtc gtctcaaagg ctcaaaccac attgctcttg ggtacgacga	960
gggttccatt atggtcaagg ttggtcgaga agaaccggcc atttccatgg atgttaatgg	1020
agaaaaaatt gtttgggctc gacattctga aatccagcag gtcaatttga agtctctcat	1080
gactgacgag agtgaaattc gcgatgggga gaaactccca gtagcagcta aagacatggg	1140
tcctctcgaa gttttcccgc aaagcatcgc ccacaacccc aatgggaggt ttgtggttgt	1200
ttgcggtgat ggagaataca tcactacac tgccatggct ttgcgtaata aaagtttcgg	1260
ttccgcccga gagttcgtct gggcccagga ctctctgac tacgccatcc gogaagggac	1320
gtctaccgta cgacttttca ggcagttcaa ggaaggaag aacttcaagc ctgaatttgg	1380
agctgaaggt atttttgggg gacagcttct cggagttagg actgtaactg gactgtccct	1440
ctacgactgg gaaacttttg agttgatcag aagcatcgc attcaagcga aagcgcgta	1500
ctggtccgaa gcagggcatc tcttggaat cgttactgac gacagttact atctcttga	1560
attcgaccag agcgcctct cgacgtcac ccctggaact gacggctacg aagatgcctt	1620
tgagctcgtc ggtgaagtca atgatactgt caagaccgga ttgtgggttg gtgactgttt	1680
catctacaca aatgccgttt gtcggatcaa ctactacgta ggtggtgaga tcgtcacgct	1740
ggctcacctc gacactaaa tgtacctct aggatacgtg gcccgccaga acctgctgta	1800
cctgtgcgac aagcatcata acatcatttg ttacacgttg cttctgtctg tcctcgaata	1860
tcagactgct gtgatgagga gagactttga aactgctgac cgagttttgc cactatttc	1920
tgttcagcat cgctcaagag ttgctcattt cctggaaaaa cagggcttca aaaggcaagc	1980
tctggctgtg tccacggatg ccgagcacia gtttgaactt gcgcttcagc tcagtgattt	2040

ES 2 750 007 T3

ggaagcagca gtcggcctag cgagggaaat cggcagcaaa gccaaagtggg tgcaggtcgc 2100
 agagttggcg atgtcagagg ccaagctagg actcgcctcag atgtgcttgc atcaggcaca 2160
 gcactacgga ggacttctgc tctgtcaac ttctgccgga aatgtggaca tgatggagaa 2220
 actggcagaa agctcgtgt cccgatggcaa aaacaacgtc tcgttctca cttacttct 2280
 gatgggtaac gtggaaaagt gtctccaaat cctcatcgat actggaagaa ttccggaagc 2340
 agctttcttc gcccgacct atatgcctaa agaagtgtct cgcgtggtcg acatgtggaa 2400
 aaccctttct aaggacaaga cggggcaatc gctcgtgac ccagccaat accggaatct 2460
 attcccaag cacaccgagg ctctgaaagc cgaacagttc atgaagaagg aattgactca 2520
 aaggattccc gcctcgtcgc acaaggatat aaaacccaac tacgaaagga atgccattga 2580
 agaaatgaaa gaagccgaag caaacggtct gttcacgtat gatcctccag tggctcctgc 2640
 cagtatcaac aatctaattg atgtttctga accggcgaat cgatctgagc ccagcccgtc 2700
 tgaaatcttc tccgaagcgc ccgtcgtgtc caagatgacc agcgcgctc ggccgctggt 2760
 cgcgccagtt ccgctgccg cgagacctca aaaacggccg tcggccttcg atgatgacga 2820
 cctcgaattg gaaatcgaaa atatgaatth ggatgacatc gatgctagtg atttgaacga 2880
 agaagacctc cttatagatt agggatcatt gttttatcta tttaaaatta ctttatttat 2940
 caattataat ccacataatt aagtattatc gtacatgaaa gtgaattcca aatattttta 3000
 tgggtggtat tctgttctca cgttttcatt cggttgcaa tctgatgtaa ataaatggaa 3060
 aactataaaa tgcaatattt atatgaagtt aggctgtcac tatttttagaa taagattctt 3120
 ggatgatgta tcaattattg tgttcataa gtttaggtg ttatttctca ataaacgttt 3180
 attacagcct c 3191

<210> 253

<211> 859

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 253

aagcagtggg atcaacgcag agtacttttt ttttttttt ttttttttt ctttctgaaa 60
 gtgtggttct cttcgtccga ccatgagttc gctcaaactg cagaagaggc tcgccgcctc 120
 ggtgatgaga tgcggcaaga agaaagtgtg gttggaccct aatgaaatca acgaaatcgc 180
 caacaccaac tctaggcaaa acatccgtaa gctgatcaag gatggtttga tcatcaaaaa 240
 gcctgtggct gtccactcca gagcccgcgt ccgtaaaaac acagaagcca gacggaaggg 300
 tcgtcattgt ggcttcggta agaggaaggg taccgccaac gccagaatgc ctgtgaaggt 360
 cctgtgggtc aacagaatga gagtctcgcg acggctcctt aaaaaatata gagaagccaa 420
 gaagatcgat aggcaaatgt accacgacct ttacatgaaa gccaaaggta acgtcttcaa 480

ES 2 750 007 T3

aaacaagagg gtactgatgg acttcattca caagaagaag gctgaaaagg cgagatcaaa 540
gatggtgaag gaccaggcag aggcgagacg tttcaaggtc aaggaggcga agaagaggcg 600
cgaggagagg atcggcacca agaagcaaga gatcatgcag gcgtacgccc gagaagacga 660
ggctgccgtc aaaaagtgat ctcgccccct ccgtttttaa attttaaca aaaaactgat 720
tttgtacaaa aatttacaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaagtactc 780
tgcggtgata ccaactgcttg ccctctattg agtcgaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaagtac 840
tctgcgttga taccactgc 859

<210> 254

<211> 1145

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 254

tgggttgttg gactgctcct accccaacac gggagcaaaa gtcattgttg tccttgggtg 60
cccttgttcc caagggcctg gtcaagttgt caatgatgac ctgagggaac ctatccgctc 120
tcatcatgac atccagaaag ataatgcccg ctacatgaaa aaagccatta aacattacga 180
ttctttggca ttgagagcag ccactaatgg gcattcagta gacatttatt cctgtgcttt 240
agatcagaca ggtttggcgg aaatgaagca atgttgcaat tctactgggg gtcatatggt 300
gatgggtgac accttcaact ccactttgtt caaacagacg ttccagaggg tgctctcccg 360
tgatcaaaaa ggcaattca aaatggcttt caatggcgta gttgaagtca aaacctcccg 420
agagctaaaa gttatgggag ccattgggcc ttgcttttca ttgaatacga aagggtccgtg 480
tgttagtga actgacatag ggcttggagg aacttgccag tggagttct gcacatttaa 540
ccaaaatacc actgctgccca tgttctttga ggtagtaaac caacacgctg ctctatccc 600
tcaagtgga agaggatgta tacagttcat aactcaatac cagcatgctg cgggccaaaag 660
gcgcatccga gtaaccactg tagccaggaa ttgggtgat gcgactacca acatgcacca 720
tgttagtga ggatttgatc aggaagctgg agcggctactc atggccagga tggctgttca 780
cagagctgaa actgatgatg gacctgatgt catgagatgg gctgatcgca tgttgattcg 840
tctttgccag aaattggcg agtacaacaa ggatgatcca aatagtttcc gcctcccaga 900
aaacttctcg ctttaccac agttcatgta tcaactgaga aggtccaat tcttgcagg 960
attcaacaac agcccagacg aaacgtcgta ctatcgctac atcttgatgc gggaagattt 1020
gtcgcagagc ttgatcatga ttcagccgat cctgtacagt tacagtttca acggtccaga 1080
accagtcctt ttggacactt ccagcattca acctgatcgg atcctgctga tggacacctt 1140
cttcc 1145

<210> 255

<211> 350

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

ES 2 750 007 T3

<400> 255

gagactttga aactgctgac cgagttttgc ccactattcc tgttcagcat cgctcaagag 60
ttgctcattt cctggaaaaa cagggcttca aaaggcaagc tctggctgtg tccacggatg 120
ccgagcaciaa gtttgaactt gcgcttcagc tcagtgattt ggaagcagca gtcggcctag 180
cgagggaaat cggcagcaaa gcccaagtggg tgcaggtcgc agagttggcg atgtcagagg 240
ccaagctagg actcgctcag atgtgcttgc atcaggcaca gcaactacgga ggacttctgc 300
tcctgtcaac ttctgccgga aatgtggaca tgatggagaa actggccgaa 350

<210> 256

<211> 407

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 256

cgaggcccat tctgattatt tgagatgcat catcgtacat cctacacagc cttacatatt 60
gacgtgcagc gatgacatgc tgatcaagct gtggaactgg gaaaaaatt ggctatgcca 120
gcaagtcttc gaaagccaca cccattacgt catgcagatc gtgctgaacc cgaaggataa 180
caaacctttc gcctctgcct cgctcgacca caccctcaaa gtgtggcagt tggactctgc 240
agcggccaac ttcactttgg acggacacga aaaaggagtt aactgcgtcg actactacca 300
cggaggagat aagccgtatc tcatctctgg cgcggacgat cacatggtca aaatatggga 360
ttaccagaac aaaacgtgcg ttcagacttt ggagggacac gctcaaa 407

<210> 257

<211> 44

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 257

gcgtaatacg actcactata ggtgggtgt tggagtctc ctac 44

<210> 258

<211> 22

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 258

ggaagaaggt gtccatcagc ag 22

<210> 259

<211> 22

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 259

tgggtgttg gagtgctcct ac 22

<210> 260

<211> 44

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 260

gcgtaatacg actcactata ggggaagaag gtgtccatca gcag 44

<210> 261

<211> 45

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 261

gcgtaatacg actcactata gggagacttt gaaactgctg accga 45

<210> 262

<211> 20

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 262

ttcggccagt ttctccatca 20

<210> 263

<211> 23

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

ES 2 750 007 T3

<400> 263

gagactttga aactgctgac cga 23

<210> 264

<211> 40

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 264

gcgtaatacg actcactata ggttcggcca gtttctccat 40

<210> 265

<211> 44

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 265

gcgtaatacg actcactata ggcgaggccc attctgatta ttg 44

<210> 266

<211> 20

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 266

tttgagcgtg tccctccaaa 20

<210> 267

<211> 22

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 267

cgaggcccat tctgattatt tg 22

<210> 268

<211> 42

<212> ADN

ES 2 750 007 T3

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 268

gcgtaatagc actcactata ggttgagcg tgcctcca aa 42

<210> 269

<211> 767

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 269

ES 2 750 007 T3

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

Lys Leu Trp Val Cys Asn Phe Cys Phe Gln Arg Asn Pro Phe Pro Pro
 85 90 95

Gln Tyr Ala Ala Ile Ser Glu Gln His Gln Pro Ala Glu Leu Ile Pro
 100 105 110

Ser Phe Ser Thr Ile Glu Tyr Thr Ile Ser Arg Ala Gln Phe Leu Pro
 115 120 125

Pro Ile Phe Leu Leu Val Val Asp Thr Cys Leu Asp Asp Asp Glu Leu
 130 135 140

Gly Ala Leu Lys Asp Ser Leu Gln Thr Ser Leu Ser Leu Leu Pro Thr
 145 150 155 160

Asn Ser Leu Val Gly Leu Ile Thr Phe Gly Lys Met Val Gln Val His
 165 170 175

Glu Leu Gly Cys Glu Gly Cys Ser Arg Ser Tyr Val Phe Arg Gly Thr
 180 185 190

Lys Asp Leu Thr Ser Lys Gln Val Gln Asp Met Leu Gly Ile Gly Lys
 195 200 205

Val Ser Ala Ser Pro Gln Gln Gln Gln Arg Ala Met Gly Gly Gln
 210 215 220

Gln Pro Phe Pro Thr Asn Arg Phe Ile Gln Pro Ile Gln Ser Cys Asp
 225 230 235 240

Met Ser Leu Thr Asp Leu Leu Gly Glu Met Gln Arg Asp Pro Trp Pro
 245 250 255

ES 2 750 007 T3

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

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

ES 2 750 007 T3

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			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			
		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			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																			
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			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																																			
	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			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																																																			
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			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																																																																			
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			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																																																																																			
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			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																																																																																																			
				565					570					575		Phe	Ser	Leu	Tyr	Pro	Gln	Phe	Met	Tyr	His	Leu	Arg	Arg	Ser	Gln	Phe				580					585					590			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																																																																																																																			
Phe	Ser	Leu	Tyr	Pro	Gln	Phe	Met	Tyr	His	Leu	Arg	Arg	Ser	Gln	Phe				580					585					590			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																																																																																																																																			
			580					585					590			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																																																																																																																																																			
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																																																																																																																																																																			
		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																																																																																																																																																																																			
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																																																																																																																																																																																																			
	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																																																																																																																																																																																																																			
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																																																																																																																																																																																																																																			
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																																																																																																																																																																																																																																																			
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																																																																																																																																																																																																																																																																			
				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																																																																																																																																																																																																																																																																																			
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																																																																																																																																																																																																																																																																																																			
			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																																																																																																																																																																																																																																																																																																																			
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																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																			
		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																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																			
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																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																			
	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																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																			
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																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																			
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																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																			
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																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																			
				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																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																			
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																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																			
			740					745					750			Val	Phe	Met	Glu	His	Leu	Lys	Lys	Leu	Ala	Val	Ser	Phe	Thr	Ala				755					760					765																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																			
Val	Phe	Met	Glu	His	Leu	Lys	Lys	Leu	Ala	Val	Ser	Phe	Thr	Ala				755					760					765																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																			
		755					760					765																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																			

