

REIVINDICACIONES

Se reivindica lo siguiente:

1. Un ácido nucleico aislado que comprende al menos un polinucleótido operativamente unido a un promotor heterólogo, en donde el polinucleótido se selecciona del grupo que consiste en:

SEC. CON NÚM. DE IDENT.:1; el complemento de SEC. CON NÚM. DE IDENT.:1; un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de SEC. CON NÚM. DE IDENT.:1; el complemento de un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de SEC. CON NÚM. DE IDENT.:1; una secuencia codificante nativa de un organismo *Diabrotica* que comprende la SEC. CON NÚM. DE IDENT.:7; el complemento de una secuencia codificante nativa de un organismo *Diabrotica* que comprende la SEC. CON NÚM. DE IDENT.:7; un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de una secuencia codificante nativa de un organismo *Diabrotica* que comprende la SEC. CON NÚM. DE IDENT.:7; el complemento de un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de una secuencia codificante nativa de un organismo *Diabrotica* que comprende la SEC. CON NÚM. DE IDENT.:7;

SEC. CON NÚM. DE IDENT.:3; el complemento de SEC. CON NÚM. DE IDENT.:3; un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de SEC. CON NÚM. DE IDENT.:3; el complemento de un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de SEC. CON NÚM. DE IDENT.:3; una secuencia codificante nativa de un organismo *Diabrotica* que comprende la SEC. CON NÚM. DE IDENT.:8; el complemento de una secuencia codificante nativa de un organismo *Diabrotica* que comprende la SEC. CON NÚM. DE IDENT.:8; un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de una secuencia codificante nativa de un organismo *Diabrotica* que comprende la SEC. CON NÚM. DE IDENT.:8; el complemento de un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de una secuencia codificante nativa de un organismo *Diabrotica* que comprende la SEC. CON NÚM. DE IDENT.:8;

SEC. CON NÚM. DE IDENT.:5; el complemento de SEC. CON NÚM. DE IDENT.:5; un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de SEC. CON NÚM. DE IDENT.:5; el complemento de un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de SEC. CON NÚM. DE IDENT.:5; una secuencia codificante nativa de un organismo *Diabrotica* que comprende la SEC. CON NÚM. DE IDENT.:9; el complemento de una secuencia codificante nativa de un

organismo *Diabrotica* que comprende la SEC. CON NÚM. DE IDENT.:9; un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de una secuencia codificante nativa de un organismo *Diabrotica* que comprende la SEC. CON NÚM. DE IDENT.:9; el complemento de un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de una secuencia codificante nativa de un organismo *Diabrotica* que comprende la SEC. CON NÚM. DE IDENT.:9;

SEC. CON NÚM. DE IDENT.:77; el complemento de SEC. CON NÚM. DE IDENT.:77; un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de SEC. CON NÚM. DE IDENT.:77; el complemento de un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de SEC. CON NÚM. DE IDENT.:77; una secuencia codificante nativa de un organismo *Euschistus* que comprende la SEC. CON NÚM. DE IDENT.:83; el complemento de una secuencia codificante nativa de un organismo *Euschistus* que comprende la SEC. CON NÚM. DE IDENT.:83; un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de una secuencia codificante nativa de un organismo *Euschistus* que comprende la SEC. CON NÚM. DE IDENT.:83; y el complemento de un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de una secuencia codificante nativa de un organismo *Euschistus* que comprende la SEC. CON NÚM. DE IDENT.:83;

SEC. CON NÚM. DE IDENT.:79; el complemento de SEC. CON NÚM. DE IDENT.:79; un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de SEC. CON NÚM. DE IDENT.:79; el complemento de un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de SEC. CON NÚM. DE IDENT.:79; una secuencia codificante nativa de un organismo *Euschistus* que comprende la SEC. CON NÚM. DE IDENT.:84; el complemento de una secuencia codificante nativa de un organismo *Euschistus* que comprende la SEC. CON NÚM. DE IDENT.:84; un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de una secuencia codificante nativa de un organismo *Euschistus* que comprende la SEC. CON NÚM. DE IDENT.:84; el complemento de un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de una secuencia codificante nativa de un organismo *Euschistus* que comprende la SEC. CON NÚM. DE IDENT.:84;

