

LISTADO DE SECUENCIAS

A. DATOS DE LA SOLICITUD

- (i) Solicitante: Monsanto Technology LLC
- (ii) Título de la invención: PROTEÍNAS INHIBIDORAS DE INSECTOS NOVEDOSAS
- (iii) Referencia del Solicitante: MONS:465WO

B. DATOS DE LA SOLICITUD ANTERIOR

- (i) Número de Prioridad: US 62/736,236
- (ii) Fecha de Prioridad: 2018-09-25

C. NÚMERO DE SECUENCIAS: 160

D. FORMATO LEGIBLE EN COMPUTADORA: PatentIn versión 3.5

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 1

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD: 408
- II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN
- VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Xenorhabdus nematophila*

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: misc_feature

LOCALIZACIÓN: (1)..(408)

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácidos nucleicos obtenida de *Xenorhabdus nematophila*

cepa ISB000002 codifica una secuencia de proteína pesticida PirA TIC4771.

SECUENCIA SEQ ID No: 1

atgattacaa taaatataag tggtagtagt ataaaaatta gtaacaacat aggatcagaa	60
actgatatca aaaatacacc tttttcagaa cctctttcaa ttagtaatta taaggatatg	120
acaatagagc cacattcgtc tatccaagca acaagaactg atacaccaat tattcctgaa	180
acacgaccaa attattatgt agctaattcc ggccctgccg catcagtgag agctgttttt	240
tattggtctc attctttttac atcagaatgg ttcgaacatt catctatcat tgtaaaagca	300
ggagaagatg gaatattgaa ctcacctagc aattctgtat attacagtaa ggttggtcatt	360
tacaacgata cggataaacg ggcctttgtc acaggttatg acaaataa	408

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 2

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 135

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Xenorhabdus nematophila

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: MISC_FEATURE

LOCALIZACIÓN: (1)..(135)

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína PirA TIC4771.

SECUENCIA SEQ ID No: 2

Met Ile Thr Ile Asn Ile Ser Gly Gly Ser Ile Lys Ile Ser Asn Asn
1 5 10 15

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

Ser Ile Ser Asn Tyr Lys Asp Met Thr Ile Glu Pro His Ser Ser Ile
35 40 45

Gln Ala Thr Arg Thr Asp Thr Pro Ile Ile Pro Glu Thr Arg Pro Asn
50 55 60

Tyr Tyr Val Ala Asn Ser Gly Pro Ala Ala Ser Val Arg Ala Val Phe
65 70 75 80

Tyr Trp Ser His Ser Phe Thr Ser Glu Trp Phe Glu His Ser Ser Ile
85 90 95

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

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

Phe Val Thr Gly Tyr Asp Lys
130 135

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 3

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1287
II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Xenorhabdus nematophila*

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: misc_feature

LOCALIZACIÓN: (1)..(1287)

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácidos nucleicos obtenida de *Xenorhabdus nematophila*

cepa ISB000002 que codifica una secuencia de proteína pesticida PirB TIC4772.

SECUENCIA SEQ ID No: 3

atgaataacg aacttatgaa cacaaatgaa tcacaacctt cagagacatt atctttaatt	60
aatgaatcta tattaacagc accttatgcc gtttctaccc ctaattatga atgggatatg	120
tcatcaataa taaaagatgc cattattgga ggtataggat ttattcccgg gccgggttca	180
gcaatatcgt ttttgctagg gctattttgg ccgcaacaaa cagacaatac ctggggagcaa	240
attctccaaa aagtagaaca gatgatagag gaagcgaatt taaaaactat tcaaggaata	300
ctgaacggag atatacaaga aataaaaagga aagatggaac atgtggaata tatgctagaa	360
acctcaccag gcactcaaga aagccatgac gcatatatgt tcttagcgag atatctggta	420
agtatagatg aaaaattcaa atcttttgat aataaaacaa attatcaaatt tcttccaatg	480
tacaccaata cgcttatggt acaggcacct tactggaaaa tgggtataga gaagaaaaat	540
gatattttgc taacagatat agaagttaat gaattaaaac agcttatcga aaatctatat	600
gccaaaggcca atagctatat tcatgaagtg tatacccggtg aatacgataa tgcgggtaaat	660
acctcaacag caacaacgat taccaataat ttattgtctg taagagggtg ttgtttatta	720
catggattag agtgccttga agtccttgat catatacaaa ataataatct tgatcagagc	780
ttctatccga aaactatcag ttattctact gtatttgatc gctcaacaaa caaaacaaga	840
ctccaggctc ttaccgaaga cgagcaaatg gaagaaccac tcaaaccctc ttttattaat	900
ggggaatata ataaaataaa atcactgatt ggatatgtac agagaattgg aaacgcccct	960
agagttggag gtataaaaaat tacatttact aatggatcat ctcatactct ggggtacagtg	1020
acctcagaat caaactcaat tgaactaaat gatagtgtta taaccagtgt ggaagtatgg	1080
ggaaatggtg ctgttgatga ggcattcttt acattaagtg acggtcgtca atttaggctt	1140

```

ggccaacgct atgccagtaa ctacagaaaa tatgctgttg atggccacta tatttcagga      1200
ttgtacttag ccagtgatga gccttcactt gctgggtcaag ccgcaggtat tgcagtttca      1260
tatcatatat tgggtgataa gaaataa                                           1287

```

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 4

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 428

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Xenorhabdus nematophila*

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: MISC_FEATURE

LOCALIZACIÓN: (1)..(482)

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína PirB TIC4472.

SECUENCIA SEQ ID No: 4

```

Met Asn Asn Glu Leu Met Asn Thr Asn Glu Ser Gln Pro Ser Glu Thr
1              5              10              15

```

```

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

```

```

Thr Pro Asn Tyr Glu Trp Asp Met Ser Ser Ile Ile Lys Asp Ala Ile
          35              40              45

```

```

Ile Gly Gly Ile Gly Phe Ile Pro Gly Pro Gly Ser Ala Ile Ser Phe
          50              55              60

```

```

Leu Leu Gly Leu Phe Trp Pro Gln Gln Thr Asp Asn Thr Trp Glu Gln
65              70              75              80

```

```

Ile Leu Gln Lys Val Glu Gln Met Ile Glu Glu Ala Asn Leu Lys Thr
          85              90              95

```

```

Ile Gln Gly Ile Leu Asn Gly Asp Ile Gln Glu Ile Lys Gly Lys Met
          100             105             110

```

```

Glu His Val Glu Tyr Met Leu Glu Thr Ser Pro Gly Thr Gln Glu Ser
          115             120             125

```

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

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

Tyr Thr Asn Thr Leu Met Leu Gln Ala Pro Tyr Trp Lys Met Gly Ile
165 170 175

Glu Lys Lys Asn Asp Ile Leu Leu Thr Asp Ile Glu Val Asn Glu Leu
180 185 190

Lys Gln Leu Ile Glu Asn Leu Tyr Ala Lys Ala Asn Ser Tyr Ile His
195 200 205

Glu Val Tyr Thr Arg Glu Tyr Asp Asn Ala Val Asn Thr Ser Thr Ala
210 215 220

Thr Thr Ile Thr Asn Asn Leu Leu Ser Val Arg Gly Tyr Cys Leu Leu
225 230 235 240

His Gly Leu Glu Cys Leu Glu Val Leu Asp His Ile Gln Asn Asn Asn
245 250 255

Leu Asp Gln Ser Phe Tyr Pro Lys Thr Ile Ser Tyr Ser Thr Val Phe
260 265 270

Asp Arg Ser Thr Asn Lys Thr Arg Leu Gln Ala Leu Thr Glu Asp Glu
275 280 285

Gln Met Glu Glu Pro Leu Lys Pro Ser Phe Ile Asn Gly Glu Tyr Asn
290 295 300

Lys Ile Lys Ser Leu Ile Gly Tyr Val Gln Arg Ile Gly Asn Ala Pro
305 310 315 320

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

Leu Gly Thr Val Thr Ser Glu Ser Asn Ser Ile Glu Leu Asn Asp Ser
 340 345 350

Val Ile Thr Ser Val Glu Val Trp Gly Asn Gly Ala Val Asp Glu Ala
 355 360 365

Phe Phe Thr Leu Ser Asp Gly Arg Gln Phe Arg Leu Gly Gln Arg Tyr
 370 375 380

Ala Ser Asn Tyr Arg Lys Tyr Ala Val Asp Gly His Tyr Ile Ser Gly
 385 390 395 400

Leu Tyr Leu Ala Ser Asp Glu Pro Ser Leu Ala Gly Gln Ala Ala Gly
 405 410 415

Ile Ala Val Ser Tyr His Ile Leu Val Asp Lys Lys
 420 425

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 5
 I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1692
 II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN
 VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:
 OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácido nucleico que codifica una
 proteína de fusión PirAB, TIC6880
 compuesta por las secuencias de codificación de TIC4771 y TIC4772 en
 enlace operativo
 y en marco.

SECUENCIA SEQ ID No: 5
 atgattacaa taaatataag tgggtgtagt ataaaaatta gtaacaacat aggatcagaa 60
 actgatatca gaaatacacc tttttcagaa cctcttttcaa ttagtaatta taaggatatg 120
 acaatagagc cacattcgtc tatccaagca acaagaactg atacaccaat tattcctgaa 180
 acacgaccaa attattatgt agctaattcc ggccctgccg catcagtgag agctgttttt 240
 tattggtctc attctttttac atcagaatgg ttcgaacatt catctatcat tgtaaaagca 300
 ggagaagatg gaatattgaa ctcacctagc aattctgtat attacagtaa ggttggtcatt 360
 tacaacgata cggataaacg ggcctttgtc acaggttatg acaaaatgaa taacgaactt 420

atgaacacaa atgaatcaca accttcagag acattatctt taattaatga atctatatta	480
acagcacctt atgccgtttc taccctaata tatgaatggg atatgtcatc aataataaaa	540
gatgccatta ttggaggtat aggatttatt cccgggccgg gttcagcaat atcgtttttg	600
ctagggctat tttggccgca acaaacagac aatacctggg agcaaattct ccaaaaagta	660
gaacagatga tagaggaagc gaatttaaaa actattcaag gaatactgaa cggagatata	720
caagaaataa aaggaaagat ggaacatgtg gaatatatgc tagaaacctc accaggcact	780
caagaaagcc atgacgcata tatgttctta gcgagatatc tggttaagtat agatgaaaaa	840
ttcaaactctt ttgataataa aacaaattat caaattcttc caatgtacac caatacgctt	900
atgttacagg caccttactg gaaaatgggt atagagaaga aaaatgatat tttgctaaca	960
gatatagaag ttaatgaatt aaaacagctt atcgaaagtc tatatgccaa ggccaatagc	1020
tatattcatg aagtgtatac ccgtgaatac gataatgcgg taaataacctc aacagcaaca	1080
acgattacca ataatttatt gtctgtaaga gggatttggt tattacatgg attagagtgc	1140
cttgaagtcc ttgatcatat acaaaataat aatcttgatc agagcttcta tccgaaaact	1200
atcagttatt ctactgtatt tgatcgctca acaaacaaaa caagactcca ggctcttacc	1260
gaagacgagc aaatggaaga accactcaaa ccctctttta ttaatgggga atataataaa	1320
ataaaatcac tgattggata tgtacagaga attggaaacg ccctagagt tggaggtata	1380
aaaattacat ttactaatgg atcatctcat actctgggta cagtgcctc agaatcaaac	1440
tcaattgaac taaatgatag tgttataacc agtgtggaag tatggggaaa tgggtgctggt	1500
gatgaggcat tctttacatt aagtgcgggt cgtcaattta ggcttgggtca acgctatgcc	1560
agtaactaca gaaaatatgc tgttgatggc cactatattt caggattgta cttagccagt	1620
gatgagcctt cacttgctgg tcaagccgca ggtattgcag tttcatatca tatattgggt	1680
gataagaaat aa	1692

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 6

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 563

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína de fusión
PirAB TIC6880

SECUENCIA SEQ ID No: 6

Met Ile Thr Ile Asn Ile Ser Gly Gly Ser Ile Lys Ile Ser Asn Asn
1 5 10 15

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

Ser Ile Ser Asn Tyr Lys Asp Met Thr Ile Glu Pro His Ser Ser Ile
35 40 45

Gln Ala Thr Arg Thr Asp Thr Pro Ile Ile Pro Glu Thr Arg Pro Asn
50 55 60

Tyr Tyr Val Ala Asn Ser Gly Pro Ala Ala Ser Val Arg Ala Val Phe
65 70 75 80

Tyr Trp Ser His Ser Phe Thr Ser Glu Trp Phe Glu His Ser Ser Ile
85 90 95

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

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

Phe Val Thr Gly Tyr Asp Lys Met Asn Asn Glu Leu Met Asn Thr Asn
130 135 140

Glu Ser Gln Pro Ser Glu Thr Leu Ser Leu Ile Asn Glu Ser Ile Leu
145 150 155 160

Thr Ala Pro Tyr Ala Val Ser Thr Pro Asn Tyr Glu Trp Asp Met Ser
165 170 175

Ser Ile Ile Lys Asp Ala Ile Ile Gly Gly Ile Gly Phe Ile Pro Gly
180 185 190

Pro Gly Ser Ala Ile Ser Phe Leu Leu Gly Leu Phe Trp Pro Gln Gln
195 200 205

Thr Asp Asn Thr Trp Glu Gln Ile Leu Gln Lys Val Glu Gln Met Ile
210 215 220

Glu Glu Ala Asn Leu Lys Thr Ile Gln Gly Ile Leu Asn Gly Asp Ile
225 230 235 240

Gln Glu Ile Lys Gly Lys Met Glu His Val Glu Tyr Met Leu Glu Thr
245 250 255

Ser Pro Gly Thr Gln Glu Ser His Asp Ala Tyr Met Phe Leu Ala Arg
260 265 270

Tyr Leu Val Ser Ile Asp Glu Lys Phe Lys Ser Phe Asp Asn Lys Thr
275 280 285

Asn Tyr Gln Ile Leu Pro Met Tyr Thr Asn Thr Leu Met Leu Gln Ala
290 295 300

Pro Tyr Trp Lys Met Gly Ile Glu Lys Lys Asn Asp Ile Leu Leu Thr
305 310 315 320

Asp Ile Glu Val Asn Glu Leu Lys Gln Leu Ile Glu Ser Leu Tyr Ala
325 330 335

Lys Ala Asn Ser Tyr Ile His Glu Val Tyr Thr Arg Glu Tyr Asp Asn
340 345 350

Ala Val Asn Thr Ser Thr Ala Thr Thr Ile Thr Asn Asn Leu Leu Ser
355 360 365

Val Arg Gly Tyr Cys Leu Leu His Gly Leu Glu Cys Leu Glu Val Leu
370 375 380

Asp His Ile Gln Asn Asn Asn Leu Asp Gln Ser Phe Tyr Pro Lys Thr
385 390 395 400

Ile Ser Tyr Ser Thr Val Phe Asp Arg Ser Thr Asn Lys Thr Arg Leu

405	410	415
Gln Ala Leu Thr Glu Asp Glu Gln Met Glu Glu Pro Leu Lys Pro Ser		
420	425	430
Phe Ile Asn Gly Glu Tyr Asn Lys Ile Lys Ser Leu Ile Gly Tyr Val		
435	440	445
Gln Arg Ile Gly Asn Ala Pro Arg Val Gly Gly Ile Lys Ile Thr Phe		
450	455	460
Thr Asn Gly Ser Ser His Thr Leu Gly Thr Val Thr Ser Glu Ser Asn		
465	470	475
Ser Ile Glu Leu Asn Asp Ser Val Ile Thr Ser Val Glu Val Trp Gly		
485	490	495
Asn Gly Ala Val Asp Glu Ala Phe Phe Thr Leu Ser Asp Gly Arg Gln		
500	505	510
Phe Arg Leu Gly Gln Arg Tyr Ala Ser Asn Tyr Arg Lys Tyr Ala Val		
515	520	525
Asp Gly His Tyr Ile Ser Gly Leu Tyr Leu Ala Ser Asp Glu Pro Ser		
530	535	540
Leu Ala Gly Gln Ala Ala Gly Ile Ala Val Ser Tyr His Ile Leu Val		
545	550	555
		560
Asp Lys Lys		

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 7

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 426

II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Xenorhabdus ehlersii*

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: misc_feature

LOCALIZACIÓN: (1)..(426)

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácidos nucleicos obtenida de *Xenorhabdus ehlersii* cepa

85823 que codifica una secuencia de proteína pesticida PirA TIC7575.

SECUENCIA SEQ ID No: 7

```
atgaatacaa tcaatataaa tataagtggc agtaccgtta cagtcataag caataacgat      60
tccaatccag aaccattaac ttataatata aacacaccag catcagaccc tcttacagcc      120
agtccttata gggatatgac aatagagcca cactcttcta ttgaagcaac aagaaccgat      180
acaccgatta ttcccgaaac tcgtcccaat tactatgtag ccaattctgg ccccgcatca      240
tcagttaggg ctgtttttta ttggtctcat tctttcacat cagaatgggt cgaatattcc      300
tctatcatag tgaaagccgg gaaagacgga atattacaat caccgaataa cgctttatat      360
tacagtaaag ttgtcattta taacgatacc gataaacgtg cctttgttac cggatataat      420
aagtaa                                           426
```

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 8

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 141

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Xenorhabdus ehlersii*

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: MISC_FEATURE

LOCALIZACIÓN: (1)..(141)

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína PirA TIC7575.

SECUENCIA SEQ ID No: 8

```
Met Asn Thr Ile Asn Ile Asn Ile Ser Gly Ser Thr Val Thr Val Ile
1           5           10           15
```

```
Ser Asn Asn Asp Ser Asn Pro Glu Pro Leu Thr Tyr Asn Thr Asn Thr
          20           25           30
```

```
Pro Ala Ser Asp Pro Leu Thr Ala Ser Pro Tyr Arg Asp Met Thr Ile
          35           40           45
```

```
Glu Pro His Ser Ser Ile Glu Ala Thr Arg Thr Asp Thr Pro Ile Ile
```

50

55

60

Pro Glu Thr Arg Pro Asn Tyr Tyr Val Ala Asn Ser Gly Pro Ala Ser
65 70 75 80

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

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

Gln Ser Pro Asn Asn Ala Leu Tyr Tyr Ser Lys Val Val Ile Tyr Asn
115 120 125

Asp Thr Asp Lys Arg Ala Phe Val Thr Gly Tyr Asn Lys
130 135 140

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 9
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1278
II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Xenorhabdus ehlersii*

CARACTERÍSTICA:
NOMBRE/CLAVE: misc_feature
LOCALIZACIÓN: (1)..(1278)
OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácidos nucleicos obtenida de
Xenorhabdus ehlersii cepa
85823 que codifica una secuencia de proteína pesticida PirB TIC7576.

