

Señor

Director de la Dirección de Nuevas Creaciones

Superintendencia de Industria y Comercio

Ministerio de Comercio, Industria y Turismo

E. S. D.

Re.: Expediente No. **NC2020/0013598**

Solicitud de registro Patente PCT entrada en Fase Nacional, para: **“PROTEÍNA CRY1CA RECOMBINANTE CON ACTIVIDAD PESTICIDA”**.

Solicitante: **MONSANTO TECHNOLOGY LLC**

RESPUESTA A OFICIO NO.14838

Yo, **MARGARITA CASTELLANOS ABONDANO**, mayor de edad, identificada y domiciliada como aparece al pie de mi firma, obrando en mi calidad de apoderada de la sociedad solicitante del asunto citado en la referencia, en atención a su oficio No. 14838 notificado el 30 de noviembre de 2020 y para el cual se solicitó prórroga, atentamente me permito dar respuesta al mismo de la siguiente manera:

1. Modificación a las Reivindicaciones

De acuerdo con lo establecido en el Artículo 34 de la Decisión 486 y en vista de las observaciones realizadas por el examinador, se presenta en esta oportunidad un nuevo pliego reivindicatorio conformado por 16 reivindicaciones y se pone de presente que con las modificaciones realizadas, se deben tener por superadas las objeciones formuladas a la presente solicitud divisional. Veamos:

De acuerdo con el Examinador, para el caso particular, el capítulo reivindicatorio radicado con N° NC2020/0013598 el 29 de octubre de 2020 contiene materia reclamada en la solicitud parental radicada con N° NC2019/0004690 el 28 de octubre de 2020. Lo anterior, debido a que la reivindicación 11 de la solicitud divisional reclama el método donde la sonda es homóloga o complementaria a la SEQ ID NO:3. A este respecto, se pone de presente que se presenta junto con la presente respuesta un pliego reivindicatorio modificado en el cual en la reivindicación 11 se reemplaza la expresión “en donde la sonda es homóloga o complementaria a la SEQ ID NO:3 o SEQ ID NO:9, o una secuencia

que codifica una proteína pesticida que comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO:8 o SEQ ID NO:10” por “en donde la sonda es homóloga o complementaria a la SEQ ID NO: 7 o SEQ ID NO:9, o una secuencia que codifica una proteína pesticida que comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO:8 o SEQ ID NO:10”. Así entonces, la reivindicación 11 del nuevo pliego reivindicatorio ya no contiene materia reclamada en la solicitud parental radicada con N° NC2019/0004690 el 28 de octubre de 2020, debido a que se ha eliminado la referencia a la sonda que es homóloga o complementaria a la SEQ ID NO:3 y en consecuencia, la objeción formulada a este respecto se debe tener por superada.

2. Con respecto al listado de secuencias

De otro lado, el Examinador señala que la descripción no se encuentra acorde con la materia reclamada, dado que, no se evidencia el listado de secuencias según lo divulgado en la solicitud. Con el fin de superar la objeción formulada a este respecto, se anexa listado de secuencias junto con la presente respuesta.

3. Conclusión

Teniendo en cuenta las modificaciones introducidas en esta oportunidad y los argumentos que se presentan, es posible establecer que la solicitud divisional de la referencia cumple con los requerimientos del artículo 36 de la Decisión 486 y en consecuencia, se solicita se continúe con el trámite de la misma.

4. Anexos

- Nuevo pliego reivindicatorio conformado por 15 reivindicaciones
- Listado de secuencias
- Comprobante de pago en línea por concepto de tasas oficiales por modificaciones

Señor Director,



Margarita Castellanos Abondano

C.C. No. **39.779.654** de Bogotá

T.P.A. No. **70.819** del C.S.J.

Calle 117 No. 5A-35 - Bogotá, D.C.

Teléfono: 7560770

Bogotá, D.C.

MCA/mg

P5522



SUPERINTENDENCIA DE INDUSTRIA Y COMERCIO
NIT: 800.176.089-2

COMPROBANTE DE RECAUDO SISTEMA SIPI

Radicado: NC2020/0013598 Recibo: 21-7288 Fecha: 28/01/2021	MARGARITA CASTELLANOS ABONDANO CC: 39.779.654 Pago PSE No: 489845 CUS: 874483648
---	---

NC Divisional de Patente/Modelo
Solicitado en Patente PCT NC2019/0004690

Detalle del pago

Id.	Rentístico	Concepto y Servicio	Cant.	Val. Unit.	Subtotal
1	50005-01-03	Modificaciones / Correcciones al registro Patente PCT (DESCUENTO INTERNET)	1	\$ 171.500	\$ 171.500
TOTAL					\$ 171.500

REIVINDICACIONES

1. Una molécula de ácido nucleico recombinante que comprende un promotor heterólogo unido de manera operativa a un segmento de polinucleótido que codifica una proteína pesticida o un fragmento pesticida de esta, en donde:
 - a. dicha proteína pesticida comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO:8 o SEQ ID NO:10; o
 - b. dicho segmento de polinucleótido se hibrida en condiciones de hibridación rigurosas con un polinucleótido que tiene la secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO:7 o SEQ ID NO:9.

2. La molécula de ácido nucleico recombinante de la reivindicación 1, en donde:
 - a. la molécula de ácido nucleico recombinante comprende una secuencia que funciona para expresar la proteína pesticida en una planta; o
 - b. la molécula de ácido nucleico recombinante se expresa en una célula vegetal para producir una cantidad eficaz como pesticida de la proteína pesticida; o
 - c. la molécula de ácido nucleico recombinante se une de manera operativa a un vector, y dicho vector se selecciona del grupo que consiste en un plásmido, fagémido, bácmido, cósmido y un cromosoma artificial de levadura o bacteriano.

3. La molécula de ácido nucleico recombinante de la reivindicación 1, que se define como presente dentro de una célula hospedadora bacteriana.

4. Una célula hospedadora bacteriana que comprende la molécula de ácido nucleico recombinante de la reivindicación 1, en donde la célula hospedadora bacteriana es de un género de bacterias que se selecciona del grupo que consiste en: *Agrobacterium*, *Rhizobium*, *Bacillus*, *Brevibacillus*, *Escherichia*, *Pseudomonas*, *Klebsiella*, *Pantoea* y *Erwinia*.

5. La molécula de ácido nucleico recombinante de la reivindicación 1, en donde la especie de *Bacillus* es *Bacillus cereus* o *Bacillus thuringiensis*, dicho *Brevibacillus* es *Brevibacillus laterosperous*, y dicha *Escherichia* es *Escherichia coli*.

6. La molécula de ácido nucleico recombinante de la reivindicación 1, en donde dicha proteína presenta actividad contra un insecto lepidóptero.

7. La molécula de ácido nucleico recombinante de la reivindicación 6, en donde dicho insecto se selecciona del grupo que consiste en: gusano soldado (*Spodoptera exigua*), gusano elotero (*Helicoverpa zea*), gusano medidor de la hoja del algodónero (*Alabama argillacea*), taladro del maíz (*Ostrinia nubilalis*), cogollero del maíz (*Spodoptera frugiperda*), oruga del viejo mundo (*Helicoverpa armigera*), gusano defoliador (*Spodoptera litura*), gusano rosado (*Pectinophora gossypiella*), gusano rosado resistente a Cry1Ac (*Pectinophora gossypiella*), lagarta verde (*Chrysodeixis includens*), gusano meridional (*Spodoptera eridania*), barrenador del maíz del suroeste (*Diatraea grandiosella*), gusano moteado (*Earias vittella*), barrenador de la caña de azúcar (*Diatraea saccharalis*), oruga del tabaco (*Heliothis virescens*) y oruga del frijol terciopelo (*Anticarsia gemmatilis*).

8. Una composición inhibidora de insectos que comprende la molécula de ácido nucleico recombinante de la reivindicación 1.

9. La composición inhibidora de insectos de la reivindicación 8, que comprende además una secuencia de nucleótidos que codifica al menos otro agente pesticida distinto de dicha proteína pesticida, donde dicha al menos otra proteína pesticida se selecciona del grupo que consiste en una Cry1A, Cry1Ab, Cry1Ac, Cry1A.105, Cry1Ae, Cry1B, Cry1C, variantes de Cry1C, Cry1D, Cry1E, Cry1F, quimeras de Cry1A/F, Cry1G, Cry1H, Cry1I, Cry1J, Cry1K, Cry1L, Cry2A, Cry2Ab, Cry2Ae, Cry3, variantes de Cry3A, Cry3B, Cry4B, Cry6, Cry7, Cry8, Cry9, Cry15, Cry34, Cry35, Cry43A, Cry43B, Cry51Aa1, ET29, ET33, ET34, ET35, ET66, ET70, TIC400, TIC407, TIC417, TIC431, TIC800, TIC807, TIC834, TIC853, TIC900, TIC901, TIC1201, TIC1415, TIC2160, TIC3131, TIC836, TIC860, TIC867, TIC869, TIC1100, VIP3A, VIP3B, VIP3Ab, AXMI-AXMI-, AXMI-88, AXMI-97, AXMI-102, AXMI-112, AXMI-117, AXMI-100, AXMI-115, AXMI-113, y AXMI-005, AXMI134, AXMI-150, AXMI-171, AXMI-184, AXMI-196, AXMI-204, AXMI-207, AXMI-209, AXMI-205, AXMI-218, AXMI-220, AXMI-221z, AXMI-222z, AXMI-223z, AXMI-224z y AXMI-225z, AXMI-238, AXMI-270, AXMI-279, AXMI-345, AXMI-335, AXMI-R1 y variantes de estos, IP3 y variantes de estos, DIG-3, DIG-5, DIG-10, DIG-657 y una proteína DIG-11.

10. Una composición inhibidora de insectos que comprende una célula vegetal que comprende la molécula de ácido nucleico recombinante de la reivindicación 1.

11. Un método para detectar la presencia de la molécula de ácido nucleico recombinante de la reivindicación 1 en una muestra que comprende ADN genómico vegetal, que comprende:

- a. poner en contacto la muestra con una sonda de ácido nucleico que se hibrida en condiciones de hibridación rigurosas con el ADN genómico de una planta que comprende la molécula de ADN de la reivindicación 1, y no se hibrida en dichas condiciones de hibridación con el ADN genómico de una planta isogénica de otro modo que no comprende la molécula de ácido nucleico recombinante de la reivindicación 1, en donde la sonda es homóloga o complementaria a la SEQ ID NO: 7 o SEQ ID NO:9, o una secuencia que codifica una proteína pesticida que comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO:8 o SEQ ID NO:10;
- b. someter la muestra y la sonda a condiciones de hibridación rigurosas; y
- c. detectar la hibridación de la sonda con el ADN de la muestra.

12. Un método para detectar la presencia de una proteína pesticida o un fragmento de esta en una muestra que comprende una proteína, en donde dicha proteína pesticida comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO:8 o SEQ ID NO:10; que comprende:

- a. poner en contacto la muestra con un anticuerpo inmunorreactivo; y
- b. detectar la presencia de la proteína.

13. El método de la reivindicación 12, en donde la etapa de detectar comprende un ELISA o un ensayo de transferencia Western.