SEC. CON NÚM. DE IDENT.:81; el complemento de SEC. CON NÚM. DE IDENT.:81; un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de SEC. CON NÚM. DE IDENT.:81; el complemento de un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de SEC. CON NÚM. DE IDENT.:81; una secuencia codificante nativa de un organismo *Euschistus*

que comprende la SEC. CON NÚM. DE IDENT.:85; el complemento de una secuencia codificante nativa de un organismo *Euschistus* que comprende la SEC. CON NÚM. DE IDENT.:85; un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de una secuencia codificante nativa de un organismo *Euschistus* que comprende la SEC. CON NÚM. DE IDENT.:85; y el complemento de un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de una secuencia codificante nativa de un organismo *Euschistus* que comprende la SEC. CON NÚM. DE IDENT.:85;

una secuencia codificante nativa de un organismo *Meligethes* que comprende cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:108-111 y 117; el complemento de una secuencia codificante nativa de un organismo *Meligethes* que comprende cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:108-111 y 117; un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de una secuencia codificante nativa de un organismo *Meligethes* que comprende cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:108-111 y 117; y el complemento de un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de una secuencia codificante nativa de un organismo *Meligethes* que comprende cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:108-111 y 117.

2. El polinucleótido de conformidad con la reivindicación 1, en donde el polinucleótido se selecciona del grupo que consiste en SEC. CON NÚM. DE IDENT.:1; el complemento de SEC. CON NÚM. DE IDENT.:1; SEC. CON NÚM. DE IDENT.:3; el complemento de SEC. CON NÚM. DE IDENT.:3; SEC. CON NÚM. DE IDENT.:5; el complemento de SEC. CON NÚM. DE IDENT.:5; SEC. CON NÚM. DE IDENT.:107; el complemento de SEC. CON NÚM. DE IDENT.:107; un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de SEC. CON NÚM. DE IDENT.:1; el complemento de un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de SEC. CON NÚM. DE IDENT.:1; un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de SEC. CON NÚM. DE IDENT.:3; el complemento de un fragmento de al menos 15 nucleótidos de SEC. CON NÚM. DE IDENT.:3; un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de SEC. CON NÚM. DE IDENT.:5; el complemento de un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguo de SEC. CON NÚM. DE IDENT.:5; una secuencia codificante nativa de un organismo *Diabrotica* que comprende cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:7-9; el complemento de una secuencia codificante nativa de un organismo *Diabrotica* que comprende cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:7-9; un fragmento de al

menos 15 nucleótidos contiguos de una secuencia codificante nativa de un organismo *Diabrotica* que comprende cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:7-9; el complemento de un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de una secuencia codificante nativa de un organismo *Diabrotica* que comprende cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:7-9; una secuencia codificante nativa de un organismo *Meligethes* que comprende las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:108-111 y 117; el complemento de una secuencia codificante nativa de un organismo *Meligethes* que comprende las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:108-111 y 117; un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de una secuencia codificante nativa de un organismo *Meligethes* que comprende las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:108-111 y 117; y el complemento de un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de una secuencia codificante nativa de un organismo *Meligethes* que comprende las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:108-111 y 117.

3. El polinucleótido de conformidad con la reivindicación 1, en donde el polinucleótido se selecciona del grupo que consiste en SEC. CON NÚM. DE IDENT.:1, SEC. CON NÚM. DE IDENT.:3, SEC. CON NÚM. DE IDENT.:5, SEC. CON NÚM. DE IDENT.:7, SEC. CON NÚM. DE IDENT.:8, SEC. CON NÚM. DE IDENT.:9, SEC. CON NÚM. DE IDENT.:108, SEC. CON NÚM. DE IDENT.:109, SEC. CON NÚM. DE IDENT.:110, SEC. CON NÚM. DE IDENT.:111, SEC. CON NÚM. DE IDENT.:117, y los complementos de cualquiera de los mencionados anteriormente.