SECUENCIA SEQ ID No: 9
atgaatatct caccgattaa tgtatctgaa aatgaaacat tacctgaact cactgatgtt 60
atgcttattg tgccttatac aacatctacc cctgattatg aatgggatat gtcatacaatt 120
ataaaggatg cgattattgg cggcgtaggg tttattccag gagcaggctc tgcaatgtcc 180
ttcctattgg gactattttg gcctcaacag aaagataata catgggaaca gatcctccaa 240
aaagtagaac agatgataga gaatgccgtt ctgcaaacta ttaaaggaat acttaatgga 300
gatatacaag aaatcaaggg gaaaatggaa catgtgcaat acatgctgga aacctcgcct 360
ggcagtcagg aaagtcatga cgcataatatg ttcttggtta gatacctggt gagtatagat 420

gaaaaattca agtcttttga taataaaaca aactaccaga tcctgccgat gtacactaac	480
acggttatgt tacaaatccc ttattggaaa atgggaatag agaagaaaaa tgatattggg	540
ctgacagata ttgaagtcaa tgagttaaaa cagcttatcg ataaattggg cgacaaggcc	600
aagagttaca tccatacgat gtatacgaat gaatataatg atgccataaa tacatcaaca	660
gcatcgagtg tcactaataa tttactctct gtaagaggat attgtttatt acacggttta	720
gagtgtattg agttaattga acatctacaa aacaatagcc tcgaaagtgg tttttatcct	780
aaaactatca gttattcaac tgtatttgat cgtcagacta acaaaatgag aattcaggct	840
cttacagaag acgatcaaat gcaggaaccc tttaagccat cttaatacaa cggcaaatac	900
aataaaatac aatccttgct tggatatgta caaagaattg gaaatgcacc tagagtgggg	960
ggtattaaaa tcacctttgc caacggttca tcctatacac ttggcacagt aacatcagaa	1020
acgagttcaa ttgaactcaa tgatagtgtt atcgaaagat tggaagtatg gggcaatggc	1080
gctgttgatg aggcattatt tacgttaagt gatgggcgtc aactcagagt cggtgagcgc	1140
tacgcgacaa aatatagaaa atatgctgtt gatggacact atattgcagg actgtactta	1200
gctagcgatg aaccttcact tgctgggtcaa gccgcaggta ttgccgtttc ataccatatg	1260
ttggatgata aaaaataa	1278

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 10

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 425

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Xenorhabdus ehlersii

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: MISC_FEATURE

LOCALIZACIÓN: (1)..(425)

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína PirB TIC7576.

SECUENCIA SEQ ID No: 10

Met	Asn	Ile	Ser	Pro	Ile	Asn	Val	Ser	Glu	Asn	Glu	Thr	Leu	Pro	Glu
1				5				10					15		

Leu	Thr	Asp	Val	Met	Leu	Ile	Val	Pro	Tyr	Thr	Thr	Ser	Thr	Pro	Asp
-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----

20

25

30

Tyr Glu Trp Asp Met Ser Ser Ile Ile Lys Asp Ala Ile Ile Gly Gly
 35 40 45

Val Gly Phe Ile Pro Gly Ala Gly Ser Ala Met Ser Phe Leu Leu Gly
 50 55 60

Leu Phe Trp Pro Gln Gln Lys Asp Asn Thr Trp Glu Gln Ile Leu Gln
 65 70 75 80

Lys Val Glu Gln Met Ile Glu Asn Ala Val Leu Gln Thr Ile Lys Gly
 85 90 95

Ile Leu Asn Gly Asp Ile Gln Glu Ile Lys Gly Lys Met Glu His Val
 100 105 110

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

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

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

Thr Val Met Leu Gln Ile Pro Tyr Trp Lys Met Gly Ile Glu Lys Lys
 165 170 175

Asn Asp Ile Gly Leu Thr Asp Ile Glu Val Asn Glu Leu Lys Gln Leu
 180 185 190

Ile Asp Lys Leu Val Asp Lys Ala Lys Ser Tyr Ile His Thr Met Tyr
 195 200 205

Thr Asn Glu Tyr Asn Asp Ala Ile Asn Thr Ser Thr Ala Ser Ser Val
 210 215 220

Thr Asn Asn Leu Leu Ser Val Arg Gly Tyr Cys Leu Leu His Gly Leu
 225 230 235 240

Glu Cys Ile Glu Leu Ile Glu His Leu Gln Asn Asn Ser Leu Glu Ser
245 250 255

Gly Phe Tyr Pro Lys Thr Ile Ser Tyr Ser Thr Val Phe Asp Arg Gln
260 265 270

Thr Asn Lys Met Arg Ile Gln Ala Leu Thr Glu Asp Asp Gln Met Gln
275 280 285

Glu Pro Phe Lys Pro Ser Leu Ile Asn Gly Lys Tyr Asn Lys Ile Gln
290 295 300

Ser Leu Leu Gly Tyr Val Gln Arg Ile Gly Asn Ala Pro Arg Val Gly
305 310 315 320

Gly Ile Lys Ile Thr Phe Ala Asn Gly Ser Ser Tyr Thr Leu Gly Thr
325 330 335

Val Thr Ser Glu Thr Ser Ser Ile Glu Leu Asn Asp Ser Val Ile Glu
340 345 350

Arg Leu Glu Val Trp Gly Asn Gly Ala Val Asp Glu Ala Leu Phe Thr
355 360 365

Leu Ser Asp Gly Arg Gln Leu Arg Val Gly Glu Arg Tyr Ala Thr Lys
370 375 380

Tyr Arg Lys Tyr Ala Val Asp Gly His Tyr Ile Ala Gly Leu Tyr Leu
385 390 395 400

Ala Ser Asp Glu Pro Ser Leu Ala Gly Gln Ala Ala Gly Ile Ala Val
405 410 415

Ser Tyr His Met Leu Asp Asp Lys Lys
420 425

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 11
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1701
II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácido nucleico que codifica una proteína de fusión PirAB, TIC9316
compuesta por las secuencias de codificación de TIC7575 y TIC7576 en enlace operativo
y en marco.

SECUENCIA SEQ ID No: 11

atgaatacaa tcaatataaa tataagtggc agtaccgtta cagtcataag caataacgat	60
tccaatccag aaccattaac ttataatata aacacaccag catcagaccc tcttacagcc	120
agtccttata gggatatgac aatagagcca cactcttcta ttgaagcaac aagaaccgat	180
acaccgatta ttcccgaaac tcgtcccaat tactatgtag ccaattctgg ccccgcatca	240
tcagttaggg ctgtttttta ttggtctcat tctttcacat cagaatgggt cgaatattcc	300
tctatcatag tgaaagccgg gaaagacgga atattacaat caccgaataa cgctttatat	360
tacagtaaag ttgtcattta taacgatacc gataaacgtg cctttgttac cggatataat	420
aagatgaata tctcaccgat taatgtatct gaaaatgaaa cattacctga actcactgat	480
gttatgctta ttgtgcctta tacaacatct acccctgatt atgaatggga tatgtcatca	540
attataaagg atgcgattat tggcggcgta gggtttattc caggagcagg ctctgcaatg	600
tccttcctat tgggactatt ttggcctcaa cagaaagata atacatggga acagatcctc	660
caaaaagtag aacagatgat agagaatgcc gttctgcaaa ctattaaagg aatacttaat	720
ggagatatac aagaaatcaa ggggaaaatg gaacatgtgc aatacatgct ggaaacctcg	780
cctggcagtc aggaaagtca tgacgcatat atgttcctgg ctagatacct ggtgagtata	840
gatgaaaaat tcaagtcttt tgataataaa acaaactacc agatcctgcc gatgtacact	900
aacacggtta tgttacaaat cccttattgg aaaatgggaa tagagaagaa aaatgatatt	960
gggctgacag atattgaagt caatgagtta aaacagctta tcgataaatt ggtcgacaag	1020
gccaagagtt acatccatac gatgtatacg aatgaatata atgatgcat aaatacatca	1080
acagcatcga gtgtcactaa taatttactc tctgtaagag gatattgttt attacacggt	1140
ttagagtgta ttgagttaat tgaacatcta caaaacaata gcctcgaaag tgggttttat	1200
cctaaaacta tcagttattc aactgtattt gatcgtcaga ctaacaaaat gagaattcag	1260

```

gctcttacag aagacgatca aatgcaggaa cctttaagc catctttaat caacggcaaa      1320
tacaataaaa tacaatcctt gcttg gatat gtacaaagaa ttggaaatgc acctagagtg      1380
gggggtatta aaatcacctt tgccaacggt tcctctata cacttggcac agtaacatca      1440
gaaacgagtt caattgaact caatgatagt gttatcgaaa gattggaagt atggggcaat      1500
ggcgctgttg atgaggcatt atttacgtta agtgatgggc gtcaactcag agtcggtgag      1560
cgctacgcga caaatatag aaaatatgct gttgatggac actatattgc aggactgtac      1620
ttagctagcg atgaaccttc acttgctggt caagccgcag gtattgccgt ttcataccat      1680
atgttg gatg ataaaaaata a                                             1701

```

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 12

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 566

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína de fusión PirAB TIC9316.

SECUENCIA SEQ ID No: 12

```

Met Asn Thr Ile Asn Ile Asn Ile Ser Gly Ser Thr Val Thr Val Ile
1           5           10           15

```

```

Ser Asn Asn Asp Ser Asn Pro Glu Pro Leu Thr Tyr Asn Thr Asn Thr
          20           25           30

```

```

Pro Ala Ser Asp Pro Leu Thr Ala Ser Pro Tyr Arg Asp Met Thr Ile
          35           40           45

```

```

Glu Pro His Ser Ser Ile Glu Ala Thr Arg Thr Asp Thr Pro Ile Ile
          50           55           60

```

```

Pro Glu Thr Arg Pro Asn Tyr Tyr Val Ala Asn Ser Gly Pro Ala Ser
          65           70           75           80

```

```

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

```

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

Gln Ser Pro Asn Asn Ala Leu Tyr Tyr Ser Lys Val Val Ile Tyr Asn
115 120 125

Asp Thr Asp Lys Arg Ala Phe Val Thr Gly Tyr Asn Lys Met Asn Ile
130 135 140

Ser Pro Ile Asn Val Ser Glu Asn Glu Thr Leu Pro Glu Leu Thr Asp
145 150 155 160

Val Met Leu Ile Val Pro Tyr Thr Thr Ser Thr Pro Asp Tyr Glu Trp
165 170 175

Asp Met Ser Ser Ile Ile Lys Asp Ala Ile Ile Gly Gly Val Gly Phe
180 185 190

Ile Pro Gly Ala Gly Ser Ala Met Ser Phe Leu Leu Gly Leu Phe Trp
195 200 205

Pro Gln Gln Lys Asp Asn Thr Trp Glu Gln Ile Leu Gln Lys Val Glu
210 215 220

Gln Met Ile Glu Asn Ala Val Leu Gln Thr Ile Lys Gly Ile Leu Asn
225 230 235 240

Gly Asp Ile Gln Glu Ile Lys Gly Lys Met Glu His Val Gln Tyr Met
245 250 255

Leu Glu Thr Ser Pro Gly Ser Gln Glu Ser His Asp Ala Tyr Met Phe
260 265 270

Leu Ala Arg Tyr Leu Val Ser Ile Asp Glu Lys Phe Lys Ser Phe Asp
275 280 285

Asn Lys Thr Asn Tyr Gln Ile Leu Pro Met Tyr Thr Asn Thr Val Met
290 295 300

Leu Gln Ile Pro Tyr Trp Lys Met Gly Ile Glu Lys Lys Asn Asp Ile
305 310 315 320

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

Leu Val Asp Lys Ala Lys Ser Tyr Ile His Thr Met Tyr Thr Asn Glu
340 345 350

Tyr Asn Asp Ala Ile Asn Thr Ser Thr Ala Ser Ser Val Thr Asn Asn
355 360 365

Leu Leu Ser Val Arg Gly Tyr Cys Leu Leu His Gly Leu Glu Cys Ile
370 375 380

Glu Leu Ile Glu His Leu Gln Asn Asn Ser Leu Glu Ser Gly Phe Tyr
385 390 395 400

Pro Lys Thr Ile Ser Tyr Ser Thr Val Phe Asp Arg Gln Thr Asn Lys
405 410 415

Met Arg Ile Gln Ala Leu Thr Glu Asp Asp Gln Met Gln Glu Pro Phe
420 425 430

Lys Pro Ser Leu Ile Asn Gly Lys Tyr Asn Lys Ile Gln Ser Leu Leu
435 440 445

Gly Tyr Val Gln Arg Ile Gly Asn Ala Pro Arg Val Gly Gly Ile Lys
450 455 460

Ile Thr Phe Ala Asn Gly Ser Ser Tyr Thr Leu Gly Thr Val Thr Ser
465 470 475 480

Glu Thr Ser Ser Ile Glu Leu Asn Asp Ser Val Ile Glu Arg Leu Glu
485 490 495

Val Trp Gly Asn Gly Ala Val Asp Glu Ala Leu Phe Thr Leu Ser Asp
500 505 510

Gly Arg Gln Leu Arg Val Gly Glu Arg Tyr Ala Thr Lys Tyr Arg Lys
515 520 525

Tyr Ala Val Asp Gly His Tyr Ile Ala Gly Leu Tyr Leu Ala Ser Asp
530 535 540

Glu Pro Ser Leu Ala Gly Gln Ala Ala Gly Ile Ala Val Ser Tyr His
545 550 555 560

Met Leu Asp Asp Lys Lys
565

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 13

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 426

II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Xenorhabdus cabanillasii*

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: misc_feature

LOCALIZACIÓN: (1)..(426)

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácidos nucleicos obtenida de *Xenorhabdus cabanillasii*

cepa 85908 que codifica una secuencia de proteína pesticida PirA TIC7660.

SECUENCIA SEQ ID No: 13

atgatcaciaa taaatataaa tgtaaaccggc aatgatgtta caggtacaaa taataatgaa	60
cctactccag tatcgacaac ttacggtcca aatacaccag catcagaacc ccctgtagtc	120
agtaattata gtgatataac aatagaaccg cattcttctg tgcaggcaac aagaattgat	180
acgcctgtta ttcctgaagc acgccccgat tactatgtag ccaactccgg ccctgcacca	240
tcagttaggg ctgtttttta ttggtctcat tctttcacat cagaatgggt cgaatcttcc	300
tctatcacag tgaaagcagg agaggacgga atattaaaag cacctggtaa ctctttatat	360
tacagcaaag tcgtcattta taatgatagc gataaacgag cttttgttac tggatataat	420
aaataa	426

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 14

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 141

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Xenorhabdus cabanillasii

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: MISC_FEATURE

LOCALIZACIÓN: (1)..(141)

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína PirA TIC7660.

SECUENCIA SEQ ID No: 14

Met Ile Thr Ile Asn Ile Asn Val Asn Gly Asn Asp Val Thr Gly Thr
1 5 10 15

Asn Asn Asn Glu Pro Thr Pro Val Ser Thr Thr Tyr Gly Pro Asn Thr
20 25 30

Pro Ala Ser Glu Pro Pro Val Val Ser Asn Tyr Ser Asp Ile Thr Ile
35 40 45

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

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

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

Phe Glu Ser Ser Ser Ile Thr Val Lys Ala Gly Glu Asp Gly Ile Leu
100 105 110

Lys Ala Pro Gly Asn Ser Leu Tyr Tyr Ser Lys Val Val Ile Tyr Asn
115 120 125

Asp Thr Asp Lys Arg Ala Phe Val Thr Gly Tyr Asn Lys
130 135 140

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 15

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1278

II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Xenorhabdus cabanillasii*

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: misc_feature

LOCALIZACIÓN: (1)..(1278)

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácidos nucleicos obtenida de *Xenorhabdus cabanillasii*

cepa 85908 que codifica una secuencia de proteína pesticida PirB TIC7661.

SECUENCIA SEQ ID No: 15

atgaatacta cacctattac tgtatctaca aatgaaacat cgcctttaat gactgacgta	60
atgcccattgg atctttatgc aatatccaca cctgattatg aatgggacat gtcgtcaatc	120
ataaaggatg ctgttattgg tggcatagga tttattccag gtccggggccc ggcaatatcc	180
ttcctgttag ggctattttg gcctcagcag aaagacaata cttgggagca aattctccag	240
aaagtagagc agatgataga gaatgctgtt ctacaaacta ttaaaggaat acttaatgga	300
gaagttcaag agatcaaagg gaaaatggaa catgtagaat ccatgctgaa aaactcgcct	360
ggcagtcagg aaagtcatga tgcatatatg ttcctggcga gatatctggt tagtatagat	420
gaaaaattca aatcttttga caatagaaca aattaccagc ttctcccaat gtataactaac	480
actattatgt tacagatccc ttattggaaa atgggaatag agaagaaaaa agatattggg	540
ctgacagata ttgaagttaa tgaattaaaa gaacttatcg ataaattggt tgataaggcc	600
aaaaactata ttcatacgat gtataactaat gaacataata atgctgtaaa cacatcaaca	660
gcagagagtg tcactaataa tttattatct gtaagaggat attgtttatt acacggttta	720
gaatgtattg agttaatcga gcatatacag aataatagcc ttgagagtgg tttctatcct	780
aaaattatca gttattcgac tgcgtttgat cgtcctacta acaaaatgag aattcaggct	840
cttacagaag atgatgcaat gcaggagcct ttcaaaccat cttaaatcaa tgggaaatat	900
aataaaatcc aatccttgac tggatatgta caaagaattg ggaatgcacc tagagttggt	960
ggtatcagaa tcacattttac caacggctca tcttatacac ttggtacagt gacctcagaa	1020
acgcattcaa ttaagctaaa cgatagtgtt atcgaaagct tggaagtatg ggggaatggt	1080
gctgttgatg aggcgttatt taagttaagt gatgggcgtt tattgcgtat tggtgagcgc	1140
tacgcgaaaa aatacagaaa atatgctgtt gataatcact atattgcggg gatttactta	1200

```
gccagcgatg agccttcact tgctggtcaa gccgcaggta ttgccgtttc atatcatatg      1260
atggctgaca aaaaataa                                                    1278
```

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 16
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 425
II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Xenorhabdus cabanillasii*

CARACTERÍSTICA:
NOMBRE/CLAVE: MISC_FEATURE
LOCALIZACIÓN: (1)..(425)
OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína PirB TIC7661.