14. Un método para producir una planta transgénica que comprende los pasos de:

- a) transformar una célula vegetal con la molécula de ácido nucleico recombinante de la reivindicación 1 y;
- b) regenerar una planta transgénica de la célula vegetal transformada, donde la planta transgénica comprende la molécula de ácido nucleico recombinante.

15. Un método para expresar una proteína pesticida que comprende introducir la molécula de ácido nucleico recombinante de la reivindicación 1 en una célula vegetal.

16. El método de la reivindicación 15, donde introducir comprende transformar la célula vegetal.

LISTADO DE SECUENCIAS

<110> Monsanto Technology LLC
Bowen, David J
Chay, Catherine A
Howe, Arlene R
Kesanapalli, Uma

<120> PROTEÍNAS INHIBIDORAS DE INSECTOS NOVEDOSAS

<130> MONS:426WO

<140> US 62/406082

<141> 2016-10-10

<160> 10

<170> PatentIn versión 3.5

<210> 1

<211> 3564

<212> ADN

<213> Bacillus thuringiensis

<220>

<221> misc_feature

<222> (1)..(3564)

<223> Secuencia de ácido nucleico que codifica una proteína pesticida
TIC4472
obtenida de la especie de Bacillus thuringiensis EG10742.

<400> 1

```
atgaataata atattgaaaa ccaatgcgta cttacaatt gtttaagtaa tcctgaagaa      60
gtaattttgg atggagaacg gatatcaact ggtaattcat caattgatat ttctctgtca      120
cttgttcaac ttctggtatc taactttgta ccaggcggag gatttttagt agggttaata      180
gattttgtat ggggaatagt aggcccttct ccatgggatg catttctagt gcaaattgaa      240
caattaattc agcaaagaat agaagcatat gctagggctg cagcaatttc taatttagaa      300
ggaataggaa acaatttcaa tatatatgtg gaagcatttc aagaatggga agaagatcct
360
aataatccag caaccaggaa tagagtagtt gatcgctttc gtatacttga tgggctactt      420
gaaagggaca ttccttcggt tcgaatttct ggatttgaag tccccctttt atccgtttat      480
gctcaagcgg ccaatctgca tctagctata ttaagagatt ctgtaatttt tggagaaaga      540
tggggattga caacaacaaa tgtcaatgaa aactataata gacaaatcag gcatattgat
600
```

gaatatgctg atcactgtgc aaatacgtat aatcggggat taaataattt accgaaatct 660
acgtatcaag attggataac atataatcga ttacggagag aattaacatt gactgtatta 720
gatatcgctg ctttctttcc aaactatgac aataggcggt atccaattca gccagttggt 780
caactaaciaa gggaagtta tacggacca ttaattactt ttaatccca gttacagtct 840
gtagctcaat tacctacttt taacgttatg gaaagcaacg caattagaaa tcttcatttg 900
tttgatatat tgaataatct tacaattttt acggattggt ttagtggttg acgcaacttt 960
tattggggag gacatcgagt aacttctaac tatataggag gaggcaacat aacatctcct
1020
atatatggaa gagaggcgaa ccaggagcct ccaagatctt ttacttttaa tggacctgtt 1080
tttaggactt tatcaaacc tactttacga ttattacagc aacctggcc agcaccacca 1140
ttaatttac gtggtgttga aggagtagaa tttctacac ctacaaatag ctttacgtat 1200
cgaggaagag gtacagttga ttctttaacc gaattaccgc ctgaggataa tagtgtgcta 1260
cctcgcgagg gatatagtca tcgtttatgt catgcaactt ttgttcaaag atctggaaca 1320
ccatttttaa caacgggtgt agtattttct tggacgcac gcagtgaac tcttaciaat 1380
acaattgatc cagacaaaat tactcagata cctttagtga aaggatttag agtttggagt 1440
ggcgctctg tcgttacagg accaggtttt acaggagggg atatccttcg aagaactaac
1500
tttggggatt ttgtatctat gcaagttaat attaattcac caataacaca aagataccgt 1560
ttaagatttc gttatgcttc cagtagagat gcacgactta cagtagcgac aggagcagca
1620
aacacaggag ttggagggca aattagtgtg gacatggctc ttcagaaaac tatggaaatt
1680
ggagagagct taacatctag aacatttaga tataccgatt ttagtaatcc ttttcattt 1740
agagctaadc cagatataat tcgtataaat gaacaaccac tattcggtgc aggctctatt 1800
agtagtggtg aactttatat agataaaatt gaaattatc tagcagatgc aacatttgaa 1860
gcagaatatg atttggaag agcacagaag gcggtgaatg cgctgtttac ttctaciaac
1920
caaagaggat taaaaacaga tgtgacggat tatcatattg atcaagtatc caatttagtt 1980
gagtgtttat cggatgaatt ttgtctggat gaaaaacgag aattgtccga gaaagtcaaa 2040
catgcgaagc gactcagtga tgagcgaaat ttactccagg atcgaaattt cacatccatt
2100

aatgggcaac tagaccgtgg ctggagagga agtacggata ttaccatcca aggaggagat
2160

gacgtattca aagagaatta cgtcacacta ctgggtacct ttgatgagtg ctatccaacg 2220

tatttatatc aaaaaataga tgagtcgaaa ttaaaagcct ataccgcta tgaattaaga 2280

gggtatatcg aggatagtca agacttagaa atctatttaa ttcgctacaa tgcaaaacac 2340

gaaacagtaa atgtgccagg tacaggttcc ttatggccgc tttcagtcga aagtccaatc
2400

ggaaagtgtg gagaaccgaa tcgatgcaca ccacaccttg aatggaatcc taatctagat
2460

tgttcctgca gagacgggaa aacatgtgca catcattctc atcatttctc cttggacatt 2520

gatgttggat gtacagactt aatgaagat ctaggtgtat ggggtgatatt caagattaag 2580

acgcaagatg gtcattgcaag actaggaaat ctagagtffc tcgaagagaa accattagta
2640

ggagaagcgt tagctcgtgt gaaaagagcg gagaaaaaat ggagagacaa acgcgaaaaa
2700

ttgcaattag aaacaaatat cgtttacaaa gaggcaaaag aagctgtgga tgctttattt 2760

gtaaactctc aatatgatag attacaagtg gatacgaaca ttgccatgat tcatgcggca 2820

gataaacgcg ttcatagaat ccgagaagcg tatcttccag agttatctgt gattccgggt 2880

gtcaatgcgg ctattttcga agaattagaa ggggtgtgtt tcaactgcatt ctccctatat 2940

gatgcgagaa atgtcattaa aatggcgat ttaataatg gcttatcatg ctggaacgtg 3000

aaagggcatg tagaagaaca aaacgaccat cgttcgggtcc ttgttgtccc ggaatgggaa
3060

gcagaagtgt cacaagaggt tcgtgtctgt ccagggtcgtg gctatatacct tcgtgttaca 3120

gcatacaaag agggatatgg agaaggctgt gtaaccattc atgggatcga gaacaataca
3180

gacgaactga agtttagcaa ctgcgtagaa gaggaagtct atccaaacaa cacggtaacg
3240

tgtaatgatt atcctgcaaa tcaagaagaa tacgggggtg cgtacacttc tcgtaatcgt 3300

ggatatgacg aaacttatgg aagcaattct tccgtatcag ctgattatgc gtcagtttat 3360

gaagaaaaag cgtatacaga tggacgaaga gacaatccat gtgaatttaa cagagggtat
3420

ggggattata cgccactacc agctggctat gtaacaaaag aattagaata cttcccagaa
3480

accgataagg tatggattga gattggagaa acggaaggaa cattcatcgt ggacagtgtg
3540

gaattactcc ttatggagga atag 3564

<210> 2
<211> 1187
<212> PRT
<213> Bacillus thuringiensis

<220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (1)..(1187)
<223> La secuencia de aminoácidos de la proteína pesticida TIC4472.