4. El polinucleótido de conformidad con la reivindicación 3, en donde el organismo se selecciona del grupo que consiste en *D. v. virgifera* LeConte; *D. barberi* Smith y Lawrence; *D. u. howardi*; *D. v. zaeae*; *D. balteata* LeConte; *D. u. tenella*; *D. speciosa*; *D. u. undecimpunctata* Mannerheim; *Meligethes aeneus* Fabricius (escarabajo del polen); *Euschistus heros* (Fabr.) (chinche café neotropical); *Nezara viridula* (L.) (chinche verde del sur); *Piezodorus guildinii* (Westwood) (chinche de la alfalfa); *Halyomorpha halys* (Stål) (chinche café marmolada); *Chinavia hilare* (Say) (chinche verde); *Euschistus servus* (Say) (chinche café); *Dichelops melacanthus* (Dallas); *Dichelops furcatus* (F.); *Edessa meditabunda* (F.); *Thyanta perditor* (F.) (chinche de hombros rojos neotropical); *Chinavia marginatum* (Palisot de Beauvois); *Horcias nobilellus* (Berg) (chinche del algodón); *Taedia stigmosa*

(Berg); *Dysdercus peruvianus* (Guérin-Méneville); *Neomegalotomus parvus* (Westwood); *Leptoglossus zonatus* (Dallas); *Niesthrea sidae* (F.); *Lygus hesperus* (Knight) (chinche opaca de las plantas occidental); y *Lygus lineolaris* (Palisot de Beauvois).

5. Un vector de transformación de plantas que comprende el polinucleótido de conformidad con la reivindicación 1.

6. Una molécula de ácido ribonucleico (ARN) transcrita a partir del polinucleótido de conformidad con la reivindicación 1.

7. Una molécula de ácido ribonucleico de doble hebra producida a partir de la expresión del polinucleótido de conformidad con la reivindicación 1.

8. La molécula de ácido ribonucleico de doble hebra de conformidad con la reivindicación 7, en donde el contacto de la secuencia de polinucleótidos con un insecto coleóptero o hemíptero inhibe la expresión de una secuencia de nucleótidos endógena específicamente complementaria al polinucleótido.

9. La molécula de ácido ribonucleico de doble hebra de conformidad con la reivindicación 8, en donde el contacto de dicha molécula ribonucleótida con un insecto coleóptero o hemíptero mata o inhibe el crecimiento, la viabilidad y/o la alimentación del insecto.

10. El ARN de doble hebra de conformidad con la reivindicación 7, que comprende un primer, segundo y tercer segmento de ARN, en donde el primer segmento de ARN comprende el polinucleótido, en donde el tercer segmento de ARN se halla unido al primer segmento de ARN por la segunda secuencia de polinucleótidos, y en donde el tercer segmento de ARN es sustancialmente el complemento inverso del primer segmento de ARN, de manera que los segmentos de ARN primero y tercero se hibridan cuando se transcriben a un ácido ribonucleico para formar el ARN de doble hebra.

11. El ARN de conformidad con la reivindicación 6, seleccionado del grupo que consiste en una molécula de ácido ribonucleico de doble hebra y una molécula de ácido ribonucleico de una hebra con una longitud de entre aproximadamente 15 y aproximadamente 30 nucleótidos.
12. Un vector de transformación de plantas que comprende el polinucleótido de conformidad con la reivindicación 1, en donde el promotor heterólogo es funcional en una célula vegetal.
13. Una célula transformada con el polinucleótido de conformidad con la reivindicación 1.
14. La célula de conformidad con la reivindicación 13, en donde la célula es una célula procariota.
15. La célula de conformidad con la reivindicación 13, en donde la célula es una célula eucariota.
16. La célula de conformidad con la reivindicación 15, en donde la célula es una célula vegetal.
17. Una planta transformada con el polinucleótido de conformidad con la reivindicación 1.
18. Una semilla de la planta de conformidad con la reivindicación 17, en donde la semilla comprende el polinucleótido.
19. Un producto básico producido a partir de la planta de conformidad con la reivindicación 17, en donde el producto básico comprende una cantidad detectable del polinucleótido.
20. La planta de conformidad con la reivindicación 17, en donde el al menos un polinucleótido se expresa en la planta en forma de una molécula de ácido ribonucleico de doble hebra.