SECUENCIA SEQ ID No: 16

```
Met Asn Thr Thr Pro Ile Thr Val Ser Thr Asn Glu Thr Ser Pro Leu
1              5              10              15
```

```
Met Thr Asp Val Met Pro Met Asp Leu Tyr Ala Ile Ser Thr Pro Asp
              20              25              30
```

```
Tyr Glu Trp Asp Met Ser Ser Ile Ile Lys Asp Ala Val Ile Gly Gly
35              40              45
```

```
Ile Gly Phe Ile Pro Gly Pro Gly Pro Ala Ile Ser Phe Leu Leu Gly
50              55              60
```

```
Leu Phe Trp Pro Gln Gln Lys Asp Asn Thr Trp Glu Gln Ile Leu Gln
65              70              75              80
```

```
Lys Val Glu Gln Met Ile Glu Asn Ala Val Leu Gln Thr Ile Lys Gly
85              90              95
```

```
Ile Leu Asn Gly Glu Val Gln Glu Ile Lys Gly Lys Met Glu His Val
100             105             110
```

```
Glu Ser Met Leu Lys Asn Ser Pro Gly Ser Gln Glu Ser His Asp Ala
115             120             125
```

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

Ser Phe Asp Asn Arg Thr Asn Tyr Gln Leu Leu Pro Met Tyr Thr Asn
145 150 155 160

Thr Ile Met Leu Gln Ile Pro Tyr Trp Lys Met Gly Ile Glu Lys Lys
165 170 175

Lys Asp Ile Gly Leu Thr Asp Ile Glu Val Asn Glu Leu Lys Glu Leu
180 185 190

Ile Asp Lys Leu Val Asp Lys Ala Lys Asn Tyr Ile His Thr Met Tyr
195 200 205

Thr Asn Glu His Asn Asn Ala Val Asn Thr Ser Thr Ala Glu Ser Val
210 215 220

Thr Asn Asn Leu Leu Ser Val Arg Gly Tyr Cys Leu Leu His Gly Leu
225 230 235 240

Glu Cys Ile Glu Leu Ile Glu His Ile Gln Asn Asn Ser Leu Glu Ser
245 250 255

Gly Phe Tyr Pro Lys Ile Ile Ser Tyr Ser Thr Ala Phe Asp Arg Pro
260 265 270

Thr Asn Lys Met Arg Ile Gln Ala Leu Thr Glu Asp Asp Ala Met Gln
275 280 285

Glu Pro Phe Lys Pro Ser Leu Ile Asn Gly Lys Tyr Asn Lys Ile Gln
290 295 300

Ser Leu Thr Gly Tyr Val Gln Arg Ile Gly Asn Ala Pro Arg Val Gly
305 310 315 320

Gly Ile Arg Ile Thr Phe Thr Asn Gly Ser Ser Tyr Thr Leu Gly Thr
325 330 335

Val Thr Ser Glu Thr His Ser Ile Lys Leu Asn Asp Ser Val Ile Glu
340 345 350

Ser Leu Glu Val Trp Gly Asn Gly Ala Val Asp Glu Ala Leu Phe Lys
355 360 365

Leu Ser Asp Gly Arg Leu Leu Arg Ile Gly Glu Arg Tyr Ala Lys Lys
370 375 380

Tyr Arg Lys Tyr Ala Val Asp Asn His Tyr Ile Ala Gly Ile Tyr Leu
385 390 395 400

Ala Ser Asp Glu Pro Ser Leu Ala Gly Gln Ala Ala Gly Ile Ala Val
405 410 415

Ser Tyr His Met Met Ala Asp Lys Lys
420 425

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 17
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1701
II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:
OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácido nucleico que codifica una
proteína de fusión, TIC9317
compuesta por las secuencias de codificación de TIC7660 y TIC7661 en
enlace operativo
y en marco.

SECUENCIA SEQ ID No: 17
atgatcacia taaatataaa tgtaaaccgc aatgatgtta caggtacaaa taataatgaa 60
cctactccag tatcgacaac ttacgggtcca aatacaccag catcagaacc ccctgtagtc 120
agtaattata gtgatataac aatagaaccg cattcttctg tgcaggcaac aagaattgat 180
acgcctgtta ttcctgaagc acgccccgat tactatgtag ccaactccgg ccctgcacca 240
tcagttaggg ctgtttttta ttggtctcat tctttcacat cagaatgggt cgaatcttcc 300
tctatcacag tgaaagcagg agaggacgga atattaaaag cacctggtaa ctctttatat 360
tacagcaaag tcgtcattta taatgatagc gataaacgag cctttgttac tggatataat 420
aaaatgaata ctacacctat tactgtatct acaaatgaaa catcgccttt aatgactgac 480

gtaatgccca tggatcttta tgcaatatcc acacctgatt atgaatggga catgtcgtca	540
atcataaagg atgctgttat tgggtggcata ggattttattc caggtccggg cccggcaata	600
tccttcctgt tagggctatt ttggcctcag cagaaagaca atacttggga gcaaattctc	660
cagaaagtag agcagatgat agagaatgct gttctacaaa ctattaaagg aatacttaat	720
ggagaagttc aagagatcaa agggaaaatg gaacatgtag aatccatgct gaaaaactcg	780
cctggcagtc aggaaagtca tgatgcatat atgttcctgg cgagatatct ggtagtata	840
gatgaaaaat tcaaatcttt tgacaataga acaaattacc agcttctccc aatgtatact	900
aacactatta tgttacagat cccttattgg aaaatgggaa tagagaagaa aaaagatatt	960
gggctgacag atattgaagt taatgaatta aaagaactta tcgataaatt ggtagataag	1020
gccaaaaact atattcatac gatgtatact aatgaacata ataatgctgt aaacacatca	1080
acagcagaga gtgtcactaa taatttatta tctgtaagag gatattgttt attacacggt	1140
ttagaatgta ttgagttaat cgagcatata cagaataata gccttgagag tggtttctat	1200
cctaaaatta tcagttattc gactgcggtt gatcgctcta ctaacaaaat gagaattcag	1260
gctcttacag aagatgatgc aatgcaggag cctttcaaac catctttaat caatgggaaa	1320
tataataaaa tccaatcctt gactggatat gtacaaagaa ttgggaatgc acctagagtt	1380
ggtaggtatca gaatcacatt taccaacggc tcatcttata cacttggtag agtgacctca	1440
gaaacgcatt caattaagct aaacgatagt gttatcgaaa gcttggaagt atgggggaat	1500
ggtagctgttg atgaggcggt atttaagtta agtgatgggc gtttattgcg tattggtag	1560
cgctacgga aaaaatacag aaaatatgct gttgataatc actatattgc ggggatttac	1620
ttagccagcg atgagccttc acttgctggt caagccgcag gtattgccgt ttcatatcat	1680
atgatggctg acaaaaaata a	1701

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 18

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 566

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína de fusión PirAB TIC9317.

SECUENCIA SEQ ID No: 18

Met Ile Thr Ile Asn Ile Asn Val Asn Gly Asn Asp Val Thr Gly Thr
1 5 10 15

Asn Asn Asn Glu Pro Thr Pro Val Ser Thr Thr Tyr Gly Pro Asn Thr
20 25 30

Pro Ala Ser Glu Pro Pro Val Val Ser Asn Tyr Ser Asp Ile Thr Ile
35 40 45

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

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

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

Phe Glu Ser Ser Ser Ile Thr Val Lys Ala Gly Glu Asp Gly Ile Leu
100 105 110

Lys Ala Pro Gly Asn Ser Leu Tyr Tyr Ser Lys Val Val Ile Tyr Asn
115 120 125

Asp Thr Asp Lys Arg Ala Phe Val Thr Gly Tyr Asn Lys Met Asn Thr
130 135 140

Thr Pro Ile Thr Val Ser Thr Asn Glu Thr Ser Pro Leu Met Thr Asp
145 150 155 160

Val Met Pro Met Asp Leu Tyr Ala Ile Ser Thr Pro Asp Tyr Glu Trp
165 170 175

Asp Met Ser Ser Ile Ile Lys Asp Ala Val Ile Gly Gly Ile Gly Phe
180 185 190

Ile Pro Gly Pro Gly Pro Ala Ile Ser Phe Leu Leu Gly Leu Phe Trp

195						200						205				
Pro	Gln	Gln	Lys	Asp	Asn	Thr	Trp	Glu	Gln	Ile	Leu	Gln	Lys	Val	Glu	
210						215					220					
Gln	Met	Ile	Glu	Asn	Ala	Val	Leu	Gln	Thr	Ile	Lys	Gly	Ile	Leu	Asn	
225					230					235					240	
Gly	Glu	Val	Gln	Glu	Ile	Lys	Gly	Lys	Met	Glu	His	Val	Glu	Ser	Met	
				245					250					255		
Leu	Lys	Asn	Ser	Pro	Gly	Ser	Gln	Glu	Ser	His	Asp	Ala	Tyr	Met	Phe	
			260					265					270			
Leu	Ala	Arg	Tyr	Leu	Val	Ser	Ile	Asp	Glu	Lys	Phe	Lys	Ser	Phe	Asp	
		275						280				285				
Asn	Arg	Thr	Asn	Tyr	Gln	Leu	Leu	Pro	Met	Tyr	Thr	Asn	Thr	Ile	Met	
	290					295					300					
Leu	Gln	Ile	Pro	Tyr	Trp	Lys	Met	Gly	Ile	Glu	Lys	Lys	Lys	Asp	Ile	
305					310					315					320	
Gly	Leu	Thr	Asp	Ile	Glu	Val	Asn	Glu	Leu	Lys	Glu	Leu	Ile	Asp	Lys	
				325					330					335		
Leu	Val	Asp	Lys	Ala	Lys	Asn	Tyr	Ile	His	Thr	Met	Tyr	Thr	Asn	Glu	
			340					345					350			
His	Asn	Asn	Ala	Val	Asn	Thr	Ser	Thr	Ala	Glu	Ser	Val	Thr	Asn	Asn	
		355					360					365				
Leu	Leu	Ser	Val	Arg	Gly	Tyr	Cys	Leu	Leu	His	Gly	Leu	Glu	Cys	Ile	
	370					375					380					
Glu	Leu	Ile	Glu	His	Ile	Gln	Asn	Asn	Ser	Leu	Glu	Ser	Gly	Phe	Tyr	
385					390					395					400	
Pro	Lys	Ile	Ile	Ser	Tyr	Ser	Thr	Ala	Phe	Asp	Arg	Pro	Thr	Asn	Lys	
				405					410					415		

Met Arg Ile Gln Ala Leu Thr Glu Asp Asp Ala Met Gln Glu Pro Phe
420 425 430

Lys Pro Ser Leu Ile Asn Gly Lys Tyr Asn Lys Ile Gln Ser Leu Thr
435 440 445

Gly Tyr Val Gln Arg Ile Gly Asn Ala Pro Arg Val Gly Gly Ile Arg
450 455 460

Ile Thr Phe Thr Asn Gly Ser Ser Tyr Thr Leu Gly Thr Val Thr Ser
465 470 475 480

Glu Thr His Ser Ile Lys Leu Asn Asp Ser Val Ile Glu Ser Leu Glu
485 490 495

Val Trp Gly Asn Gly Ala Val Asp Glu Ala Leu Phe Lys Leu Ser Asp
500 505 510

Gly Arg Leu Leu Arg Ile Gly Glu Arg Tyr Ala Lys Lys Tyr Arg Lys
515 520 525

Tyr Ala Val Asp Asn His Tyr Ile Ala Gly Ile Tyr Leu Ala Ser Asp
530 535 540

Glu Pro Ser Leu Ala Gly Gln Ala Ala Gly Ile Ala Val Ser Tyr His
545 550 555 560

Met Met Ala Asp Lys Lys
565

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 19
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 420
II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Xenorhabdus ehlersii

CARACTERÍSTICA:
NOMBRE/CLAVE: misc_feature
LOCALIZACIÓN: (1)..(420)

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácidos nucleicos obtenida de
Xenorhabdus ehlersii cepa
85887 que codifica una secuencia de proteína pesticida PirA TIC7662.

SECUENCIA SEQ ID No: 19
atgagtacaa tcaatatcaa tataagtagc agtaccgtta ccgtcatcac gaataacgga 60
gaaacgccag tcccactcac ttacaatata aatacacctg aatcagaacc tcttaccgtc 120
aatccttata gggatatgac aatagagcca cgctcttcta ttgaagcaac aaggattgat 180
acaccgatta ttcccgaaac acgccctaatt tattatgtag ccaattcagg cccggcttca 240
tcagttaggg ccgttttttta ttggtcccat tctttcacat cacaatgggt cgaatattcc 300
tctatcatcg tcaaagccgg ggaagatggc atattagaat caccaagcaa ttctttatat 360
tacagcaaag tcgtcattta taatgatacc gataaacgcg cctttgtgac gggatataat 420

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 20
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 141
II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Xenorhabdus ehlersii

CARACTERÍSTICA:
NOMBRE/CLAVE: MISC_FEATURE
LOCALIZACIÓN: (1)..(141)
OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína PirA TIC7662.

SECUENCIA SEQ ID No: 20

Met Ser Thr Ile Asn Ile Asn Ile Ser Ser Ser Thr Val Thr Val Ile
1 5 10 15

Thr Asn Asn Gly Glu Thr Pro Val Pro Leu Thr Tyr Asn Thr Asn Thr
20 25 30

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

Glu Pro Arg Ser Ser Ile Glu Ala Thr Arg Ile Asp Thr Pro Ile Ile
50 55 60

Pro Glu Thr Arg Pro Asn Tyr Tyr Val Ala Asn Ser Gly Pro Ala Ser

65		70		75		80
Ser Val Arg Ala Val Phe Tyr Trp Ser His Ser Phe Thr Ser Gln Trp						
	85		90		95	
Phe Glu Tyr Ser Ser Ile Ile Val Lys Ala Gly Glu Asp Gly Ile Leu						
	100		105		110	
Glu Ser Pro Ser Asn Ser Leu Tyr Tyr Ser Lys Val Val Ile Tyr Asn						
	115		120		125	
Asp Thr Asp Lys Arg Ala Phe Val Thr Gly Tyr Asn Lys						
	130		135		140	

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 21
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1278
II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Xenorhabdus ehlersii*

CARACTERÍSTICA:
NOMBRE/CLAVE: misc_feature
LOCALIZACIÓN: (1)..(1278)
OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácidos nucleicos obtenida de *Xenorhabdus ehlersii* cepa 85887 que codifica una secuencia de proteína pesticida PirB TIC7663.

SECUENCIA SEQ ID No: 21

atgaatacca ctctgattaa tgtatctgaa aaagaaacat tgcctgtaca aactgatatc	60
atgcttatacg cgccttattc agtatcgacc cccgattatg aatgggatat gtcctcactc	120
atcaaggatg ccattattgg tggcgtaggg tttattcccg tcgtaggttc cgcaatgtcc	180
ttcctgctag gattattttg gcccacacag aaagataata cttgggagca aattctccaa	240
aaagtcgagc agatgatcga gaatgccag ctaaatacga ttaaaggaat acttaatggc	300
gatatacaag agatcaaagg aaaaatggag catgtacaat acatgttgga aacctcgccg	360
ggcagtcaag aaagtcatga tgcctatatg ttcttgcca gatatctggt gagtatcgat	420
gagaaattta agtcttttga taataaaaca aactatcaaa ttttgccgat gtatacgaac	480
acggttatgt tgcagatccc ttattggaaa atgggggatcg agaagaaaaa tgatattggg	540

```

ctgaccgata ttgaagtcaa tgagttaaaa cagcttatcg acacattggg tgacagagcc      600
aggaactata ttcatacgat gtatgaaaga gaatatgata atgccatcaa cacctcaacc      660
gcggcgagcg tcactaataa tttattgtcc gtcagaggat attgcctggt acacggttta      720
gagtgtattg aaaccattga acatctgcaa aataatagcc ttaatagtgg tttctatcct      780
aaaaccatta gttattcaac ggtatttgat cgtcccacga aaaaaacgag aattcaggct      840
ctgaccgaag atgaccaa atgaccaa gcaagagcct ttcaagccag ctttaattgg cggttaagtac      900
aataaaataa aatcattgct tggctatgta cgaagaattg ggaatgcccc cagagtgggg      960
ggaattaagg tcacctttac caacggatca tcttatacac ttggcacagt cacatcagaa     1020
acggactcaa ttgagctaaa tgagagtgtt atcgaaagat tagaagtatg gggcaatggg     1080
gctgttgatg aggcattatt tacgttaagc gatgggcgcc aactcaggat cggcgagcgc     1140
tacgcgaaaa aatacagaaa atatgctgtt gatggacact atatttcagg gctgtactta     1200
gccagcgatg aaccttcctt tgctggtcag gccgcaggta ttgccgtttc ataccatatg     1260
cttgctgata aaaaataa                                     1278

```

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 22

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 425

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Xenorhabdus ehlersii*

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: MISC_FEATURE

LOCALIZACIÓN: (1)..(425)

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína PirB TIC7663.

SECUENCIA SEQ ID No: 22

```

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

```

```

Gln Thr Asp Ile Met Leu Ile Ala Pro Tyr Ser Val Ser Thr Pro Asp
          20           25           30

```

```

Tyr Glu Trp Asp Met Ser Ser Leu Ile Lys Asp Ala Ile Ile Gly Gly

```

35

40

45

Val Gly Phe Ile Pro Val Val Gly Ser Ala Met Ser Phe Leu Leu Gly
50 55 60

Leu Phe Trp Pro Gln Gln Lys Asp Asn Thr Trp Glu Gln Ile Leu Gln
65 70 75 80

Lys Val Glu Gln Met Ile Glu Asn Ala Gln Leu Asn Thr Ile Lys Gly
85 90 95

Ile Leu Asn Gly Asp Ile Gln Glu Ile Lys Gly Lys Met Glu His Val
100 105 110

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

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

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

Thr Val Met Leu Gln Ile Pro Tyr Trp Lys Met Gly Ile Glu Lys Lys
165 170 175

Asn Asp Ile Gly Leu Thr Asp Ile Glu Val Asn Glu Leu Lys Gln Leu
180 185 190

Ile Asp Thr Leu Val Asp Arg Ala Arg Asn Tyr Ile His Thr Met Tyr
195 200 205

Glu Arg Glu Tyr Asp Asn Ala Ile Asn Thr Ser Thr Ala Ala Ser Val
210 215 220

Thr Asn Asn Leu Leu Ser Val Arg Gly Tyr Cys Leu Leu His Gly Leu
225 230 235 240

Glu Cys Ile Glu Thr Ile Glu His Leu Gln Asn Asn Ser Leu Asn Ser
245 250 255

Gly Phe Tyr Pro Lys Thr Ile Ser Tyr Ser Thr Val Phe Asp Arg Pro
260 265 270

Thr Asn Lys Thr Arg Ile Gln Ala Leu Thr Glu Asp Asp Gln Met Gln
275 280 285

Glu Pro Phe Lys Pro Ala Leu Ile Gly Gly Lys Tyr Asn Lys Ile Lys
290 295 300

Ser Leu Leu Gly Tyr Val Arg Arg Ile Gly Asn Ala Pro Arg Val Gly
305 310 315 320

Gly Ile Lys Val Thr Phe Thr Asn Gly Ser Ser Tyr Thr Leu Gly Thr
325 330 335

Val Thr Ser Glu Thr Asp Ser Ile Glu Leu Asn Glu Ser Val Ile Glu
340 345 350

Arg Leu Glu Val Trp Gly Asn Gly Ala Val Asp Glu Ala Leu Phe Thr
355 360 365

Leu Ser Asp Gly Arg Gln Leu Arg Ile Gly Glu Arg Tyr Ala Lys Lys
370 375 380

Tyr Arg Lys Tyr Ala Val Asp Gly His Tyr Ile Ser Gly Leu Tyr Leu
385 390 395 400

Ala Ser Asp Glu Pro Ser Leu Ala Gly Gln Ala Ala Gly Ile Ala Val
405 410 415

Ser Tyr His Met Leu Ala Asp Lys Lys
420 425

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 23
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1701
II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácido nucleico que codifica una proteína de fusión PirAB, TIC9318
compuesta por las secuencias de codificación de TIC7662 y TIC7663 en enlace operativo
y en marco.