<210> 270

<211> 938

<212> PRT

ES 2 750 007 T3

<213> Lygus hesperus

<400> 270

Met Pro Leu Lys Leu Asp Ile Lys Arg Lys Leu Ser Ala Arg Ser Asp
1 5 10 15

Arg Val Lys Cys Val Asp Leu His Pro Thr Glu Pro Trp Met Leu Ala
20 25 30

Ser Leu Tyr Asn Gly Asn Val His Ile Trp Asn His Glu Thr Gln Gln
35 40 45

Leu Leu Lys Ser Phe Glu Val Cys Glu Leu Pro Ile Arg Ala Ala Val
50 55 60

Phe Val Pro Arg Lys Asn Trp Val Val Thr Gly Ser Asp Asp Met His
65 70 75 80

Val Arg Val Phe Asn Tyr Asn Thr Leu Glu Arg Val His Ser Phe Glu
85 90 95

Ala His Ser Asp Tyr Leu Arg Cys Ile Ile Val His Pro Thr Gln Pro
100 105 110

Tyr Ile Leu Thr Cys Ser Asp Asp Met Leu Ile Lys Leu Trp Asn Trp
115 120 125

Glu Lys Asn Trp Leu Cys Gln Gln Val Phe Glu Ser His Thr His Tyr
130 135 140

Val Met Gln Ile Val Leu Asn Pro Lys Asp Asn Asn Thr Phe Ala Ser
145 150 155 160

Ala Ser Leu Asp His Thr Leu Lys Val Trp Gln Leu Asp Ser Ala Ala
165 170 175

Ala Asn Phe Thr Leu Asp Gly His Glu Lys Gly Val Asn Cys Val Asp
180 185 190

Tyr Tyr His Gly Gly Asp Lys Pro Tyr Leu Ile Ser Gly Ala Asp Asp
195 200 205

ES 2 750 007 T3

His Met Val Lys Ile Trp Asp Tyr Gln Asn Lys Thr Cys Val Gln Thr
 210 215 220

Leu Glu Gly His Ala Gln Asn Ile Thr Ala Val Cys Leu His Thr Glu
 225 230 235 240

Leu Pro Ile Ala Ile Thr Gly Ser Glu Asp Gly Thr Val Arg Leu Trp
 245 250 255

His Ser Ala Thr Tyr Arg Leu Glu Ser Ser Leu Asn Tyr Gly Phe Glu
 260 265 270

Arg Val Trp Ala Ile Arg Cys Leu Lys Gly Ser Asn His Ile Ala Leu
 275 280 285

Gly Tyr Asp Glu Gly Ser Ile Met Val Lys Val Gly Arg Glu Glu Pro
 290 295 300

Ala Ile Ser Met Asp Val Asn Gly Glu Lys Ile Val Trp Ala Arg His
 305 310 315 320

Ser Glu Ile Gln Gln Val Asn Leu Lys Ser Leu Met Thr Asp Glu Ser
 325 330 335

Glu Ile Arg Asp Gly Glu Lys Leu Pro Val Ala Ala Lys Asp Met Gly
 340 345 350

Pro Cys Glu Val Phe Pro Gln Ser Ile Ala His Asn Pro Asn Gly Arg
 355 360 365

Phe Val Val Val Cys Gly Asp Gly Glu Tyr Ile Ile Tyr Thr Ala Met
 370 375 380

Ala Leu Arg Asn Lys Ser Phe Gly Ser Ala Gln Glu Phe Val Trp Ala
 385 390 395 400

Gln Asp Ser Ser Asp Tyr Ala Ile Arg Glu Gly Thr Ser Thr Val Arg
 405 410 415

Leu Phe Arg Gln Phe Lys Glu Arg Lys Asn Phe Lys Pro Glu Phe Gly
 420 425 430

Ala Glu Gly Ile Phe Gly Gly Gln Leu Leu Gly Val Arg Thr Val Thr
 435 440 445

Gly Leu Ser Leu Tyr Asp Trp Glu Thr Leu Glu Leu Ile Arg Ser Ile
 450 455 460

ES 2 750 007 T3

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

ES 2 750 007 T3

Gly Lys Asn Asn Val Ser Phe Leu Thr Tyr Phe Leu Met Gly Asn Val
 725 730 735

Glu Lys Cys Leu Gln Ile Leu Ile Asp Thr Gly Arg Ile Pro Glu Ala
 740 745 750

Ala Phe Phe Ala Arg Thr Tyr Met Pro Lys Glu Val Ser Arg Val Val
 755 760 765

Asp Met Trp Lys Thr Leu Ser Lys Asp Lys Thr Gly Gln Ser Leu Ala
 770 775 780

Asp Pro Ala Gln Tyr Pro Asn Leu Phe Pro Lys His Thr Glu Ala Leu
 785 790 795 800

Lys Ala Glu Gln Phe Met Lys Lys Glu Leu Thr Gln Arg Ile Pro Ala
 805 810 815

Ser Ser His Lys Asp Ile Lys Pro Asn Tyr Glu Arg Asn Ala Ile Glu
 820 825 830

Glu Met Lys Glu Ala Glu Ala Asn Gly Leu Phe Thr Tyr Asp Pro Pro
 835 840 845

Val Ala Pro Ala Ser Ile Asn Asn Leu Ile Asp Val Ser Glu Pro Ala
 850 855 860

Asn Arg Ser Glu Pro Ser Pro Ser Glu Ile Phe Ser Glu Ala Pro Val
 865 870 875 880

Val Ser Lys Met Thr Ser Asp Ala Arg Pro Leu Val Ala Pro Val Pro
 885 890 895

Pro Ala Ala Arg Pro Gln Lys Arg Pro Ser Ala Phe Asp Asp Asp Asp
 900 905 910

Leu Glu Leu Glu Ile Glu Asn Met Asn Leu Asp Asp Ile Asp Ala Ser
 915 920 925

Asp Leu Asn Glu Glu Asp Leu Leu Ile Asp
 930 935

<210> 271

<211> 198

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 271

ES 2 750 007 T3

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Glu Ala Ala Val Lys Lys
 195

<210> 272

<211> 311

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> GUS

<400> 272

ES 2 750 007 T3

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

<210> 273

<211> 596

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 273

gtgtagtgca tgggttact gaaagtttg taacgcccta gcgcaaacat gcagattttc 60
 gtcaaaacc tcacgggtaa gaccatcacc cttgaggtcg agccttctga taccatcgag 120
 aatgtgaagg ctaagatcca ggacaaggag ggaatcccc cggatcagca gcgtcttatac 180
 ttcgccgta agcaattgga agatggccgc accctttctg actacaacat ccagaaaagaa 240
 tccaccttgc acttgggtgct caggcttcgt ggtggtgcca agaaaaggaa gaagaagaac 300
 tactccactc ccaagaagat caagcacaag aagaagaaga ttaagttggc tgtgcttaaa 360
 tactacaagg ttgacgagaa cggcaaaatc agccgattga ggagggagtg tccgtcagag 420
 caatgcggtg ccggtgtttt catggctgcc atggaagata ggcattactg tggaaagtgc 480
 agttactc ttgtttttaa taaaccgag gagaaataaa tttttttaa tataatgta 540
 cgccgttaa atacacattt gaacggttaa aaaaaaaaa aaaaaaaaa aaaaaa 596

<210> 274

<211> 603

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 274

ttacttgcgt tactcaggat tgctgctaaa attgttgaat tttcgtttg ttcacatag 60
 gtgaacgatg caaattttcg tcaaaaccct cacgggtaaa actattacc tcgaagttga 120
 gccttcggac actatcgaaa atgtcaaagc taaaatccaa gacaaggaag ggattcccc 180
 agaccagcag aggttgatct tcgctggcaa gcagctcgaa gatggccgca cactttccga 240
 ctacaacatc cagaaagagt ccaccctca cttggtctc cgtttgagag gaggagtcat 300
 cgagcccacc ctcaggatct tggctcagaa gtacaactgc gacaagatga tttgcaggaa 360
 gtgctacgct cgtctccacc ccagggcgac caactgtcgc aagaagaat gcggacacac 420
 caacaacatc cgccccaga agaagctgaa gtaaactata atttccctt ggggaaccatc 480
 cttcaagggg gttccctctc accaatattt ttttctttt tcatggacaa aatcctgatg 540

ES 2 750 007 T3

ttaactttca aggataaata aatcaagag tttaaaaaa aaaaaaaaa aaaaaaaaa 600
 aaa 603
 <210> 275
 <211> 3278
 <212> ADN
 <213> Lygus hesperus
 <400> 275
 gataacgccg cggagcttta tgcttgcctt gtctcatttt ccgtgttttt cgtataaatt 60
 ggggaatttgt tcgtgatatt tgtggttttg aaatattaaa aacaacttgc aaaactatca 120
 acattcacgg taaagatggg gatggtcgta gagcagccat gttactcgct gatcaatttt 180
 gcggcggact cggagccagt tagcgaaatg cagctgaaac aagattttga atctgggagc 240
 acagctcaga aagttgaagc tctcaagaaa acgattcaca tgatttccaa cggcgagcgt 300
 ttaccgggctc ttctgatgca tatcatcaga ttcattctgc cttcccagga ccacacgatc 360
 aaaaagttgc tgctaataatt ctgggagatc gttcctaaaa cttaccccga tggaaaactg 420
 cttcaagaaa tgatacttgt ttgcgagccc tacagaaagg atttacaaca ccccaatgag 480
 ttcgtgcggg ggtcgacttt gagattcctc tgcaaattga aggagccaga acttctggaa 540
 ccgctgatgc ctgccattcg gtcgtgcctc gagcacagag tgtcttacgt ccgcaggaac 600
 gctgtccttg ccattttcac gatctacaag aatttcgaat ttctaataccc tgatgctccc 660
 gaactcattg ccaatttcct cgacggagag caagatatgt cttgcaaaaag gaatgccttc 720
 ttgatgctcc tccacgctga ccaagacaga gcactctcct atcttgcttc ttgtctggac 780
 caagtcacca gctttggcga catcctccag cttgtcatcg ttgaattgat ttacaaggtt 840
 tgtcatgcga atccctcaga acgttctcgg ttcattaggt gcatatacaa cctattgaat 900
 tcaagcagcc ctgctgtccg atatgaagct gctggtacgc tgataaccct gtccaacgca 960
 cctactgcca tcaaggctgc tgcacatgc tacattgatc taatcatcaa ggaaagcgat 1020
 aacaacgtca aactgatcgt cctcgatcgc ctggtcggcc tcaaagacat cccgacgtac 1080
 gaaagagtct tgcaggatct cgtcatggac atcctccgcg tcttggccag cccggatatg 1140
 gaagtcagga agaaggcttt gaatctcgtc cttgatctta caacttcgcg ttgtgtcgaa 1200
 gaagtagttt tgatgctgaa gaaagaggtt gccaaaactc ataacttgct cgagcacgag 1260
 gaaacaggaa aatataggca actccttgtg agaactctgc actcttgag catgaaattc 1320
 cctgatgtgg ctgcttcagt catcccagtg ctcatggaat ttttgtctga ctccaacgag 1380
 ctcgcttccc aagacgtcct tattttcgta agggaaagcca ttcacaaatt tgaaaactgt 1440
 aggaacacaa tcattgagaa attgcttgaa gcttttccgt ccataaagtt cgtcaaagtc 1500
 catcgtgctg cgttgtggat attaggagag tacgctgctt ccatogatga cgtcagagct 1560

ES 2 750 007 T3

gtcataaac aaattaaaca gaatttgggt gaggttcta tgggtgaaga tgaaatgaag 1620
 cgggccgctg gagagaagac ggaagagtca tctgaacaga acagcggggg tgcaatgccg 1680
 tcaagcgctt ccaaactagt aacgtctgat gggacctatg cttctcagtc tgtgttcagc 1740
 actgtatcca catccaaaaa agaggaccga ccaccttga ggcagtatct gattgatggt 1800
 gattatitta ttggctccac catcgctcc actttgggta aactttctct gaagtttgac 1860
 aacttggat ccaacacggc tgcgcagaac gaattctgca atgaatgcat gctgatcatc 1920
 gcttgcaccc tccatcttgg aagatctggc ctttgcaaaa agaatttgaa taacgacgac 1980
 gctgagagga tgcgttttg tcttcgagtt ctttgggatg gaagcccaac cattgagaag 2040
 attttactc aagaatgccg agaagctctt gcgtctatgc ttaccgctca acaccatgag 2100
 gaaatcgctt tgaataaggc caaagaaaag accgcacatc tcatccacgt agacgaccca 2160
 gtctcattcc tgcaattatc atctctgaga aactctgaac ttggttctga aaacgtgttc 2220
 gagctaagtc ttactcaggc gcttgggtgt cccaccagtg gtggctcctc caactcggac 2280
 ctcttctct ctgccagcaa gctcaaaaa gtcacgcagc ttactggctt ttctgaccct 2340
 gtctacgctg aagcttacgt ccaagtcaac cagtatgata tcgtcttga cgtactcatt 2400
 gtcaaccaga cagctgacac tcttcaaaa tgcaactctg aattggctac acttggcgac 2460
 ctgaaattgg tcgagaagcc gcaaccctgc gttttggcgc ctcatgactt ctgtaacata 2520
 aaagctaacg tcaaagtggc ttccactgaa aacggaatta tttttggcaa cattgtttac 2580
 gacgttagtg gagcagcttc cgaccgaaac gtcgctgctc tcaatgacat tcacatcgat 2640
 attatggact acatagtacc tgcactctgt tctgacactg aattccgcca aatgtgggct 2700
 gaattcgaat gggaaaacaa ggtatctgtc aacaccaacc tcacggactt gcacgagtat 2760
 ttggccatt ttgtcaggag caccaacatg aagtgttga caccagagaa agcgctctgc 2820
 ggtcaatgtg ggtcatggc tgccaacatg tatgcgcgct cgattttcgg agaagatgcg 2880
 ttggcgaacc tgagcatcga gaaaccctc aacaagcctg atgcacctgt cactggacac 2940
 atccgcatcc gagccaaaag ccagggaatg gcaactcagtt tgggagacaa aatcaacatg 3000
 acccagaaga gaccgcagaa aatgtacggt gcctaagccc tcatagatcc caccacctcg 3060
 gttcaacttt ccatttcctt tgtgagagca ccctactgct tacctgcgcc aactgcaag 3120
 taaacttggc ttcggcctcc tatttatcat atttacggt attctttggt atcgaaatat 3180
 ttatgcatat tatattattg gcatttcggt atcccaattc attcaataaa tatatagatt 3240
 aatttactaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3278

<210> 276

<211> 806

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 276

ES 2 750 007 T3

tccttcgctt gttggatttt tggtcgctcc acttttcccc atacatacgt tttgtcagga 60
aacttctgta aaggtttggt cgagtaattg attatggcga gtcaaaactca aggaatccaa 120
cagctcctcg cagctgagaa acgagccgcc gagaaggttg cggaagcaaa gaaaaggaaa 180
gctcgcctgt tgaagcaggc caaggaagag gctcaggagg aaattgaaag gtacaagcaa 240
gacagagaga agcagttcaa ggagttcgaa gcccagcaca tgggctccag ggaggacggt 300
gctgccagga tagacgctga cactcgtcag agaattgaag agatgacaaa agctgtcaat 360
gtcaacaaag aacaagtgat ccaagaata ctggaacttg tgtacgacat cagacctgaa 420
atgcacaaga attaccgtcc tacctttagt aaaaatgtac attaaacgca ttatactgaa 480
ttaaattcaa tatattgaac aaatcattat tataatatcg agtatttttg aattctgtga 540
tggtttttgt tgtcaaaatt atttgccact cgaggcttgt atccctacaa atgtttagg 600
ttagctgtac ttcctgtgtg ctgcacacaa tgaataaatt cagtagaatt acattccacg 660
attctatttc tgtaataact attgttgttt ttttccgtgt ttttacgaaa ccattctgt 720
gaaatggaac ttgtatgtat cataactaac ccaatacat tattagacta actagtaaaa 780
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 806

<210> 277

<211> 717

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 277

aaagtgtggt tctcttcgct cgacctagag ttcgctcaaa ctgcagaaga ggctcgcctc 60
ctcggatgat agatgoggca agaagaaagt gtggttgac cctaataaaa tcaacgaaat 120
cgccaacacc aactctaggc aaaacatccg taagctgatc aaggatggtt tgatcatcaa 180
aaagcctgtg gctgtccact ccagagcccg cgtccgtaaa aacacagaag ccagacggaa 240
gggtcgtcat tgtggcttcg gtaagaggaa gggtagccgc aacgccagaa tgcctgtgaa 300
ggctcctgtg gtcaacagaa tgagagtcct gcgacggctc cttaaaaaat acagagaagc 360
caagaagatc gataggcaaa tgtaccacga cttttacatg aaagccaaag gtaacgtctt 420
caaaaacaag agggactga tggacttcat tcacaagaag aaggctgaaa aggcgagatc 480
aaagatggtg aaggaccagg cagaggcgag acgtttcaag gtcaaggagg cgaagaagag 540
gcgcgaggag aggatcgcca ccaagaagca agagatcatg caggcgtacg cccgagaaga 600
cgaggctgcc gtcaaaaagt gatctcgccc cctccgtttt taaattttta acaaaaaacg 660
tattttgtac aaaaatttac aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 717

<210> 278

<211> 2304

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 278

ES 2 750 007 T3

atgacgacct acgaggagtt cattcaacag agcgaggagc gcgacggtat caggttcaact 60
 tggaacgtct ggccatcaag tcgcatcga gccaccaggt tggtcgtacc cgtaggatgt 120
 ctctatcaac cactaaaaga acgcacggat cttccagcta ttcaatacga tcccgttcta 180
 tgcactagga atacctgtag agccatactc aaccgatgt gccaaagtaa ctatagggca 240
 aagttgtggg tgtgtaactt ctgtttccag aggaatccgt tcccaccaca atacgcccga 300
 atttccgagc agcatcagcc tgctgagttg attccatcat tctcaactat agagtatact 360
 atatctagag ctcaattttt gcctcctata ttcctattgg tggaggatac gtgtttggat 420
 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
 atggcggtc agcagccatt ccccaccaat cggttcattc agccgattca aagttgtgac 720
 atgagcctca ccgacttggt gggcgaaatg cagcgtgatc catggccagt gggtcagggt 780
 aagcgacctc ttagatcaac gggtgctgct ctagctattg ccattgggtt gttggagtgc 840
 tcctaccca acacgggagc aaaagtcatg ttgttccttg gtggcccttg ttccaaggg 900
 cctggtcaag ttgtcaatga tgacctgagg gaacctatcc gctctcatca tgacatccag 960
 aaagataatg cccgctacat gaaaaaagcc attaaacatt acgattcttt ggcatgaga 1020
 gcagccacta atgggcattc agtagacatt tattcctgtg ctttagatca gacaggttg 1080
 gcggaaatga agcaatggtg caattctact gggggtcata tggatgagg tgacacctc 1140
 aactccactt tgttcaaaca gacgttccag agggtgctct cccgtgatca aaaaggcgaa 1200
 ttcaaaatgg ctttcaatgg cgtagttgaa gtcaaacct cccgagagct aaaagttatg 1260
 ggagccattg ggccttgcgt tcattgaat acgaaaggtc cgtgtgtag tgaaactgac 1320
 ataggccttg gaggaacttg ccagtggaag ttctgcacat ttaaccaaaa taccactgct 1380
 gccatgttct ttgaggtagt aaaccaacac gctgctccta tccctcaagg tggaagagga 1440
 tgtatacagt tcataactca ataccagcat gcgtcgggcc aaaggcgcac ccgagtaacc 1500
 actgtagcca ggaattgggc tgatgcgact accaacatgc accatgtag tgacagatgt 1560
 gatcaggaag ctggagcggc actcatggcc aggatggtcg ttcacagagc tgaaactgat 1620
 gatggacctg atgtcatgag atgggctgat cgcattgtga ttcgtctttg ccagaaattc 1680
 ggcgagtaca acaaggatga tccaaatagt ttccgcctcc cagaaaactt ctgccttac 1740