21. La célula de conformidad con la reivindicación 16, en donde la célula es una célula de *Zea mays*, *Glycine max*, *Gossypium* sp., *Brassica* sp., o *Poaceae*.
22. La planta de conformidad con la reivindicación 17, en donde la planta es *Zea mays*, *Glycine max*, *Gossypium* sp., *Brassica* sp., o una planta de la familia *Poaceae*.
23. La planta de conformidad con la reivindicación 17, en donde el al menos un polinucleótido se expresa en la planta en forma de una molécula de ácido ribonucleico, y la molécula de ácido ribonucleico inhibe la expresión de un polinucleótido endógeno que es específicamente complementario a el al menos un polinucleótido cuando un insecto coleóptero o hemíptero ingiere una parte de la planta.
24. El polinucleótido de conformidad con la reivindicación 1, que además comprende al menos un polinucleótido adicional que codifica una molécula de ARN que inhibe la expresión de un gen endógeno de insecto.
25. Un vector de transformación de plantas que comprende el polinucleótido de conformidad con la reivindicación 24, en donde los polinucleótidos adicionales se hallan cada uno operativamente unidos a un promotor heterólogo funcional en una célula vegetal.
26. Un método para controlar una población de plaga de coleópteros o hemípteros, el método comprende proporcionar un agente que comprende una molécula de ácido ribonucleico (ARN) que funciona ante el contacto con la plaga para inhibir una función biológica dentro de la plaga, en donde el ARN es específicamente hibridable con un polinucleótido seleccionado del grupo que consiste en cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:95-106 y 119-123; el complemento de cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:95-106 y 119-123; un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:95-106 y 119-123; el complemento de un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:95-106 y 119-123; un transcrito de cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.: 1, 3, 5, 7-9, 77, 79, 81, 83-85, 117, y un gen nativo de *Meligethes* que comprende cualquiera de las SEC. CON

NÚM. DE IDENT.:109-111 y 117; el complemento de un transcrito de cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:1, 3, 5, 7-9, 77, 79, 81, 83-85, 117, y un gen nativo de *Meligethes* que comprende cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:109-111 y 117; un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de un transcrito de cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:1, 3, 5, 77, 79, 81, 117, y un gen nativo de *Meligethes* que comprende cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:109-111 y 117; el complemento de un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de un transcrito de cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:1, 3, 5, 77, 79, 81, 117, y un gen nativo de *Meligethes* que comprende cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:109-111 y 117.

27. El método de conformidad con la reivindicación 26, en donde el ARN del agente es específicamente hibridable con un polinucleótido seleccionado del grupo que consiste en cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:95-97, 101-103, y un ARN nativo de *Meligethes* que comprende cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:119-123; el complemento de cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:95-97, 101-103, y un ARN nativo de *Meligethes* que comprende cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:119-123; un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:95-97, 101-103, y un ARN nativo de *Meligethes* que comprende cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:119-123; el complemento de un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:95-97, 101-103, y un ARN nativo de *Meligethes* que comprende cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:119-123; un transcrito de cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:1, 3, 5, 77, 79, 81, y un gen nativo de *Meligethes* que comprende las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:109-111 y 117; el complemento de un transcrito de cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:1, 3, 5, 77, 79, 81, y un gen nativo de *Meligethes* que comprende las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:109-111 y 117; un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de un transcrito de cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:1, 3, 5, 77, 79, 81, y un gen nativo de *Meligethes* que comprende las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:109-111 y 117; y el complemento de un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de un transcrito de cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:1, 3, 5, 77, 79, 81, y un gen nativo de *Meligethes* que comprende las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:109-111 y 117.