SECUENCIA SEQ ID No: 23

atgagtacaa tcaatatcaa tataagtagc agtaccgtta ccgtcatcac gaataacgga	60
gaaacgccag tcccactcac ttacaatata aatacacctg aatcagaacc tcttaccgtc	120
aatccttata gggatatgac aatagagcca cgctcttcta ttgaagcaac aaggattgat	180
acaccgatta ttcccgaaac acgccctaatt tattatgtag ccaattcagg cccggcttca	240
tcagttaggg ccgtttttta ttggtcccat tctttcacat cacaatgggt cgaatattcc	300
tctatcatcg tcaaagccgg ggaagatggc atattagaat caccaagcaa ttctttatat	360
tacagcaaag tcgtcattta taatgatacc gataaacgcg cctttgtgac gggatataat	420
aagatgaata ccactctgat taatgtatct gaaaaagaaa cattgcctgt acaaactgat	480
atcatgctta tcgcgcctta ttcagtatcg acccccgatt atgaatggga tatgtcctca	540
ctcatcaagg atgccattat tgggtggcgta gggtttattc ccgtcgtagg ttccgcaatg	600
tccttcctgc taggattatt ttggcccaa cagaaagata atacttggga gcaaattctc	660
caaaaagtcg agcagatgat cgagaatgcc cagctaaata cgattaaagg aatacttaat	720
ggcgatatac aagagatcaa aggaaaaatg gagcatgtac aatacatggt ggaaacctcg	780
ccgggcagtc aagaaagtca tgatgcctat atgttcctgg ccagatatct ggtgagtatc	840
gatgagaaat ttaagtcttt tgataataaa acaaactatc aaattttgcc gatgtatacg	900
aacacggtta tgttgcagat cccttattgg aaaatgggga tcgagaagaa aaatgatatt	960
gggctgaccg atattgaagt caatgagtta aaacagctta tcgacacatt ggttgacaga	1020
gccaggaact atattcatac gatgtatgaa agagaatatg ataatgccat caacacctca	1080
accgcggcga gcgtcactaa taatttattg tccgtcagag gatattgcct gttacacggt	1140
ttagagtgta ttgaaacat tgaacatctg caaaataata gccttaatag tggtttctat	1200
cctaaaacca ttagttattc aacggtatct gatcgtccca cgaacaaaac gagaattcag	1260
gctctgaccg aagatgacca aatgcaagag cttttcaagc cagctttaat tggcggtaag	1320
tacaataaaa taaaatcatt gcttggctat gtacgaagaa ttgggaatgc cccagagtg	1380

```

gggggaatta aggtcacctt taccaacgga tcattttata cacttggcac agtcacatca      1440
gaaacggact caattgagct aaatgagagt gttatcgaaa gattagaagt atgggggcaat      1500
ggtgctgttg atgaggcatt atttacgtta agcgatgggc gccaaactcag gatcggcgag      1560
cgctacgcga aaaaatacag aaaatatgct gttgatggac actatatttc agggctgtac      1620
ttagccagcg atgaaccttc ccttgctggg caggccgcag gtattgccgt ttcataccat      1680
atgcttgctg ataaaaaata a                                              1701

```

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 24

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 566

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína de fusión PirAB TIC9318.

SECUENCIA SEQ ID No: 24

```

Met Ser Thr Ile Asn Ile Asn Ile Ser Ser Ser Thr Val Thr Val Ile
1              5              10              15

```

```

Thr Asn Asn Gly Glu Thr Pro Val Pro Leu Thr Tyr Asn Thr Asn Thr
          20              25              30

```

```

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

```

```

Glu Pro Arg Ser Ser Ile Glu Ala Thr Arg Ile Asp Thr Pro Ile Ile
          50              55              60

```

```

Pro Glu Thr Arg Pro Asn Tyr Tyr Val Ala Asn Ser Gly Pro Ala Ser
65              70              75              80

```

```

Ser Val Arg Ala Val Phe Tyr Trp Ser His Ser Phe Thr Ser Gln Trp
          85              90              95

```

```

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

```

Glu Ser Pro Ser Asn Ser Leu Tyr Tyr Ser Lys Val Val Ile Tyr Asn
115 120 125

Asp Thr Asp Lys Arg Ala Phe Val Thr Gly Tyr Asn Lys Met Asn Thr
130 135 140

Thr Leu Ile Asn Val Ser Glu Lys Glu Thr Leu Pro Val Gln Thr Asp
145 150 155 160

Ile Met Leu Ile Ala Pro Tyr Ser Val Ser Thr Pro Asp Tyr Glu Trp
165 170 175

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

Ile Pro Val Val Gly Ser Ala Met Ser Phe Leu Leu Gly Leu Phe Trp
195 200 205

Pro Gln Gln Lys Asp Asn Thr Trp Glu Gln Ile Leu Gln Lys Val Glu
210 215 220

Gln Met Ile Glu Asn Ala Gln Leu Asn Thr Ile Lys Gly Ile Leu Asn
225 230 235 240

Gly Asp Ile Gln Glu Ile Lys Gly Lys Met Glu His Val Gln Tyr Met
245 250 255

Leu Glu Thr Ser Pro Gly Ser Gln Glu Ser His Asp Ala Tyr Met Phe
260 265 270

Leu Ala Arg Tyr Leu Val Ser Ile Asp Glu Lys Phe Lys Ser Phe Asp
275 280 285

Asn Lys Thr Asn Tyr Gln Ile Leu Pro Met Tyr Thr Asn Thr Val Met
290 295 300

Leu Gln Ile Pro Tyr Trp Lys Met Gly Ile Glu Lys Lys Asn Asp Ile
305 310 315 320

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

Leu Val Asp Arg Ala Arg Asn Tyr Ile His Thr Met Tyr Glu Arg Glu
340 345 350

Tyr Asp Asn Ala Ile Asn Thr Ser Thr Ala Ala Ser Val Thr Asn Asn
355 360 365

Leu Leu Ser Val Arg Gly Tyr Cys Leu Leu His Gly Leu Glu Cys Ile
370 375 380

Glu Thr Ile Glu His Leu Gln Asn Asn Ser Leu Asn Ser Gly Phe Tyr
385 390 395 400

Pro Lys Thr Ile Ser Tyr Ser Thr Val Phe Asp Arg Pro Thr Asn Lys
405 410 415

Thr Arg Ile Gln Ala Leu Thr Glu Asp Asp Gln Met Gln Glu Pro Phe
420 425 430

Lys Pro Ala Leu Ile Gly Gly Lys Tyr Asn Lys Ile Lys Ser Leu Leu
435 440 445

Gly Tyr Val Arg Arg Ile Gly Asn Ala Pro Arg Val Gly Gly Ile Lys
450 455 460

Val Thr Phe Thr Asn Gly Ser Ser Tyr Thr Leu Gly Thr Val Thr Ser
465 470 475 480

Glu Thr Asp Ser Ile Glu Leu Asn Glu Ser Val Ile Glu Arg Leu Glu
485 490 495

Val Trp Gly Asn Gly Ala Val Asp Glu Ala Leu Phe Thr Leu Ser Asp
500 505 510

Gly Arg Gln Leu Arg Ile Gly Glu Arg Tyr Ala Lys Lys Tyr Arg Lys
515 520 525

Tyr Ala Val Asp Gly His Tyr Ile Ser Gly Leu Tyr Leu Ala Ser Asp
530 535 540

Glu Pro Ser Leu Ala Gly Gln Ala Ala Gly Ile Ala Val Ser Tyr His
 545 550 555 560

Met Leu Ala Asp Lys Lys
 565

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 25

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 408

II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Xenorhabdus poinarii*

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: misc_feature

LOCALIZACIÓN: (1)..(408)

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácidos nucleicos obtenida de *Xenorhabdus poinarii* cepa

86198 que codifica una secuencia de proteína pesticida PirA TIC7664.

SECUENCIA SEQ ID No: 25

atgatcacia tcaatatcag tgggtgtaat gtaacaatta ataacaatat cagttcagta	60
acggatatcc aaaaaccct tgatgcagaa cccctctcag tcacgaatta taaggatctg	120
acaatagagc cgcactcatc tattcaagca accagaacgg acaccccat tattcctgaa	180
acacgcccta attattatgt tgctaactca ggccctgctt catccgttaa agcgggtgttt	240
tattggtcgc attcggtttac atcggaatgg ttcgagtatt catctatcat agtaaaagca	300
ggagaggatg gaatattaaa atcaccgagt aatgccgtat attacagtaa agtagtaatt	360
tataatgata cagataagcg ggcttttgtg actggatata acatgtaa	408

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 26

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 135

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Xenorhabdus poinarii*

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: MISC_FEATURE

LOCALIZACIÓN: (1)..(135)

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína PirA TIC7664.

SECUENCIA SEQ ID No: 26

Met Ile Thr Ile Asn Ile Ser Gly Gly Asn Val Thr Ile Asn Asn Asn
1 5 10 15

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

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

Gln Ala Thr Arg Thr Asp Thr Pro Ile Ile Pro Glu Thr Arg Pro Asn
50 55 60

Tyr Tyr Val Ala Asn Ser Gly Pro Ala Ser Ser Val Lys Ala Val Phe
65 70 75 80

Tyr Trp Ser His Ser Phe Thr Ser Glu Trp Phe Glu Tyr Ser Ser Ile
85 90 95

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

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

Phe Val Thr Gly Tyr Asn Met
130 135

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 27

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1245

II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Xenorhabdus poinarii

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: misc_feature

LOCALIZACIÓN: (1)..(1245)

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácidos nucleicos obtenida de *Xenorhabdus poinarii* cepa

86198 que codifica una secuencia de proteína pesticida PirB TIC7665.

SECUENCIA SEQ ID No: 27

atgaataata gtccaatgaa tgatcagtta tcaatagcac cttattcaat ttcgacaccc	60
aattatgaat gggatatgtc atcaatcata aaagatgcca ttatcgggtgg cataggattt	120
attcccggac caggctctgc aatctctttt ttattagggc tgttctggcc tcaacagaca	180
gacaatacct gggatcaaat cctccaaaaa atcgaacaga tgatagaaga agcgaattta	240
aaaaccatta aaggtatatt aaatggagat atacaagaaa ttaaaggaaa aatggaccat	300
gtgcaatata tgctagagaa ttctcctggc agccaggaaa gccatgatgc ttatatgttt	360
ttagcaaggt ttttggtcag tattgatgaa aaattcaaat ctttcgatga tagaacaat	420
tatcaaattc ttcccatgta tacgaacacc attatgttac aagcgcctta ttggaaaatg	480
ggcctcgaaa agaaagagga tatcggttta agcgatattg aagttagcga attaaaagaa	540
cttatcgata aattatatac taaatcatat gattatatcc ataacacgta taatcgtgaa	600
tatgataatg caatcaatac gtcaaccgca gagagtatca ccaataattt attgtctgtc	660
agaggatatt gtttattaca tggttgtgaa tgtcttgaag ttattgcgca tatacaaaac	720
aatagccttg ataaaggctt ctaccctaaa acgatcagct attcgagtgt tttcgatcgt	780
cctacaaaca aaatgaggat tcaggcgctt acagaagatg accaaatgca agaaccgttc	840
aaaccttctt tcgtcaatgg tcaatataat aaaataaaat cattggaggg ttatgtcaca	900
aggatcggca atgcccccg agtcggtgga attaaaatca catttgaaaa caacgcatct	960
tatactcttg gtactgtgac ttcagaaaca acctttattg aactcaatga gagtggtata	1020
accagcatag aagtgtgggg aaatggggcc gttgatgagg cattctttac attgagtgc	1080
ggtcgccaaa tgcggcttgg tcaacgctat gccagtcgct acagaaaata tgctgtcgat	1140
ggtcattata tctcaggatt gtacttagcc agtgatgaac catcccttgc tgggtcaagcc	1200
gccggtattg ccgtttcata tcatatgatt gttgataaac aataa	1245

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 28

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 414

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Xenorhabdus poinarii*

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: MISC_FEATURE

LOCALIZACIÓN: (1)..(414)

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína PirB TIC7665.

SECUENCIA SEQ ID No: 28

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

Ile Ser Thr Pro Asn Tyr Glu Trp Asp Met Ser Ser Ile Ile Lys Asp
20 25 30

Ala Ile Ile Gly Gly Ile Gly Phe Ile Pro Gly Pro Gly Ser Ala Ile
35 40 45

Ser Phe Leu Leu Gly Leu Phe Trp Pro Gln Gln Thr Asp Asn Thr Trp
50 55 60

Asp Gln Ile Leu Gln Lys Ile Glu Gln Met Ile Glu Glu Ala Asn Leu
65 70 75 80

Lys Thr Ile Lys Gly Ile Leu Asn Gly Asp Ile Gln Glu Ile Lys Gly
85 90 95

Lys Met Asp His Val Gln Tyr Met Leu Glu Asn Ser Pro Gly Ser Gln
100 105 110

Glu Ser His Asp Ala Tyr Met Phe Leu Ala Arg Phe Leu Val Ser Ile
115 120 125

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

Pro Met Tyr Thr Asn Thr Ile Met Leu Gln Ala Pro Tyr Trp Lys Met
145 150 155 160

Gly Leu Glu Lys Lys Glu Asp Ile Gly Leu Ser Asp Ile Glu Val Ser
165 170 175

Glu Leu Lys Glu Leu Ile Asp Lys Leu Tyr Thr Lys Ser Tyr Asp Tyr
180 185 190

Ile His Asn Thr Tyr Asn Arg Glu Tyr Asp Asn Ala Ile Asn Thr Ser
195 200 205

Thr Ala Glu Ser Ile Thr Asn Asn Leu Leu Ser Val Arg Gly Tyr Cys
210 215 220

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

Asn Ser Leu Asp Lys Gly Phe Tyr Pro Lys Thr Ile Ser Tyr Ser Ser
245 250 255

Val Phe Asp Arg Pro Thr Asn Lys Met Arg Ile Gln Ala Leu Thr Glu
260 265 270

Asp Asp Gln Met Gln Glu Pro Phe Lys Pro Ser Phe Val Asn Gly Gln
275 280 285

Tyr Asn Lys Ile Lys Ser Leu Glu Gly Tyr Val Thr Arg Ile Gly Asn
290 295 300

Ala Pro Arg Val Gly Gly Ile Lys Ile Thr Phe Glu Asn Asn Ala Ser
305 310 315 320

Tyr Thr Leu Gly Thr Val Thr Ser Glu Thr Thr Phe Ile Glu Leu Asn
325 330 335

Glu Ser Val Ile Thr Ser Ile Glu Val Trp Gly Asn Gly Ala Val Asp
340 345 350

Glu Ala Phe Phe Thr Leu Ser Asp Gly Arg Gln Met Arg Leu Gly Gln
355 360 365

Arg Tyr Ala Ser Arg Tyr Arg Lys Tyr Ala Val Asp Gly His Tyr Ile
370 375 380

Ser Gly Leu Tyr Leu Ala Ser Asp Glu Pro Ser Leu Ala Gly Gln Ala
 385 390 395 400

Ala Gly Ile Ala Val Ser Tyr His Met Ile Val Asp Lys Gln
 405 410

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 29

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1650

II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácido nucleico que codifica una proteína de fusión PirAB, TIC9319

compuesta por las secuencias de codificación de TIC7664 y TIC7665 en enlace operativo y en marco.

SECUENCIA SEQ ID No: 29

atgatcacia tcaatatcag tgggtgtaat gtaacaatta ataacaatat cagttcagta	60
acggatatcc aaaaaccctc tgatgcagaa cccctctcag tcacgaatta taaggatctg	120
acaatagagc cgcactcatc tattcaagca accagaacgg acacccccat tattcctgaa	180
acacgcccta attattatgt tgctaactca ggccctgctt catccgttaa agcgggtgttt	240
tattggtcgc attcgttttac atcggaatgg ttcgagtatt catctatcat agtaaaagca	300
ggagaggatg gaatatataa atcacaggat aatgccgtat attacagtaa agtagtaatt	360
tataatgata cagataagcg ggcttttttg actggatata acatgatgaa taatagtcca	420
atgaatgatc agttatcaat agcaccttat tcaatttcga cacccaatta tgaatgggat	480
atgtcatcaa tcataaaaga tgccattatc ggtggcatag gatttattcc cggaccaggc	540
tctgcaatct ctttttttatt agggctgttc tggcctcaac agacagacaa tacctgggat	600
caaatcctcc aaaaaatcga acagatgata gaagaagcga atttaaaaac cattaaaggt	660
atattaaatg gagatataca agaaattaaa ggaaaaatgg accatgtgca atatatgcta	720
gagaattctc ctggcagcca ggaaagccat gatgcttata tgtttttagc aaggtttttg	780
gtcagtattg atgaaaaatt caaatctttc gatgatagaa caaattatca aattcttccc	840
atgtatacga acaccattat gttacaagcg ctttattgga aaatgggcct cgaaaagaaa	900

gaggatatcg gtttaagcga tattgaagtt agcgaattaa aagaacttat cgataaatta	960
tatactaaat catatgatta tatccataac acgtataatc gtgaatatga taatgcaatc	1020
aatacgtaa cgcgagagag tatcaccaat aatttattgt ctgtcagagg atattgttta	1080
ttacatgggtt gtgaatgtct tgaagttatt gcgcatatac aaaacaatag ccttgataaa	1140
ggcttctacc ctaaaacgat cagctattcg agtggttttcg atcgtcctac aaacaaaatg	1200
aggattcagg cgcttacaga agatgaccaa atgcaagaac cgttcaaacc ttctttcgtc	1260
aatgggtcaat ataataaaat aaaatcattg gaggggttatg tcacaaggat cggcaatgcc	1320
ccccgagtcg gtggaattaa aatcacattt gaaaacaacg catcttatac tcttggtact	1380
gtgacttcag aaacaacctt tattgaactc aatgagagtg ttataaccag catagaagtg	1440
tggggaaatg gggccgttga tgaggcattc tttacattga gtgacggtcg ccaaatgcgg	1500
cttggtcaac gctatgccag tcgctacaga aaatatgctg tcgatgggtca ttatatctca	1560
ggattgtact tagccagtga tgaaccatcc cttgctgggtc aagccgccgg tattgccggt	1620
tcatatcata tgattgttga taaacaataa	1650

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 30

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 549

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína de fusión PirAB TIC9319.