<400> 2

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

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

Ser Ser Ile Asp Ile Ser Leu Ser Leu Val Gln Leu Leu Val Ser Asn
35 40 45

Phe Val Pro Gly Gly Gly Phe Leu Val Gly Leu Ile Asp Phe Val Trp
50 55 60

Gly Ile Val Gly Pro Ser Pro Trp Asp Ala Phe Leu Val Gln Ile Glu
65 70 75 80

Gln Leu Ile Gln Gln Arg Ile Glu Ala Tyr Ala Arg Ala Ala Ala Ile
85 90 95

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

Phe Gln Glu Trp Glu Glu Asp Pro Asn Asn Pro Ala Thr Arg Asn Arg
115 120 125

Val Val Asp Arg Phe Arg Ile Leu Asp Gly Leu Leu Glu Arg Asp Ile
130 135 140

Pro Ser Phe Arg Ile Ser Gly Phe Glu Val Pro Leu Leu Ser Val Tyr
145 150 155 160

Ala Gln Ala Ala Asn Leu His Leu Ala Ile Leu Arg Asp Ser Val Ile
165 170 175

Phe Gly Glu Arg Trp Gly Leu Thr Thr Thr Asn Val Asn Glu Asn Tyr
180 185 190

Asn Arg Gln Ile Arg His Ile Asp Glu Tyr Ala Asp His Cys Ala Asn
195 200 205

Thr Tyr Asn Arg Gly Leu Asn Asn Leu Pro Lys Ser Thr Tyr Gln Asp
210 215 220

Trp Ile Thr Tyr Asn Arg Leu Arg Arg Glu Leu Thr Leu Thr Val Leu
225 230 235 240

Asp Ile Ala Ala Phe Phe Pro Asn Tyr Asp Asn Arg Arg Tyr Pro Ile
245 250 255

Gln Pro Val Gly Gln Leu Thr Arg Glu Val Tyr Thr Asp Pro Leu Ile
260 265 270

Thr Phe Asn Pro Gln Leu Gln Ser Val Ala Gln Leu Pro Thr Phe Asn
275 280 285

Val Met Glu Ser Asn Ala Ile Arg Asn Pro His Leu Phe Asp Ile Leu
290 295 300

Asn Asn Leu Thr Ile Phe Thr Asp Trp Phe Ser Val Gly Arg Asn Phe
305 310 315 320

Tyr Trp Gly Gly His Arg Val Thr Ser Asn Tyr Ile Gly Gly Gly Asn
325 330 335

Ile Thr Ser Pro Ile Tyr Gly Arg Glu Ala Asn Gln Glu Pro Pro Arg
340 345 350

Ser Phe Thr Phe Asn Gly Pro Val Phe Arg Thr Leu Ser Asn Pro Thr

355 360 365

Leu Arg Leu Leu Gln Gln Pro Trp Pro Ala Pro Pro Phe Asn Leu Arg
370 375 380

Gly Val Glu Gly Val Glu Phe Ser Thr Pro Thr Asn Ser Phe Thr Tyr
385 390 395 400

Arg Gly Arg Gly Thr Val Asp Ser Leu Thr Glu Leu Pro Pro Glu Asp
405 410 415

Asn Ser Val Leu Pro Arg Glu Gly Tyr Ser His Arg Leu Cys His Ala
420 425 430

Thr Phe Val Gln Arg Ser Gly Thr Pro Phe Leu Thr Thr Gly Val Val
435 440 445

Phe Ser Trp Thr His Arg Ser Ala Thr Leu Thr Asn Thr Ile Asp Pro
450 455 460

Asp Lys Ile Thr Gln Ile Pro Leu Val Lys Gly Phe Arg Val Trp Ser
465 470 475 480

Gly Ala Ser Val Val Thr Gly Pro Gly Phe Thr Gly Gly Asp Ile Leu
485 490 495

Arg Arg Thr Asn Phe Gly Asp Phe Val Ser Met Gln Val Asn Ile Asn
500 505 510

Ser Pro Ile Thr Gln Arg Tyr Arg Leu Arg Phe Arg Tyr Ala Ser Ser
515 520 525

Arg Asp Ala Arg Leu Thr Val Ala Thr Gly Ala Ala Asn Thr Gly Val
530 535 540

Gly Gly Gln Ile Ser Val Asp Met Ala Leu Gln Lys Thr Met Glu Ile
545 550 555 560

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

Pro Phe Ser Phe Arg Ala Asn Pro Asp Ile Ile Arg Ile Asn Glu Gln
580 585 590

Pro Leu Phe Gly Ala Gly Ser Ile Ser Ser Gly Glu Leu Tyr Ile Asp
595 600 605

Lys Ile Glu Ile Ile Leu Ala Asp Ala Thr Phe Glu Ala Glu Tyr Asp
610 615 620

Leu Glu Arg Ala Gln Lys Ala Val Asn Ala Leu Phe Thr Ser Thr Asn
625 630 635 640

Gln Arg Gly Leu Lys Thr Asp Val Thr Asp Tyr His Ile Asp Gln Val
645 650 655

Ser Asn Leu Val Glu Cys Leu Ser Asp Glu Phe Cys Leu Asp Glu Lys
660 665 670

Arg Glu Leu Ser Glu Lys Val Lys His Ala Lys Arg Leu Ser Asp Glu
675 680 685

Arg Asn Leu Leu Gln Asp Arg Asn Phe Thr Ser Ile Asn Gly Gln Leu
690 695 700

Asp Arg Gly Trp Arg Gly Ser Thr Asp Ile Thr Ile Gln Gly Gly Asp
705 710 715 720

Asp Val Phe Lys Glu Asn Tyr Val Thr Leu Leu Gly Thr Phe Asp Glu
725 730 735

Cys Tyr Pro Thr Tyr Leu Tyr Gln Lys Ile Asp Glu Ser Lys Leu Lys
740 745 750

Ala Tyr Thr Arg Tyr Glu Leu Arg Gly Tyr Ile Glu Asp Ser Gln Asp
755 760 765

Leu Glu Ile Tyr Leu Ile Arg Tyr Asn Ala Lys His Glu Thr Val Asn
770 775 780

Val Pro Gly Thr Gly Ser Leu Trp Pro Leu Ser Val Glu Ser Pro Ile
785 790 795 800

Gly Lys Cys Gly Glu Pro Asn Arg Cys Thr Pro His Leu Glu Trp Asn
805 810 815

Pro Asn Leu Asp Cys Ser Cys Arg Asp Gly Lys Thr Cys Ala His His
820 825 830

Ser His His Phe Ser Leu Asp Ile Asp Val Gly Cys Thr Asp Leu Asn
835 840 845

Glu Asp Leu Gly Val Trp Val Ile Phe Lys Ile Lys Thr Gln Asp Gly
850 855 860

His Ala Arg Leu Gly Asn Leu Glu Phe Leu Glu Glu Lys Pro Leu Val
865 870 875 880

Gly Glu Ala Leu Ala Arg Val Lys Arg Ala Glu Lys Lys Trp Arg Asp
885 890 895

Lys Arg Glu Lys Leu Gln Leu Glu Thr Asn Ile Val Tyr Lys Glu Ala
900 905 910

Lys Glu Ala Val Asp Ala Leu Phe Val Asn Ser Gln Tyr Asp Arg Leu
915 920 925

Gln Val Asp Thr Asn Ile Ala Met Ile His Ala Ala Asp Lys Arg Val
930 935 940

His Arg Ile Arg Glu Ala Tyr Leu Pro Glu Leu Ser Val Ile Pro Gly
945 950 955 960

Val Asn Ala Ala Ile Phe Glu Glu Leu Glu Gly Cys Val Phe Thr Ala
965 970 975

Phe Ser Leu Tyr Asp Ala Arg Asn Val Ile Lys Asn Gly Asp Phe Asn
980 985 990

Asn Gly Leu Ser Cys Trp Asn Val Lys Gly His Val Glu Glu Gln Asn
995 1000 1005

Asp His Arg Ser Val Leu Val Val Pro Glu Trp Glu Ala Glu Val
1010 1015 1020

Ser Gln Glu Val Arg Val Cys Pro Gly Arg Gly Tyr Ile Leu Arg
1025 1030 1035

Val Thr Ala Tyr Lys Glu Gly Tyr Gly Glu Gly Cys Val Thr Ile
1040 1045 1050

His Gly Ile Glu Asn Asn Thr Asp Glu Leu Lys Phe Ser Asn Cys
1055 1060 1065

Val Glu Glu Glu Val Tyr Pro Asn Asn Thr Val Thr Cys Asn Asp
1070 1075 1080

Tyr Pro Ala Asn Gln Glu Glu Tyr Gly Gly Ala Tyr Thr Ser Arg
1085 1090 1095

Asn Arg Gly Tyr Asp Glu Thr Tyr Gly Ser Asn Ser Ser Val Ser
1100 1105 1110

Ala Asp Tyr Ala Ser Val Tyr Glu Glu Lys Ala Tyr Thr Asp Gly
1115 1120 1125

Arg Arg Asp Asn Pro Cys Glu Phe Asn Arg Gly Tyr Gly Asp Tyr
1130 1135 1140

Thr Pro Leu Pro Ala Gly Tyr Val Thr Lys Glu Leu Glu Tyr Phe
1145 1150 1155

Pro Glu Thr Asp Lys Val Trp Ile Glu Ile Gly Glu Thr Glu Gly
1160 1165 1170

Thr Phe Ile Val Asp Ser Val Glu Leu Leu Leu Met Glu Glu
1175 1180 1185

<210> 3
<211> 3567
<212> ADN
<213> Artificial

<220>
<223> Una secuencia de codificación sintética que codifica una proteína
pesticida TIC4472PL diseñada para la expresión en una célula vegetal
donde un codón de alanina adicional se inserta inmediatamente

después del codón de metionina de inicio.

```

                                <400> 3
atggctaata acaacatcga gaaccagtgc gtgccctaca actgcctttc gaacccggag
                                60

gaagtgatcc tggacggcga aaggatctcg accgggaata gcagcatcga catctcgctt
                                120

tcgctcgtgc agcttctagt cagtaacttc gttccggggcg gagggtttct cgtgggcctt    180

attgacttcg tttggggcat cgtggggccca tctccttggg acgcattcct cgtgcagatc    240

gagcaactga tccagcagcg tatcgaggcg tacgctaggg ctgccgctat ctccaacctg
                                300

gagggcatcg gcaacaactt caacatctac gttgaagcct tccaagaatg ggaggaagat
                                360

cctaataacc cagctacgcg gaacagagtg gtggatcgct ttagaatcct cgacggcctc
                                420

ctggaaaggg acatcccgag ctcccgattt tccggcttcg aggtgccgct gctgagcgtg    480

tacgcgcaag cggccaatct gcacctggcg attctccggg actctgtgat ctccggcgag
                                540

cgggtggggcc tcaccaccac taacgtgaac gagaactaca accgccagat ccgccacatc
                                600

gacgagtacg cggaccactg cgccaacaca tacaatcgcg ggctgaacaa cctccctaag
                                660

agcacttacc aagattggat cacctacaac aggtcccgcc gggaactcac tctcacagtc
                                720

ctcgacatcg ctgccttctt cccgaactac gacaaccgcc gctacccgat tcagccagtc    780

ggccagctca cccgtgaggt gtacaccgat cactgataa ctttcaatcc gcagctccag
                                840

tctgtcgcac agttgcccac cttcaacgtc atggaaagca acgcatcag gaacccacac
                                900

ttgttcgaca tccttaacaa cctgactatc ttcaccgact ggttcagcgt cggacggaac    960

ttctactggg gcggacaccg cgtcacctca aactacatcg gcggcggcaa cattacttcg
                                1020

cccatctacg gccgggaggc gaatcaggag ccgccacgca gctttacatt caacggtcct
                                1080

gtgtttcgca cgttatcgaa cccgacactc aggtgctcc agcagccctg gcctgcgccg
                                1140