28. El método de conformidad con la reivindicación 26, en donde el agente es una molécula de ARN de doble hebra.

29. Un método para controlar una población de plaga de coleópteros, el método comprende:
proporcionar un agente que comprende una primera y una segunda secuencia de polinucleótidos que funciona ante el contacto con la plaga de coleópteros para inhibir una función biológica dentro de la plaga de coleópteros, en donde la primera secuencia de polinucleótidos comprende una región que presenta de aproximadamente 90 % a aproximadamente 100 % de identidad de secuencias a de aproximadamente 15 a aproximadamente 30 nucleótidos contiguos de cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:95-97 y un ARN nativo de *Meligethes* que comprende cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:119-123, y en donde la primera secuencia de polinucleótidos se hibrida específicamente a la segunda secuencia de polinucleótidos.

30. Un método para controlar una población de una plaga de hemípteros, el método comprende:

proporcionar un agente que comprende una primera y una segunda secuencia de polinucleótidos que funciona ante el contacto con la plaga de hemípteros para inhibir una función biológica dentro de la plaga de hemípteros, en donde la primera secuencia de polinucleótidos comprende una región que presenta de aproximadamente 90 % a aproximadamente 100 % de identidad de secuencias a de aproximadamente 15 a aproximadamente 30 nucleótidos contiguos de cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:101-103, y en donde la primera secuencia de polinucleótidos se hibrida específicamente a la segunda secuencia de polinucleótidos.

31. Un método para controlar una población de plaga de coleópteros, el método comprende:

proporcionar en una planta huésped de una plaga de coleópteros una célula vegetal transformada que comprende el polinucleótido de conformidad con la reivindicación 2, en donde el polinucleótido se expresa para producir una molécula de ácido ribonucleico que funciona ante el contacto con una plaga de coleópteros que pertenece a la población para

inhibir la expresión de una secuencia objetivo dentro de la plaga de coleópteros y resulta en un menor crecimiento y/o una menor supervivencia de la plaga de coleópteros o población de plaga, respecto a la reproducción de la misma especie de plaga en una planta de la misma especie vegetal huésped que no comprende el polinucleótido.

32. El método de conformidad con la reivindicación 31, en donde la molécula de ácido ribonucleico es una molécula de ácido ribonucleico de doble hebra.

33. El método de conformidad con la reivindicación 32, en donde el ácido nucleico comprende la SEC. CON NÚM. DE IDENT.:124.

34. El método de conformidad con la reivindicación 32, en donde la población de plaga de coleópteros se reduce respecto a una población de plaga de coleópteros que infesta una planta huésped de la misma especie que carece de la célula vegetal transformada.

35. Un método para controlar una infestación de plaga de coleópteros en una planta, el método comprende proporcionar en la dieta de una plaga de coleópteros un ácido ribonucleico (ARN) que es específicamente hibridable con un polinucleótido seleccionado del grupo que consiste en:

SEC. CON NÚM. DE IDENT.:95-100; un ARN nativo de *Meligethes* que comprende las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:119-123, y las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:119-123;

el complemento de cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:95-100; un ARN nativo de *Meligethes* que comprende las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:119-123, y las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:119-123;

un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:95-100, un ARN nativo de *Meligethes* que comprende las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:119-123, y las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:119-123;

el complemento de un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:95-100, un ARN nativo de *Meligethes* que comprende las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:119-123, y las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:119-123;

un transcrito de cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:1, 3, 5, y un gen nativo de *Meligethes* que comprende las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:109-111 y 117;

el complemento de un transcrito de cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:1, 3, 5; y un gen nativo de *Meligethes* que comprende las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:109-111 y 117;

un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de un transcrito de cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:1, 3, 5, y un gen nativo de *Meligethes* que comprende las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:109-111 y 117; y

el complemento de un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de un transcrito de cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:1, 3, 5, y un gen nativo de *Meligethes* que comprende las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:109-111 y 117;

36. El método de conformidad con la reivindicación 35, en donde la dieta comprende una célula vegetal transformada para expresar el polinucleótido.