SECUENCIA SEQ ID No: 30

Met	Ile	Thr	Ile	Asn	Ile	Ser	Gly	Gly	Asn	Val	Thr	Ile	Asn	Asn	Asn
1				5				10					15		

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

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

Gln Ala Thr Arg Thr Asp Thr Pro Ile Ile Pro Glu Thr Arg Pro Asn
50 55 60

Tyr Tyr Val Ala Asn Ser Gly Pro Ala Ser Ser Val Lys Ala Val Phe
65 70 75 80

Tyr Trp Ser His Ser Phe Thr Ser Glu Trp Phe Glu Tyr Ser Ser Ile
85 90 95

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

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

Phe Val Thr Gly Tyr Asn Met Met Asn Asn Ser Pro Met Asn Asp Gln
130 135 140

Leu Ser Ile Ala Pro Tyr Ser Ile Ser Thr Pro Asn Tyr Glu Trp Asp
145 150 155 160

Met Ser Ser Ile Ile Lys Asp Ala Ile Ile Gly Gly Ile Gly Phe Ile
165 170 175

Pro Gly Pro Gly Ser Ala Ile Ser Phe Leu Leu Gly Leu Phe Trp Pro
180 185 190

Gln Gln Thr Asp Asn Thr Trp Asp Gln Ile Leu Gln Lys Ile Glu Gln
195 200 205

Met Ile Glu Glu Ala Asn Leu Lys Thr Ile Lys Gly Ile Leu Asn Gly
210 215 220

Asp Ile Gln Glu Ile Lys Gly Lys Met Asp His Val Gln Tyr Met Leu
225 230 235 240

Glu Asn Ser Pro Gly Ser Gln Glu Ser His Asp Ala Tyr Met Phe Leu
245 250 255

Ala Arg Phe Leu Val Ser Ile Asp Glu Lys Phe Lys Ser Phe Asp Asp

260	265	270
Arg Thr Asn Tyr Gln Ile Leu Pro Met Tyr Thr Asn Thr Ile Met Leu		
275	280	285
Gln Ala Pro Tyr Trp Lys Met Gly Leu Glu Lys Lys Glu Asp Ile Gly		
290	295	300
Leu Ser Asp Ile Glu Val Ser Glu Leu Lys Glu Leu Ile Asp Lys Leu		
305	310	315
Tyr Thr Lys Ser Tyr Asp Tyr Ile His Asn Thr Tyr Asn Arg Glu Tyr		
325	330	335
Asp Asn Ala Ile Asn Thr Ser Thr Ala Glu Ser Ile Thr Asn Asn Leu		
340	345	350
Leu Ser Val Arg Gly Tyr Cys Leu Leu His Gly Cys Glu Cys Leu Glu		
355	360	365
Val Ile Ala His Ile Gln Asn Asn Ser Leu Asp Lys Gly Phe Tyr Pro		
370	375	380
Lys Thr Ile Ser Tyr Ser Ser Val Phe Asp Arg Pro Thr Asn Lys Met		
385	390	395
Arg Ile Gln Ala Leu Thr Glu Asp Asp Gln Met Gln Glu Pro Phe Lys		
405	410	415
Pro Ser Phe Val Asn Gly Gln Tyr Asn Lys Ile Lys Ser Leu Glu Gly		
420	425	430
Tyr Val Thr Arg Ile Gly Asn Ala Pro Arg Val Gly Gly Ile Lys Ile		
435	440	445
Thr Phe Glu Asn Asn Ala Ser Tyr Thr Leu Gly Thr Val Thr Ser Glu		
450	455	460
Thr Thr Phe Ile Glu Leu Asn Glu Ser Val Ile Thr Ser Ile Glu Val		
465	470	475
		480

Trp Gly Asn Gly Ala Val Asp Glu Ala Phe Phe Thr Leu Ser Asp Gly
485 490 495

Arg Gln Met Arg Leu Gly Gln Arg Tyr Ala Ser Arg Tyr Arg Lys Tyr
500 505 510

Ala Val Asp Gly His Tyr Ile Ser Gly Leu Tyr Leu Ala Ser Asp Glu
515 520 525

Pro Ser Leu Ala Gly Gln Ala Ala Gly Ile Ala Val Ser Tyr His Met
530 535 540

Ile Val Asp Lys Gln
545

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 31
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 402
II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Photorhabdus luminescens

CARACTERÍSTICA:
NOMBRE/CLAVE: misc_feature
LOCALIZACIÓN: (1)..(402)
OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácidos nucleicos obtenida de
Photorhabdus luminescens
cepa 86197 que codifica una secuencia de proteína pesticida PirA
TIC7666.

SECUENCIA SEQ ID No: 31
atgtctagaa taaccattgt tgttgattca gatgatcaga aagcagaatt ttatttctaatt 60
tctcctgttc cagtatataa agatttaaatt gcagttgggtc ctttgagtga tgtgactata 120
tcacctcatg ccagtgtgga agtgtttaga atagatacac cagtaattcc agaattccaga 180
agctctctga gagttgtaaa tacagggcta tcaaattagtg ttacggctaa attttactgg 240
tctcatagtt ttacctctga atggtttgag tctggttcta tagatgtagg attaggagaa 300
gagaaggtgt taaacgtgcc tagcaactct ttttattata gtaaatttgt tatctataat 360
aacacggaca aagttgctta tgtgacggca aatttggttt aa 402

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 32
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 133
II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Photorhabdus luminescens*

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: MISC_FEATURE

LOCALIZACIÓN: (1)..(133)

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína PirA TIC7666.

SECUENCIA SEQ ID No: 32

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

Phe Tyr Ser Asn Ser Pro Val Pro Val Tyr Lys Asp Leu Asn Ala Val
20 25 30

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

Phe Arg Ile Asp Thr Pro Val Ile Pro Glu Ser Arg Ser Ser Leu Arg
50 55 60

Val Val Asn Thr Gly Leu Ser Asn Ser Val Thr Ala Lys Phe Tyr Trp
65 70 75 80

Ser His Ser Phe Thr Ser Glu Trp Phe Glu Ser Gly Ser Ile Asp Val
85 90 95

Gly Leu Gly Glu Glu Lys Val Leu Asn Val Pro Ser Asn Ser Phe Tyr
100 105 110

Tyr Ser Lys Phe Val Ile Tyr Asn Asn Thr Asp Lys Val Ala Tyr Val
115 120 125

Thr Ala Asn Leu Val
130

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 33
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1260
II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Photorhabdus luminescens*

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: misc_feature

LOCALIZACIÓN: (1)..(1260)

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácidos nucleicos obtenida de *Photorhabdus luminescens* cepa 86197 que codifica una secuencia de proteína pesticida PirB TIC7667.

SECUENCIA SEQ ID No: 33

atgcatacag aaaatgtttt agacataaga accattgtgg ctaatgaata tgctgtaaaa	60
acgagtgcac tagagtggga tgttactgat attgtaaaaa atgcaatcat agggggaata	120
tcctttatcc cttcggttgg tcccgtata tcttttttag tcggtttatt ctggcctcaa	180
tcgaaagaaa atatatggga agggattgtc aaacaaattg aaaggatgat agaggagtct	240
gcgttaaaga cgattaaagg tacccttgct ggtgatattg catatataca agaacgaatg	300
gcaaccgttg ctgatcttct tgataagcat ccaggatcag aagaagcgag gagtgctttt	360
aataacctgg cagaaaatat agatggctat cacaaaaagt ttagtaattt ttcggatgat	420
gttaattatc agatattacc catgttttct actacgggta tgatgcagat aacatattgg	480
gttgctggtt tagagagaaa agatgaaatt gggcttagta atattgatgt tgaaaaagtc	540
cgaggattaa ttaaaaagac ggtagaacag gctaatagtt atattaacaa tatatatgat	600
agagagctta atgatgctct taataactcg acggctgaca ctgttgcaaa taatgttatg	660
tctgttcacg gtcactgtcg tttacatggg attgaatata tcagtatttg ggataaatta	720
agtgaagctg agtcggtaaa taataaaatc tatgttgatg tttaagtta ttctactttc	780
tttgaccgtc aaacagcaaa agccagaatt caggcattga ctccagagaa agatatgact	840
ccacctctca aaccggctct taatggagga aaaagaagaa agatagattc gttaacggga	900
catattgtgc gtattggagg ggctgcgagg gtaggagggc tgacagttgt atttgatgat	960
ggtaatcgcc atcaattagg tacaatatct ggtgagacgt catctatttc tctgaatggt	1020
agtcgaatta ccagtttggg agtatgggga aatggtgctg ttgatcaagc ggtctttact	1080

```

ttaaatgatg gtcgttcatt gtcattgggc tcgcctggaa catctcgata taggaagttt      1140
tatgttggtg aaagccacta tattgcaggg atatatttgt ccagtgatta caaccatta      1200
gctggtcagg cagcaaatat tgctgtatct tatcagttga taaatgatga tgaaaaataa      1260

```

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 34

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 419

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Photorhabdus luminescens

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: MISC_FEATURE

LOCALIZACIÓN: (1)..(419)

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína PirB TIC7667.

SECUENCIA SEQ ID No: 34

```

Met His Thr Glu Asn Val Leu Asp Ile Arg Thr Ile Val Ala Asn Glu
1              5              10              15

```

```

Tyr Ala Val Lys Thr Ser Ala Leu Glu Trp Asp Val Thr Asp Ile Val
          20              25              30

```

```

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

```

```

Ala Ile Ser Phe Leu Val Gly Leu Phe Trp Pro Gln Ser Lys Glu Asn
          50              55              60

```

```

Ile Trp Glu Gly Ile Val Lys Gln Ile Glu Arg Met Ile Glu Glu Ser
65              70              75              80

```

```

Ala Leu Lys Thr Ile Lys Gly Ile Leu Ala Gly Asp Ile Ala Tyr Ile
          85              90              95

```

```

Gln Glu Arg Met Ala Thr Val Ala Asp Leu Leu Asp Lys His Pro Gly
          100             105             110

```

```

Ser Glu Glu Ala Arg Ser Ala Phe Asn Asn Leu Ala Glu Asn Ile Asp

```

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

Ser Leu Asn Gly Ser Arg Ile Thr Ser Leu Glu Val Trp Gly Asn Gly
340 345 350

Ala Val Asp Gln Ala Val Phe Thr Leu Asn Asp Gly Arg Ser Leu Ser
355 360 365

Leu Gly Ser Pro Gly Thr Ser Arg Tyr Arg Lys Phe Tyr Val Gly Glu
370 375 380

Ser His Tyr Ile Ala Gly Ile Tyr Leu Ser Ser Asp Tyr Asn Pro Leu
385 390 395 400

Ala Gly Gln Ala Ala Asn Ile Ala Val Ser Tyr Gln Leu Ile Asn Asp
405 410 415

Asp Glu Lys

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 35
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1659
II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:
OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácido nucleico que codifica una
proteína de fusión PirAB, TIC9322
compuesta por las secuencias de codificación de TIC7666 y TIC7667 en
enlace operativo
y en marco.

SECUENCIA SEQ ID No: 35
atgtctagaa taaccattgt tgttgattca gatgatcaga aagcagaatt ttatttctaatt 60
tctcctgttc cagtatataa agatttaaag gcagttgggtc ctttgagtga tgtgactata 120
tcacctcatg ccagtgtgga agtggttaga atagatacac cagtaattcc agaattccaga 180
agctctctga gagttgtaaa tacagggcta tcaaatagtg ttacggctaa attttactgg 240
tctcatagtt ttacctctga atgggttgag tctgggttcta tagatgtagg attaggagaa 300
gagaaggtgt taaacgtgcc tagcaactct ttttattata gtaaatttgt tatctataat 360

aacacggaca aagttgctta tgtgacggca aatttggtta tgcatacaga aaatgtttta	420
gacataagaa ccattgtggc taatgaatat gctgtaaaaa cgagtgcatt agagtgggat	480
gttactgata ttgtaaaaaa tgcaatcata gggggaatat cctttatccc ttcggttggt	540
cccgtatat cttttttagt cggtttattc tggcctcaat cgaaagaaaa tatatgggaa	600
gggattgtca aacaaattga aaggatgata gaggagtctg cgtaaagac gattaaaggt	660
atccttgctg gtgatattgc atatatacaa gaacgaatgg caaccgttgc tgatcttctt	720
gataagcatc caggatcaga agaagcgagg agtgctttta ataacctggc agaaaatata	780
gatggctatc acaaaaagtt tagtaatttt tcggatgatg ttaattatca gatattaccc	840
atgttttcta ctacggttat gatgcagata acatattggg ttgctggttt agagagaaaa	900
gatgaaattg ggcttagtaa tattgatgtt gaaaaagtcc gaggattaat taaaaagacg	960
gtagaacagg ctaatagtta tattaacaat atatatgata gagagcttaa tgatgctctt	1020
aataactcga cggctgacac tgttgcaa atgtttatgt ctgttcatgg tcaactgtcgt	1080
ttacatggga ttgaatatat cagtatttgg gataaattaa gtgaagctga gtcggtaa at	1140
aataaaatct atgttgatgt tttaagttat tctactttct ttgaccgtca aacagcaaaa	1200
gccagaattc aggcattgac tccagagaaa gatatgactc cacctctcaa accggctctt	1260
aatggaggaa aaagaagaaa gatagattcg ttaacgggac atattgtgcg tattggaggg	1320
gctgcgaggg taggagggct gacagttgta tttgatgatg gtaatcgcca tcaattaggt	1380
acaatatctg gtgagacgtc atctatttct ctgaatggta gtcgaattac cagtttgga	1440
gtatggggaa atggtgctgt tgatcaagcg gtctttactt taaatgatgg tcgttcattg	1500
tcattgggct cgcttgaac atctcgatat aggaagtttt atgttggtga aagccactat	1560
attgcaggga tatatttgtc cagtgattac aaccattag ctggtcaggc agcaaatatt	1620
gctgtatctt atcagttgat aaatgatgat gaaaaataa	1659

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 36
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 552
II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína de fusión PirAB TIC9322.

SECUENCIA SEQ ID No: 36

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

Phe Tyr Ser Asn Ser Pro Val Pro Val Tyr Lys Asp Leu Asn Ala Val
20 25 30

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

Phe Arg Ile Asp Thr Pro Val Ile Pro Glu Ser Arg Ser Ser Leu Arg
50 55 60

Val Val Asn Thr Gly Leu Ser Asn Ser Val Thr Ala Lys Phe Tyr Trp
65 70 75 80

Ser His Ser Phe Thr Ser Glu Trp Phe Glu Ser Gly Ser Ile Asp Val
85 90 95

Gly Leu Gly Glu Glu Lys Val Leu Asn Val Pro Ser Asn Ser Phe Tyr
100 105 110

Tyr Ser Lys Phe Val Ile Tyr Asn Asn Thr Asp Lys Val Ala Tyr Val
115 120 125

Thr Ala Asn Leu Val Met His Thr Glu Asn Val Leu Asp Ile Arg Thr
130 135 140

Ile Val Ala Asn Glu Tyr Ala Val Lys Thr Ser Ala Leu Glu Trp Asp
145 150 155 160

Val Thr Asp Ile Val Lys Asn Ala Ile Ile Gly Gly Ile Ser Phe Ile
165 170 175

Pro Ser Val Gly Pro Ala Ile Ser Phe Leu Val Gly Leu Phe Trp Pro
180 185 190

Gln Ser Lys Glu Asn Ile Trp Glu Gly Ile Val Lys Gln Ile Glu Arg
195 200 205

Met Ile Glu Glu Ser Ala Leu Lys Thr Ile Lys Gly Ile Leu Ala Gly
210 215 220

Asp Ile Ala Tyr Ile Gln Glu Arg Met Ala Thr Val Ala Asp Leu Leu
225 230 235 240

Asp Lys His Pro Gly Ser Glu Glu Ala Arg Ser Ala Phe Asn Asn Leu
245 250 255

Ala Glu Asn Ile Asp Gly Tyr His Lys Lys Phe Ser Asn Phe Ser Asp
260 265 270

Asp Val Asn Tyr Gln Ile Leu Pro Met Phe Ser Thr Thr Val Met Met
275 280 285

Gln Ile Thr Tyr Trp Val Ala Gly Leu Glu Arg Lys Asp Glu Ile Gly
290 295 300

Leu Ser Asn Ile Asp Val Glu Lys Val Arg Gly Leu Ile Lys Lys Thr
305 310 315 320

Val Glu Gln Ala Asn Ser Tyr Ile Asn Asn Ile Tyr Asp Arg Glu Leu
325 330 335

Asn Asp Ala Leu Asn Asn Ser Thr Ala Asp Thr Val Ala Asn Asn Val
340 345 350

Met Ser Val His Gly His Cys Arg Leu His Gly Ile Glu Tyr Ile Ser
355 360 365

Ile Trp Asp Lys Leu Ser Glu Ala Glu Ser Val Asn Asn Lys Ile Tyr
370 375 380

Val Asp Val Leu Ser Tyr Ser Thr Phe Phe Asp Arg Gln Thr Ala Lys
385 390 395 400

Ala Arg Ile Gln Ala Leu Thr Pro Glu Lys Asp Met Thr Pro Pro Leu
405 410 415

Lys Pro Ala Leu Asn Gly Gly Lys Arg Arg Lys Ile Asp Ser Leu Thr
420 425 430

Gly His Ile Val Arg Ile Gly Gly Ala Ala Arg Val Gly Gly Leu Thr
435 440 445

Val Val Phe Asp Asp Gly Asn Arg His Gln Leu Gly Thr Ile Ser Gly
450 455 460

Glu Thr Ser Ser Ile Ser Leu Asn Gly Ser Arg Ile Thr Ser Leu Glu
465 470 475 480

Val Trp Gly Asn Gly Ala Val Asp Gln Ala Val Phe Thr Leu Asn Asp
485 490 495

Gly Arg Ser Leu Ser Leu Gly Ser Pro Gly Thr Ser Arg Tyr Arg Lys
500 505 510

Phe Tyr Val Gly Glu Ser His Tyr Ile Ala Gly Ile Tyr Leu Ser Ser
515 520 525

Asp Tyr Asn Pro Leu Ala Gly Gln Ala Ala Asn Ile Ala Val Ser Tyr
530 535 540

Gln Leu Ile Asn Asp Asp Glu Lys
545 550

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 37
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 402
II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Photorhabdus luminescens*

CARACTERÍSTICA:
NOMBRE/CLAVE: misc_feature
LOCALIZACIÓN: (1)..(402)
OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácidos nucleicos obtenida de
Photorhabdus luminescens

cepa 86194 que codifica una secuencia de proteína pesticida PirA TIC7668.

SECUENCIA SEQ ID No: 37

```
atgtctagaa taactattgt tgttgattca gatgaacaga aagcagaagt ttactctaataat      60
tcccctgttc cagtacataa agacttaaata gcagttgggtc ctttgagtga tgtgactata      120
tcacctcatg ctagtgtgga agtatttaga atagatacac caataattcc agaattccaga      180
agatctctga gagttgtaaa taccgggcta gcaaataagtgc tcacggctaa attttactgg      240
tctcatagtt ttacctctga atgggttgag tctgggttcta tagatgtagg attaggagaa      300
gagaagggtgt taaacgtgcc taataactct ttttattata gtaaatttgt tatctataat      360
aatacgggata aagttgctta tgtgacggca aatttggttt aa                          402
```

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 38

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 133

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Photorhabdus luminescens

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: MISC_FEATURE

LOCALIZACIÓN: (1)..(133)

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína PirA TIC7668.

SECUENCIA SEQ ID No: 38

```
Met Ser Arg Ile Thr Ile Val Val Asp Ser Asp Glu Gln Lys Ala Glu
1           5           10           15
```

```
Val Tyr Ser Asn Ser Pro Val Pro Val His Lys Asp Leu Asn Ala Val
          20           25           30
```

```
Gly Pro Leu Ser Asp Val Thr Ile Ser Pro His Ala Ser Val Glu Val
          35           40           45
```

```
Phe Arg Ile Asp Thr Pro Ile Ile Pro Glu Ser Arg Arg Ser Leu Arg
          50           55           60
```

```
Val Val Asn Thr Gly Leu Ala Asn Ser Val Thr Ala Lys Phe Tyr Trp
65           70           75           80
```

Ser His Ser Phe Thr Ser Glu Trp Phe Glu Ser Gly Ser Ile Asp Val
85 90 95

Gly Leu Gly Glu Glu Lys Val Leu Asn Val Pro Asn Asn Ser Phe Tyr
100 105 110

Tyr Ser Lys Phe Val Ile Tyr Asn Asn Thr Asp Lys Val Ala Tyr Val
115 120 125

Thr Ala Asn Leu Val
130

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 39

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1260

II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Photorhabdus luminescens*

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: misc_feature

LOCALIZACIÓN: (1)..(1260)

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácidos nucleicos obtenida de *Photorhabdus luminescens*

cepa 86194 que codifica una secuencia de proteína pesticida PirB TIC7669.