```

ccgtttaatt tgcgcggcgt cgaaggcgtc gagttcagta cgccgaccaa cagcttcacc
1200

tatcgcggac gcgggactgt tgactccctg acagagctgc cgccggagga caactcggtt
1260

ctgccgcgtg agggctacag ccataggctt tgtcacgcga cctttgtgca gcgatccggg
1320

acaccgttcc ttacaaccgg cgtgggtgtc tcttggacac accgcagtgc aactctgacg
1380

aacacgattg acccagacaa gatcacgcag atcccgttag tgaagggtt cggggttgg
1440

tctggtgcct ctgtagtcac tgggcctggc ttacgggtg gcgacatcct ccgtcgcacg 1500

aactttggcg acttcgtgtc catgcaagt aacattaaca gccctattac gcaacgctac 1560

cggctgaggt tcagatacgc ttctcgcgg gacgccgctc ttacgggtggc gacgggacga
1620

gcgaacactg gagttggcgg ccaaattccc gtggacatgg ctttgacaaa gactatggag
1680

atcggtgagt ctctcacatc tcgcacgttc cgctacacgg atttctcaa ccctttctcc 1740

ttccgcgcca atccggacat cattcggatc aacgaacagc cgctcttcgg cgcgggctcc
1800

atctcatccg gtgagcttta cattgataag attgagataa ttctggccga cgcgacctt 1860

gaggcagagt atgatctgga gcgcgcacag aaggccgtga acgcgctgtt tacgtccacg
1920

aaccagcgcg ggctcaagac agacgtcaca gactaccaca tcgaccaagt ctccaacctt
1980

gtcgagtgtc tctccgacga gttctgcctg gacgagaagc gggagcttag tgagaagggtg
2040

aagcacgcaa agcgctgtc tgacgagcgg aaccttctac aagaccgtaa cttcacctcc
2100

attaacgggc agctagaccg tggctggcgc gggccaccg acatcactat ccaagggtggc
2160

gacgacgtct tcaaggagaa ctacgtgacg ctgctcggca cctttgacga gtgctaccg
2220

acatacctct atcagaagat tgacgagtct aagctcaagg cttacacccg ttacgagctg
2280

cgtggctaca tcgaggactc ccaggatctg gaaatctatc tcatcagata caacgcgaag
2340

cacgagacag tcaacgtacc tgggacaggc tctctctggc ctctgtctgt ggagagtccc
2400

atcggcaa at gtggcgagcc gaacagatgt actccgcacc tggagtggaa tcccaacttg
2460

gactgtagtt gccgcgacgg caagacctgc gcgcaccact cccaccactt ctccctggac
2520

attgacgtcg gctgcacgga tctcaacgag gatctgggcg tttgggtcat cttcaagata 2580

aagacccagg acggacacgc cagactggga aacctagagt tccttgagga gaagccgctg
2640

gtcggcgaag cactggcgcg ggtcaagagg gccgagaaga agtggcgggg caaacgggag
2700

aaacttcaac tcgaaacgaa catcgtttac aaggaggcaa aggaggccgt ggacgcactg
2760

ttcgtgaact cgcagtacga ccgcctccaa gtggacacca acatcgccat gatccatgca
2820

gcggacaagc gcgtgcaccg aatcagggaa gcgtacttgc ccgagttgtc cgttatccct
2880

ggcgtgaacg ctgccatctt cgaggaactg gagggctgcg tgttcaccgc attctccctg
2940

tacgacgcac gaaacgtcat caagaatggc gacttcaaca acggcctgag ctgctggaac
3000

gtgaagggcc acgtggagga gcagaacgac caccgctccg tgtagtggt cccggaatgg
3060

gaagccgaag tgagccagga ggtcaggggtg tgtcccgtc gcggttacat cctccgctg
3120

accgcctaca aggagggcta tggcgagggc tgcgtgacga tacacggtat cgagaacaac
3180

accgatgagc ttaagttctc gaactgcgtg gaggaggagg tgtaccgaa taacacagt
3240

acgtgcaatg actaccggc caaccaggag gactacggcg gtgcctacac gagccgaaac
3300

cgtggctatg acgaaactta cggctcgaac agcagcgtgt ctgcggatta tgccagtgt
3360

tacgaggaga aggcgtacac ggacgggagg cgcgacaacc cttgcgagtt caatagaggc
3420

tatggcgact acacgccgct gcccgccggt tatgtgacga aggagttgga atacttccca
3480

gagacggaca aggtgtggat cgagattggc gagaccgagg gcacgttcat tgtggacagc
3540

gttgagctgc tactgatgga ggagtga 3567

<210> 4
<211> 1188
<212> PRT
<213> Artificial

<220>
<223> La secuencia de aminoácidos de TIC4472PL codificada por una
secuencia codificante sintética diseñada para la expresión en una
célula vegetal (SEQ ID NO:3), y en donde un aminoácido de alanina
adicional se inserta inmediatamente después de la metionina de
inicio.

<400> 4

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

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

Asn Ser Ser Ile Asp Ile Ser Leu Ser Leu Val Gln Leu Leu Val Ser
35 40 45

Asn Phe Val Pro Gly Gly Gly Phe Leu Val Gly Leu Ile Asp Phe Val
50 55 60

Trp Gly Ile Val Gly Pro Ser Pro Trp Asp Ala Phe Leu Val Gln Ile
65 70 75 80

Glu Gln Leu Ile Gln Gln Arg Ile Glu Ala Tyr Ala Arg Ala Ala Ala
85 90 95

Ile Ser Asn Leu Glu Gly Ile Gly Asn Asn Phe Asn Ile Tyr Val Glu
100 105 110

Ala Phe Gln Glu Trp Glu Glu Asp Pro Asn Asn Pro Ala Thr Arg Asn
115 120 125

Arg Val Val Asp Arg Phe Arg Ile Leu Asp Gly Leu Leu Glu Arg Asp
130 135 140

Ile Pro Ser Phe Arg Ile Ser Gly Phe Glu Val Pro Leu Leu Ser Val
145 150 155 160

Tyr Ala Gln Ala Ala Asn Leu His Leu Ala Ile Leu Arg Asp Ser Val
165 170 175

Ile Phe Gly Glu Arg Trp Gly Leu Thr Thr Thr Asn Val Asn Glu Asn
180 185 190

Tyr Asn Arg Gln Ile Arg His Ile Asp Glu Tyr Ala Asp His Cys Ala
195 200 205

Asn Thr Tyr Asn Arg Gly Leu Asn Asn Leu Pro Lys Ser Thr Tyr Gln
210 215 220

Asp Trp Ile Thr Tyr Asn Arg Leu Arg Arg Glu Leu Thr Leu Thr Val
225 230 235 240

Leu Asp Ile Ala Ala Phe Phe Pro Asn Tyr Asp Asn Arg Arg Tyr Pro
245 250 255

Ile Gln Pro Val Gly Gln Leu Thr Arg Glu Val Tyr Thr Asp Pro Leu
260 265 270

Ile Thr Phe Asn Pro Gln Leu Gln Ser Val Ala Gln Leu Pro Thr Phe
275 280 285

Asn Val Met Glu Ser Asn Ala Ile Arg Asn Pro His Leu Phe Asp Ile
290 295 300

Leu Asn Asn Leu Thr Ile Phe Thr Asp Trp Phe Ser Val Gly Arg Asn
305 310 315 320

Phe Tyr Trp Gly Gly His Arg Val Thr Ser Asn Tyr Ile Gly Gly Gly
325 330 335

Asn Ile Thr Ser Pro Ile Tyr Gly Arg Glu Ala Asn Gln Glu Pro Pro
340 345 350

Arg Ser Phe Thr Phe Asn Gly Pro Val Phe Arg Thr Leu Ser Asn Pro
355 360 365

Thr Leu Arg Leu Leu Gln Gln Pro Trp Pro Ala Pro Pro Phe Asn Leu
370 375 380

Arg Gly Val Glu Gly Val Glu Phe Ser Thr Pro Thr Asn Ser Phe Thr
385 390 395 400

Tyr Arg Gly Arg Gly Thr Val Asp Ser Leu Thr Glu Leu Pro Pro Glu
405 410 415

Asp Asn Ser Val Leu Pro Arg Glu Gly Tyr Ser His Arg Leu Cys His
420 425 430

Ala Thr Phe Val Gln Arg Ser Gly Thr Pro Phe Leu Thr Thr Gly Val
435 440 445

Val Phe Ser Trp Thr His Arg Ser Ala Thr Leu Thr Asn Thr Ile Asp
450 455 460

Pro Asp Lys Ile Thr Gln Ile Pro Leu Val Lys Gly Phe Arg Val Trp
465 470 475 480

Ser Gly Ala Ser Val Val Thr Gly Pro Gly Phe Thr Gly Gly Asp Ile
485 490 495

Leu Arg Arg Thr Asn Phe Gly Asp Phe Val Ser Met Gln Val Asn Ile
500 505 510

Asn Ser Pro Ile Thr Gln Arg Tyr Arg Leu Arg Phe Arg Tyr Ala Ser
515 520 525

Ser Arg Asp Ala Arg Leu Thr Val Ala Thr Gly Ala Ala Asn Thr Gly
530 535 540

Val Gly Gly Gln Ile Ser Val Asp Met Ala Leu Gln Lys Thr Met Glu
545 550 555 560

Ile Gly Glu Ser Leu Thr Ser Arg Thr Phe Arg Tyr Thr Asp Phe Ser
565 570 575

Asn Pro Phe Ser Phe Arg Ala Asn Pro Asp Ile Ile Arg Ile Asn Glu
580 585 590

Gln Pro Leu Phe Gly Ala Gly Ser Ile Ser Ser Gly Glu Leu Tyr Ile
595 600 605

Asp Lys Ile Glu Ile Ile Leu Ala Asp Ala Thr Phe Glu Ala Glu Tyr
610 615 620

Asp Leu Glu Arg Ala Gln Lys Ala Val Asn Ala Leu Phe Thr Ser Thr
625 630 635 640

Asn Gln Arg Gly Leu Lys Thr Asp Val Thr Asp Tyr His Ile Asp Gln
645 650 655

Val Ser Asn Leu Val Glu Cys Leu Ser Asp Glu Phe Cys Leu Asp Glu
660 665 670

Lys Arg Glu Leu Ser Glu Lys Val Lys His Ala Lys Arg Leu Ser Asp
675 680 685

Glu Arg Asn Leu Leu Gln Asp Arg Asn Phe Thr Ser Ile Asn Gly Gln
690 695 700

Leu Asp Arg Gly Trp Arg Gly Ser Thr Asp Ile Thr Ile Gln Gly Gly
705 710 715 720

Asp Asp Val Phe Lys Glu Asn Tyr Val Thr Leu Leu Gly Thr Phe Asp
725 730 735

Glu Cys Tyr Pro Thr Tyr Leu Tyr Gln Lys Ile Asp Glu Ser Lys Leu
740 745 750

Lys Ala Tyr Thr Arg Tyr Glu Leu Arg Gly Tyr Ile Glu Asp Ser Gln
755 760 765

Asp Leu Glu Ile Tyr Leu Ile Arg Tyr Asn Ala Lys His Glu Thr Val
770 775 780

Asn Val Pro Gly Thr Gly Ser Leu Trp Pro Leu Ser Val Glu Ser Pro

785	790	795	800
Ile Gly Lys Cys Gly Glu Pro Asn Arg Cys Thr Pro His Leu Glu Trp	805	810	815
Asn Pro Asn Leu Asp Cys Ser Cys Arg Asp Gly Lys Thr Cys Ala His	820	825	830
His Ser His His Phe Ser Leu Asp Ile Asp Val Gly Cys Thr Asp Leu	835	840	845
Asn Glu Asp Leu Gly Val Trp Val Ile Phe Lys Ile Lys Thr Gln Asp	850	855	860
Gly His Ala Arg Leu Gly Asn Leu Glu Phe Leu Glu Glu Lys Pro Leu	865	870	875
Val Gly Glu Ala Leu Ala Arg Val Lys Arg Ala Glu Lys Lys Trp Arg	885	890	895
Asp Lys Arg Glu Lys Leu Gln Leu Glu Thr Asn Ile Val Tyr Lys Glu	900	905	910
Ala Lys Glu Ala Val Asp Ala Leu Phe Val Asn Ser Gln Tyr Asp Arg	915	920	925
Leu Gln Val Asp Thr Asn Ile Ala Met Ile His Ala Ala Asp Lys Arg	930	935	940
Val His Arg Ile Arg Glu Ala Tyr Leu Pro Glu Leu Ser Val Ile Pro	945	950	955
Gly Val Asn Ala Ala Ile Phe Glu Glu Leu Glu Gly Cys Val Phe Thr	965	970	975
Ala Phe Ser Leu Tyr Asp Ala Arg Asn Val Ile Lys Asn Gly Asp Phe	980	985	990
Asn Asn Gly Leu Ser Cys Trp Asn Val Lys Gly His Val Glu Glu Gln	995	1000	1005

Asn Asp His Arg Ser Val Leu Val Val Pro Glu Trp Glu Ala Glu
1010 1015 1020

Val Ser Gln Glu Val Arg Val Cys Pro Gly Arg Gly Tyr Ile Leu
1025 1030 1035

Arg Val Thr Ala Tyr Lys Glu Gly Tyr Gly Glu Gly Cys Val Thr
1040 1045 1050

Ile His Gly Ile Glu Asn Asn Thr Asp Glu Leu Lys Phe Ser Asn
1055 1060 1065

Cys Val Glu Glu Glu Val Tyr Pro Asn Asn Thr Val Thr Cys Asn
1070 1075 1080

Asp Tyr Pro Ala Asn Gln Glu Glu Tyr Gly Gly Ala Tyr Thr Ser
1085 1090 1095

Arg Asn Arg Gly Tyr Asp Glu Thr Tyr Gly Ser Asn Ser Ser Val
1100 1105 1110

Ser Ala Asp Tyr Ala Ser Val Tyr Glu Glu Lys Ala Tyr Thr Asp
1115 1120 1125

Gly Arg Arg Asp Asn Pro Cys Glu Phe Asn Arg Gly Tyr Gly Asp
1130 1135 1140

Tyr Thr Pro Leu Pro Ala Gly Tyr Val Thr Lys Glu Leu Glu Tyr
1145 1150 1155

Phe Pro Glu Thr Asp Lys Val Trp Ile Glu Ile Gly Glu Thr Glu
1160 1165 1170

Gly Thr Phe Ile Val Asp Ser Val Glu Leu Leu Leu Met Glu Glu
1175 1180 1185

<210> 5
<211> 3564
<212> ADN
<213> Bacillus thuringiensis

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(3564)
<223> Secuencia de ácido nucleico que codifica una proteína pesticida
TIC1425 obtenida de la especie de Bacillus thuringiensis EG10731.