ES 2 750 007 T3

ccacagttca tgtatcactt gagaaggtcc caattcttgc aggtattcaa caacagccca 1800
gacgaaacgt cgtactatcg tcacatcttg atgcggaag atttgtcgca gagcttgatc 1860
atgattcagc cgatcctgta cagttacagt ttcaacggtc cagaaccagt ccttttgac 1920
acttccagca ttcaacctga tcggatcctg ctgatggaca ctttctcca aatcctcatc 1980
ttccacggcg agaccatcgc ccagtggcgt gcccaaaggt accaggacct acctgaatat 2040
gagaacttca agcagctcct acaggctcct gtagacgatg ctaaggaaat cctgcacact 2100
cggttcccca tgccgaggta cattgacacc gaacagggcg gatcacaagc tagattcctt 2160
ctctccaaag tcaaccatc ccaaaactcac aacaacatgt acggctatgg aggggaattt 2220
ggagcccctg tgctcactga tgatgtttcc ctccaagtct tcatggaaca ccttaaaaag 2280
ctagccgttt catttactgc ctag 2304

<210> 279

<211> 2962

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 279

atgtggttta atttgttga cgtaaatttg taacattttg attccgaatt taattgatat 60
ttcgcctta tgcctctcag attggacatc aagagaaagc tgtctgctcg atcagaccgt 120
gtgaaatgtg tcgatctgca cccaactgag ccgtggatgt tggcttctct ctacaacgga 180
aacgtacaca tttggaacca cgaaactcaa cagcttctga aatccttca agtatgagc 240
cttccaatca gggctgcagt tttcgtaccg aggaagaact ggggtggtcac aggctcggac 300
gacatgcaag ttcgtgtctt caactacaac actctcgagc gtgtacattc cttcgaggcc 360
cattctgatt atttgagatg catcatcgta catcctacac agccttacet attgacgtgc 420
agcgatgaca tgctgatcaa gctgtggaac tgggaaaaaa actggctatg ccagcaagtc 480
ttcgaagacc acaccatta cgtcatgcag atcgtgctga accogaagga taacaatact 540
ttcgcctctg cctcgctcga ccacaccctc aaagtgtggc agttgggatc agcagcgccc 600
aacttcaact tggacggaca cgaaaaagga gtgaactgag tcgactacta ccacggagga 660
gataagcctt atctcatctc tggcgcggac gatcacatgg tcaaaatatg ggattaccag 720
aacaaaacgt gcgtccagac tttggaggga cacgctcaaa atataactgc agtttgcttc 780
cacactgaac taccaatcgc aattactggc tcggaagacg gaaccgttcg cttgtggcac 840
tcagccacct atcgacttga atcgtccttg aactacggct ttgaaagagt atggaccata 900
cgctgtctca aaggctcaaa ccacattgct cttgggtacg acgagggttc cattatggtc 960
aaagtgtgct gagaagaacc ggccatttcc atggatgta atggagaaaa aattgtttgg 1020
gctcgacatt ctgaaatcca gcaggtcaat ttgaagtctc tcatgactga cgagagtgaa 1080

ES 2 750 007 T3

attcgcgatg gggagaaact cccagtagca gctaaagaca tgggtccctg cgaagttttc 1140
 ccacaaagca tcgcccacaa ccccaatgga agatttgtgg ttgtttgcgg tgatggagaa 1200
 tacatcatct acaactgccat ggctttgcgt aataaaaagtt tcggttccgc ccaagagttc 1260
 gtctgggccc aggactcttc tgactacgcc atccgcgaag ggacgtctac cgtccgactt 1320
 ttcaggcagt tcaaggaaaag gaagaacttc aagcctgaat ttggagctga aggtatTTTT 1380
 gggggacagc ttctcggagt taggactgta actggactgt ccctctacga ctgggaaact 1440
 ttggagttga tcagaagcat cgacattcaa gcgaaagcgc cgtactggtc cgaagcaggg 1500
 catctcttgg caatcgttac tgacgacagt tactatctct tgaattcga ccagagcgcc 1560
 atctcgacgt ccacccttg aactgacggc tacgaagatg cctttgagct cgtcggtgaa 1620
 gtcaatgata ctgtcaagac cggattgtgg gttggtgact gtttcatcta cacaaacgcc 1680
 gtttgcgga tcaactacta cgtaggtggg gagatcgtca ccgtggctca cctcgacact 1740
 acaatgtacc tcctaggata cgtggcccgc cagaacctgc tgtacctgtg cgacaagcat 1800
 cataacatca ttgtttacac gttgcttctg tctgtcctcg aatatcagac tgctgtgatg 1860
 aggagagact ttgaaactgc tgaccgagtt ttgcccacta ttctgttca gcatcgctca 1920
 agagttgctc atttcctgga aaaacagggc ttcaaaagc aagctctggc tgtgtccacg 1980
 gatgccgagc acaagtttga acttgcgctt cagctcagtg atttggaaagc agcagtcggc 2040
 ctacgagggg aaatcggcag caaagccaag tgggtgcagg tcgccgagtt ggcgatgtca 2100
 gagccaagc taggactcgc tcagatgtgc ttgcatcagg cacagcacta cggaggactt 2160
 ctgctcctgt caacttctgc cggaaatgtg gacatgatgg agaaaactggc cgaaagctcg 2220
 ctgtccgatg gcaaaaacaa cgtctcgttc ctcaactact tcctgatggg taacgtggaa 2280
 aagtgtctcc aaatcctcat cgatactgga agaattccgg aagcagcttt cttcgcccgg 2340
 acctatatgc ctaaagaagt gtctcgcgtg gtogacatgt ggaaaaccct ttctaaggac 2400
 aagacggggc aatcgctcgc tgaccagcc caatacccga atctattccc caagcacacc 2460
 gaggtctctga aagccgaaca gttcatgaag aaggaattga ctcaaaggat tcccgcctcg 2520
 tcgcacaagg atataaaacc caactacgaa aggaatgcca ttgaagaaat gaaagaagcc 2580
 gaagcaaacg gtctgttcac gtatgatcct ccagtggtc ctgccagtat caacaatcta 2640
 attgatgttt ctgaaccggc gaatcgatct gagcccagcc cgtctgaaat cttctccgaa 2700
 gcgcccggcg tgtccaagat gaccagcgac gctcggccgc tggtcgcgcc agttccgcct 2760
 gccgcgagac ctcaaaaacg gccgtcggcc ttogatgatg acgacctcga attggaaatc 2820
 gaaaatatga atttggatga catcgatgct agtgatttga acgaagaaga cctccttata 2880
 gattagggat cattgtttta tctattttaa attactttat ttatcaatta taatccacat 2940

 aattaagtat tatcgtacat ga 2962

<210> 280

<211> 1184

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

ES 2 750 007 T3

<400> 280

```

ggtcggtgga cgaggctcgag aactcttcta gagtcagagt ctgatgtgca cacaatcatc      60
ctggagttga gtcaggccga ttttcctagt gaatgtcaat gtttttctca acgtaaccag      120
ggtcagcttc ctccttaagt ttatttaggt ttacagtga  aaaatgagtt tcttcagcaa      180
agtgttcggg ggaagaaag atgacaaggg ccctacggct tcggaagcga ttcagaaact      240
ccgcgagact gaagacatgc tagtgaagaa acaggaatat ttggaaacca aaattgaagc      300
tgaaatgaag attatcaaaa agaatgggac ggccaacagg cgtgtatcta tacaagctct      360
aaagaagaaa aagcggtttg aaaaacaact tcaacagatt gatggaactc tgtcgacgat      420
tgaaatgcag agagaagcct tggaatcagc caatactagt tccaaggttg taaaaactat      480
gaaattagct gctgatacac tgaagacagc tcatcagcac atggacgttg atcaagtaca      540
tgacatgatg gatgaaatcg ccgaacagca tgaagcagcg aaggaaatat cagaagccat      600
atctaatacca gttgcttttg gaaacgacat agacgaggat gaactcgaga gggaattaga      660
agaattagaa cagcaagaac tggatagaga acttcttggg acccatactc ctgctgctga      720
tcatttgccg gatgtacctg ctaccattcc agttccacat aaaccaaagc aaactgttgc      780
tgatgaagat gatgatttga agcaacttca ggaatgggca acctaaattg cttgtggtct      840
atcaaagatg ctgcgttact aaatttttga tatgaaaatg tattattctt atgtttattg      900
tttgttccaa agctagaagc attttgaaga atacctacgt gcatatttca gctcaggaat      960
ttttaaaacg agagtgtgt aaataggtct atgtaatgct taataatatt ccaagttcac     1020
taaaactact cattataaca ggaaaaaaaa aagatattct tatactttca atgatgaagt     1080
ttatttagag ccaccattta ttttcgatga gagaacagaa aatagatcct ctcaataaat     1140
aagttcgata caataaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa                               1184

```

<210> 281

<211> 156

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 281

```

Met Gln Ile Phe Val Lys Thr Leu Thr Gly Lys Thr Ile Thr Leu Glu
1           5           10           15

```

```

Val Glu Pro Ser Asp Thr Ile Glu Asn Val Lys Ala Lys Ile Gln Asp
                20           25           30

```


ES 2 750 007 T3

Lys Glu Gly Ile Pro Pro Asp Gln Gln Arg Leu Ile Phe Ala Gly Lys
35 40 45

Gln Leu Glu Asp Gly Arg Thr Leu Ser Asp Tyr Asn Ile Gln Lys Glu
50 55 60

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

Lys Lys Lys Asn Tyr Ser Thr Pro Lys Lys Ile Lys His Lys Lys Lys
85 90 95

Lys Ile Lys Leu Ala Val Leu Lys Tyr Tyr Lys Val Asp Glu Asn Gly
100 105 110

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

Gly Val Phe Met Ala Ala Met Glu Asp Arg His Tyr Cys Gly Lys Cys
130 135 140

Ser Tyr Thr Leu Val Phe Asn Lys Pro Glu Glu Lys
145 150 155

<210> 282

<211> 128

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 282

Met Gln Ile Phe Val Lys Thr Leu Thr Gly Lys Thr Ile Thr Leu Glu
1 5 10 15

Val Glu Pro Ser Asp Thr Ile Glu Asn Val Lys Ala Lys Ile Gln Asp
20 25 30

Lys Glu Gly Ile Pro Pro Asp Gln Gln Arg Leu Ile Phe Ala Gly Lys
35 40 45

Gln Leu Glu Asp Gly Arg Thr Leu Ser Asp Tyr Asn Ile Gln Lys Glu
50 55 60

Ser Thr Leu His Leu Val Leu Arg Leu Arg Gly Gly Val Ile Glu Pro
65 70 75 80

Thr Leu Arg Ile Leu Ala Gln Lys Tyr Asn Cys Asp Lys Met Ile Cys
85 90 95

Arg Lys Cys Tyr Ala Arg Leu His Pro Arg Ala Thr Asn Cys Arg Lys
100 105 110

Lys Lys Cys Gly His Thr Asn Asn Ile Arg Pro Lys Lys Lys Leu Lys
115 120 125

ES 2 750 007 T3

<210> 283

<211> 966

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 283

Met Gly Met Val Val Glu Gln Pro Cys Tyr Ser Leu Ile Asn Phe Ala
1 5 10 15

Ala Asp Ser Glu Pro Val Ser Glu Met Gln Leu Lys Gln Asp Phe Glu
20 25 30

Ser Gly Ser Thr Ala Gln Lys Val Glu Ala Leu Lys Lys Thr Ile His
35 40 45

Met Ile Ser Asn Gly Glu Arg Leu Pro Gly Leu Leu Met His Ile Ile
50 55 60

Arg Phe Ile Leu Pro Ser Gln Asp His Thr Ile Lys Lys Leu Leu Leu
65 70 75 80

Ile Phe Trp Glu Ile Val Pro Lys Thr Tyr Pro Asp Gly Lys Leu Leu
85 90 95

Gln Glu Met Ile Leu Val Cys Asp Ala Tyr Arg Lys Asp Leu Gln His
100 105 110

Pro Asn Glu Phe Val Arg Gly Ser Thr Leu Arg Phe Leu Cys Lys Leu
115 120 125

Lys Glu Pro Glu Leu Leu Glu Pro Leu Met Pro Ala Ile Arg Ser Cys
130 135 140

Leu Glu His Arg Val Ser Tyr Val Arg Arg Asn Ala Val Leu Ala Ile
145 150 155 160

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

Leu Ile Ala Asn Phe Leu Asp Gly Glu Gln Asp Met Ser Cys Lys Arg
180 185 190

ES 2 750 007 T3

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

ES 2 750 007 T3

435	440	445																			
Ser	Ile	Lys	Phe	Val	Lys	Val	His	Arg	Ala	Ala	Leu	Trp	Ile	Leu	Gly						
450					455						460										
Glu	Tyr	Ala	Ala	Ser	Ile	Asp	Asp	Val	Arg	Ala	Val	Met	Lys	Gln	Ile						
465					470					475					480						
Lys	Gln	Asn	Leu	Gly	Glu	Val	Pro	Met	Val	Glu	Asp	Glu	Met	Lys	Arg						
				485					490					495							
Ala	Ala	Gly	Glu	Lys	Thr	Glu	Glu	Ser	Ser	Glu	Gln	Asn	Ser	Gly	Gly						
			500					505					510								
Ala	Met	Pro	Ser	Ser	Ala	Ser	Lys	Leu	Val	Thr	Ser	Asp	Gly	Thr	Tyr						
		515					520					525									
Ala	Ser	Gln	Ser	Val	Phe	Ser	Thr	Val	Ser	Thr	Ser	Lys	Lys	Glu	Asp						
	530					535					540										
Arg	Pro	Pro	Leu	Arg	Gln	Tyr	Leu	Ile	Asp	Gly	Asp	Tyr	Phe	Ile	Gly						
545					550					555					560						
Ser	Thr	Ile	Ala	Ser	Thr	Leu	Val	Lys	Leu	Ser	Leu	Lys	Phe	Asp	Asn						
				565				570						575							
Leu	Glu	Ser	Asn	Thr	Ala	Ala	Gln	Asn	Glu	Phe	Cys	Asn	Glu	Cys	Met						
			580					585					590								
Leu	Ile	Ile	Ala	Cys	Thr	Leu	His	Leu	Gly	Arg	Ser	Gly	Leu	Cys	Thr						
		595					600					605									
Lys	Asn	Leu	Asn	Asn	Asp	Asp	Ala	Glu	Arg	Met	Leu	Phe	Cys	Leu	Arg						
	610					615					620										
Val	Leu	Trp	Asp	Gly	Ser	Pro	Thr	Ile	Glu	Lys	Ile	Phe	Thr	Gln	Glu						
625					630					635					640						
Cys	Arg	Glu	Ala	Leu	Ala	Ser	Met	Leu	Thr	Ala	Gln	His	His	Glu	Glu						
				645				650						655							
Ile	Ala	Leu	Asn	Lys	Ala	Lys	Glu	Lys	Thr	Ala	His	Leu	Ile	His	Val						
			660					665					670								
Asp	Asp	Pro	Val	Ser	Phe	Leu	Gln	Leu	Ser	Ser	Leu	Arg	Asn	Ser	Glu						
		675					680					685									