SECUENCIA SEQ ID No: 39

atgcatacag aaaatgtttt agacataaga accattgtgg ctaatgaata tgccgtaaaa	60
acgagtgcag tagagtggga tggtactgat attgtaaaaa atgcaatcat cgggggaata	120
tcttttatac cttcagttgg ccctgctata tcttttttag tcggtttatt ctggcctcaa	180
tcaaaagaaa atatatggga agggattgtc aaacaaattg aaaggatgat agaggagtct	240
gcattaaaga cgattaaagg tacccttgct ggtgatattg catatataca agaacgaatg	300
gcaaccgttg ctgatcttct tgataagcat ccgggatctg aagaagcgag gagtgcctttt	360
aataacctgg cagaaaatat agatgggttat cacaaaaaat ttaataattt ttccgatgat	420
gttaactatc agatattacc catgttttct actacgggta tgatgcagat aacatattgg	480
gtcgctggtt tagagagaag aaatgaaatc gggcttagtg atattgatat tgaaaaagtc	540

```

cgaggggttaa tcaaaaagac ggtagaacag gcgaatagtt atattaataa tatatatgat      600
agagagctta atgatgctct taataactcg acggctgaca ctgttgcaaa taatgtgatg      660
tctgttcattg gtcactgtcg tttacatggg attgaatata tcagtatttg ggataaatta      720
agtgaagcag agtcagtaaa taatagaatc tatgttgatg ttttaagtta ttctactttc      780
tttgaccgtc aaacagcaaa agccagaatt caggcattga ctccagagaa agatatggct      840
ccacctctca aaccggctct taatgacggg aaaagaagaa agatcgattc gttaacggga      900
catattgtgc gtattggagg ggctccgaga gtcggagggc tgacagttgt atttgatgat      960
ggtagtagcc atcgattagg tacaatatct ggtgagacgg catctatttc tctgaatggc     1020
agtcgaatta ccagtttgga agtatggggc aatgggtgctg ttgatcaagc ggtctttact     1080
ttgagtgatg gtcgttcatt atcatttggc gcacctggaa catctcgata taggaaatth     1140
tatgttggcg aaagtcacta tattgcaggg gtatatattgt ccagtgacta cagcccatta     1200
gcaggtcagg cagcaaatat cgctgtatct tatcagttga taaatgatga tgaaaaataa     1260

```

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 40

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 419

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Photorhabdus luminescens

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: MISC_FEATURE

LOCALIZACIÓN: (1)..(419)

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína PirB TIC7669.

SECUENCIA SEQ ID No: 40

```

Met His Thr Glu Asn Val Leu Asp Ile Arg Thr Ile Val Ala Asn Glu
1           5           10           15

```

```

Tyr Ala Val Lys Thr Ser Ala Val Glu Trp Asp Val Thr Asp Ile Val
          20           25           30

```

```

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

```

Ala Ile Ser Phe Leu Val Gly Leu Phe Trp Pro Gln Ser Lys Glu Asn
50 55 60

Ile Trp Glu Gly Ile Val Lys Gln Ile Glu Arg Met Ile Glu Glu Ser
65 70 75 80

Ala Leu Lys Thr Ile Lys Gly Ile Leu Ala Gly Asp Ile Ala Tyr Ile
85 90 95

Gln Glu Arg Met Ala Thr Val Ala Asp Leu Leu Asp Lys His Pro Gly
100 105 110

Ser Glu Glu Ala Arg Ser Ala Phe Asn Asn Leu Ala Glu Asn Ile Asp
115 120 125

Gly Tyr His Lys Lys Phe Asn Asn Phe Ser Asp Asp Val Asn Tyr Gln
130 135 140

Ile Leu Pro Met Phe Ser Thr Thr Val Met Met Gln Ile Thr Tyr Trp
145 150 155 160

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

Ile Glu Lys Val Arg Gly Leu Ile Lys Lys Thr Val Glu Gln Ala Asn
180 185 190

Ser Tyr Ile Asn Asn Ile Tyr Asp Arg Glu Leu Asn Asp Ala Leu Asn
195 200 205

Asn Ser Thr Ala Asp Thr Val Ala Asn Asn Val Met Ser Val His Gly
210 215 220

His Cys Arg Leu His Gly Ile Glu Tyr Ile Ser Ile Trp Asp Lys Leu
225 230 235 240

Ser Glu Ala Glu Ser Val Asn Asn Arg Ile Tyr Val Asp Val Leu Ser
245 250 255

Tyr Ser Thr Phe Phe Asp Arg Gln Thr Ala Lys Ala Arg Ile Gln Ala

260	265	270
Leu Thr Pro Glu Lys Asp Met Ala Pro Pro Leu Lys Pro Ala Leu Asn		
275	280	285
Asp Gly Lys Arg Arg Lys Ile Asp Ser Leu Thr Gly His Ile Val Arg		
290	295	300
Ile Gly Gly Ala Pro Arg Val Gly Gly Leu Thr Val Val Phe Asp Asp		
305	310	315
Gly Ser Ser His Arg Leu Gly Thr Ile Ser Gly Glu Thr Ala Ser Ile		
325	330	335
Ser Leu Asn Gly Ser Arg Ile Thr Ser Leu Glu Val Trp Gly Asn Gly		
340	345	350
Ala Val Asp Gln Ala Val Phe Thr Leu Ser Asp Gly Arg Ser Leu Ser		
355	360	365
Phe Gly Ala Pro Gly Thr Ser Arg Tyr Arg Lys Phe Tyr Val Gly Glu		
370	375	380
Ser His Tyr Ile Ala Gly Val Tyr Leu Ser Ser Asp Tyr Ser Pro Leu		
385	390	395
Ala Gly Gln Ala Ala Asn Ile Ala Val Ser Tyr Gln Leu Ile Asn Asp		
405	410	415
Asp Glu Lys		

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 41
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1659
II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácido nucleico que codifica una proteína de fusión PirAB, TIC9320
compuesta por las secuencias de codificación de TIC7668 y TIC7669 en enlace operativo
y en marco.

SECUENCIA SEQ ID No: 41

atgtctagaa taactattgt tgttgattca gatgaacaga aagcagaagt ttactcta	60
tcccctgttc cagtacataa agacttaa	120
atgcagttggc ctttgagtga tgtgactata	
tcacctcatg ctagtgtgga agtatttaga atagatacac caataattcc aga	180
aatccaga agatctctga gagttgtaaa taccgggcta gcaa	240
atagtg tccacggctaa attttactgg tctcatagtt	300
ttacctctga atggtttgag tctggttcta tagatgtagg attaggagaa	
gagaagggtg taaacgtgcc taataactct ttttattata gtaa	360
atttgt tatctataat aatacggata aagttgctta	420
tgtgacggca aatttggtta tgcatacaga aaatgtttta	
gacataagaa ccattgtggc taatgaatat gccgtaaaaa	480
cgagtgcagt agagtgggat gttactgata ttgtaaaaaa	540
tgcaatcatc gggggaatat cttttatacc ttcagttggc	
cctgctatat ctttttttagt cggtttattc tggcctcaat	600
caaaagaaaa tatatgggaa gggattgtca aacaaattga	660
aaggatgata gaggagtctg cattaaagac gattaaaggt	
atccttgctg gtgatattgc atatatacaa gaacgaatgg	720
caaccgttgc tgatcttctt gataagcatc cgggatctga	780
agaagcgagg agtgctttta ataacctggc agaaaatata	
gatggttatc acaaaaaatt taataatttt tccgatgatg	840
ttaactatca gatattaccc atgttttcta ctacggttat	900
gatgcagata acatattggg tcgctggttt agagagaaga	
aatgaaatcg ggcttagtga tattgatatt gaaaaagtcc	960
gagggttaat caaaaagacg gtagaacagg cgaatagtta	1020
tattaataat atatatgata gagagcttaa tgatgctctt	
aataactcga cggctgacac tgttgcaa	1080
aatgtgatgt ctgttcatgg tcaactgtcgt	
ttacatggga ttgaatatat cagtatttgg	1140
gataaattaa gtgaagcaga gtcagtaaat	
aatagaatct atgttgatgt ttttaagttat	1200
tctactttct ttgaccgtca aacagcaaaa	
gccagaattc aggcattgac tccagagaaa	1260
gatatggctc cacctctcaa accggctctt	
aatgacggga aaagaagaaa gatcgattcg	1320
ttaacgggac atattgtgcg tattggaggg	
gctccgagag tcggagggct gacagttgta	1380
tttgatgatg gtagtagcca tcgattaggt	
acaatatctg gtgagacggc atctatttct	1440
ctgaatggca gtcgaattac cagtttggaa	

```

gtatggggca atggtgctgt tgatcaagcg gtctttactt tgagtgatgg tcgttcatta      1500
tcatttggcg cacctggaac atctcgatat aggaaatddd atgttggcga aagtcactat      1560
attgcagggg tatatttgtc cagtgactac agcccattag caggtcaggc agcaaataac      1620
gctgtatctt atcagttgat aaatgatgat gaaaaataa                               1659

```

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 42

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 552

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína de fusión
PirAB TIC9320

SECUENCIA SEQ ID No: 42

```

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

```

```

Val Tyr Ser Asn Ser Pro Val Pro Val His Lys Asp Leu Asn Ala Val
          20           25           30

```

```

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

```

```

Phe Arg Ile Asp Thr Pro Ile Ile Pro Glu Ser Arg Arg Ser Leu Arg
          50           55           60

```

```

Val Val Asn Thr Gly Leu Ala Asn Ser Val Thr Ala Lys Phe Tyr Trp
65           70           75           80

```

```

Ser His Ser Phe Thr Ser Glu Trp Phe Glu Ser Gly Ser Ile Asp Val
          85           90           95

```

```

Gly Leu Gly Glu Glu Lys Val Leu Asn Val Pro Asn Asn Ser Phe Tyr
          100          105          110

```

```

Tyr Ser Lys Phe Val Ile Tyr Asn Asn Thr Asp Lys Val Ala Tyr Val

```

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

Asn Asp Ala Leu Asn Asn Ser Thr Ala Asp Thr Val Ala Asn Asn Val
340 345 350

Met Ser Val His Gly His Cys Arg Leu His Gly Ile Glu Tyr Ile Ser
355 360 365

Ile Trp Asp Lys Leu Ser Glu Ala Glu Ser Val Asn Asn Arg Ile Tyr
370 375 380

Val Asp Val Leu Ser Tyr Ser Thr Phe Phe Asp Arg Gln Thr Ala Lys
385 390 395 400

Ala Arg Ile Gln Ala Leu Thr Pro Glu Lys Asp Met Ala Pro Pro Leu
405 410 415

Lys Pro Ala Leu Asn Asp Gly Lys Arg Arg Lys Ile Asp Ser Leu Thr
420 425 430

Gly His Ile Val Arg Ile Gly Gly Ala Pro Arg Val Gly Gly Leu Thr
435 440 445

Val Val Phe Asp Asp Gly Ser Ser His Arg Leu Gly Thr Ile Ser Gly
450 455 460

Glu Thr Ala Ser Ile Ser Leu Asn Gly Ser Arg Ile Thr Ser Leu Glu
465 470 475 480

Val Trp Gly Asn Gly Ala Val Asp Gln Ala Val Phe Thr Leu Ser Asp
485 490 495

Gly Arg Ser Leu Ser Phe Gly Ala Pro Gly Thr Ser Arg Tyr Arg Lys
500 505 510

Phe Tyr Val Gly Glu Ser His Tyr Ile Ala Gly Val Tyr Leu Ser Ser
515 520 525

Asp Tyr Ser Pro Leu Ala Gly Gln Ala Ala Asn Ile Ala Val Ser Tyr
530 535 540

Gln Leu Ile Asn Asp Asp Glu Lys

545

550

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 43

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 420

II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Desconocida

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácidos nucleicos obtenida de cepa bacteriana desconocida

comprendida dentro de un microbioma que codifica una secuencia de proteína PirA

TIC7939 pesticida.

SECUENCIA SEQ ID No: 43

atgacgtgtg agattctgca tatgacaagc aaaggcgatg aaatgcagtc gattgcagcg	60
acggatgctc aaacgttaca ggaggcgcct aaagatgaag tgaattttaa gcagacaaaa	120
ggggatatga tgggtccctgg ggggcagtct gcacagggag cgcgctacga tactccgatt	180
attcctgaac ttcattccgtc ttactatgta tcaaattcag gacctgcagc tacgggtgaaa	240
gctgtcttct actgggtccca ctcatctacc tcgaagtggg ttgaatataa ttcagttacg	300
gttctcaggg ggactactga gcggcttagt gcgccaagca actcacttta ttacagcaag	360
gtcgttgtct ttaataatga gaaagagcct gcttatgtta ctgtaacgac cattcggtaa	420

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 44

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 139

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Desconocida

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína PirA TIC7939.

SECUENCIA SEQ ID No: 44

Met Thr Cys Glu Ile Leu His Met Thr Ser Lys Gly Asp Glu Met Gln
1 5 10 15

Ser Ile Ala Ala Thr Asp Ala Gln Thr Leu Gln Glu Ala Pro Lys Asp

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

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 45

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1260

II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Desconocida

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácidos nucleicos obtenida de una cepa bacteriana desconocida

comprendida dentro de un microbioma que codifica una secuencia de proteína pesticida

PirB TIC7940.

SECUENCIA SEQ ID No: 45

atgaccacga	acccattgt	tcatagagag	tttgattatg	cggaccttta	cggcgacgat	60
agtcgatcca	gccacaaaa	caatgattgg	gactatntag	ttgtagcaaa	gattcttggt	120
gttcaggggc	ttaagcatat	tcctgtcgtg	ggcggggctc	tttcgagtct	aactaacgct	180

ctctggccga aaaaaaaga taatgtctgg acgcaagctc ttggagagat tgagcagtat	240
attgatagtc agaatctgaa ggtgattcag ggcatactca atggtgagat acttgagatc	300
caagggaaga tggagcacgt tacagcgctt cttgagaagc atcctaatac caaggaatct	360
tacaatgcgt ataaggattt agctcagtat cttgatagta agcagagaaa gtttggagca	420
tttgatgctg agcagaacta tcatttgatt cctatgtatg catctatgat tttgctgcag	480
gcgacgtatt ggcgaaccgg aattgacagg cgaaatgaaa tcggcctgac tgatatcgat	540
gttgagtctc taaagaggct tattgctgat cttgttttcg aatcgaggga atatatcggt	600
cgcgtctacg atgaggcggt cgaaagggtg tatgctgaag ctaatcccag agatgtgaca	660
aattatatgt actctgttag gggttatagc ttgctgcacg gtgttgagac tgttgaaata	720
atcgatcgcg ttagaagatt gggcgttgat agcggcttca atgttggtgt ggtaagttat	780
tctacggtgg ttgggacagt tacaaaccgc gtaagaactc aagctctcac tccagatgat	840
gaaatgaaag agccattaag gccggagttc gttgacgatg aagttaatca gatcgcgtct	900
ataactgggt atattgggtcc tcttattgat agtaagccca cgattggcgg cttgttcgtg	960
gtctttgaaa acggcaactg ctacaaaatg ggggaggagt caggcacgtc ttattctata	1020
gaccttcgtg gaagtactat ctcaaccgtt gaagtttggt atcagggtt actagaaggg	1080
gttcggttta cattgagtga tgatagagat ctgctgattg gccagcggca atccgagagg	1140
tccaaatata gacgatttga agtggaaggg cattacgttt caggagtgt tttggatcgt	1200
gatgaaacga cctatcgagg gcgagctgcc aatatttcag tgtcttacca tatcgcgtag	1260

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 46

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 419

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Desconocida

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína PirB TIC7940.

SECUENCIA SEQ ID No: 46

Met	Thr	Thr	Asn	Pro	Ile	Val	His	Arg	Glu	Phe	Asp	Tyr	Ala	Asp	Leu
1				5				10					15		

Tyr Gly Asp Asp Ser Arg Ser Ser Pro Gln Asn Asn Asp Trp Asp Tyr
20 25 30

Leu Val Val Ala Lys Ile Leu Val Val Gln Gly Leu Lys His Ile Pro
35 40 45

Val Val Gly Gly Ala Leu Ser Ser Leu Thr Asn Ala Leu Trp Pro Lys
50 55 60

Lys Lys Asp Asn Val Trp Thr Gln Ala Leu Gly Glu Ile Glu Gln Tyr
65 70 75 80

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

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

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

Gln Tyr Leu Asp Ser Lys Gln Arg Lys Phe Gly Ala Phe Asp Ala Glu
130 135 140

Gln Asn Tyr His Leu Ile Pro Met Tyr Ala Ser Met Ile Leu Leu Gln
145 150 155 160

Ala Thr Tyr Trp Arg Thr Gly Ile Asp Arg Arg Asn Glu Ile Gly Leu
165 170 175

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

Phe Glu Ser Arg Glu Tyr Ile Gly Arg Val Tyr Asp Glu Ala Val Glu
195 200 205

Arg Val Tyr Ala Glu Ala Asn Pro Arg Asp Val Thr Asn Tyr Met Tyr
210 215 220

Ser Val Arg Gly Tyr Ser Leu Leu His Gly Val Glu Thr Val Glu Ile

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

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 47
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1677
II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácido nucleico que codifica una proteína de fusión PirAB, TIC9321
compuesta por las secuencias de codificación de TIC7939 y TIC7940 en enlace operativo
y en marco.

SECUENCIA SEQ ID No: 47

atgacgtgtg agattctgca tatgacaagc aaaggcgatg aaatgcagtc gattgcagcg	60
acggatgctc aaacgttaca ggaggcgcct aaagatgaag tgaattttaa gcagacaaaa	120
ggggatatga tgggtccctgg ggggcagtct gcacagggag cgcgctacga tactccgatt	180
attcctgaac ttcattccgtc ttactatgta tcaaattcag gacctgcagc tacgggtgaaa	240
gctgtcttct actgggtcca ctcatctacc tcgaagtggg ttgaatataa ttcagttacg	300
gttctcaggg ggactactga gcggcttagt gcgccaagca actcacttta ttacagcaag	360
gtcgttgtct ttaataatga gaaagagcct gcttatgtta ctgtaacgac cattcggatg	420
accacgaacc ccattgttca tagagagttt gattatgcgg acctttacgg cgacgatagt	480
cgatccagcc cacaaaacaa tgattgggac tatttagttg tagcaaagat tcttgttggt	540
caggggctta agcatattcc tgtcgtgggc ggggctcttt cgagtctaac taacgctctc	600
tggccgaaaa aaaaagataa tgtctggacg caagctcttg gagagattga gcagtatatt	660
gatagtcaga atctgaaggt gattcagggc atactcaatg gtgagatact tgagatccaa	720
gggaagatgg agcacgttac agcgcttctt gagaagcatc ctaataccaa ggaatcttac	780
aatgcgtata aggatttagc tcagtatctt gatagtaagc agagaaagtt tggagcatth	840
gatgctgagc agaactatca tttgattcct atgtatgcat ctatgatttt gctgcaggcg	900
acgtattggc gaaccggaat tgacaggcga aatgaaatcg gcctgactga tatcgatgtt	960
gagtctctaa agaggcttat tgctgatctt gttttcgaat cgagggaata tatcggtcgc	1020
gtctacgatg aggcggtcga aagggtgtat gctgaagcta atcccagaga tgtgacaaat	1080
tatatgtact ctgttagggg ttatagcttg ctgcacgggtg ttgagactgt tgaaataatc	1140
gatcgcgtta gaagattggg cgttgatagc ggcttcaatg ttggtgtggg aagttattct	1200

```

acggtggttg ggacagttac aaaccgcgta agaactcaag ctctcactcc agatgatgaa      1260
atgaaagagc cattaaggcc ggagttcggt gacgatgaag ttaatcagat cgcgtctata      1320
actgggtata ttggtcctct tattgatagt aagcccacga ttggcggctt gttcgtggtc      1380
tttgaaaacg gcaactgcta caaaatgggg gcggagtcag gcacgtctta ttctatagac      1440
cttcgtggaa gtactatctc aaccgttgaa gtttggtatc agggattact agaagggggt      1500
cggtttacat tgagtgatga tagagatctg ctgattggcc agcggcaatc cgagagggtcc      1560
aaatatagac gatttgaagt ggaagggcat tacgtttcag gagtgtatth ggatcgtgat      1620
gaaacgacct atcgcgggcg agctgccaat atttcagtgt cttaccatat cgcgtag        1677

```

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 48

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 558

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína de fusión PirAB TIC9321.