37. El método de conformidad con la reivindicación 38, en donde el contacto de la plaga de hemípteros con el ARN comprende atomizar la planta con una composición que comprende el ARN.

38. El método de conformidad con la reivindicación 35, en donde el ARN específicamente hibridable se halla en una molécula de ARN de doble hebra.

39. Un método para controlar la infestación de una plaga de hemípteros en una planta, el método comprende poner en contacto una plaga de hemípteros con un ácido ribonucleico (ARN) que es específicamente hibridable con un polinucleótido seleccionado del grupo que consiste en:

SEC. CON NÚM. DE IDENT.:101-106;

el complemento de cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:101-106;

un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:101-106;

el complemento de un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:101-106;

un transcrito de cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:77, 79, y 81;

el complemento de un transcrito de cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:77, 79, y 81;

un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de un transcrito de cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:77, 79 y 81; y

el complemento de un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de un transcrito de cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:77, 79 y 81.

40. El método de conformidad con la reivindicación 39, en donde el contacto de la plaga de hemípteros con el ARN comprende atomizar la planta con una composición que comprende el ARN.

41. El método de conformidad con la reivindicación 39, en donde el ARN específicamente hibridable se halla en una molécula de ARN de doble hebra.

42. Un método para mejorar el rendimiento de un cultivo de maíz, el método comprende:

introducir el ácido nucleico de conformidad con la reivindicación 1 en una planta de maíz para producir una planta de maíz transgénica; y

cultivar la planta de maíz para permitir la expresión del al menos un polinucleótido; en donde la expresión del al menos un polinucleótido inhibe la reproducción o el crecimiento de la plaga de insectos así como también la pérdida del rendimiento debido a la infestación causada por la plaga de insectos,

en donde la planta de cultivo es maíz, soja, canola o algodón.

43. El método de conformidad con la reivindicación 42, en donde la expresión del al menos un polinucleótido produce una molécula de ARN que suprime al menos un primer gen objetivo en una plaga de insectos que se ha puesto en contacto con una porción de la planta de maíz.

44. El método de conformidad con la reivindicación 42, en donde el polinucleótido se selecciona del grupo que consiste en la SEC. CON NÚM. DE IDENT.:1, SEC. CON NÚM. DE IDENT.:3, SEC. CON NÚM. DE IDENT.:5, SEC. CON NÚM. DE IDENT.:7, SEC. CON NÚM. DE IDENT.:8, SEC. CON NÚM. DE IDENT.:9, SEC. CON NÚM. DE IDENT.:108, SEC. CON NÚM. DE IDENT.:109, SEC. CON NÚM. DE IDENT.:110, SEC. CON NÚM. DE IDENT.:111, SEC. CON NÚM. DE IDENT.:117 y los complementos de cualquiera de los mencionados anteriormente.

45. El método de conformidad con la reivindicación 44, en donde la expresión del al menos un polinucleótido produce una molécula de ARN que suprime al menos un primer gen objetivo en una plaga de insectos coleópteros que se ha puesto contacto con una porción de la planta de maíz.

46. Un método para producir una célula vegetal transgénica, el método comprende:

- transformar una célula vegetal con un vector que comprende el ácido nucleico de conformidad con la reivindicación 1;

- cultivar la célula vegetal transformada en condiciones suficientes como para permitir el desarrollo de un cultivo de células vegetales que comprende una pluralidad de células vegetales transformadas;

- seleccionar células vegetales transformadas que tienen integrado el al menos un polinucleótido en sus genomas;

- cribar las células vegetales transformadas para detectar la expresión de una molécula de ácido ribonucleico (ARN) codificada por el al menos un polinucleótido; y

- seleccionar una célula vegetal que expresa el ARN.