ES 2 750 007 T3

Leu Gly Ser Glu Asn Val Phe Glu Leu Ser Leu Thr Gln Ala Leu Gly
690 695 700

Gly Pro Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Ser Asp Leu Phe Phe Ser Ala
705 710 715 720

Ser Lys Leu Asn Lys Val Thr Gln Leu Thr Gly Phe Ser Asp Pro Val
725 730 735

Tyr Ala Glu Ala Tyr Val Gln Val Asn Gln Tyr Asp Ile Val Leu Asp
740 745 750

Val Leu Ile Val Asn Gln Thr Ala Asp Thr Leu Gln Asn Cys Thr Leu
755 760 765

Glu Leu Ala Thr Leu Gly Asp Leu Lys Leu Val Glu Lys Pro Gln Pro
770 775 780

Cys Val Leu Ala Pro His Asp Phe Cys Asn Ile Lys Ala Asn Val Lys
785 790 795 800

Val Ala Ser Thr Glu Asn Gly Ile Ile Phe Gly Asn Ile Val Tyr Asp
805 810 815

Val Ser Gly Ala Ala Ser Asp Arg Asn Val Val Val Leu Asn Asp Ile
820 825 830

His Ile Asp Ile Met Asp Tyr Ile Val Pro Ala Ser Cys Ser Asp Thr
835 840 845

Glu Phe Arg Gln Met Trp Ala Glu Phe Glu Trp Glu Asn Lys Val Ser
850 855 860

Val Asn Thr Asn Leu Thr Asp Leu His Glu Tyr Leu Ala His Leu Val
865 870 875 880

Arg Ser Thr Asn Met Lys Cys Leu Thr Pro Glu Lys Ala Leu Cys Gly
885 890 895

Gln Cys Gly Phe Met Ala Ala Asn Met Tyr Ala Arg Ser Ile Phe Gly
900 905 910

Glu Asp Ala Leu Ala Asn Leu Ser Ile Glu Lys Pro Phe Asn Lys Pro
915 920 925

Asp Ala Pro Val Thr Gly His Ile Arg Ile Arg Ala Lys Ser Gln Gly
930 935 940

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

Gln Lys Met Tyr Gly Ala
965

<210> 284

ES 2 750 007 T3

<211> 118

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 284

Met Ala Ser Gln Thr Gln Gly Ile Gln Gln Leu Leu Ala Ala Glu Lys
1 5 10 15

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

Leu Lys Gln Ala Lys Glu Glu Ala Gln Glu Glu Ile Glu Arg Tyr Lys
35 40 45

Gln Asp Arg Glu Lys Gln Phe Lys Glu Phe Glu Ala Gln His Met Gly
50 55 60

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

Ile Glu Glu Met Thr Lys Ala Val Asn Val Asn Lys Glu Gln Val Ile
85 90 95

Gln Arg Ile Leu Glu Leu Val Tyr Asp Ile Arg Pro Glu Met His Lys
100 105 110

Asn Tyr Arg Pro Thr Leu
115

<210> 285

<211> 198

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 285

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

ES 2 750 007 T3

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Glu Ala Ala Val Lys Lys
 195

<210> 286

<211> 767

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 286

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

ES 2 750 007 T3

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

Lys Leu Trp Val Cys Asn Phe Cys Phe Gln Arg Asn Pro Phe Pro Pro
85 90 95

Gln Tyr Ala Ala Ile Ser Glu Gln His Gln Pro Ala Glu Leu Ile Pro
100 105 110

Ser Phe Ser Thr Ile Glu Tyr Thr Ile Ser Arg Ala Gln Phe Leu Pro
115 120 125

Pro Ile Phe Leu Leu Val Val Asp Thr Cys Leu Asp Asp Asp Glu Leu
130 135 140

Gly Ala Leu Lys Asp Ser Leu Gln Thr Ser Leu Ser Leu Leu Pro Thr
145 150 155 160

Asn Ser Leu Val Gly Leu Ile Thr Phe Gly Lys Met Val Gln Val His
165 170 175

Glu Leu Gly Cys Glu Gly Cys Ser Arg Ser Tyr Val Phe Arg Gly Thr
180 185 190

Lys Asp Leu Thr Ser Lys Gln Val Gln Asp Met Leu Gly Ile Gly Lys
195 200 205

Val Ser Ala Ser Pro Gln Gln Gln Gln Arg Ala Met Gly Gly Gln
210 215 220

Gln Pro Phe Pro Thr Asn Arg Phe Ile Gln Pro Ile Gln Ser Cys Asp
225 230 235 240

Met Ser Leu Thr Asp Leu Leu Gly Glu Met Gln Arg Asp Pro Trp Pro
245 250 255

Val Gly Gln Gly Lys Arg Pro Leu Arg Ser Thr Gly Ala Ala Leu Ala
260 265 270

Ile Ala Ile Gly Leu Leu Glu Cys Ser Tyr Pro Asn Thr Gly Ala Lys
275 280 285

Val Met Leu Phe Leu Gly Gly Pro Cys Ser Gln Gly Pro Gly Gln Val
290 295 300

ES 2 750 007 T3

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

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

ES 2 750 007 T3

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

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> 287

<211> 938

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 287

Met Pro Leu Arg Leu Asp Ile Lys Arg Lys Leu Ser Ala Arg Ser Asp
 1 5 10 15

ES 2 750 007 T3

Arg Val Lys Cys Val Asp Leu His Pro Thr Glu Pro Trp Met Leu Ala
 20 25 30

Ser Leu Tyr Asn Gly Asn Val His Ile Trp Asn His Glu Thr Gln Gln
 35 40 45

Leu Leu Lys Ser Phe Glu Val Cys Glu Leu Pro Ile Arg Ala Ala Val
 50 55 60

Phe Val Pro Arg Lys Asn Trp Val Val Thr Gly Ser Asp Asp Met His
 65 70 75 80

Val Arg Val Phe Asn Tyr Asn Thr Leu Glu Arg Val His Ser Phe Glu
 85 90 95

Ala His Ser Asp Tyr Leu Arg Cys Ile Ile Val His Pro Thr Gln Pro
 100 105 110

Tyr Ile Leu Thr Cys Ser Asp Asp Met Leu Ile Lys Leu Trp Asn Trp
 115 120 125

Glu Lys Asn Trp Leu Cys Gln Gln Val Phe Glu Ser His Thr His Tyr
 130 135 140

Val Met Gln Ile Val Leu Asn Pro Lys Asp Asn Asn Thr Phe Ala Ser
 145 150 155 160

Ala Ser Leu Asp His Thr Leu Lys Val Trp Gln Leu Gly Ser Ala Ala
 165 170 175

Ala Asn Phe Thr Leu Asp Gly His Glu Lys Gly Val Asn Cys Val Asp
 180 185 190

Tyr Tyr His Gly Gly Asp Lys Pro Tyr Leu Ile Ser Gly Ala Asp Asp
 195 200 205

His Met Val Lys Ile Trp Asp Tyr Gln Asn Lys Thr Cys Val Gln Thr
 210 215 220

Leu Glu Gly His Ala Gln Asn Ile Thr Ala Val Cys Phe His Thr Glu
 225 230 235 240

Leu Pro Ile Ala Ile Thr Gly Ser Glu Asp Gly Thr Val Arg Leu Trp
 245 250 255

His Ser Ala Thr Tyr Arg Leu Glu Ser Ser Leu Asn Tyr Gly Phe Glu

ES 2 750 007 T3

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

ES 2 750 007 T3

Glu Leu Val Gly Glu Val Asn Asp Thr Val Lys Thr Gly Leu Trp Val
 515 520 525

Gly Asp Cys Phe Ile Tyr Thr Asn Ala Val Cys Arg Ile Asn Tyr Tyr
 530 535 540

Val Gly Gly Glu Ile Val Thr Val Ala His Leu Asp Thr Thr Met Tyr
 545 550 555 560

Leu Leu Gly Tyr Val Ala Arg Gln Asn Leu Leu Tyr Leu Cys Asp Lys
 565 570 575

His His Asn Ile Ile Cys Tyr Thr Leu Leu Leu Ser Val Leu Glu Tyr
 580 585 590

Gln Thr Ala Val Met Arg Arg Asp Phe Glu Thr Ala Asp Arg Val Leu
 595 600 605

Pro Thr Ile Pro Val Gln His Arg Ser Arg Val Ala His Phe Leu Glu
 610 615 620

Lys Gln Gly Phe Lys Arg Gln Ala Leu Ala Val Ser Thr Asp Ala Glu
 625 630 635 640

His Lys Phe Glu Leu Ala Leu Gln Leu Ser Asp Leu Glu Ala Ala Val
 645 650 655

Gly Leu Ala Arg Glu Ile Gly Ser Lys Ala Lys Trp Val Gln Val Ala
 660 665 670

Glu Leu Ala Met Ser Glu Ala Lys Leu Gly Leu Ala Gln Met Cys Leu
 675 680 685

His Gln Ala Gln His Tyr Gly Gly Leu Leu Leu Leu Ser Thr Ser Ala
 690 695 700

Gly Asn Val Asp Met Met Glu Lys Leu Ala Glu Ser Ser Leu Ser Asp
 705 710 715 720

Gly Lys Asn Asn Val Ser Phe Leu Thr Tyr Phe Leu Met Gly Asn Val
 725 730 735

Glu Lys Cys Leu Gln Ile Leu Ile Asp Thr Gly Arg Ile Pro Glu Ala
 740 745 750

Ala Phe Phe Ala Arg Thr Tyr Met Pro Lys Glu Val Ser Arg Val Val
 755 760 765

ES 2 750 007 T3

Asp Met Trp Lys Thr Leu Ser Lys Asp Lys Thr Gly Gln Ser Leu Ala
770 775 780

Asp Pro Ala Gln Tyr Pro Asn Leu Phe Pro Lys His Thr Glu Ala Leu
785 790 795 800

Lys Ala Glu Gln Phe Met Lys Lys Glu Leu Thr Gln Arg Ile Pro Ala
805 810 815

Ser Ser His Lys Asp Ile Lys Pro Asn Tyr Glu Arg Asn Ala Ile Glu
820 825 830

Glu Met Lys Glu Ala Glu Ala Asn Gly Leu Phe Thr Tyr Asp Pro Pro
835 840 845

Val Ala Pro Ala Ser Ile Asn Asn Leu Ile Asp Val Ser Glu Pro Ala
850 855 860

Asn Arg Ser Glu Pro Ser Pro Ser Glu Ile Phe Ser Glu Ala Pro Ala
865 870 875 880

Val Ser Lys Met Thr Ser Asp Ala Arg Pro Leu Val Ala Pro Val Pro
885 890 895

Pro Ala Ala Arg Pro Gln Lys Arg Pro Ser Ala Phe Asp Asp Asp Asp
900 905 910

Leu Glu Leu Glu Ile Glu Asn Met Asn Leu Asp Asp Ile Asp Ala Ser
915 920 925

Asp Leu Asn Glu Glu Asp Leu Leu Ile Asp
930 935

<210> 288

<211> 220

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 288

Met Ser Phe Phe Ser Lys Val Phe Gly Gly Lys Lys Asp Asp Lys Gly
1 5 10 15

Pro Thr Ala Ser Glu Ala Ile Gln Lys Leu Arg Glu Thr Glu Asp Met
20 25 30

Leu Val Lys Lys Gln Glu Tyr Leu Glu Thr Lys Ile Glu Ala Glu Met
35 40 45

ES 2 750 007 T3

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

Ala Leu Lys Lys Lys Lys Arg Phe Glu Lys Gln Leu Gln Gln Ile Asp
 65 70 75 80

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

Asn Thr Ser Ser Lys Val Val Gln Thr Met Lys Leu Ala Ala Asp Thr
 100 105 110

Leu Lys Thr Ala His Gln His Met Asp Val Asp Gln Val His Asp Met
 115 120 125

Met Asp Glu Ile Ala Glu Gln His Glu Ala Ala Lys Glu Ile Ser Glu
 130 135 140

Ala Ile Ser Asn Pro Val Ala Phe Gly Asn Asp Ile Asp Glu Asp Glu
 145 150 155 160

Leu Glu Arg Glu Leu Glu Glu Leu Glu Gln Gln Glu Leu Asp Arg Glu
 165 170 175

Leu Leu Gly Thr His Thr Pro Ala Ala Asp His Leu Pro Asp Val Pro
 180 185 190

Ala Thr Ile Pro Val Pro His Lys Pro Lys Gln Thr Val Ala Asp Glu
 195 200 205

Asp Asp Asp Leu Lys Gln Leu Gln Glu Trp Ala Thr
 210 215 220

REIVINDICACIONES

1. Un ácido ribonucleico (ARN) interferente que funciona tras la absorción por una especie de plagas de insectos para regular de forma descendente la expresión de un gen diana en dicha plaga de insectos, en donde el gen diana
- 5 (i) se selecciona del grupo de genes que tienen una secuencia de nucleótidos que comprende cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253, 152, o que tienen una secuencia de nucleótidos que, cuando las dos secuencias se alinean y comparan óptimamente, es al menos 85% idénticos a cualquiera de las SEQ ID NO 277, 138, 253 y 152 o
- 10 (ii) es un ortólogo de plagas de insectos de un gen que tiene una secuencia de nucleótidos que comprende cualquiera de las SEQ ID NOs 277, 138, 253 y 152, en donde los dos genes ortólogos son similares en secuencia en tal grado que cuando los dos genes son alineados y comparados de manera óptima, el ortólogo tiene una secuencia que es al menos 85% idéntica a cualquiera de las secuencias representadas por las SEQ ID NOs 277, 138, 253 y 152;
- 15 en donde dicho ARN interferente comprende al menos un elemento silenciador, en el que el elemento silenciador es una región de ARN de doble cadena que comprende cadenas complementarias reasociadas, una de las cuales comprende una secuencia de al menos 21 nucleótidos que es complementaria a una secuencia de nucleótidos diana dentro dicho gen diana.
2. El ARN interferente de la reivindicación 1, en donde la especie de plaga de insectos es una plaga de plantas.
3. El ARN interferente de la reivindicación 2, en donde la plaga de plantas se selecciona del género *Lygus*.
- 20 4. El ARN interferente de la reivindicación 3, en donde la especie de plaga de plantas es *Lygus hesperus*.
5. Un polinucleótido aislado que codifica el ARN interferente de cualquiera de las reivindicaciones 1-4.
6. Una construcción de ADN que comprende la secuencia de polinucleótidos de la reivindicación 5.
7. La construcción de ADN de la reivindicación 6, en donde la construcción es una construcción de expresión y en donde la secuencia polinucleotídica está operativamente unida a al menos una secuencia reguladora capaz de impulsar la expresión de la secuencia polinucleotídica.
- 25 8. Una célula hospedadora que comprende un ARN interferente de cualquiera de las reivindicaciones 1-4, el polinucleótido de la reivindicación 5 o la construcción de ADN de cualquiera de las reivindicaciones 6-7.
9. La célula hospedadora de la reivindicación 8, en donde la célula hospedadora es una célula procariota o eucariota.
10. La célula hospedadora de la reivindicación 9, en donde la célula hospedadora es una célula bacteriana o una célula vegetal.
- 30 11. Una composición para prevenir y/o controlar la infestación de plagas de insectos que comprende al menos un ácido ribonucleico (ARN) interferente de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1-4 y al menos un soporte, excipiente o diluyente adecuado.
12. La composición de la reivindicación 11, que comprende una célula hospedadora de cualquiera de las reivindicaciones 8-10, en donde el ARN se expresa dentro de dicha célula hospedadora.
- 35 13. Uso de un ácido ribonucleico (ARN) interferente de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1-4, un polinucleótido de acuerdo con la reivindicación 5, una construcción de ADN de acuerdo con la reivindicación 6 o 7, una célula hospedadora de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 8-10, o una composición de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 11-12 para prevenir y/o controlar la infestación de plagas.
- 40 14. Uso de un ácido ribonucleico (ARN) interferente de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1-4, un polinucleótido de acuerdo con la reivindicación 5, una construcción de ADN de acuerdo con la reivindicación 6 o 7, una célula hospedadora de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 8-10, o una composición de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 11-12 como plaguicida para una planta o para material de propagación o reproductivo de una planta.
- 45 15. Un método para regular de forma descendente la expresión de un gen diana en una especie de plaga de insectos, que comprende poner en contacto dicha especie de plaga con una cantidad efectiva de al menos un ácido ribonucleico (ARN) interferente de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1-4 o una cantidad efectiva de una composición de acuerdo con la reivindicación 11 o 12.
- 50 16. El método de la reivindicación 15, en el que la regulación descendente de la expresión de un gen diana en una especie de plaga de insectos se utiliza para prevenir y/o controlar la infestación de plagas.