<400> 5

atgaataata atattgaaaa ccaatgcgta ccttacaatt gtttaagtaa tcctgaagaa 60
gtaattttgg atggagaacg gatatcaact ggtaattcat caattgatat ttctctgtca 120
cttgttcaac ttctggtatc taactttgta ccaggcggag gatttttagt agggttaata 180
gattttgtat ggggaatagt aggcccttct ccatgggatg catttctagt gcaaattgaa 240
caattaattc agcaaagaat agaagcatat gctagggctg cagcaatttc taatttagaa 300
ggaataggaa acaatttcaa tatatatgtg gaagcatttc aagaatggga agaagatcct
360
aataatccag caaccaggaa tagagtagtt gatcgctttc gtatactga tgggctactt 420
gaaagggaca ttcttcggt tcgaatttct ggatttgaag tcccccttt atccgtttat 480
gctcaagcgg ccaatctgca tctagctata ttaagagatt ctgtaatttt tggagaaaga 540
tggggattga caacaacaaa tgtcaatgaa aactataata gacaaatcag gcatattgat
600
gaatatgctg atcactgtgc aaatacgtat aatcggggat taaataattt accgaaatct 660
acgtatcaag attggataac atataatcga ttacggagag aattaacatt gactgtatta 720
gatatcgctg ctttctttcc aaactatgac aataggcggg atccaattca gccagttggg 780
caactaaciaa gggaagttaa tacggacca ttaattactt ttaatccca gttacagtct 840
gtagctcaat tacctacttt taacgttatg gaaagcaacg caattagaaa tcctcatttg 900
tttgatatat tgaataatct tacaattttt acggattggg ttagtggttg acgcaacttt 960
tattggggag gacatcgagt aacttctaac tatataggag gaggcaacat aacatctcct
1020
atatatggaa gagaggcgaa ccaggagcct ccaagatctt ttacttttaa tggacctgtt 1080
ttaggactt tatcaaatcc tactttacga ttattacagc aacctggcc agcaccacca 1140
ttaatttac gtggtgttga aggagtagaa tttctacac ctacaaatag ctttacgtat 1200
cgaggaagag gtacagttga ttctttaacc gaattaccgc ctgaggataa tagtgtgcta 1260
cctcgcgagg gatatagtca tcgtttatgt catgcaactt ttgtcaaag atctggaaca 1320
ccatttttaa caacgggtgt agtattttct tggacgcac gcagtgcac tcttaciaat 1380

acaattgac cagacaaaat tactcagata cctttagtga aaggatttag agtttggagt 1440
ggcgctctg tcgttacagg accaggtttt acaggagggg atatccttcg aagaactaac
1500
tttggggatt ttgtatctat gcaagttaat attaattcac caataacaca aagataccgt 1560
ttaagatttc gttatgcttc cagtagagat gcacgactta cagtagcgac aggagcagca
1620
aacacaggag ttggagggca aattagtgtg gacatggctc ttcagaaaac tatggaaatt
1680
ggagagagct taacatctag aacatttaga tataccgatt ttagtaatcc ttttcattt 1740
agagctaadc cagatataat tcgtataaat gaacaaccac tattcgggtgc aggctctatt 1800
agtagtggtg aactttatat agataaaaatt gaaattattc tagcagatgc aacatttgaa 1860
gcagaatatg atttggaag agcacagaag gcggtgaatg cgctgtttac ttctacaaac
1920
caaagaggat taaaaacaga tgtgacggat tatcatattg atcaagtadc caatttagtt 1980
gagtgtttat cggatgaatt ttgtctggat gaaaaacgag aattgtccga gaaagtcaaa 2040
catgcgaagc gactcagtga tgagcgaaat ttactccagg atcgaaattt cacatccatt
2100
aatgggcaac tagaccgtgg ctggagagga agtacggata ttaccatcca aggaggagat
2160
gacgtattca aagagaatta cgtcacacta ctgggtacct ttgatgagtg ctatccaacg 2220
tatttatadc aaaaaataga tgagtcgaaa ttaaagcct ataccgcta tgaattaaga 2280
gggtatatcg aggatagtca agacttagaa atctatttaa ttcgctacaa tgcaaaacac 2340
gaaacagtaa atgtgccagg tacaggttcc ttatggccgc ttcagtcga aagtccaatc
2400
ggaaagtgtg gagaaccgaa tcgatgcaca ccacaccttg aatggaatcc taatctagat
2460
tgttctgca gagacgggaa aacatgtgca catcattctc atcatttctc cttggacatt 2520
gatgttggat gtacagactt aaatgaagat ctaggtgtat ggggtgatatt caagattaag 2580
acgcaagatg gtcatgcaag actaggaaat ctagagtffc tcgaagagaa accattagta
2640
ggagaagcgt tagctcgtgt gaaaagagcg gagaaaaaat ggagagacaa acgcgaaaaa
2700
ttgcaattag aaacaaatat cgtttacaaa gaggcaaaag aagctgtgga tgctttattt 2760

gtaaactctc aatatgatag attacaagtg gatacgaaca ttgccatgat tcatgcggca 2820
gataaacgcg tcatagaat ccgagaagcg tatcttccag agttatctgt gattccgggt 2880
gtcaatgcgg ctattttcga agaattagaa ggggtgtattt tcaactgcatt ctccctatat 2940
gatgcgagaa atgtcattaa aaatggcgat ttaataatg gcttatcatg ctggaacgtg 3000
aaagggcatg tagaagaaca aaacgaccat cgttcgggtcc ttgtgtccc ggaatgggaa
3060
gcagaagtgt cacaagaggt tcgtgtctgt ccagggtcgtg gctatatacct tcgtgttaca 3120
gcatacaaag agggatatgg agaaggctgt gtaaccattc atgggatcga gaacaataca
3180
gacgaactga agtttagcaa ctgcgtagaa gaggaagtct atccaaacaa cacggtaacg
3240
tgtaatgatt atcctgcaaa tcaagaagaa tacggggggtg cgtacacttc tcgtaatcgt 3300
ggatatgacg aaacttatgg aagcaattct tccgtatcag ctgattatgc gtcagtttat 3360
gaagaaaaag cgtatacaga tggacgaaga gacaatccat gtgaatttaa cagagggtat
3420
ggggattata cgccactacc agctggctat gtaacaaaag aattagaata ctccccagaa
3480
accgataagg tatggattga gattggagaa acggaaggaa cattcatcgt ggacagtgtg
3540
gaattactcc ttatggagga ataa 3564

<210> 6
<211> 1187
<212> PRT
<213> Bacillus thuringiensis

<220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (1)..(1187)
<223> La secuencia de aminoácidos de la proteína pesticida TIC1425.