47. El método de conformidad con la reivindicación 46, en donde el vector comprende un polinucleótido seleccionado del grupo que consiste en: SEC. CON NÚM. DE IDENT.:1; el complemento de SEC. CON NÚM. DE IDENT.:1; SEC. CON NÚM. DE IDENT.:3; el complemento de SEC. CON NÚM. DE IDENT.:3; SEC. CON NÚM. DE IDENT.:5; el complemento de SEC. CON NÚM. DE IDENT.:5; SEC. CON NÚM. DE IDENT.:108, el complemento de SEC. CON NÚM. DE IDENT.:108; SEC. CON NÚM. DE IDENT.:109, el complemento de SEC. CON NÚM. DE IDENT.:109; SEC. CON NÚM. DE IDENT.:110, el

complemento de SEC. CON NÚM. DE IDENT.:110; SEC. CON NÚM. DE IDENT.:111, el complemento de SEC. CON NÚM. DE IDENT.:111; SEC. CON NÚM. DE IDENT.:117; el complemento de SEC. CON NÚM. DE IDENT.:117; un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:1, 3, 5, 108-111, y 117; el complemento de un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:1, 3, 5, 108-111, y 117; una secuencia codificante nativa de un organismo *Diabrotica* que comprende cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:7-9; el complemento de una secuencia codificante nativa de un organismo *Diabrotica* que comprende cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:7-9; un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de una secuencia codificante nativa de un organismo *Diabrotica* que comprende cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:7-9; el complemento de un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de una secuencia codificante nativa de un organismo *Diabrotica* que comprende cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:7-9; una secuencia codificante nativa de un organismo *Meligethes* que comprende cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:108-111 y 117; el complemento de una secuencia codificante nativa de un organismo *Meligethes* que comprende cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:108-111 y 117; un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de una secuencia codificante nativa de un organismo *Meligethes* que comprende cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:108-111 y 117; y el complemento de un fragmento de al menos 15 nucleótidos contiguos de una secuencia codificante nativa de un organismo *Meligethes* que comprende cualquiera de las SEC. CON NÚM. DE IDENT.:108-111 y 117.

48. El método de conformidad con la reivindicación 46, en donde la molécula de ARN es una molécula de ARN de doble hebra.

49. El método de conformidad con la reivindicación 48, en donde el vector comprende la SEC. CON NÚM. DE IDENT.:124.

50. Un método para producir una planta transgénica protegida contra una plaga de coleópteros, el método comprende:

proporcionar la célula vegetal transgénica producida mediante el método de conformidad con la reivindicación 47; y

regenerar una planta transgénica a partir de la célula vegetal transgénica, en donde la expresión de la molécula de ácido ribonucleico codificada por el al menos un polinucleótido es suficiente para modular la expresión de un gen objetivo en una plaga de coleópteros que se pone en contacto con la planta transformada.

51. Un método para producir una célula vegetal transgénica, el método comprende:

transformar una célula vegetal con un vector que comprende un medio para proporcionar protección a una planta contra una plaga de coleópteros;

cultivar la célula vegetal transformada en condiciones suficientes como para permitir el desarrollo de un cultivo de células vegetales que comprende una pluralidad de células vegetales transformadas;

seleccionar las células vegetales transformadas que tienen integrado en sus genomas el medio para proporcionar protección a una planta contra plagas de coleópteros;

cribar las células vegetales transformadas para detectar la expresión de un medio para inhibir la expresión de un gen esencial en una plaga de coleópteros; y

seleccionar una célula vegetal que expresa el medio para inhibir la expresión de un gen esencial en una plaga de coleópteros.

52. Un método para producir una planta transgénica protegida contra una plaga de coleópteros, el método comprende:

proporcionar la célula vegetal transgénica producida mediante el método de conformidad con la reivindicación 51; y

regenerar una planta transgénica a partir de la célula vegetal transgénica, en donde la expresión del medio para inhibir la expresión de un gen esencial en una plaga de coleópteros es suficiente como para modular la expresión de un gen objetivo en una plaga de coleópteros que se pone en contacto con la planta transformada.