SECUENCIA SEQ ID No: 48

```

Met Thr Cys Glu Ile Leu His Met Thr Ser Lys Gly Asp Glu Met Gln
1              5              10              15

```

```

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

```

```

Glu Val Asn Phe Lys Gln Thr Lys Gly Asp Met Met Val Pro Gly Gly
          35              40              45

```

```

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

```

```

His Pro Ser Tyr Tyr Val Ser Asn Ser Gly Pro Ala Ala Thr Val Lys
65              70              75              80

```

```

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

```

Asn Ser Val Thr Val Leu Arg Gly Thr Thr Glu Arg Leu Ser Ala Pro
100 105 110

Ser Asn Ser Leu Tyr Tyr Ser Lys Val Val Val Phe Asn Asn Glu Lys
115 120 125

Glu Pro Ala Tyr Val Thr Val Thr Thr Ile Arg Met Thr Thr Asn Pro
130 135 140

Ile Val His Arg Glu Phe Asp Tyr Ala Asp Leu Tyr Gly Asp Asp Ser
145 150 155 160

Arg Ser Ser Pro Gln Asn Asn Asp Trp Asp Tyr Leu Val Val Ala Lys
165 170 175

Ile Leu Val Val Gln Gly Leu Lys His Ile Pro Val Val Gly Gly Ala
180 185 190

Leu Ser Ser Leu Thr Asn Ala Leu Trp Pro Lys Lys Lys Asp Asn Val
195 200 205

Trp Thr Gln Ala Leu Gly Glu Ile Glu Gln Tyr Ile Asp Ser Gln Asn
210 215 220

Leu Lys Val Ile Gln Gly Ile Leu Asn Gly Glu Ile Leu Glu Ile Gln
225 230 235 240

Gly Lys Met Glu His Val Thr Ala Leu Leu Glu Lys His Pro Asn Thr
245 250 255

Lys Glu Ser Tyr Asn Ala Tyr Lys Asp Leu Ala Gln Tyr Leu Asp Ser
260 265 270

Lys Gln Arg Lys Phe Gly Ala Phe Asp Ala Glu Gln Asn Tyr His Leu
275 280 285

Ile Pro Met Tyr Ala Ser Met Ile Leu Leu Gln Ala Thr Tyr Trp Arg
290 295 300

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

Glu Ser Leu Lys Arg Leu Ile Ala Asp Leu Val Phe Glu Ser Arg Glu
325 330 335

Tyr Ile Gly Arg Val Tyr Asp Glu Ala Val Glu Arg Val Tyr Ala Glu
340 345 350

Ala Asn Pro Arg Asp Val Thr Asn Tyr Met Tyr Ser Val Arg Gly Tyr
355 360 365

Ser Leu Leu His Gly Val Glu Thr Val Glu Ile Ile Asp Arg Val Arg
370 375 380

Arg Leu Gly Val Asp Ser Gly Phe Asn Val Gly Val Val Ser Tyr Ser
385 390 395 400

Thr Val Val Gly Thr Val Thr Asn Arg Val Arg Thr Gln Ala Leu Thr
405 410 415

Pro Asp Asp Glu Met Lys Glu Pro Leu Arg Pro Glu Phe Val Asp Asp
420 425 430

Glu Val Asn Gln Ile Ala Ser Ile Thr Gly Tyr Ile Gly Pro Leu Ile
435 440 445

Asp Ser Lys Pro Thr Ile Gly Gly Leu Phe Val Val Phe Glu Asn Gly
450 455 460

Asn Cys Tyr Lys Met Gly Ala Glu Ser Gly Thr Ser Tyr Ser Ile Asp
465 470 475 480

Leu Arg Gly Ser Thr Ile Ser Thr Val Glu Val Trp Tyr Gln Gly Leu
485 490 495

Leu Glu Gly Val Arg Phe Thr Leu Ser Asp Asp Arg Asp Leu Leu Ile
500 505 510

Gly Gln Arg Gln Ser Glu Arg Ser Lys Tyr Arg Arg Phe Glu Val Glu
515 520 525

Gly His Tyr Val Ser Gly Val Tyr Leu Asp Arg Asp Glu Thr Thr Tyr
 530 535 540

Arg Gly Arg Ala Ala Asn Ile Ser Val Ser Tyr His Ile Ala
 545 550 555

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 49

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1695

II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de codificación sintética usada para la expresión en células vegetales

que codifica una proteína de fusión PirAB TIC6880PL con un codón de alanina adicional

insertado después del codón iniciador de metionina.

SECUENCIA SEQ ID No: 49

atggctatca cgataaacat ctcgggcggg agcatcaaga tttccaacaa cattggctcc	60
gagacggaca tccgcaacac gcccttctcc gagccgctct ccatctccaa ctacaaagac	120
atgacgatag agcctcatte ctccatccag gccacgcgga cgcacacacc catcatccct	180
gagacccggc cgaactacta cgtggccaac tctggcccgg cggcctccgt gcgcgccgtc	240
ttctactggt cgcacagttt cacatcggag tggtttgagc actcctccat cattgtcaaa	300
gctggcgagg acggcatcct taactcgccc tccaacagcg tgtactacag caaggtggtc	360
atctacaatg acacggacaa gcgcgccttc gtcacggggt acgacaagat gaacaacgaa	420
ctcatgaaca ccaacgagtc gcagccttcc gagactctga gcctgattaa cgagtccatc	480
ctcaccgcgc cctacgcggt ctccacgccg aactacgagt gggacatgtc gtcgattatt	540
aaggacgcca taatcgggcg tattggcttc atccctggcc ctgggagcgc catctccttc	600
ctccttggtt tgttctggcc gcagcaaacc gacaacacct gggagcagat actccagaag	660
gtcgagcaaa tgattgagga agccaacctc aagaccatcc agggcatcct gaacggcgac	720
atccaggaga tcaagggcaa gatggagcac gtagagtaca tgctggagac ctgccaggc	780
actcaggaga gtcacgacgc ctacatgttc ctggcgcgct acttagtttc catcgacgag	840

aagttcaaga gcttcgacaa caagacgaac taccagatcc tgcccatgta caccaacacc	900
ctgatgctcc aggctcccta ctggaagatg ggcatcgaga agaagaacga catcctactt	960
actgacattg aggtgaacga actcaagcag ctcatcgaga gcctgtacgc gaaggccaac	1020
agctacatcc acgaagtgta cacccgagag tacgacaacg cggtgaacac cagtaccgcg	1080
accaccatca ccaacaacct cctgagcgtg cgaggctact gcctcttgca cgggctcgaa	1140
tgcttgagg tgctcgacca catccagaac aacaacctgg accagtcggt ctacccgaag	1200
accatctcct actccaccgt ctttgaccgg tccaccaaca agactcgggt gcaagcgtg	1260
accgaggacg agcagatgga ggaacctctg aaaccatcct tcatcaacgg cgagtacaac	1320
aagatcaaga gcctgatcgg gtacgtgcag cggattggca acgcgccgcg agtgggcggc	1380
atcaagataa ccttcacgaa cgggtccagc cacaccttggt gcaccgtcac gagcgagtcc	1440
aactccatcg agctgaacga ctccgtcatc acctccgtcg aggtgtgggg caatggtgcg	1500
gtggacgagg cgttcttcac tctctcggac ggctgccagt tccgcctggg ccagcgttac	1560
gcctccaact accgcaagta cgcggtggac gggcactaca tctccggcct gtacctggcc	1620
tcggacgagc catccctggc cgggcaagcg gctggcattg ccgtcagcta ccacatcctg	1680
gtggacaaga agtga	1695

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 50

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 564

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína de fusión PirAB TIC6880PL.

SECUENCIA SEQ ID No: 50

Met	Ala	Ile	Thr	Ile	Asn	Ile	Ser	Gly	Gly	Ser	Ile	Lys	Ile	Ser	Asn
1				5				10					15		

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

Leu Ser Ile Ser Asn Tyr Lys Asp Met Thr Ile Glu Pro His Ser Ser
35 40 45

Ile Gln Ala Thr Arg Thr Asp Thr Pro Ile Ile Pro Glu Thr Arg Pro
50 55 60

Asn Tyr Tyr Val Ala Asn Ser Gly Pro Ala Ala Ser Val Arg Ala Val
65 70 75 80

Phe Tyr Trp Ser His Ser Phe Thr Ser Glu Trp Phe Glu His Ser Ser
85 90 95

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

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

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

Asn Glu Ser Gln Pro Ser Glu Thr Leu Ser Leu Ile Asn Glu Ser Ile
145 150 155 160

Leu Thr Ala Pro Tyr Ala Val Ser Thr Pro Asn Tyr Glu Trp Asp Met
165 170 175

Ser Ser Ile Ile Lys Asp Ala Ile Ile Gly Gly Ile Gly Phe Ile Pro
180 185 190

Gly Pro Gly Ser Ala Ile Ser Phe Leu Leu Gly Leu Phe Trp Pro Gln
195 200 205

Gln Thr Asp Asn Thr Trp Glu Gln Ile Leu Gln Lys Val Glu Gln Met
210 215 220

Ile Glu Glu Ala Asn Leu Lys Thr Ile Gln Gly Ile Leu Asn Gly Asp
225 230 235 240

Ile Gln Glu Ile Lys Gly Lys Met Glu His Val Glu Tyr Met Leu Glu

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

Phe Thr Asn Gly Ser Ser His Thr Leu Gly Thr Val Thr Ser Glu Ser
 465 470 475 480

Asn Ser Ile Glu Leu Asn Asp Ser Val Ile Thr Ser Val Glu Val Trp
 485 490 495

Gly Asn Gly Ala Val Asp Glu Ala Phe Phe Thr Leu Ser Asp Gly Arg
 500 505 510

Gln Phe Arg Leu Gly Gln Arg Tyr Ala Ser Asn Tyr Arg Lys Tyr Ala
 515 520 525

Val Asp Gly His Tyr Ile Ser Gly Leu Tyr Leu Ala Ser Asp Glu Pro
 530 535 540

Ser Leu Ala Gly Gln Ala Ala Gly Ile Ala Val Ser Tyr His Ile Leu
 545 550 555 560

Val Asp Lys Lys

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 51
 I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1701
 II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN
 VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:
 OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de codificación sintética usada para la
 expresión en células vegetales
 que codifica una proteína de fusión PirAB TIC9316.

SECUENCIA SEQ ID No: 51
 atgaacacca tcaacatcaa catctccggc tcgaccgtga cggtgatctc gaacaacgac 60
 tccaacccgg agccgctcac ctacaacacg aacacaccag cgagcgatcc tctgacggcc 120
 agcccgtacc gggacatgac catcgagccg cacagctcca ttgaggcgac ggcacagac 180
 acgcccata tcccggagac ccggccgaac tactacgtcg ccaactccgg cccggcctcc 240
 tcagtccgag ctgtgttcta ctggtcgac agcttcacgt cagaatgggt cgagtacagc 300

tctatcatag tcaaggcggg caaggacggc atcctccagt cgcccaaca cgcctgtac	360
tacagcaagg tcgtgatcta caacgacacc gacaagcgcg ccttcgtcac cggctacaac	420
aagatgaaca tcagcccgat caacgtctcg gagaacgaga cgctcccga gctgaccgac	480
gtgatgctga tcgtcccata cacgaccagc acgccggatt acgagtggga catgtcgtcg	540
atcattaagg atgcgatcat cggaggcggt ggcttcatcc ctggcgcggg ctcggccatg	600
agcttcctgc tcggcctggt ctggccgcag cagaaggata acacttggga gcagatactt	660
cagaaggtgg aacagatgat cgagaacgcg gtcctccaaa cgatcaagg catcctcaac	720
ggcgacatcc aggagattaa gggaaagatg gagcacgttc agtacatgct cgaaaccagc	780
cctgggagcc aggagagcca cgacgcctac atgttcttgg cacgttacct cgtctcgatt	840
gacgagaagt tcaagtcctt cgacaacaag acaaactacc agatcttgcc aatgtacacc	900
aatacggtta tgttacagat tccgtactgg aagatgggca tcgagaagaa gaatgacatc	960
ggcttgaccg acatcgaggt caatgagctt aagcaactta tcgacaagct ggtggacaag	1020
gccaagtcct acatccacac aatgtacacc aacgagtaca acgacgcgat caacaccagc	1080
accgcctcaa gcgtcacaaa caacctctg tccgtgcgcg gttactgcct tctgcacggc	1140
ctggagtga tcgaacttat tgagcatctc cagaacaaca gcctggagtc cggcttctac	1200
ccgaagacga tcagctactc cacggtcttc gaccggcaga ccaacaagat gcggatacaa	1260
gcgctcactg aggacgacca gatgcaagaa cccttcaagc cctcgctcat caacgggaag	1320
tacaacaaga tccagagcct cctcggctac gtccagcgca tcggcaacgc gccgcgcgtc	1380
ggcgggatca agatcacgtt cgccaacggg tctagttaca cgctgggcac cgtgaccagc	1440
gagacctcca gtattgagct taacgactcg gtgatcgagc ggctggaggt gtggggcaac	1500
ggcgcggtgg acgaggcgct gttcaccctc tcggacgggc ggcagctccg ggtcggcgag	1560
cggtagcgga ccaagtaccg taagtacgcc gtggacggcc actacatcg cggtctgtac	1620
ctcgccagtg acgagcccag cctagcgggc caggcggtg gcatcgccgt gtcgtaccac	1680
atgctcgacg acaagaagtg a	1701

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 52

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1701

II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de codificación sintética usada para la expresión en células vegetales
que codifica una proteína de fusión PirAB TIC9317.

SECUENCIA SEQ ID No: 52

atgattacga tcaacatcaa cgtgaacggc aacgacgtga cgggcaccaa caacaatgag	60
cccactccag tcagcacgac gtacggcccc aacactccgg cctcggagcc accggtcgtc	120
tcgaactact ccgacatcac cattgagccg cacagctcgg tccaggccac gcggatcgac	180
acgccggtga tcccggaggc ccggccggac tactacgtgg cgaactcggg ccctgcgccg	240
tccgtgcggg ccgtgttcta ctggtcgcac tcgttcacct ccgagtgggt cgagtcgtcc	300
agcatcaccg tgaaggcggg cgaggacgga atcctcaagg ctccaggga cagcctgtac	360
tacagcaagg tcgtcatcta caacgacaca gacaagcggg ccttcgttac cgggtacaac	420
aagatgaaca ccactccgat tactgtaagc actaacgaaa catcgcctct catgacggac	480
gtgatgccga tggacctgta cgccatctcg acgccagact acgagtggga catgagttcc	540
atcatcaagg acgccgtaat tggcggcatc gggttcatcc ctgggcccgg cccggccatc	600
tccttcctgc tgggcctggt ctggccgcag cagaaggaca acacatggga gcagatactc	660
cagaaggtcg agcaaatgat tgagaatgcc gtgttgacga cgatcaaggg aatcctaaac	720
ggcgaagtac aggagatcaa gggcaagatg gagcacgtcg agtctatgct caagaactcg	780
ccaggctctc aggagtcaca cgacgcctac atgttcctgg ctcgttacct cgtttcaatt	840
gacgagaagt tcaagagctt cgacaaccgc accaactacc aactgttgcc gatgtacacc	900
aatacgatta tgctccagat accttattgg aagatgggca tcgagaagaa gaaggacatt	960
ggcctgaccg acattgaagt caacgagctt aaggagctga tcgacaagct ggtggacaag	1020
gccaagaact acatccacac aatgtacacg aacgagcaca acaacgccgt gaacaccagc	1080
actgccgagt ccgtcacgaa caatctctc agcgtgcgcg gctactgcct gttacacggg	1140
ctggagtgcg ttgagctaat cgagcacatc cagaacaact ccctggagag cgggttctac	1200
ccgaagatca tcagctacag caccgctttc gaccgcccga caaacaagat gcgtatccaa	1260
gcgctcacgg aggacgacgc gatgcaagag ccgtttaaac cgtcgctcat taacggcaag	1320

tacaacaaga tccagagcct cacgggctac gtgcagcgga tcggcaacgc gccgcgcgtc	1380
ggcggcatcc gcatcacgtt caccaacggg tcgtcctaca cgctcgggac ggtgacctcc	1440
gagacgcaca gcatcaagct gaacgactcc gtgacgagt cgtagaggt ctggggaaac	1500
ggtgccgtgg acgaggccct gttcaagctg tccgacgggc ggctcctccg catcggcgag	1560
cggtagcca agaagtaccg caagtacgag gtggacaacc actacatcgc gggcatctac	1620
ctagcgagcg acgagccgtc cctggcgggt caagccgccg ggatcgccgt gagctatcac	1680
atgatggcgg acaagaaatg a	1701

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 53

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1701

II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de codificación sintética usada para la expresión en células vegetales que codifica una proteína de fusión PirAB TIC9318 PirAB.