<400> 6

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

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

Ser Ser Ile Asp Ile Ser Leu Ser Leu Val Gln Leu Leu Val Ser Asn
35 40 45

Phe Val Pro Gly Gly Gly Phe Leu Val Gly Leu Ile Asp Phe Val Trp
50 55 60

Gly Ile Val Gly Pro Ser Pro Trp Asp Ala Phe Leu Val Gln Ile Glu
65 70 75 80

Gln Leu Ile Gln Gln Arg Ile Glu Ala Tyr Ala Arg Ala Ala Ala Ile
85 90 95

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

Phe Gln Glu Trp Glu Glu Asp Pro Asn Asn Pro Ala Thr Arg Asn Arg
115 120 125

Val Val Asp Arg Phe Arg Ile Leu Asp Gly Leu Leu Glu Arg Asp Ile
130 135 140

Pro Ser Phe Arg Ile Ser Gly Phe Glu Val Pro Leu Leu Ser Val Tyr
145 150 155 160

Ala Gln Ala Ala Asn Leu His Leu Ala Ile Leu Arg Asp Ser Val Ile
165 170 175

Phe Gly Glu Arg Trp Gly Leu Thr Thr Thr Asn Val Asn Glu Asn Tyr
180 185 190

Asn Arg Gln Ile Arg His Ile Asp Glu Tyr Ala Asp His Cys Ala Asn
195 200 205

Thr Tyr Asn Arg Gly Leu Asn Asn Leu Pro Lys Ser Thr Tyr Gln Asp
210 215 220

Trp Ile Thr Tyr Asn Arg Leu Arg Arg Glu Leu Thr Leu Thr Val Leu
225 230 235 240

Asp Ile Ala Ala Phe Phe Pro Asn Tyr Asp Asn Arg Arg Tyr Pro Ile

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

Asp Lys Ile Thr Gln Ile Pro Leu Val Lys Gly Phe Arg Val Trp Ser
465 470 475 480

Gly Ala Ser Val Val Thr Gly Pro Gly Phe Thr Gly Gly Asp Ile Leu
485 490 495

Arg Arg Thr Asn Phe Gly Asp Phe Val Ser Met Gln Val Asn Ile Asn
500 505 510

Ser Pro Ile Thr Gln Arg Tyr Arg Leu Arg Phe Arg Tyr Ala Ser Ser
515 520 525

Arg Asp Ala Arg Leu Thr Val Ala Thr Gly Ala Ala Asn Thr Gly Val
530 535 540

Gly Gly Gln Ile Ser Val Asp Met Ala Leu Gln Lys Thr Met Glu Ile
545 550 555 560

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

Pro Phe Ser Phe Arg Ala Asn Pro Asp Ile Ile Arg Ile Asn Glu Gln
580 585 590

Pro Leu Phe Gly Ala Gly Ser Ile Ser Ser Gly Glu Leu Tyr Ile Asp
595 600 605

Lys Ile Glu Ile Ile Leu Ala Asp Ala Thr Phe Glu Ala Glu Tyr Asp
610 615 620

Leu Glu Arg Ala Gln Lys Ala Val Asn Ala Leu Phe Thr Ser Thr Asn
625 630 635 640

Gln Arg Gly Leu Lys Thr Asp Val Thr Asp Tyr His Ile Asp Gln Val
645 650 655

Ser Asn Leu Val Glu Cys Leu Ser Asp Glu Phe Cys Leu Asp Glu Lys
660 665 670

Arg Glu Leu Ser Glu Lys Val Lys His Ala Lys Arg Leu Ser Asp Glu
675 680 685

Arg Asn Leu Leu Gln Asp Arg Asn Phe Thr Ser Ile Asn Gly Gln Leu
690 695 700

Asp Arg Gly Trp Arg Gly Ser Thr Asp Ile Thr Ile Gln Gly Gly Asp
705 710 715 720

Asp Val Phe Lys Glu Asn Tyr Val Thr Leu Leu Gly Thr Phe Asp Glu
725 730 735

Cys Tyr Pro Thr Tyr Leu Tyr Gln Lys Ile Asp Glu Ser Lys Leu Lys
740 745 750

Ala Tyr Thr Arg Tyr Glu Leu Arg Gly Tyr Ile Glu Asp Ser Gln Asp
755 760 765

Leu Glu Ile Tyr Leu Ile Arg Tyr Asn Ala Lys His Glu Thr Val Asn
770 775 780

Val Pro Gly Thr Gly Ser Leu Trp Pro Leu Ser Val Glu Ser Pro Ile
785 790 795 800

Gly Lys Cys Gly Glu Pro Asn Arg Cys Thr Pro His Leu Glu Trp Asn
805 810 815

Pro Asn Leu Asp Cys Ser Cys Arg Asp Gly Lys Thr Cys Ala His His
820 825 830

Ser His His Phe Ser Leu Asp Ile Asp Val Gly Cys Thr Asp Leu Asn
835 840 845

Glu Asp Leu Gly Val Trp Val Ile Phe Lys Ile Lys Thr Gln Asp Gly
850 855 860

His Ala Arg Leu Gly Asn Leu Glu Phe Leu Glu Glu Lys Pro Leu Val
865 870 875 880

Gly Glu Ala Leu Ala Arg Val Lys Arg Ala Glu Lys Lys Trp Arg Asp
885 890 895

Lys Arg Glu Lys Leu Gln Leu Glu Thr Asn Ile Val Tyr Lys Glu Ala
900 905 910

Lys Glu Ala Val Asp Ala Leu Phe Val Asn Ser Gln Tyr Asp Arg Leu
915 920 925

Gln Val Asp Thr Asn Ile Ala Met Ile His Ala Ala Asp Lys Arg Val
930 935 940

His Arg Ile Arg Glu Ala Tyr Leu Pro Glu Leu Ser Val Ile Pro Gly
945 950 955 960

Val Asn Ala Ala Ile Phe Glu Glu Leu Glu Gly Cys Ile Phe Thr Ala
965 970 975

Phe Ser Leu Tyr Asp Ala Arg Asn Val Ile Lys Asn Gly Asp Phe Asn
980 985 990

Asn Gly Leu Ser Cys Trp Asn Val Lys Gly His Val Glu Glu Gln Asn
995 1000 1005

Asp His Arg Ser Val Leu Val Val Pro Glu Trp Glu Ala Glu Val
1010 1015 1020

Ser Gln Glu Val Arg Val Cys Pro Gly Arg Gly Tyr Ile Leu Arg
1025 1030 1035

Val Thr Ala Tyr Lys Glu Gly Tyr Gly Glu Gly Cys Val Thr Ile
1040 1045 1050

His Gly Ile Glu Asn Asn Thr Asp Glu Leu Lys Phe Ser Asn Cys
1055 1060 1065

Val Glu Glu Glu Val Tyr Pro Asn Asn Thr Val Thr Cys Asn Asp
1070 1075 1080

Tyr Pro Ala Asn Gln Glu Glu Tyr Gly Gly Ala Tyr Thr Ser Arg
1085 1090 1095

Asn Arg Gly Tyr Asp Glu Thr Tyr Gly Ser Asn Ser Ser Val Ser
1100 1105 1110

Ala Asp Tyr Ala Ser Val Tyr Glu Glu Lys Ala Tyr Thr Asp Gly

1115	1120	1125
Arg Arg Asp Asn Pro Cys Glu	Phe Asn Arg Gly Tyr	Gly Asp Tyr
1130	1135	1140
Thr Pro Leu Pro Ala Gly Tyr	Val Thr Lys Glu Leu	Glu Tyr Phe
1145	1150	1155
Pro Glu Thr Asp Lys Val Trp	Ile Glu Ile Gly Glu	Thr Glu Gly
1160	1165	1170
Thr Phe Ile Val Asp Ser Val	Glu Leu Leu Leu Met	Glu Glu
1175	1180	1185
<210> 7		
<211> 3537		
<212> ADN		
<213> Bacillus thuringiensis		
<220>		
<221> misc_feature		
<222> (1)..(3537)		
<223> Secuencia de ácido nucleico que codifica una proteína pesticida TIC2613 obtenida de la especie de Bacillus thuringiensis EG5408.		
<400> 7		
atggataaca atatcaagaa ccaatgcatt ccttacaatt gtttaaatga tcctgaggta		60
gaaatattag gtgaagaggg gataactact agtaatgaaa atctcgaatt tttcttatcg		120
ctaacgaaat ttgtcttgaa taggtttgtc cctggtggag catatgtagc tggcctattt		180
gatgtattct ggggatgggt aaaaccttct gattgggtctg caatccttga acaaattgaa		240
gaattaatta accaaaaaat tgagacgttt gctagaaatc aagcaattag tagattggaa		300
gggttaagca acctttatga aatttacgca gatactttta aagaatggga aaaagatccg		360
actaatccag cattaagaga agaaatgcgt acacaattta atgacatgaa cagctctttt		420
gtaacagcta tgcctctttt ttcagttcaa aattttgaag ttctctttt agcagtatac		480
gctcaagctg caaatttaca tctatcagtt ttaagggatg tctcagtttt tgggtcaaaat		540
tggggatttg attcagccac tgtcaatagt cgttataatg atttagtaag aaatattcgt		600
acctatacaa attatgtcgt acgttggtat aacacaggat tagcaagggtt acgagggtact		660
acgtaccaag attgggttaa ttatcatcgc tttagaagag aattaacaat aactgcattg		720

gatatcatta ccatattccc acactacgat aataaaatgt atccaattca accccatttt 780
caattaacaa gagagattta tacggatcca ctaattaatt tcaatccggc gttacagtct 840
gtagcacaat tacctctatt taatgagatg gaaaatagta caattagaag ccctcattta 900
gttgattttt taaataggct tacaatttat acagattggg atagtctcgg aagacactat 960
tattggggag gacatcaa atgtctctaga caaacaggat caacttccac tattacattc 1020
cctatatatg gaagagaggc gaatcaagag gcccctagaa catataattt tagtcaacct
1080
gtctttagaa cactgtcaaa tcttacttta acacgtttta tgcaaccttg gccagcccca 1140
gcatttcagt tgcgtcgtct tgagggagtt gaatttcaaa caactacagg taattttacg 1200
tatcgaggaa gaggtacggg agattccttt gatgaattac caccagatga tacaagcgta
1260
ccagcgcgtg aaggatatag tcatcgttta tgtcatgcaa catttatcag aaaatctggg 1320
acgccgtatt taacaacggg tgtaacacta tcttggacac acaatagcaa tacacctacg
1380
aatataattt atcctgataa aatcactcaa gtaccattgg tgaaagcatc taaccttcat 1440
tctagtgcct tcgttttaaa aggaccagga ttacaggag gggacatact tggaagaact 1500
agtgtgggca acatagcaga tatccaaatg aatattactg caccgttatc acaaagatat
1560
cgcgtacgaa ttcggtatgc ctctactaca aacttacaat tcatatcgac aattaacggc 1620
agggccgtaa atcaggctaa tttcccagca actatgaata gagtagaaga cttagaatat
1680
aattccttta gaacgataag ttcggtact ccttttaact ttttagatgc tcaaagtacc 1740
ttcaggttag gtgtatggag cttttcttca ggtaccgttt taatagatag aattgaagtt 1800
gtaccaatgg aagtaacatt tgaagcagaa tctgatttag aaagagcaca aaaggcggg
1860
aacgctctgt ttacttctat aaatcaaaaa ggactaaaaa cagatgtaac agattatcac 1920
attgatcaag tatccaattt ggtcgaatgt ctatccgatg aattttgtct agatgaaaag 1980
agagaactat ttgagaaagt caaatatgag aaacgactca gtgacgaacg gaatttactt
2040
gcagatccaa atttcacatc tattaatggg caactagatc gtggatggag aggaagtacg
2100

gatattacca ttcaaggggg cgatgacgta ttcaaagaaa actacgtcac actatcaggt
2160

acccttgatg agtggtatcc aacctattta tatcaaaaaa tagacgaatc gaaattaaaa 2220

gcgtataccc gttacgagtt acgaggatat atcgaagata gtcaagattt agaagtatac
2280

ttgattcggtt acaataccaa acatgaaaca ttgaatgtac caggtacagg gggcctatgg
2340

ccgcttgacg tagaaagttc aatcggaggg tgtggcgaac caaacgatg cgcaccacaa
2400

atggaatggg atccaaatct agaatgttct tgtagcgacg aggagaaatg tgcgcatcat
2460

tcccatcatt tctctctcga tattgatgtt ggatgtactg atttaaataa aaatctaggt 2520

atatgggtta tatttaaaat taaaacgcag aacggttatg caaaattagg aaatttagag 2580

tttctcgaag agaaaccatt aataggggaa gcgttagctc gtgttaagcg agtggagaaa
2640

aatggaaag acaaacgtga aaaattagaa ttgaaacga atatagtcta caacgaggca
2700

aaagaagctg tggatgcact attcgtaaata tcacaatatg atagattgca agctgataca
2760

aatatcgcaa tgattcatgc ggcggataac aaagttcata aaattcgca ggcgtacctc
2820

ccagagttat ctgtgatacc aggtgtaaat gcgaccgttt ttgaagaatt agaagagcgt 2880

atttttacag cattctccct ttacgatgca agaaatgtga taaaaaatgg ggatttcaat 2940

aatggattat ctgttgga tgtgaagggc caagtagatg tagacaaaaa tgaccatcgt
3000

tctgtccttg ttattccagg atgggaatcg gaagtatcac aagaagttca tgtatgtcca 3060

gatcgtggat acattcttcg tgttacggcg tacaagaag gatattggaga aggctgcgta
3120

acaatccatg agattgataa tcatacagac gaactgaaat taaaaactg ctttgaagag
3180

gaagtatctc taaataatgc ggtgacatgt gatgagtata ctacaaatca agaagtagga
3240

gggtatgcgg atgtacgtca atccaataat cgtggatcta atgaggccta tgtaaatacct 3300

acttccacat caactgatta tgcacgctc tacgaggaag agtcgtatac gaatgaacag
3360

acataataatt cttgtgaatc taacagaggg tatggtaatc aaatgccatt accgtctggc 3420
tatgtgacaa aagaattaga atattttcca gagacagata aagtatggat tgagattgga
3480
gaaacagaag gaacattcat cgtagacagt gtggaattac tccttatgga ggaataa
3537

<210> 8
<211> 1178
<212> PRT
<213> Bacillus thuringiensis

<220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (1)..(1178)
<223> La secuencia de aminoácidos de la proteína pesticida TIC2613.