17. Un método para generar una planta transgénica resistente a la infestación por parte de una especie de plaga de insectos que comprende:
- 5 (a) transformar una célula vegetal con una construcción de ADN que comprende una secuencia de polinucleótidos que codifica un ácido ribonucleico (ARN) interferente de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1-4;
- (b) regenerar una planta a partir de la célula vegetal transformada; y
- (c) cultivar la planta transformada en condiciones adecuadas para la expresión del ARN interferente de la construcción de ADN recombinante, siendo dicha planta, por tanto, resistente a dicha plaga en comparación con una planta sin transformar.
- 10 **18.** Una planta transgénica producida por el método de la reivindicación 17, en donde dicha planta expresa al menos un ácido ribonucleico (ARN) interferente de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1-4.
- 19.** Una planta transgénica, o material de reproducción o propagación para una planta transgénica o una célula vegetal transgénica cultivada, que expresa al menos un ácido ribonucleico (ARN) interferente de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1-4.
- 15 **20.** Semilla, producida a partir de la planta transgénica de la reivindicación 18 o 19, en donde dicha semilla expresa al menos un ácido ribonucleico (ARN) interferente de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1-4.

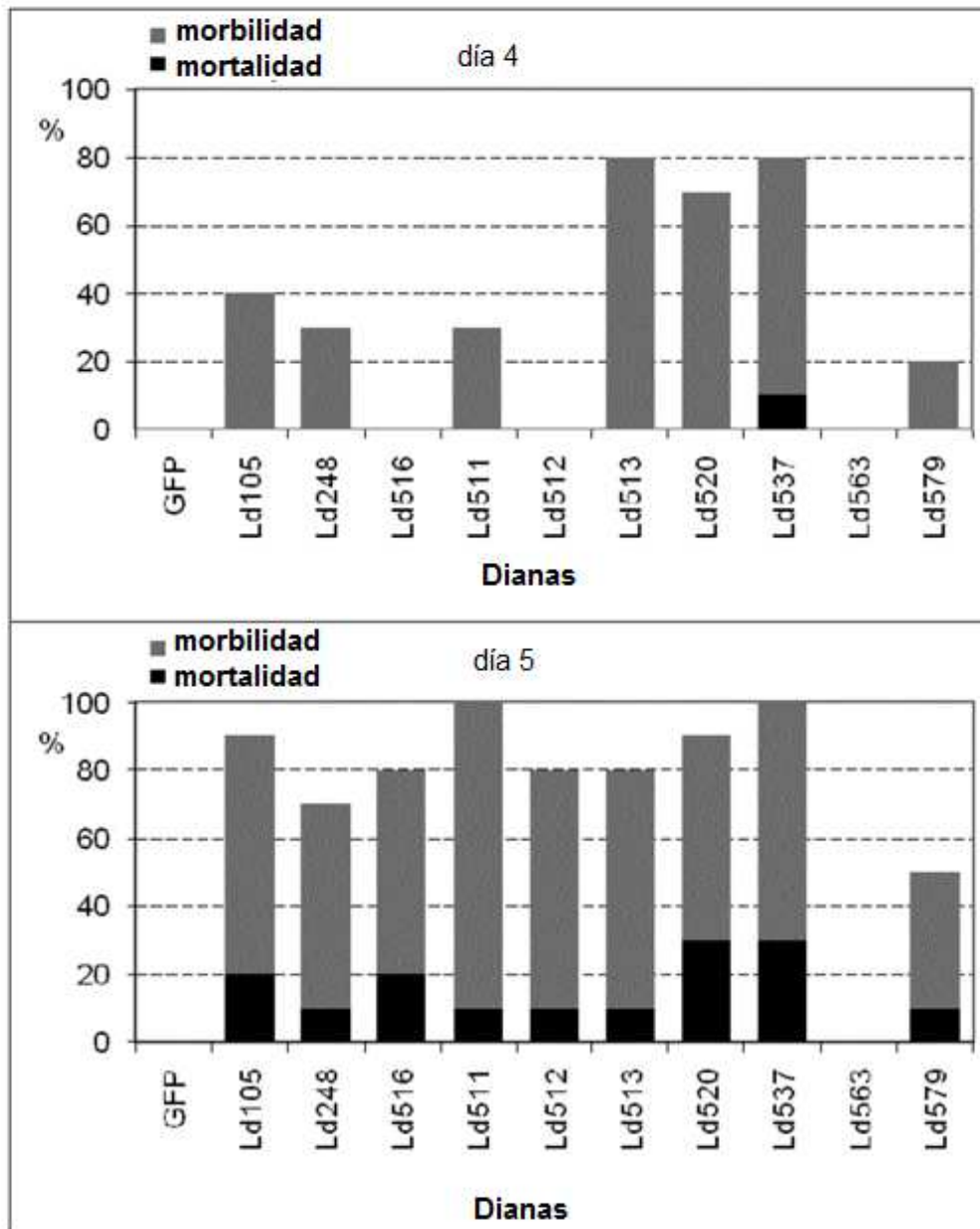


Figura 1

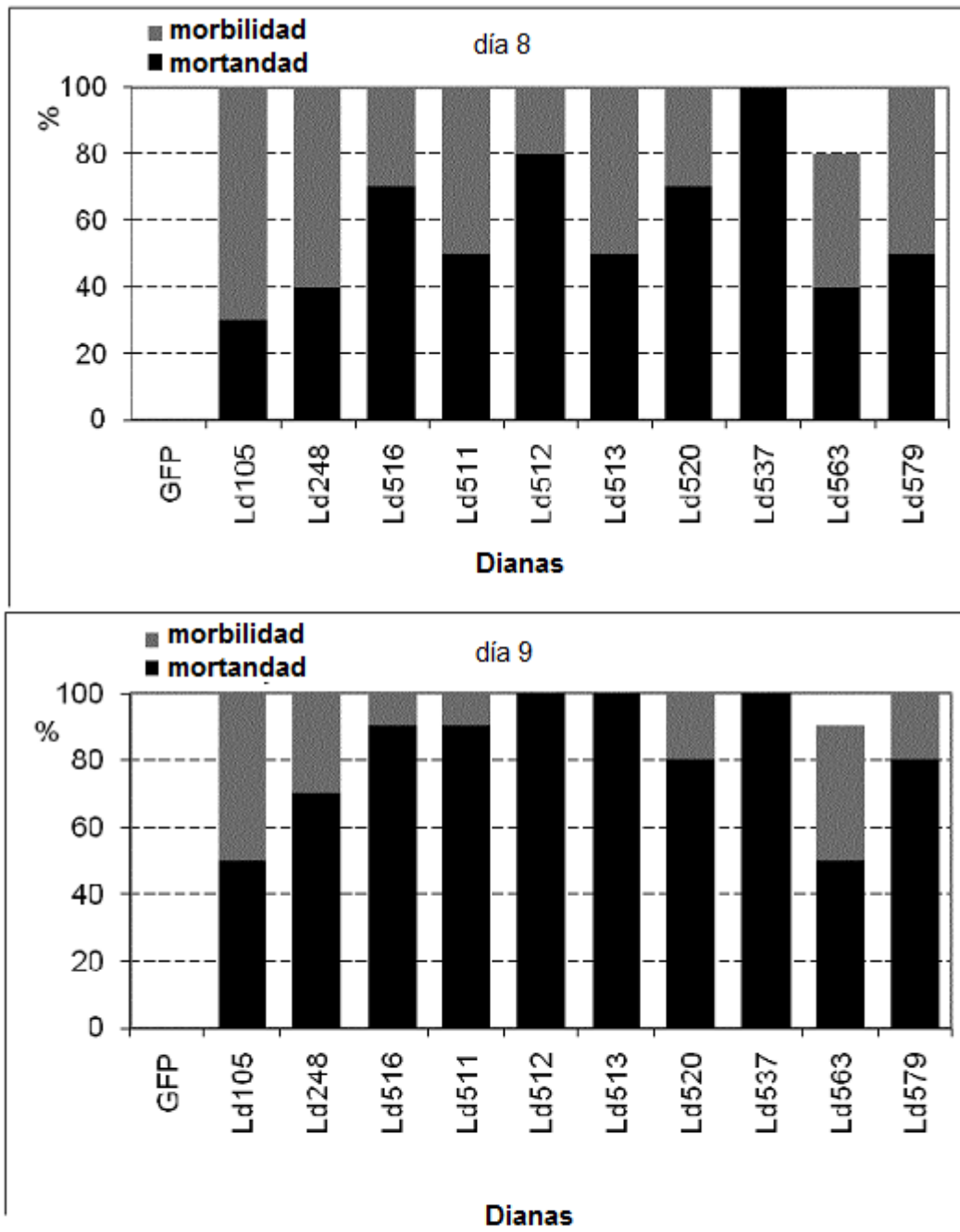


Figura 1 (Continúa)

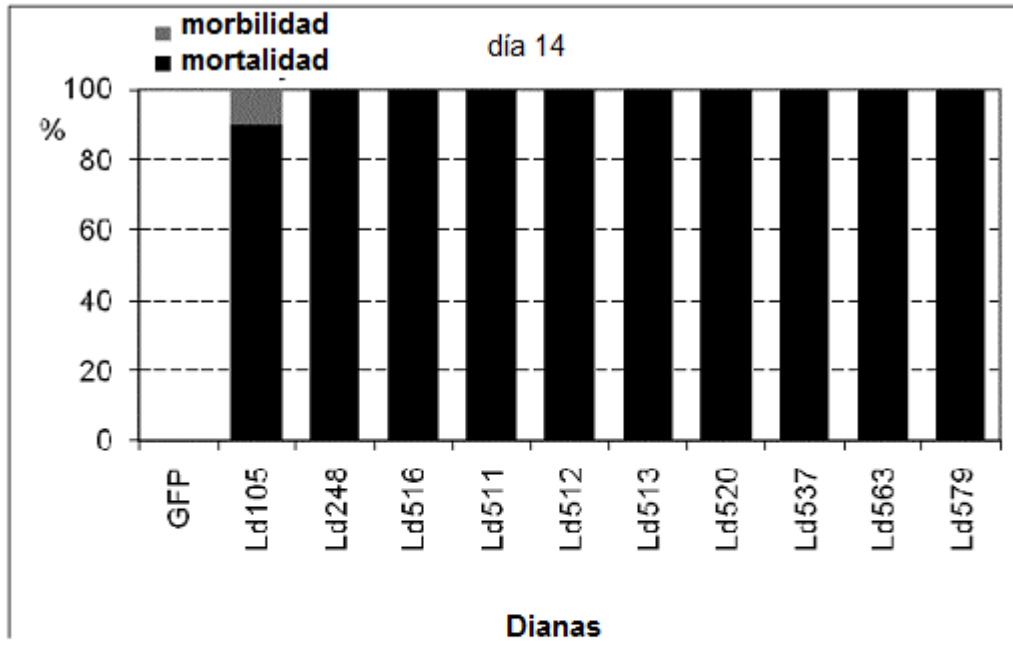


Figura 1 (Continúa)

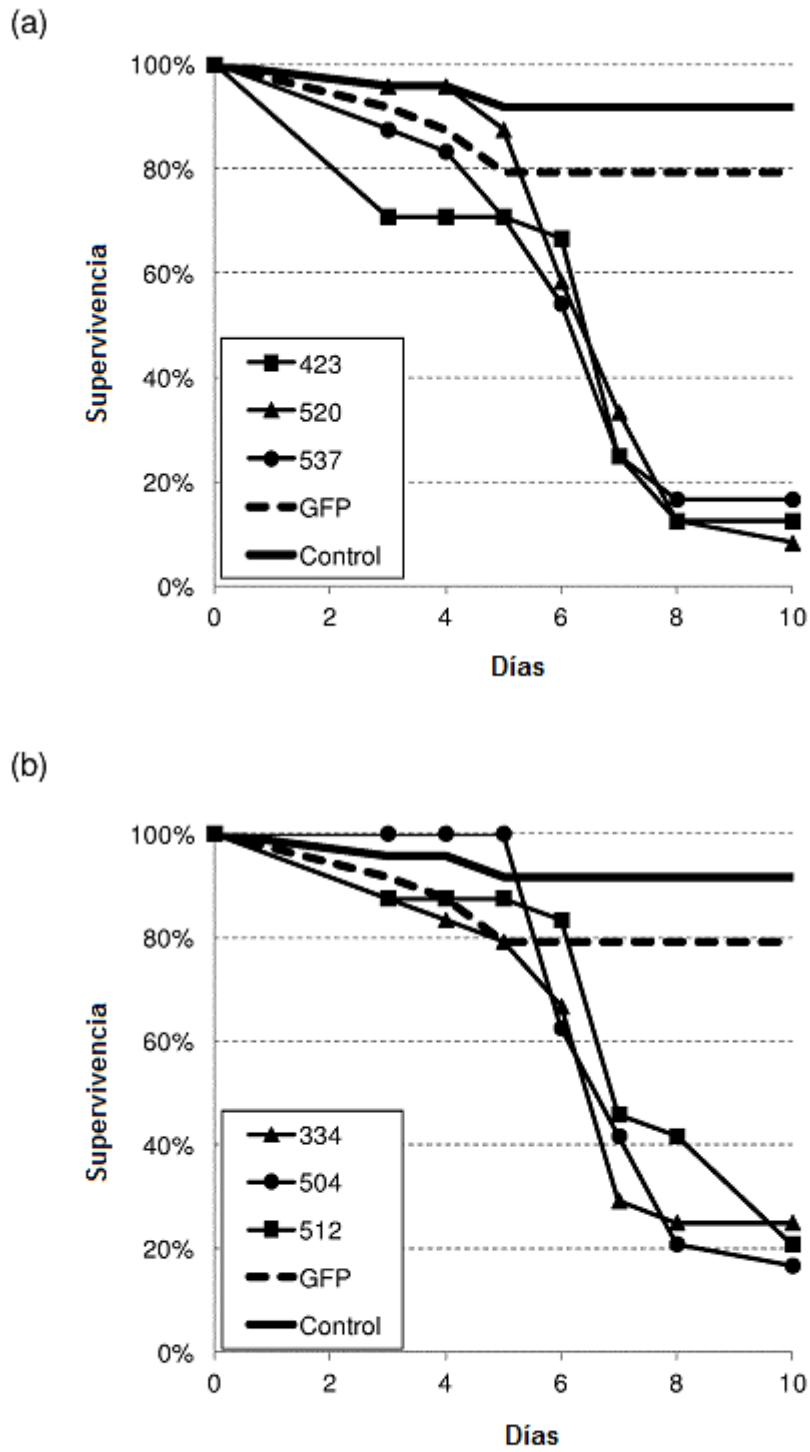


Figura 2

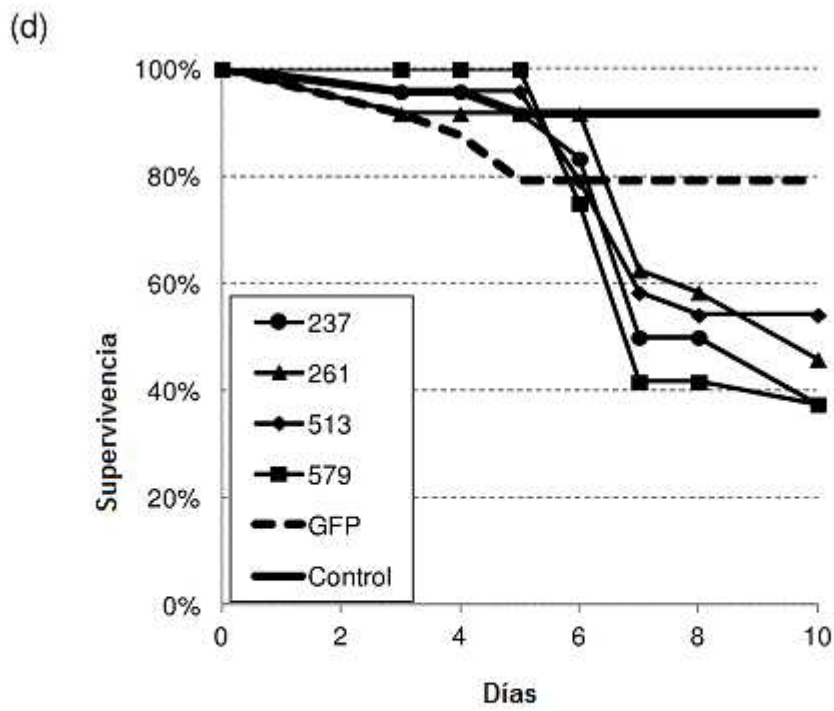
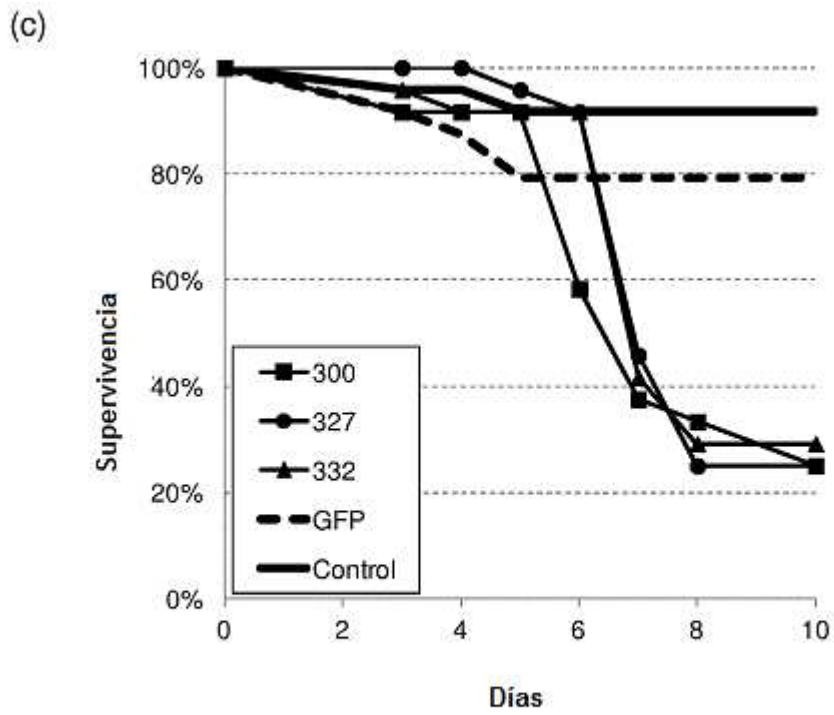