53. Un método para producir una célula vegetal transgénica, el método comprende:

transformar una célula vegetal con un vector que comprende un medio para proporcionar protección a una planta contra una plaga de hemípteros;

cultivar la célula vegetal transformada en condiciones suficientes como para permitir el desarrollo de un cultivo de células vegetales que comprende una pluralidad de células vegetales transformadas;

seleccionar las células vegetales transformadas que tienen integrado en sus genomas el medio para proporcionar protección a una planta contra una plaga de hemípteros;

cribar las células vegetales transformadas para detectar la expresión de un medio para inhibir la expresión de un gen esencial en una plaga de hemípteros; y

seleccionar una célula vegetal que expresa el medio para inhibir la expresión de un gen esencial en una plaga de hemípteros.

54. Un método para producir una planta transgénica protegida contra una plaga de hemípteros, el método comprende:

proporcionar la célula vegetal transgénica producida mediante el método de conformidad con la reivindicación 53; y

regenerar una planta transgénica a partir de la célula vegetal transgénica, en donde la expresión del medio para inhibir la expresión de un gen esencial en una plaga de hemípteros es suficiente como para modular la expresión de un gen objetivo en una plaga de hemípteros que se pone en contacto con la planta transformada.

55. El ácido nucleico de conformidad con la reivindicación 1, que además comprende un polinucleótido que codifica un polipéptido de *Bacillus thuringiensis*, *Alcaligenes* spp., *Pseudomonas* spp, y/o un polipéptido PIP-1.

56. El ácido nucleico de conformidad con la reivindicación 55, en donde el polinucleótido codifica un polipéptido de *B. thuringiensis* que se selecciona de un grupo que comprende Cry1B, Cry1I, Cry2A, Cry3, Cry6, Cry7A, Cry8, Cry9D, Cry14, Cry18, Cry22, Cry23, Cry34, Cry35, Cry36, Cry37, Cry43, Cry55, Cyt1A, y/o Cyt2C.

57. La célula de conformidad con la reivindicación 16, en donde la célula comprende un polinucleótido que codifica un polipéptido de *Bacillus thuringiensis*, *Alcaligenes* spp., *Pseudomonas* spp, y/o un polipéptido PIP-1.

58. La célula de conformidad con la reivindicación 57, en donde el polinucleótido codifica un polipéptido de *B. thuringiensis* que se selecciona de un grupo que comprende Cry1B, Cry1I, Cry2A, Cry3, Cry6, Cry7A, Cry8, Cry9D, Cry14, Cry18, Cry22, Cry23, Cry34, Cry35, Cry36, Cry37, Cry43, Cry55, Cyt1A, y/o Cyt2C.

59. La planta de conformidad con la reivindicación 17, en donde la planta comprende un polinucleótido que codifica un polipéptido de *Bacillus thuringiensis*, *Alcaligenes* spp., *Pseudomonas* spp, y/o un polipéptido PIP-1.

60. La planta de conformidad con la reivindicación 59, donde el polinucleótido codifica un polipéptido de *B. thuringiensis* que se selecciona de un grupo que comprende Cry1B, Cry1I, Cry2A, Cry3, Cry6, Cry7A, Cry8, Cry9D, Cry14, Cry18, Cry22, Cry23, Cry34, Cry35, Cry36, Cry37, Cry43, Cry55, Cyt1A, y/o Cyt2C.

61. El método de conformidad con la reivindicación 45, en donde la célula vegetal transformada comprende un polinucleótido que codifica un polipéptido de *Bacillus thuringiensis*, *Alcaligenes* spp., *Pseudomonas* spp, y/o un polipéptido PIP-1.

62. El método de conformidad con la reivindicación 61, en donde el polinucleótido codifica un polipéptido de *B. thuringiensis* que se selecciona de un grupo que comprende Cry1B, Cry1I, Cry2A, Cry3, Cry6, Cry7A, Cry8, Cry9D, Cry14, Cry18, Cry22, Cry23, Cry34, Cry35, Cry36, Cry37, Cry43, Cry55, Cyt1A, y/o Cyt2C.