<400> 8

Met Asp Asn Asn Ile Lys Asn Gln Cys Ile Pro Tyr Asn Cys Leu Asn
1 5 10 15

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

Glu Asn Leu Glu Phe Phe Leu Ser Leu Thr Lys Phe Val Leu Asn Arg
35 40 45

Phe Val Pro Gly Gly Ala Tyr Val Ala Gly Leu Phe Asp Val Phe Trp
50 55 60

Gly Trp Leu Lys Pro Ser Asp Trp Ser Ala Ile Leu Glu Gln Ile Glu
65 70 75 80

Glu Leu Ile Asn Gln Lys Ile Glu Thr Phe Ala Arg Asn Gln Ala Ile
85 90 95

Ser Arg Leu Glu Gly Leu Ser Asn Leu Tyr Glu Ile Tyr Ala Asp Thr
100 105 110

Phe Lys Glu Trp Glu Lys Asp Pro Thr Asn Pro Ala Leu Arg Glu Glu
115 120 125

Met Arg Thr Gln Phe Asn Asp Met Asn Ser Ser Phe Val Thr Ala Met
130 135 140

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

Ala Gln Ala Ala Asn Leu His Leu Ser Val Leu Arg Asp Val Ser Val
165 170 175

Phe Gly Gln Asn Trp Gly Phe Asp Ser Ala Thr Val Asn Ser Arg Tyr
180 185 190

Asn Asp Leu Val Arg Asn Ile Arg Thr Tyr Thr Asn Tyr Val Val Arg
195 200 205

Trp Tyr Asn Thr Gly Leu Ala Arg Leu Arg Gly Thr Thr Tyr Gln Asp
210 215 220

Trp Leu Asn Tyr His Arg Phe Arg Arg Glu Leu Thr Ile Thr Ala Leu
225 230 235 240

Asp Ile Ile Thr Ile Phe Pro His Tyr Asp Asn Lys Met Tyr Pro Ile
245 250 255

Gln Pro His Phe Gln Leu Thr Arg Glu Ile Tyr Thr Asp Pro Leu Ile
260 265 270

Asn Phe Asn Pro Ala Leu Gln Ser Val Ala Gln Leu Pro Leu Phe Asn
275 280 285

Glu Met Glu Asn Ser Thr Ile Arg Ser Pro His Leu Val Asp Phe Leu
290 295 300

Asn Arg Leu Thr Ile Tyr Thr Asp Trp Tyr Ser Leu Gly Arg His Tyr
305 310 315 320

Tyr Trp Gly Gly His Gln Ile Val Ser Arg Gln Thr Gly Ser Thr Ser
325 330 335

Thr Ile Thr Phe Pro Ile Tyr Gly Arg Glu Ala Asn Gln Glu Ala Pro
340 345 350

Arg Thr Tyr Asn Phe Ser Gln Pro Val Phe Arg Thr Leu Ser Asn Pro
355 360 365

Thr Leu Thr Arg Leu Met Gln Pro Trp Pro Ala Pro Ala Phe Gln Leu
370 375 380

Arg Arg Leu Glu Gly Val Glu Phe Gln Thr Thr Thr Gly Asn Phe Thr
385 390 395 400

Tyr Arg Gly Arg Gly Thr Val Asp Ser Phe Asp Glu Leu Pro Pro Asp
405 410 415

Asp Thr Ser Val Pro Ala Arg Glu Gly Tyr Ser His Arg Leu Cys His
420 425 430

Ala Thr Phe Ile Arg Lys Ser Gly Thr Pro Tyr Leu Thr Thr Gly Val
435 440 445

Thr Leu Ser Trp Thr His Asn Ser Asn Thr Pro Thr Asn Ile Ile Tyr
450 455 460

Pro Asp Lys Ile Thr Gln Val Pro Leu Val Lys Ala Ser Asn Leu His
465 470 475 480

Ser Ser Ala Phe Val Leu Lys Gly Pro Gly Phe Thr Gly Gly Asp Ile
485 490 495

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

Thr Ala Pro Leu Ser Gln Arg Tyr Arg Val Arg Ile Arg Tyr Ala Ser
515 520 525

Thr Thr Asn Leu Gln Phe His Thr Thr Ile Asn Gly Arg Ala Val Asn
530 535 540

Gln Ala Asn Phe Pro Ala Thr Met Asn Arg Val Glu Asp Leu Glu Tyr
545 550 555 560

Asn Ser Phe Arg Thr Ile Ser Phe Gly Thr Pro Phe Asn Phe Leu Asp
565 570 575

Ala Gln Ser Thr Phe Arg Leu Gly Val Trp Ser Phe Ser Ser Gly Thr
580 585 590

Val Leu Ile Asp Arg Ile Glu Val Val Pro Met Glu Val Thr Phe Glu
595 600 605

Ala Glu Ser Asp Leu Glu Arg Ala Gln Lys Ala Val Asn Ala Leu Phe
610 615 620

Thr Ser Ile Asn Gln Lys Gly Leu Lys Thr Asp Val Thr Asp Tyr His
625 630 635 640

Ile Asp Gln Val Ser Asn Leu Val Glu Cys Leu Ser Asp Glu Phe Cys
645 650 655

Leu Asp Glu Lys Arg Glu Leu Phe Glu Lys Val Lys Tyr Ala Lys Arg
660 665 670

Leu Ser Asp Glu Arg Asn Leu Leu Ala Asp Pro Asn Phe Thr Ser Ile
675 680 685

Asn Gly Gln Leu Asp Arg Gly Trp Arg Gly Ser Thr Asp Ile Thr Ile
690 695 700

Gln Gly Gly Asp Asp Val Phe Lys Glu Asn Tyr Val Thr Leu Ser Gly
705 710 715 720

Thr Leu Asp Glu Cys Tyr Pro Thr Tyr Leu Tyr Gln Lys Ile Asp Glu
725 730 735

Ser Lys Leu Lys Ala Tyr Thr Arg Tyr Glu Leu Arg Gly Tyr Ile Glu
740 745 750

Asp Ser Gln Asp Leu Glu Val Tyr Leu Ile Arg Tyr Asn Thr Lys His
755 760 765

Glu Thr Leu Asn Val Pro Gly Thr Gly Gly Leu Trp Pro Leu Ala Val
770 775 780

Glu Ser Ser Ile Gly Gly Cys Gly Glu Pro Asn Arg Cys Ala Pro Gln

785	790	795	800
Met Glu Trp Asp Pro Asn Leu Glu Cys Ser Cys Ser Asp Glu Glu Lys	805	810	815
Cys Ala His His Ser His His Phe Ser Leu Asp Ile Asp Val Gly Cys	820	825	830
Thr Asp Leu Asn Glu Asn Leu Gly Ile Trp Val Ile Phe Lys Ile Lys	835	840	845
Thr Gln Asn Gly Tyr Ala Lys Leu Gly Asn Leu Glu Phe Leu Glu Glu	850	855	860
Lys Pro Leu Ile Gly Glu Ala Leu Ala Arg Val Lys Arg Val Glu Lys	865	870	875
Lys Trp Lys Asp Lys Arg Glu Lys Leu Glu Phe Glu Thr Asn Ile Val	885	890	895
Tyr Asn Glu Ala Lys Glu Ala Val Asp Ala Leu Phe Val Asn Ser Gln	900	905	910
Tyr Asp Arg Leu Gln Ala Asp Thr Asn Ile Ala Met Ile His Ala Ala	915	920	925
Asp Asn Lys Val His Lys Ile Arg Glu Ala Tyr Leu Pro Glu Leu Ser	930	935	940
Val Ile Pro Gly Val Asn Ala Thr Val Phe Glu Glu Leu Glu Glu Arg	945	950	955
Ile Phe Thr Ala Phe Ser Leu Tyr Asp Ala Arg Asn Val Ile Lys Asn	965	970	975
Gly Asp Phe Asn Asn Gly Leu Ser Cys Trp Asn Val Lys Gly Gln Val	980	985	990
Asp Val Asp Gln Asn Asp His Arg Ser Val Leu Val Ile Pro Gly Trp	995	1000	1005

1010

1015

1020

1025

1030

1035

1040

1045

1050

1055

1060

1065

1070

1075

1080

1085

1090

1095

1100

1105

1110

1115

1120

1125

1130

1135

1140

1145

1150

1155

1160

1165

1170

1175

$$211 > 3540$$

213> Artifici

2.2.2. *Phylogenetic analysis*

<223> Una secuencia de codificación sintética que codifica una proteína
 pesticida
 TIC2613PL diseñada para la expresión en una célula vegetal donde
 un codón
 de alanina adicional se inserta inmediatamente después del codón de
 metionina de inicio.

<400> 9

```

atggctgaca acaacatcaa gaaccagtgc atcccgtaca actgcctcaa cgacccggag
60

gtcgagatcc tcggcgagga gggcataacg acgagcaacg agaacctga gttcttcctc
120

agcctcacga agttcgtcct gaaccgcttc gtgccggggcg gagcctacgt ggctggcctg
180

ttcgatgtgt tctggggatg gctcaagcca agcgactggg cgcgattct ggagcagatc    240

gaggaactca tcaaccagaa gatcgagaca ttgcccgcga accaggccat cagccgcctg
300

gagggcctct cgaacctcta cgaaatctac gccgatacgt tcaaggagtg ggagaaggat
360

ccgacgaacc cggccttgcg cgaggagatg aggacgcaat tcaacgacat gaactccagc
420

ttcgtcaccg ccatgccgct gttctccgtc cagaacttcg aggtgccctt gctcgccgtg    480

tacgcgcaag ctgcgaactt acatcttagc gtctccgcg acgtcagcgt cttcggccag    540

aactggggat tcgattccgc gacgggtgaac tcacggtaca atgatctcgt gcggaacatc
600

cggacctaca ccaattacgt cgtgcgctgg tacaacacgg gattggcgcg tctgcgcggc
660

actacctacc aggactggct caactaccac cggttccgcc gcgaactcac aatcacagcg
720

ctggacatca ttaccatctt cccgcactac gacaacaaga tgtaccaat ccagcctcac
780

ttccagctta cccgtgagat ctacacggac ccgctcatca acttcaatcc cgcactgcaa    840

tcagtagccc aattgccact cttaacgag atggagaact cgacaatccg aagccctcac
900

ctcgtggact tcctcaaccg cctgaccatc tacacggatt ggtactctct tggtcggcac    960

tactattggg gcgggcacca aatcgtgtcc aggcagaccg gctctacctc taccataacc
1020
    
```