Figura 2 (Continúa)

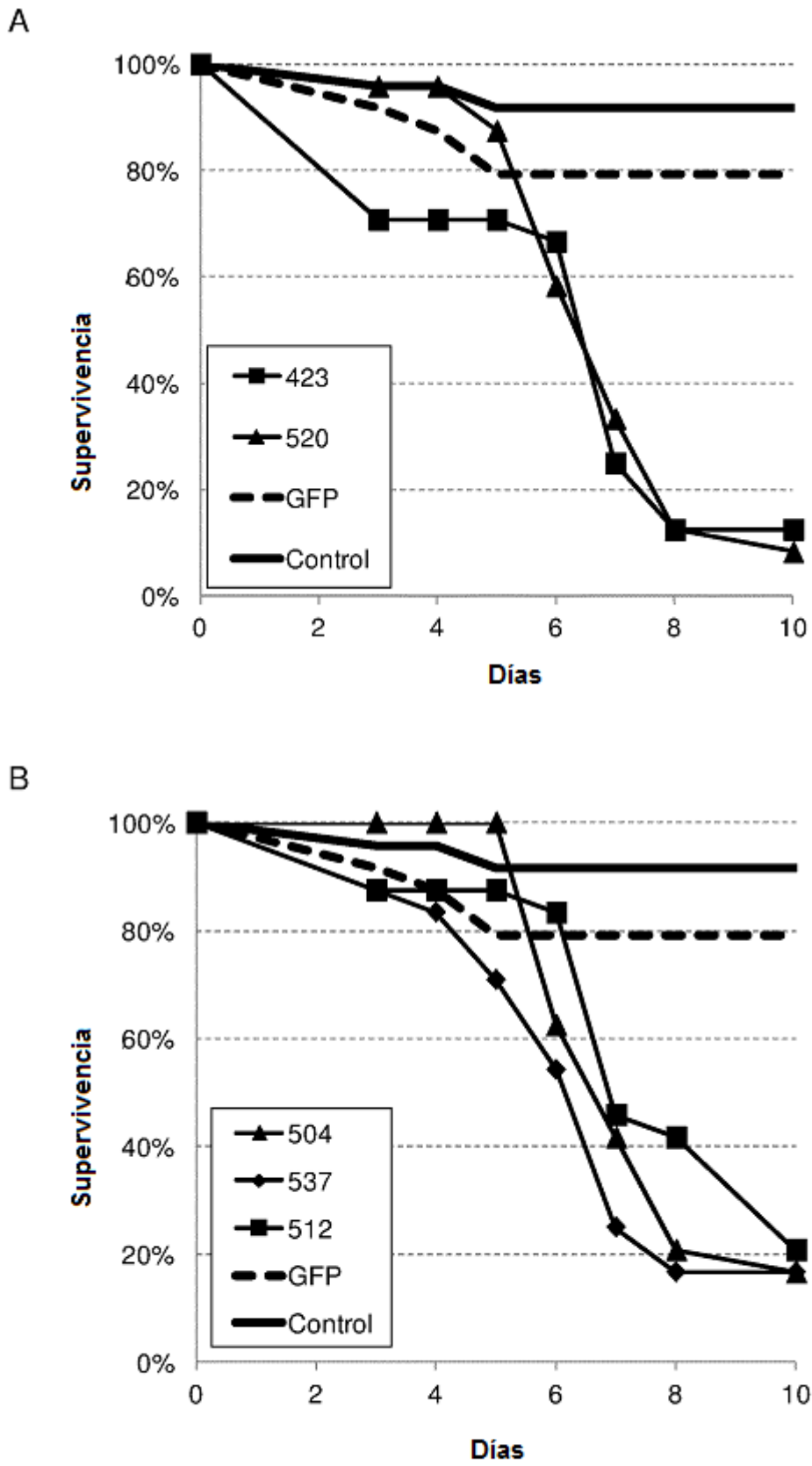


Figura 3

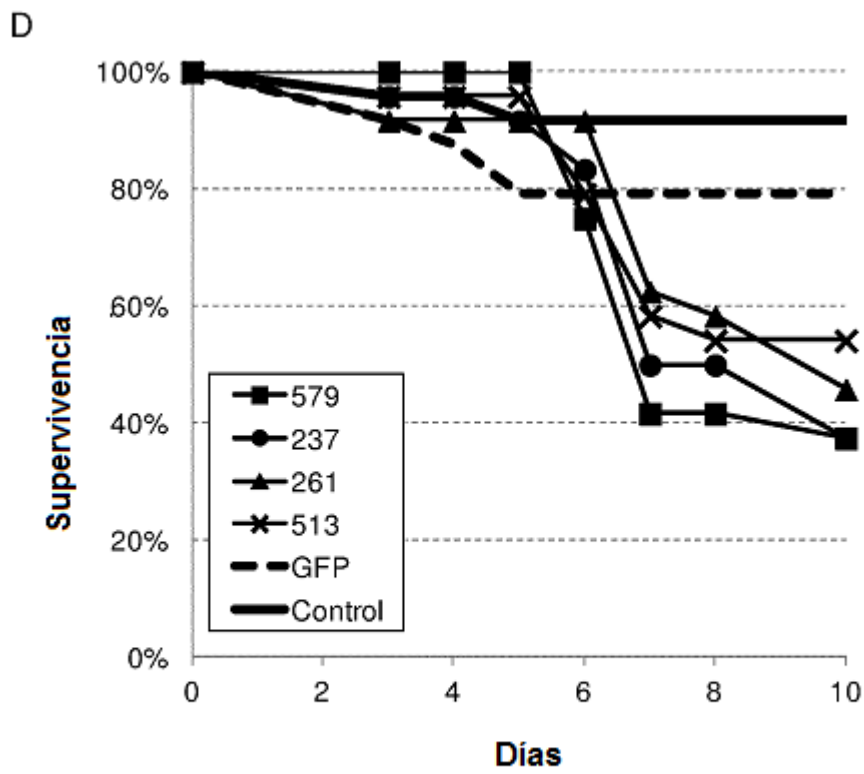
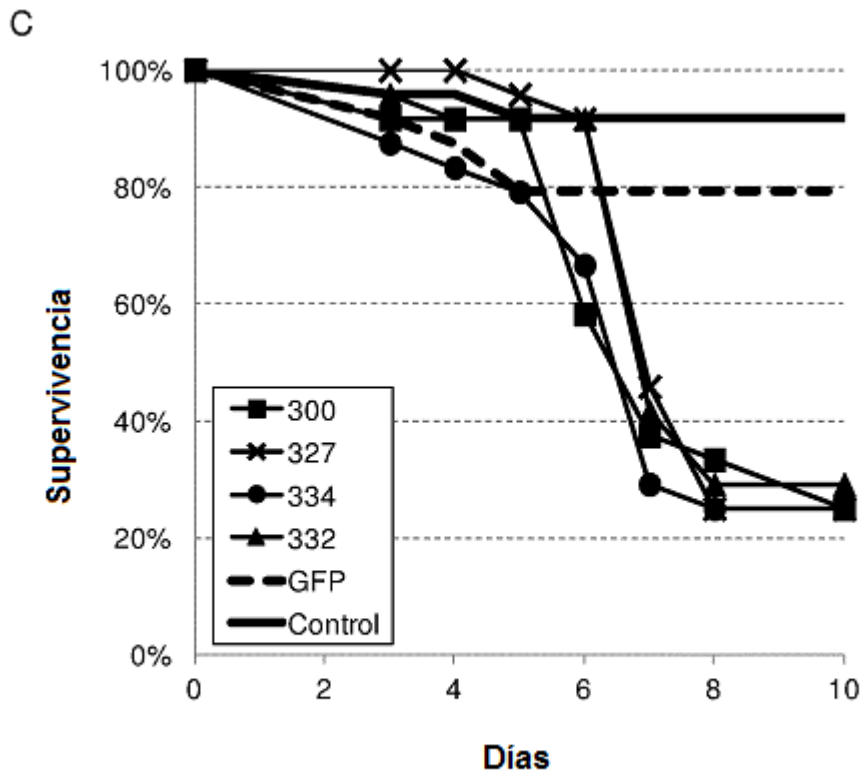


Figura 3 (Continúa)

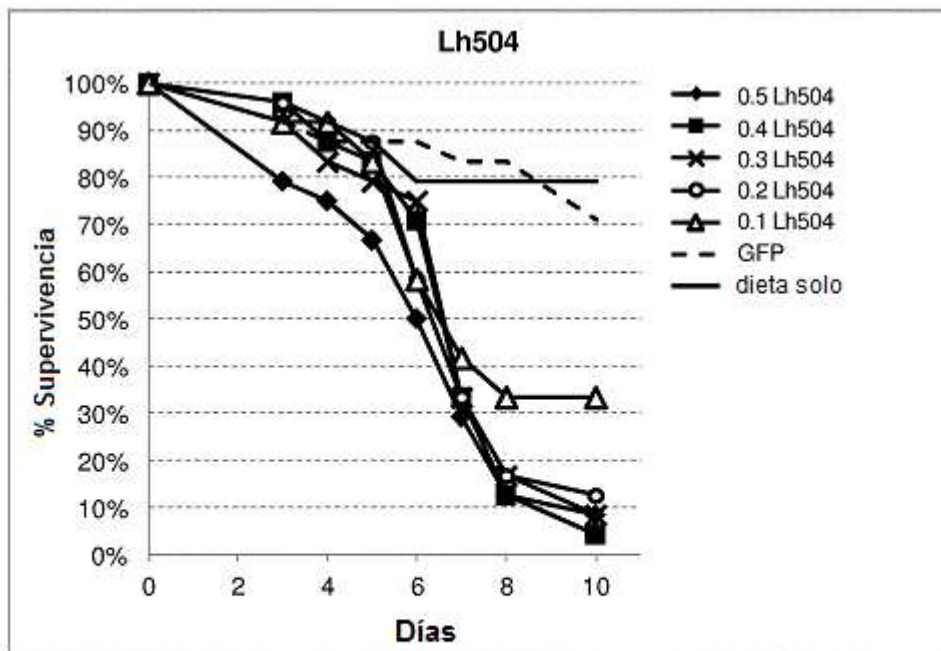
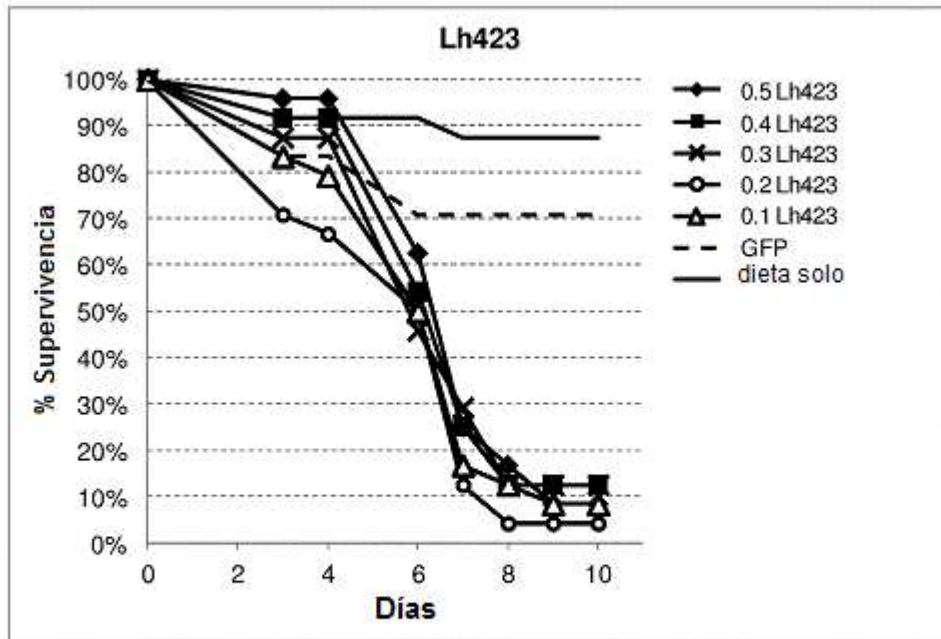


Figura 4

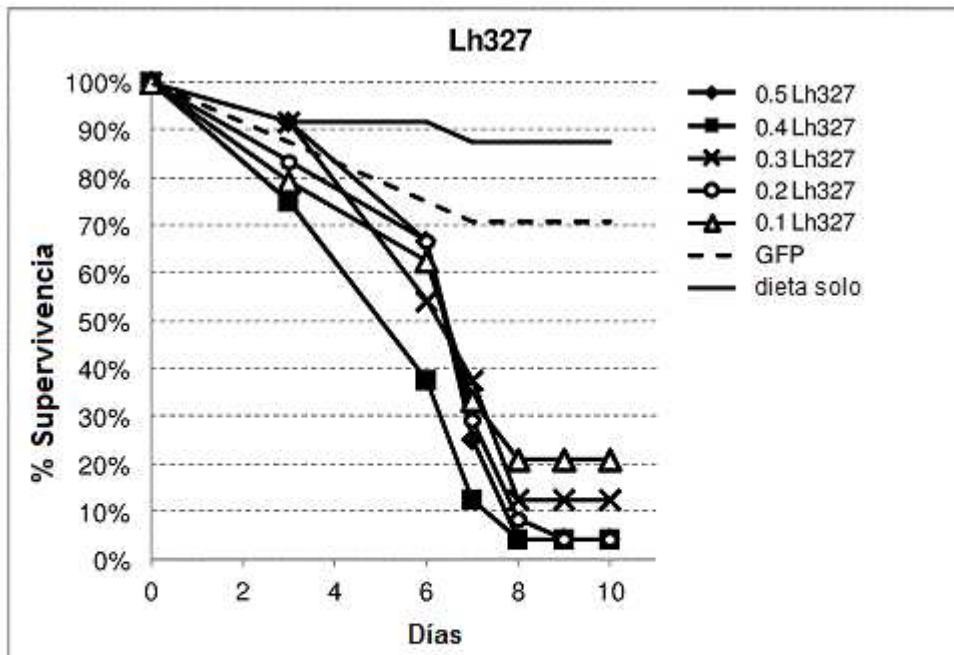
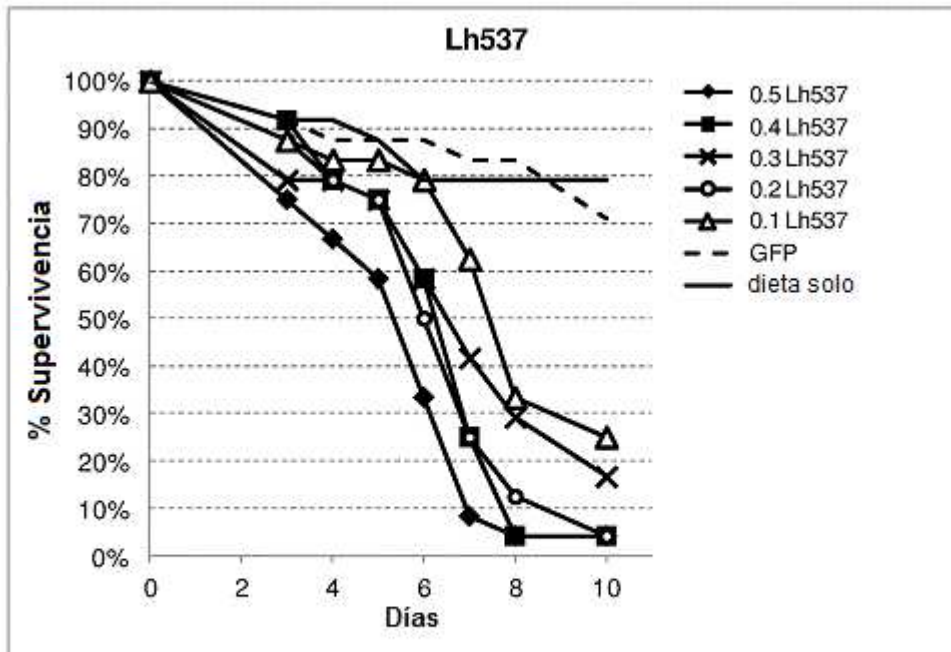


Figura 4 (Continúa)

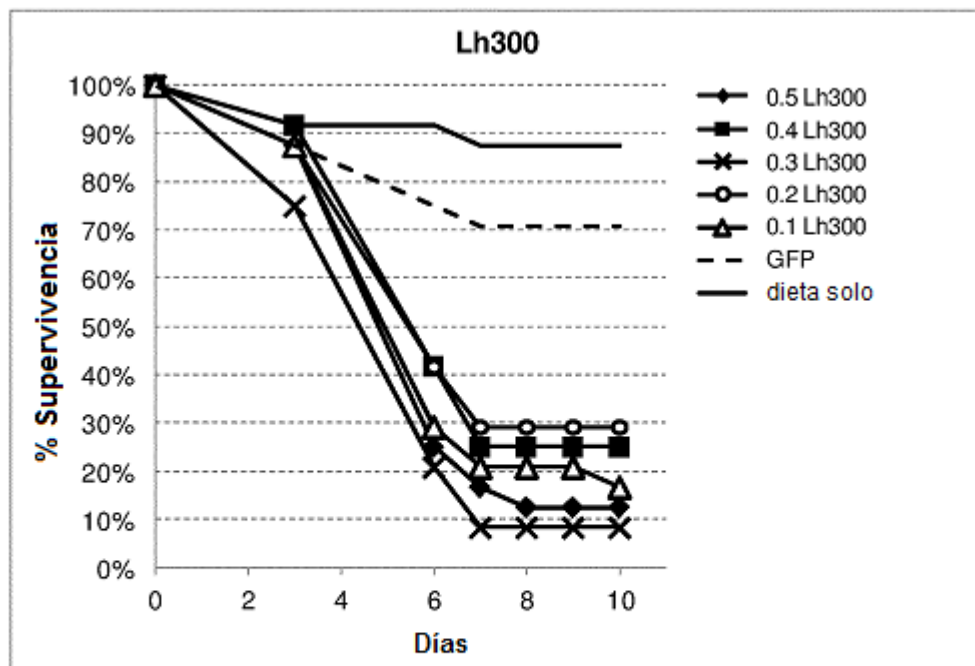
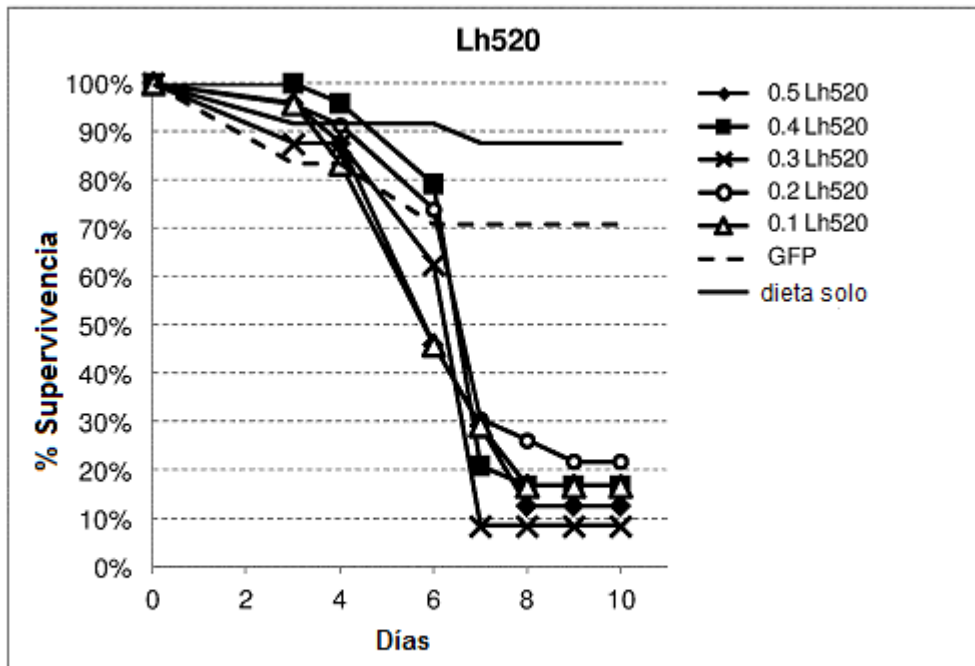


Figura 4 (Continúa)

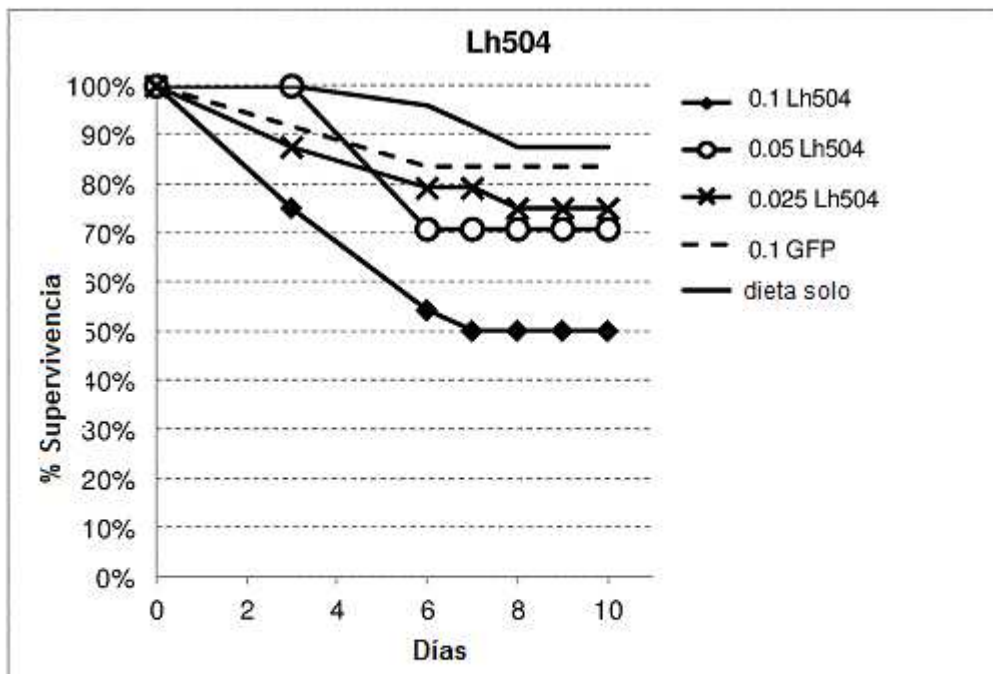
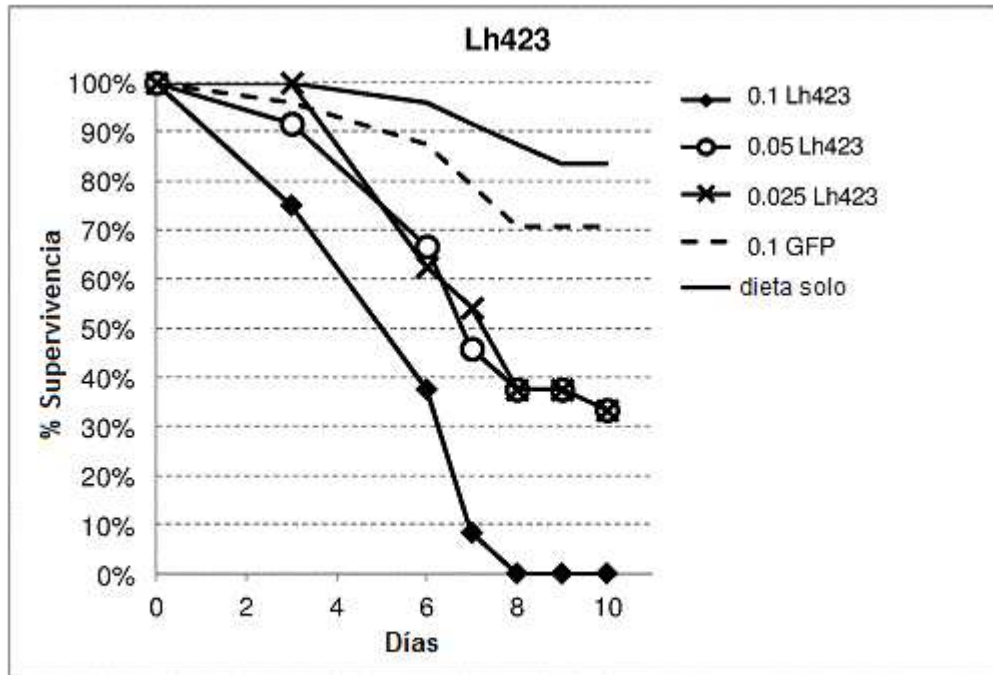


Figura 5

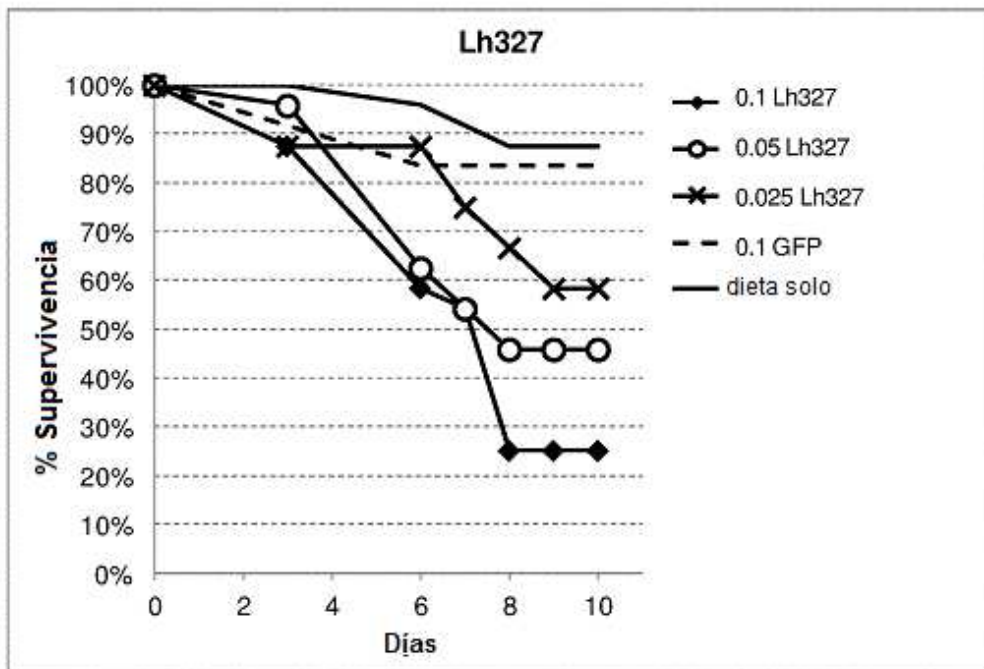
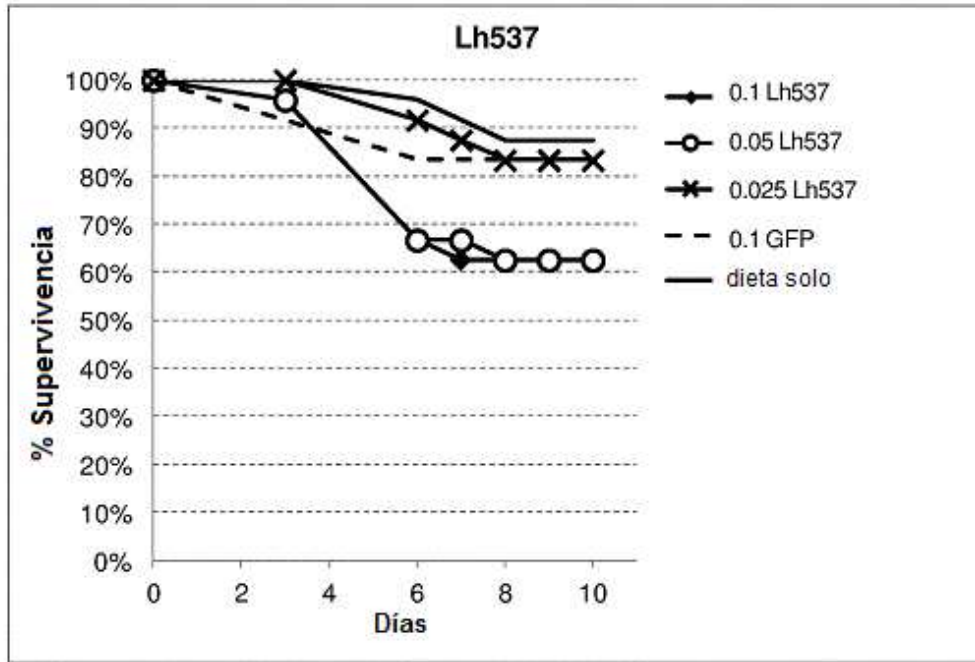


Figura 5 (Continúa)