ttcccgatct atggccggga ggccaaccag gaggctccga ggacttaca cttcagtcag
1080

ccagtgttcc gcacactctc caacccgact ctactcgtt tgatgcagcc ctggcccgt 1140

cccgcgttcc agctcagaag attggagggc gtggagttcc aaacaacgac gggcaacttc
1200

acctaccgtg gccgtgggac ggtggacagt ttcgacgagt tgcctccgga cgacaccagc
1260

gtgcctgcaa gggaaggcta ctgcacagg ctgtgccacg cgacgttcat ccgcaagtct
1320

gggacaccct acctgacaac cggcgtcact ctctcctgga ccacaacag caacacaccc
1380

accaacataa tctaccctga caagataaca caagtgccgc tgggaaggc ttcgaacctc
1440

cattcctccg ccttcgtcct caaggggtccg ggcttcaccg gcggcgacat cctgggtcgc
1500

acgtcgggtc gcaacatcgc ggacattcag atgaacatta ccgcacctct gtcccagcgc
1560

tacagagtgc gtatccgcta cgcgagtacg accaacctcc aattccacac tacgatcaat
1620

gggagggcgg ttaatcaggc caacttcccg gccacgatga accgggtcga agacctggag
1680

tacaactcgt ttcggaccat ctcttcggc acgccgttca acttcctaga cgcccagtca 1740

accttccggc tgggagtttg gagcttcagc agcggcacag tcctcatcga ccgaatagag
1800

gtggttccga tggaggtcac gttcgaggcg gagtcggacc tggagcgagc gcagaaggct
1860

gtaaatgcgt tgttcacgag cattaaccag aagggcctca agaccgatgt cacagactac
1920

cacatcgacc aagtgtcgaa cctggtggag tgtctgtcgg atgagttctg tcttgacgag 1980

aagcgggagc tgttcgagaa ggtgaagtat gctaagcggc tgagcgacga gcggaacttg
2040

ttggctgacc cgaacttcac cagcatcaac ggacagctcg accgtgggtg gcgaggttcc
2100

accgacatca cgatacaggc cggagacgat gtgttcaagg agaactatgt gaccctctca
2160

ggaacactgg atgagtgcta cccgacctat ctctaccaga agatcgacga gagcaagctc
2220

aaggcttaca cgcgctacga actccgtggc tacatcgaag actcccagga tcttgagggtg
2280

tacctcatat gctacaacac aaagcacgag acgctcaacg ttcttggcac cgggtggtctt
2340

tggcccttgg ccgtaggagag tagcatcggc ggggtgcgggtg agccaaaccg atgcgcgccca
2400

cagatggaat gggatccgaa cctagagtgc tcttgcctcag acgaggagaa gtgcgcccac
2460

cactcccacc acttctcgct cgacattgac gttgggtgca cggatctcaa cgagaacctta
2520

ggaatctggg tgatcttcaa gattaagacc cagaacggct acgccaagct cgggaatctg
2580

gagtttcttg aggagaagcc gctgatcggc gagggccctcg cgcgcgtgaa gcgagtcgag
2640

aagaagtgga aagacaagcg ggagaagcta gagtttgaaa cgaacattgt ttacaacgag
2700

gcaaaggaag ccgtaggacgc tctgttcgta aacagtcagt acgaccgtct ccaggccgac
2760

acgaacatcg caatgataca cgcggcggat aacaagggtgc acaagattcg ggaggcttac
2820

ctgcccgagc tgtcgggtcat cccaggcgta aacgctaccg tgttcgagga gctggaggaa
2880

cggatcttca ccgcgttctc cctctatgac gcaaggaacg tcatcaagaa cggcgacttc
2940

aacaacggcc tgagctgctg gaacgtgaag ggccaagtgg acgtcgatca gaacgatcac
3000

cgctccgttc tggtcattcc aggggtgggag tccgagggtga gccaaagggt ccatgtgtgc
3060

ccggaccgtg gctacatcct tcgggtgacc gcgtacaagg agggctacgg cgaaggctgc
3120

gtgaccatac acgagatcga caaccacacc gacgagctta agttcaagaa ctgcttcgag
3180

gaggaggtgt cactgaacaa cgccgtgacc tgcgacgagt acacgaccaa tcaggaggtc
3240

ggcggctacg ccgacgtccg ccagtcgaac aatcgaggca gcaacgaggc gtacgtgaac
3300

ccaacctcca cctcgacgga ctacgccagc ctctacgagg aggagtccta cacaacgag
3360

cagacctaca actcgtgcga gagcaaccga ggttacggga accagatgcc gctaccgtcc
3420

gggtacgtga cgaaggagct ggagtatttc ccagagaccg acaaggtgtg gatcgagatc
3480

ggcgagacag agggcacgtt catcgtggac agcgtcgagc tgctgttgat ggaggagtga
3540

<210> 10
<211> 1179
<212> PRT
<213> Artificial

<220>
<223> La secuencia de aminoácidos de TIC2613PL codificada por una
secuencia
codificante sintética diseñada para la expresión en una célula vegetal
(SEQ ID
NO:9), y en donde un aminoácido de alanina adicional se inserta
inmediatamente después de la metionina de inicio.

<400> 10

Met Ala Asp Asn Asn Ile Lys Asn Gln Cys Ile Pro Tyr Asn Cys Leu
1 5 10 15

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

Asn Glu Asn Leu Glu Phe Phe Leu Ser Leu Thr Lys Phe Val Leu Asn
35 40 45

Arg Phe Val Pro Gly Gly Ala Tyr Val Ala Gly Leu Phe Asp Val Phe
50 55 60

Trp Gly Trp Leu Lys Pro Ser Asp Trp Ser Ala Ile Leu Glu Gln Ile
65 70 75 80

Glu Glu Leu Ile Asn Gln Lys Ile Glu Thr Phe Ala Arg Asn Gln Ala
85 90 95

Ile Ser Arg Leu Glu Gly Leu Ser Asn Leu Tyr Glu Ile Tyr Ala Asp
100 105 110

Thr Phe Lys Glu Trp Glu Lys Asp Pro Thr Asn Pro Ala Leu Arg Glu
115 120 125

Glu Met Arg Thr Gln Phe Asn Asp Met Asn Ser Ser Phe Val Thr Ala
130 135 140

Met Pro Leu Phe Ser Val Gln Asn Phe Glu Val Pro Leu Leu Ala Val
145 150 155 160

Tyr Ala Gln Ala Ala Asn Leu His Leu Ser Val Leu Arg Asp Val Ser
165 170 175

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

Tyr Asn Asp Leu Val Arg Asn Ile Arg Thr Tyr Thr Asn Tyr Val Val
195 200 205

Arg Trp Tyr Asn Thr Gly Leu Ala Arg Leu Arg Gly Thr Thr Tyr Gln
210 215 220

Asp Trp Leu Asn Tyr His Arg Phe Arg Arg Glu Leu Thr Ile Thr Ala
225 230 235 240

Leu Asp Ile Ile Thr Ile Phe Pro His Tyr Asp Asn Lys Met Tyr Pro
245 250 255

Ile Gln Pro His Phe Gln Leu Thr Arg Glu Ile Tyr Thr Asp Pro Leu
260 265 270

Ile Asn Phe Asn Pro Ala Leu Gln Ser Val Ala Gln Leu Pro Leu Phe
275 280 285

Asn Glu Met Glu Asn Ser Thr Ile Arg Ser Pro His Leu Val Asp Phe
290 295 300

Leu Asn Arg Leu Thr Ile Tyr Thr Asp Trp Tyr Ser Leu Gly Arg His
305 310 315 320

Tyr Tyr Trp Gly Gly His Gln Ile Val Ser Arg Gln Thr Gly Ser Thr
325 330 335

Ser Thr Ile Thr Phe Pro Ile Tyr Gly Arg Glu Ala Asn Gln Glu Ala
340 345 350

Pro Arg Thr Tyr Asn Phe Ser Gln Pro Val Phe Arg Thr Leu Ser Asn
355 360 365

Pro Thr Leu Thr Arg Leu Met Gln Pro Trp Pro Ala Pro Ala Phe Gln
370 375 380

Leu Arg Arg Leu Glu Gly Val Glu Phe Gln Thr Thr Thr Gly Asn Phe
385 390 395 400

Thr Tyr Arg Gly Arg Gly Thr Val Asp Ser Phe Asp Glu Leu Pro Pro
405 410 415

Asp Asp Thr Ser Val Pro Ala Arg Glu Gly Tyr Ser His Arg Leu Cys
420 425 430

His Ala Thr Phe Ile Arg Lys Ser Gly Thr Pro Tyr Leu Thr Thr Gly
435 440 445

Val Thr Leu Ser Trp Thr His Asn Ser Asn Thr Pro Thr Asn Ile Ile
450 455 460

Tyr Pro Asp Lys Ile Thr Gln Val Pro Leu Val Lys Ala Ser Asn Leu
465 470 475 480

His Ser Ser Ala Phe Val Leu Lys Gly Pro Gly Phe Thr Gly Gly Asp
485 490 495

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

Ile Thr Ala Pro Leu Ser Gln Arg Tyr Arg Val Arg Ile Arg Tyr Ala
515 520 525

Ser Thr Thr Asn Leu Gln Phe His Thr Thr Ile Asn Gly Arg Ala Val
530 535 540

Asn Gln Ala Asn Phe Pro Ala Thr Met Asn Arg Val Glu Asp Leu Glu
545 550 555 560

Tyr Asn Ser Phe Arg Thr Ile Ser Phe Gly Thr Pro Phe Asn Phe Leu
565 570 575

Asp Ala Gln Ser Thr Phe Arg Leu Gly Val Trp Ser Phe Ser Ser Gly
580 585 590

Thr Val Leu Ile Asp Arg Ile Glu Val Val Pro Met Glu Val Thr Phe
595 600 605

Glu Ala Glu Ser Asp Leu Glu Arg Ala Gln Lys Ala Val Asn Ala Leu
610 615 620

Phe Thr Ser Ile Asn Gln Lys Gly Leu Lys Thr Asp Val Thr Asp Tyr
625 630 635 640

His Ile Asp Gln Val Ser Asn Leu Val Glu Cys Leu Ser Asp Glu Phe
645 650 655

Cys Leu Asp Glu Lys Arg Glu Leu Phe Glu Lys Val Lys Tyr Ala Lys
660 665 670

Arg Leu Ser Asp Glu Arg Asn Leu Leu Ala Asp Pro Asn Phe Thr Ser
675 680 685

Ile Asn Gly Gln Leu Asp Arg Gly Trp Arg Gly Ser Thr Asp Ile Thr
690 695 700

Ile Gln Gly Gly Asp Asp Val Phe Lys Glu Asn Tyr Val Thr Leu Ser
705 710 715 720

Gly Thr Leu Asp Glu Cys Tyr Pro Thr Tyr Leu Tyr Gln Lys Ile Asp
725 730 735

Glu Ser Lys Leu Lys Ala Tyr Thr Arg Tyr Glu Leu Arg Gly Tyr Ile
740 745 750

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

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

Asn Gly Asp Phe Asn Asn Gly Leu Ser Cys Trp Asn Val Lys Gly Gln
980 985 990

Val Asp Val Asp Gln Asn Asp His Arg Ser Val Leu Val Ile Pro Gly
995 1000 1005

Trp Glu Ser Glu Val Ser Gln Glu Val His Val Cys Pro Asp Arg
1010 1015 1020

Gly Tyr Ile Leu Arg Val Thr Ala Tyr Lys Glu Gly Tyr Gly Glu
1025 1030 1035

Gly Cys Val Thr Ile His Glu Ile Asp Asn His Thr Asp Glu Leu
1040 1045 1050

Lys Phe Lys Asn Cys Phe Glu Glu Glu Val Ser Leu Asn Asn Ala
1055 1060 1065

Val Thr Cys Asp Glu Tyr Thr Thr Asn Gln Glu Val Gly Gly Tyr
1070 1075 1080

Ala Asp Val Arg Gln Ser Asn Asn Arg Gly Ser Asn Glu Ala Tyr
1085 1090 1095

Val Asn Pro Thr Ser Thr Ser Thr Asp Tyr Ala Ser Leu Tyr Glu
1100 1105 1110

Glu Glu Ser Tyr Thr Asn Glu Gln Thr Tyr Asn Ser Cys Glu Ser
1115 1120 1125

Asn Arg Gly Tyr Gly Asn Gln Met Pro Leu Pro Ser Gly Tyr Val
1130 1135 1140

Thr Lys Glu Leu Glu Tyr Phe Pro Glu Thr Asp Lys Val Trp Ile
1145 1150 1155

Glu Ile Gly Glu Thr Glu Gly Thr Phe Ile Val Asp Ser Val Glu
1160 1165 1170

Leu Leu Leu Met Glu Glu
1175
86