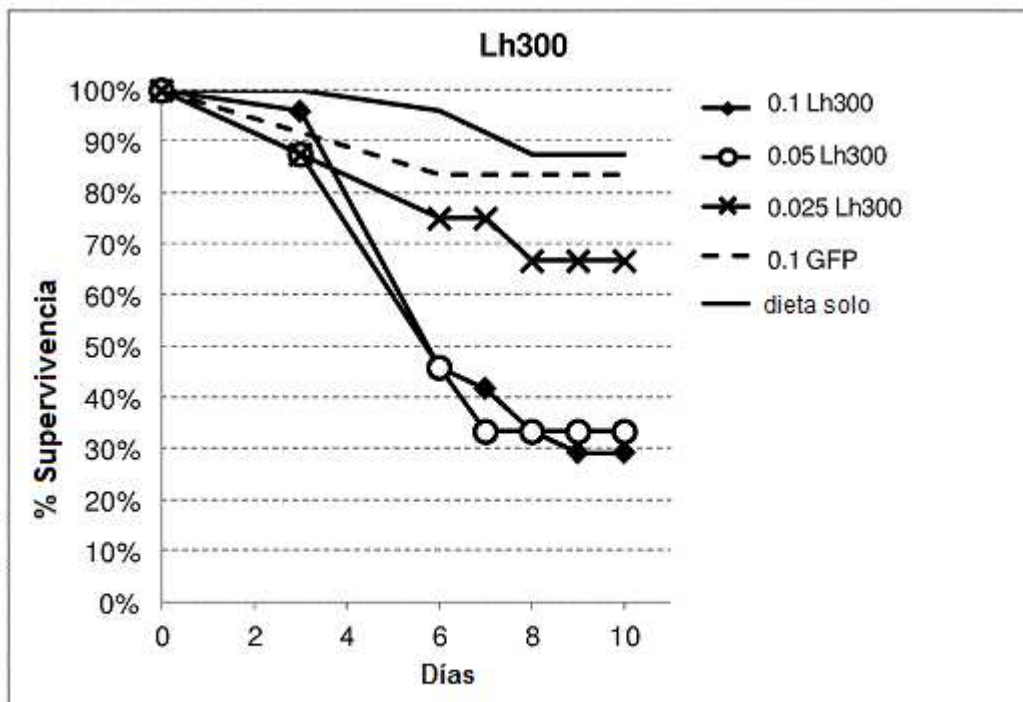
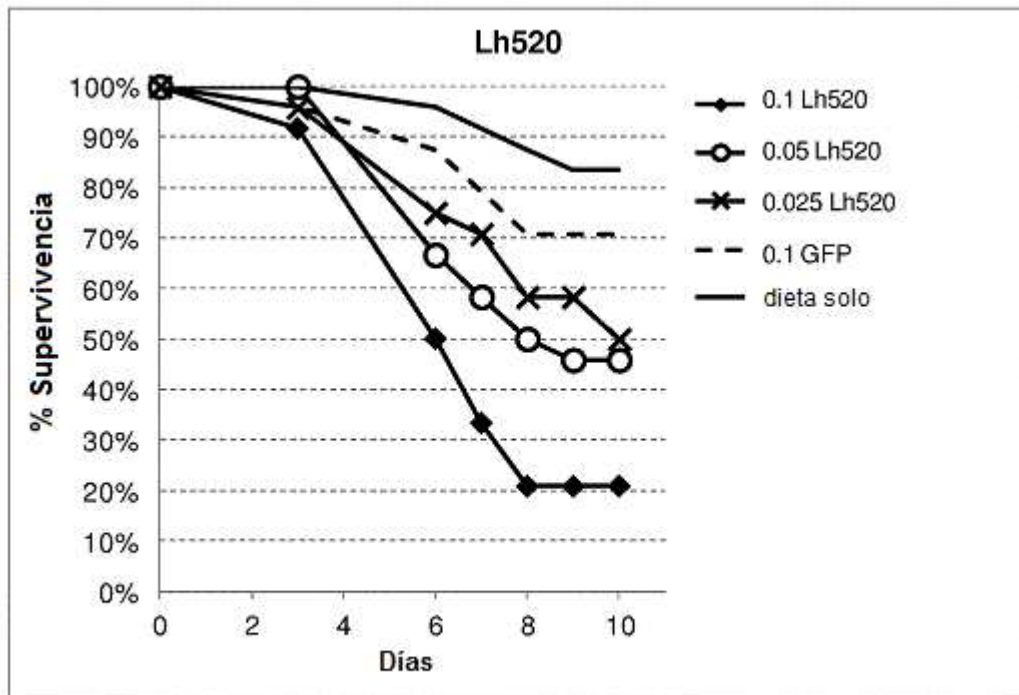


Figura 5 (Continúa)

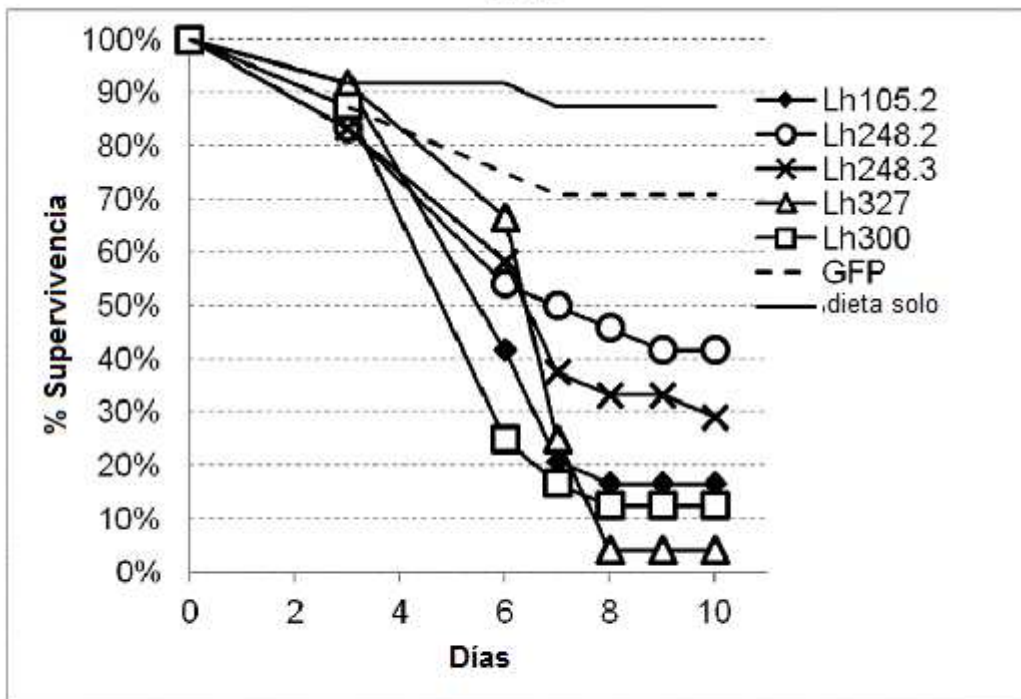


Figura 6

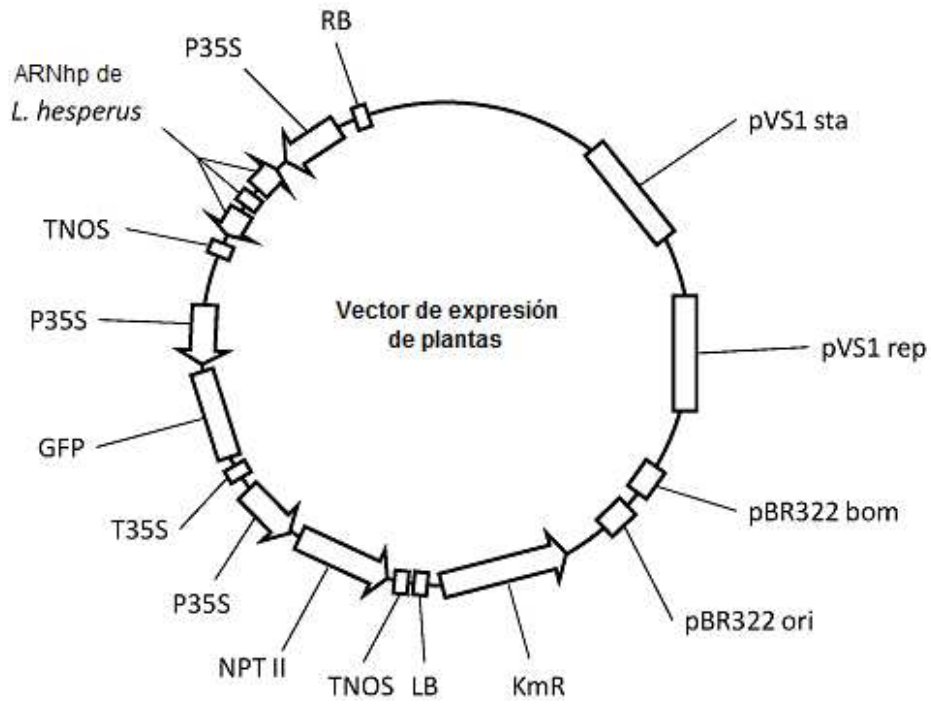


Figura 7

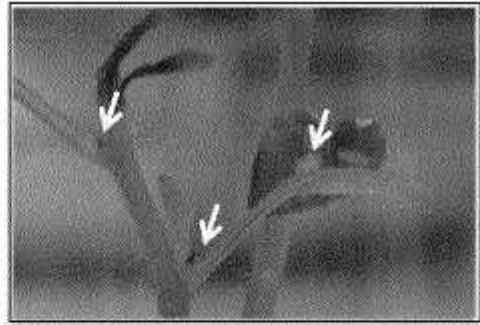
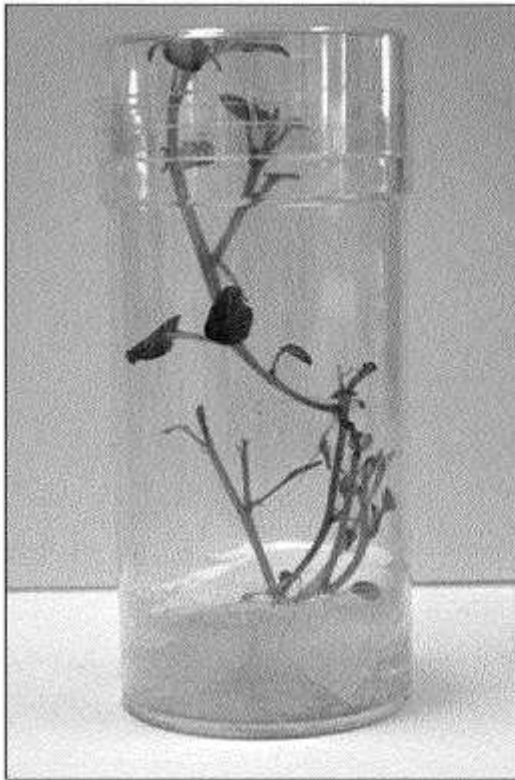


Figura 8

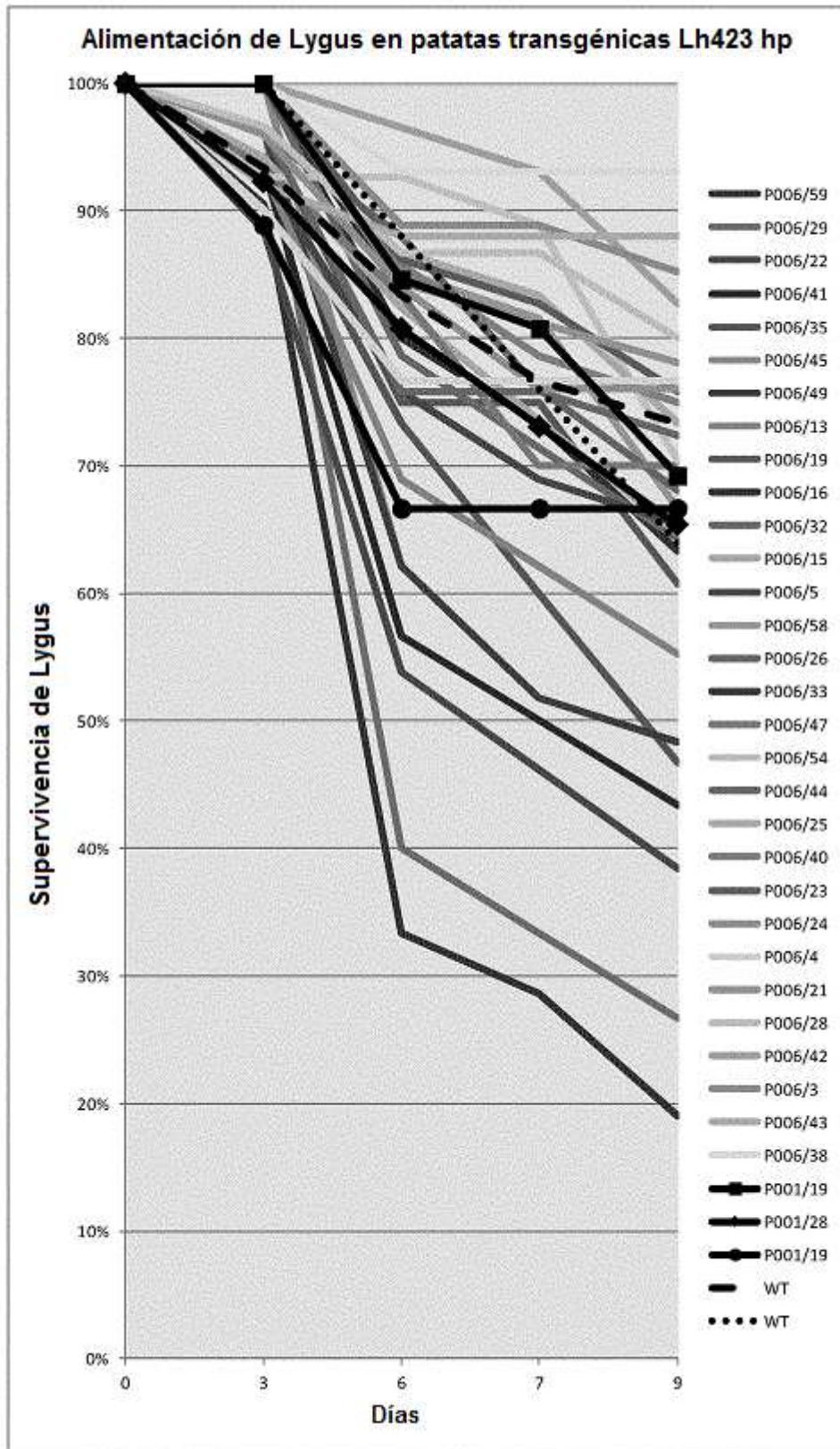


Figura 9

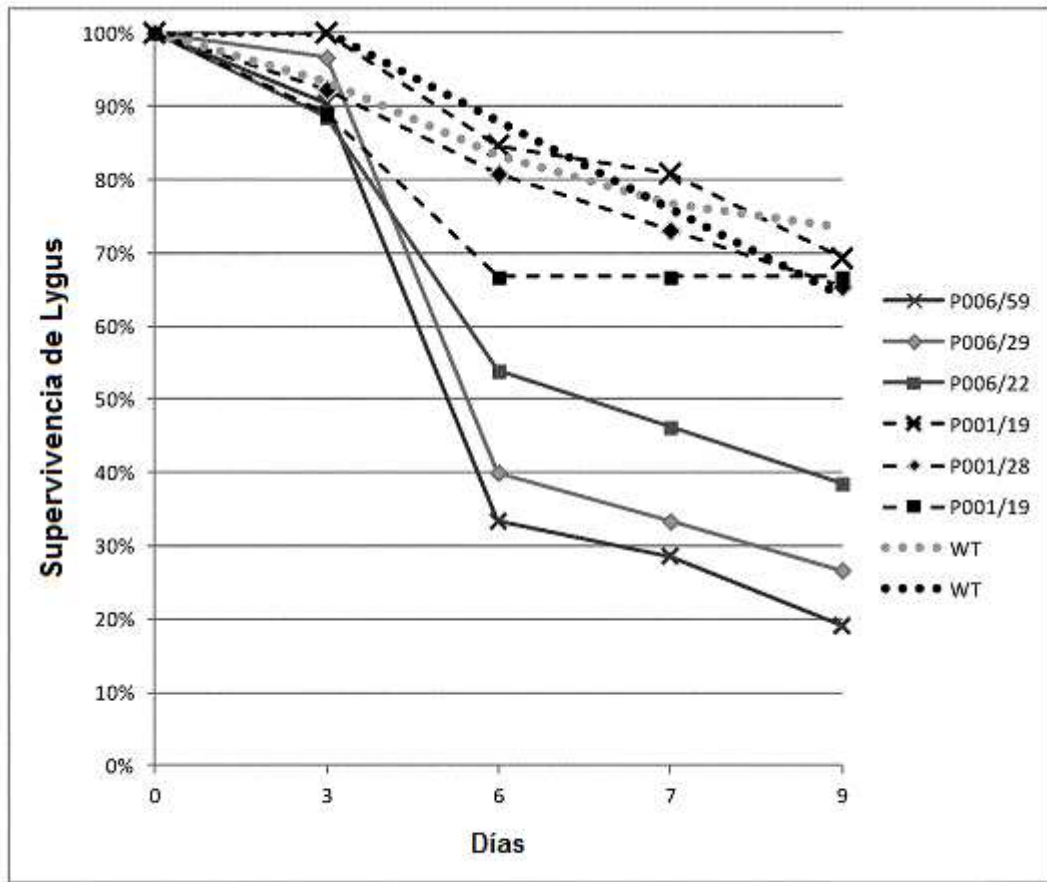


Figura 10