SECUENCIA SEQ ID No: 53

atgtccacca tcaacatcaa catctcctcc agcacgggtca ctgtgattac aaacaatggc	60
gagacgcccg tcccgtcac ctacaacacc aacacgccgg agtcggagcc gctgacggtc	120
aacccgtacc gcgacatgac catcgagccg cgctcctcca ttgaggcgac ccgcatcgac	180
acgccgatca tcccggagac gagaccgaac tactatgtgg cgaactccgg cccggccagc	240
agcgtccggg cgggtattcta ctggtcgcac agcttcacct cgcaatgggt cgagtattcg	300
tcgatcatcg tgaaggcggg tgaggacggc atactggagt cgccgtcgaa cagcctctac	360
tacagcaagg tggatgatcta caacgacacg gacaagaggg cattcgtcac gggctacaac	420
aagatgaaca ccacctcat caacgtaagt gagaaggaga cgctgccggg gcagaccgac	480
atcatgctga tcgcgccgta ctccgtgtcc acgccggact acgagtggga catgtcatcg	540
ctcatcaagg acgcgatcat cggcggcgtc ggattcatcc ctgtcgtcgg ctgggccatg	600
tccttcctcc tcggcctggt ctggccgcag cagaaggaca acacttggga acaaatactg	660
cagaaggtcg agcagatgat cgagaacgcg cagctcaaca cgattaaggg cattctgaac	720

ggcgacatcc aggagattaa gggcaagatg gagcacgtgc agtacatgct tgagacaagt	780
ccagggagtc aggagtcaca cgacgcctac atgttcttag cccgctacct agtgagcatc	840
gacgagaagt tcaagtcggt cgacaacaag acaaactacc aaatcttgcc aatgtacacg	900
aataccgtca tgctacagat cccatactgg aagatgggaa ttgagaagaa gaacgacatt	960
ggcttgacgg acatcgaagt caacgagctt aaacagctta tcgacactct ggtggaccgc	1020
gcgcgcaact acatccacac catgtacgag cgagagtacg acaacgccat caacacctca	1080
accgctgcct cggtgaccaa caacctgtc tccgtgcgcg ggtactgcct cctgcacggg	1140
ctggagtgc tcgagactat cgagcacctt cagaacaaca gcctcaacag tgggttctac	1200
ccgaagacca tcagctacag cactgtcttc gaccggccca cgaacaagac ccgcatccag	1260
gctctgacgg aagacgacca aatgcaagag ccgttcaagc ccgcgctgat cggcggcaag	1320
tacaacaaga tcaagtcctt gttgggctac gtgcgaagga tcggcaacgc tccacgggtc	1380
ggcggcatca aggtgacgtt caccaatggg tcgagctaca cgctcgggac ggtcacgtcg	1440
gaaaccgact ccatcgaact gaacgagtcg gtcacgagc ggctggaggt gtggggcaac	1500
ggagccgtgg acgaggccct ctttaccctg agcgatggcc gccagctccg catcggcgag	1560
cggtacgcca agaaataccg gaagtacgcg gtggatgggc actacatcag cggcctctac	1620
ctcgcgtcgg acgagccctc cctcgccggt caagcagccg ggatcgcggt gtcctaccac	1680
atgctcgcag acaagaagtg a	1701

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 54

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1650

II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de codificación sintética usada para la expresión en células vegetales que codifica una proteína de fusión PirAB TIC9319.

SECUENCIA SEQ ID No: 54

atgattacca tcaacatctc cggcgggaac gtgaccatca acaacaacat ctccagcgta	60
accgacatcc agaagccgct ggacgccgag ccgctgtccg tgacgaacta caaggacttg	120

acgatagagc cgcactcctc gatccaggcg acccgcacgg acacgccgat catcccggag	180
acccgcccga actactacgt ggccaactcg ggtccggctt ccagcgtgaa ggccgtgttc	240
tactggagcc actccttcac gtcggagtgg ttcgagtaca gctccatcat tgtgaaggcc	300
ggtgaggacg gcatcctcaa gagcccgtcc aacgccgtgt actactcgaa ggtcgtcatc	360
tacaacgaca cggacaagcg ggccttcgtg acgggctaca acatgatgaa caatagcccg	420
atgaacgacc agctctccat cgcgccgtac tccatctcca cgcccaacta cgagtgggac	480
atgagcagta tcatcaagga cgccatcatc ggcggcatcg gcttcatacc gggccctggc	540
agcgccatct ccttcctgct gggcctgttc tggccgcagc aaacggataa cacttgggac	600
caaatacttc agaagatcga gcaaatgatt gaggaagcta accttaagac catcaaggga	660
atactgaacg gcgacatcca ggagatcaag ggcaagatgg accacgtgca gtacatgctg	720
gagaactctc ccggaagcca ggaatccac gacgcctaca tgttcctggc ccgtttcctc	780
gtgtccatcg acgagaagtt caagagcttc gacgaccgga ccaactacca aatcttgcca	840
atgtacacca acactatcat gttgcaagct cttactgga agatgggcct ggagaagaag	900
gaagacattg gcctgtcgga cattgaggtt tcggaattga aggagctaata tgacaagctc	960
tacaccaaga gctacgacta catccacaac acctacaacc gcgagtacga caacgcgatc	1020
aacacatcca ccgccgagtc aatcaccaac aatctgctca gcgtgcgcgg ctactgcctc	1080
ctccacggct gtgaatgtct cgaagtcatc gccacatcc agaacaacag cctcgacaag	1140
ggcttctacc cgaagaccat cagctactca agcgtgttcg accgccctac gaacaagatg	1200
cgaatccagg cgctgaccga agacgaccag atgcaagaac cttcaagcc ctcgttcgta	1260
aacggccagt acaacaagat caagagcctg gagggtacg tgaccggat cggcaacgcg	1320
ccgcgcgtcg gcgggatcaa gatcacgttc gagaacaacg ccagctacac gctgggcacc	1380
gtcacctcgg agaccacgtt catcgagctg aacgagtcgg tcatcaccag cattgaggtc	1440
tggggcaacg gcgcggtgga cgaggcgttc ttacgctga gcgacgggag gcagatgagg	1500
ctcgggcagc ggtacgcgag ccgctaccgc aagtacgcgg tggacgggca ctacatctcg	1560
ggcctgtacc tcgccagcga cgagcctagc ctcgcggggc aggacgccgg gatcgccgtg	1620
agctaccaca tgatcgtgga caagcagtga	1650

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1659

II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de codificación sintética usada para la expresión en células vegetales

que codifica una proteína de fusión PirAB TIC9320.

SECUENCIA SEQ ID No: 55

atgagccgaa tcacaattgt cgtggattcg gacgaacaga aggccgaggt gtacagcaat	60
tctccggtcc cgggtccacaa ggacttaaatt gccgtggggc cgctttccga cgtcaccatc	120
tcgccgcacg cctcagtcga ggtcttccgc atcgacacgc cgatcatccc ggagtcccgg	180
cgctcgctga ggggtggtgaa cacgggcctg gccaacagcg tgacggccaa gttctactgg	240
agccactcct tcacgagcga gtggttcgag tcgggctcaa tcgacgtggg cctgggcgag	300
gagaaggtgc taaatgtccc gaacaactca ttctactact cgaagtctgt gatctacaac	360
aacaccgaca aggtggcgta cgttaccgcc aacctcgtaa tgcacacgga gaacgtgctc	420
gacattcgta ccattgtggc aaacgagtac gccgtcaaga cgtcggcggt cgagtgggac	480
gtcaccgaca ttgttaagaa cgcgatcatc ggcggcattc cattcatccc tagcgtgggc	540
ccggccatca gcttcctggt gggcctattc tggccacaga gcaaggagaa catctgggag	600
ggcatcgtca agcagataga gcgcatgata gaggagtccg ccctcaagac gattaagggc	660
atcctggcgg gcgacatcgc ctacatacag gagcggatgg ccacggtggc cgacctcctg	720
gataaacacc ctgggagtgga ggaggcccga tctgccttta acaacctcgc cgagaacatt	780
gacgggtacc acaagaaatt caacaacttc tcagatgatg tcaattacca gatcctgcca	840
atgttcagca ctaccgtgat gatgcagatc acatactggg tcgctgggct tgagcgccgc	900
aacgaaatcg gattgtccga catcgacatc gagaagggtc gcgggcttat taagaagacc	960
gtggaacaag ctaactccta catcaataac atctacgacc gggagcttaa cgatgccctg	1020
aacaattcca ccgctgatac cgttgccaac aacgttatgt ctgtgcacgg gcaactgccgc	1080
ctccacggca ttgagtacat ctccatctgg gacaagctga gtgaggccga gtcgggtcaac	1140
aaccgcatct atgtggacgt actgtcctac tcaaccttct tcgaccgcca gacggcgaag	1200

gcccgcatac aagctctgac accggagaag gacatggctc cgccgctgaa acccgcgctg	1260
aacgacggga agcgccggaa gatcgacagc ctaacgggcc acatcgctccg aatcggcggc	1320
gcaccacgag tcggcggcct gacggtggtg ttcgacgacg gcagttcgca tcgtctcggc	1380
acgataagtg gcgaaaccgc ttcaatcagc ctcaacgggt cgcggatcac gtcgctggag	1440
gtgtggggaa atggtgccgt ggaccaggcg gtcttcacgc tctcgacgg gcggtccctc	1500
agcttcggag cgctggcac ctcgcgctac cgtaagttct acgtcggcga gtcgcattac	1560
atcgcgggcg tttatctgtc gtccgactac tcacctctgg cgggtcaagc tgcgaacatc	1620
gcggtgtcct accaactcat caacgacgac gagaagtga	1659

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 56

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1659

II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de codificación sintética usada para la expresión en células vegetales

que codifica una proteína de fusión PirAB TIC9322.

SECUENCIA SEQ ID No: 56

atgtcccgcg tcacaatcgt agtggactcg gacgaccaga aggccgagtt ctacagcaac	60
tcgccggtgc ctgtgtacaa ggacttgaac gccgtgggtc cgctcagcga cgtcacaatc	120
tctcctcacg catctgtgga ggtcttccgg atcgacacgc cggtgatccc ggagtctcgg	180
tcgtctctgc gcgtcgtaaa caccggcctc tccaattcgg tgacggctaa gttctactgg	240
agccactcgt tcacatcgga gtggttcgag tccggctcca tcgacgtggg cctcggcgag	300
gagaaggtgc ttaatgtgcc gtccaactcc ttctactatt ccaagttcgt gatctacaac	360
aacaccgaca aggtggccta cgtcaccgag aacctcgtga tgcacaccga gaacgtccta	420
gacatcagga ccatcgtggc gaacgagtag gcggtgaaga cctccgccct ggaatgggac	480
gtgaccgaca ttgtcaagaa tgcgatcatc ggcgggatct cgttcatccc gagcgtggga	540
ccggctatct cctttctcgt gggattgttc tggccgcaat cgaaggagaa catctgggag	600
ggaatcgtga agcagatcga gcggatgata gaggaatctg ctctcaagac gatcaagggc	660

atcctcgcgg gagacatcgc ctacatccag gagcggatgg ccacggtggc cgacctcctg	720
gacaagcacc ctggatcggg ggaggcccga agcgcgttca acaacctcgc cgagaacatc	780
gacggctacc acaagaaatt ctcaaacttt agtgatgatg tcaactacca gatacttccg	840
atgttcagca ccaccgtgat gatgcagatt acatactggg tggcgggcct agagcgaaag	900
gacgagatcg gcctctcgaa catcgacgtg gagaaggtgc gtgggcttat taagaagacc	960
gtagaacaag caaactctta catcaacaac atctacgaca gagagttaa cgacgcattg	1020
aacaactcta ccgcagatac tgtggcaaac aacgtcatga gcgtgcacgg gcactgccgc	1080
ctgcacggga ttgagtacat cagtatttgg gataagctga gtgaggccga aagcgtgaac	1140
aacaaaatct acgttgacgt gctgagctac tctacattct ttgaccgcca gacggcgaag	1200
gccaggatac aggcgttgac gccggagaag gacatgacgc cgccgctcaa gccagccctg	1260
aacggcggca agcggcgcaa gatcgactcc ctacccggcc acatcgtccg tatcggcggt	1320
gccgcgcggg tcggcggcct gaccgtggtg ttcgacgacg ggaacaggca ccagcttggg	1380
acgatcagcg gcgagactag ctcaatctcc cttaatggct cccgcatcac ctgcgtggag	1440
gtgtggggaa acggcgcggt ggatcaggcc gtgttcacgc tgaacgacgg tcgttcgctc	1500
agcctgggct cgcccggcac ctctcgctac cgcaagttct acgtgggcga gtcgcactac	1560
atcgcgggca tctacctcag cagtgactac aaccgcgtcg ctgggcaagc tgcgaacatc	1620
gccgtctcct accagctcat caacgacgac gagaagtag	1659

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 57

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 345

II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Shewanella violacea*

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: misc_feature

LOCALIZACIÓN: (1)..(345)

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácidos nucleicos obtenida de *Shewanella violacea* cepa

DSS12 que codifica una secuencia de proteína pesticida PirA TIC10357.

SECUENCIA SEQ ID No: 57

```

atgagtgatt tagaagtaaa aataggtgtt aatcctgctg atgttcgtta tacagctaat      60
tttaaagttg caccaaacga cggatatgtg atgtatgaaa aaaatacgcc aatcattcca      120
gaaattggtg tgaatattac gggtataaat acaggtcgtg aagaaatgga agttcactat      180
gaatgggctc caccatttgg tggatggcaa tgtgcatcta caacaataat cccacctgat      240
ggtaagcctg tttatattgc tcatccgtca aatgcttttt attatcagcg aatcattgct      300
tataacaaaa aagaatcaac agcgttcggg aattgcgaat actaa                      345

```

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 58

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 114

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Shewanella violacea*

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: MISC_FEATURE

LOCALIZACIÓN: (1)..(114)

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína PirA TIC10357.

SECUENCIA SEQ ID No: 58

```

Met Ser Asp Leu Glu Val Lys Ile Gly Val Asn Pro Ala Asp Val Arg
1           5           10           15

```

```

Tyr Thr Ala Asn Phe Lys Val Ala Pro Asn Asp Gly Tyr Val Met Tyr
          20           25           30

```

```

Glu Lys Asn Thr Pro Ile Ile Pro Glu Ile Gly Val Asn Ile Thr Val
          35           40           45

```

```

Ile Asn Thr Gly Arg Glu Glu Met Glu Val His Tyr Glu Trp Ala Pro
          50           55           60

```

```

Pro Phe Gly Gly Trp Gln Cys Ala Ser Thr Thr Ile Ile Pro Pro Asp
65           70           75           80

```

```

Gly Lys Pro Val Tyr Ile Ala His Pro Ser Asn Ala Phe Tyr Tyr Gln
          85           90           95

```

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

Glu Tyr

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 59

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1284

II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Shewanella violacea*

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: misc_feature

LOCALIZACIÓN: (1)..(1284)

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácidos nucleicos obtenida de *Shewanella violacea* cepa

DSS12 que codifica una secuencia de proteína pesticida PirB
 TIC10366.

SECUENCIA SEQ ID No: 59

atgaataatg aatatatcgt aacaatggaa aagaaaaaca acatagaatt aaaaagtagt	60
ggtcgttata cattagatga tttttaccat gatcatgctt atgcatttaa agtcgctttg	120
actattggac ttaaaaaaat accttatggt ggaagtatgt tatctacact tgttaaaata	180
ttatggccta ctggagcatc aggtgaatct ttacaaaact tatgggaaat ggaaagaaat	240
gaaattcaat caatgattga tgaagctaca cttcatacta taaacgatat attaaacgga	300
attgtaaatt cactcgggtga taaaatagcc gatattaata gaactataga aaattacggg	360
tttgacagctg caaaagatga ttatataaac ttaatttcaa attatataat tggattggaa	420
gaacagttta aatttgaaag tgaaggctct gaatttatag cttatgcaac aatgccactg	480
ttatctatta ctgttggttt gcaattatca tatttggcat ttggttttaga taataaagct	540
aactttggac ttgatagtgc tgatatagat aaatgtagta gaaacataga tgaaatttat	600
aaagatgtta aaaaatatat agaaaaatat gctaagtggc ctgattctga ctcttacagt	660
aatgctaata gtgaaaacat atataatgaa gttatgggat ctcgtgcttt ttgtgcttta	720
aatggatttg aacacattga aatctggtct gaaatacaat cacgtaaatc acttgatttt	780

```

tcaattataa gtacatctgt atcttattct gttgaggtcg gtgttttaac gcctaacatg      840
acaaggatgg caacagctgt tgaagttggc cgccttttgt tacctgttat ggttgatgga      900
catagaaaca agatagttaa aattgagggt tgggatagtg tagaaattaa tagttatcgt      960
cgtgtcgggt gccttaaaat cacttatgaa aatggatgatg ttacgatat ggggtgttaaa    1020
acatctaate ctgtagcat ttcacttgat ggtgaatttg tagataccgt aaaagtcggt      1080
caagtgata catatgcaat taattacatc aaattcacat taactgatgg acgcacaatg      1140
tcagttgggt aacaaagcgg tgatacaca ctattagggt ttgataatca tactattgct      1200
gcaatttttg ttgatgaagg ttcttcagat aaaatttcac gtgttagcgt ttcatgcatt      1260
cctaagcagt acgaagaaga atag                                             1284

```

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 60

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 427

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Shewanella violacea*

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: MISC_FEATURE

LOCALIZACIÓN: (1)..(427)

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína PirB TIC10366.

SECUENCIA SEQ ID No: 60

```

Met Asn Asn Glu Tyr Ile Val Thr Met Glu Lys Lys Asn Asn Ile Glu
1           5           10           15

```

```

Leu Lys Ser Ser Gly Arg Tyr Thr Leu Asp Asp Phe Tyr His Asp His
          20           25           30

```

```

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

```

```

Tyr Val Gly Ser Ile Leu Ser Thr Leu Val Lys Ile Leu Trp Pro Thr
          50           55           60

```

```

Gly Ala Ser Gly Glu Ser Leu Gln Asn Leu Trp Glu Met Glu Arg Asn

```

65				70				75				80				
Glu	Ile	Gln	Ser	Met	Ile	Asp	Glu	Ala	Thr	Leu	His	Thr	Ile	Asn	Asp	
				85					90					95		
Ile	Leu	Asn	Gly	Ile	Val	Asn	Ser	Leu	Gly	Asp	Lys	Ile	Ala	Asp	Ile	
				100					105					110		
Asn	Arg	Thr	Ile	Glu	Asn	Tyr	Gly	Phe	Ala	Ala	Ala	Lys	Asp	Asp	Tyr	
				115					120					125		
Ile	Asn	Leu	Ile	Ser	Asn	Tyr	Ile	Ile	Gly	Leu	Glu	Glu	Gln	Phe	Lys	
				130					135					140		
Phe	Glu	Ser	Glu	Gly	Ser	Glu	Phe	Ile	Ala	Tyr	Ala	Thr	Met	Pro	Leu	
				145					150					155		
Leu	Ser	Ile	Thr	Val	Gly	Leu	Gln	Leu	Ser	Tyr	Leu	Ala	Phe	Gly	Leu	
				165					170					175		
Asp	Asn	Lys	Ala	Asn	Phe	Gly	Leu	Asp	Ser	Ala	Asp	Ile	Asp	Lys	Cys	
				180					185					190		
Ser	Arg	Asn	Ile	Asp	Glu	Ile	Tyr	Lys	Asp	Val	Lys	Lys	Tyr	Ile	Glu	
				195					200					205		
Lys	Tyr	Ala	Lys	Trp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Tyr	Ser	Asn	Ala	Asn	Ser	
				210					215					220		
Glu	Asn	Ile	Tyr	Asn	Glu	Val	Met	Gly	Ser	Arg	Ala	Phe	Cys	Ala	Leu	
				225					230					235		
Asn	Gly	Phe	Glu	His	Ile	Glu	Ile	Trp	Ser	Glu	Ile	Gln	Ser	Arg	Lys	
				245					250					255		
Ser	Leu	Asp	Phe	Ser	Ile	Ile	Ser	Thr	Ser	Val	Ser	Tyr	Ser	Val	Glu	
				260					265					270		
Val	Gly	Val	Leu	Thr	Pro	Asn	Met	Thr	Arg	Met	Ala	Thr	Ala	Val	Glu	
				275					280					285		

Val Gly Pro Pro Leu Leu Pro Val Met Val Asp Gly His Arg Asn Lys
290 295 300

Ile Val Lys Ile Glu Gly Trp Asp Ser Val Glu Ile Asn Ser Tyr Arg
305 310 315 320

Arg Val Gly Cys Leu Lys Ile Thr Tyr Glu Asn Gly Asp Val Tyr Asp
325 330 335

Met Gly Val Lys Thr Ser Asn Pro Val Ser Ile Ser Leu Asp Gly Glu
340 345 350

Phe Val Asp Thr Val Lys Val Val Gln Gly Asp Thr Tyr Ala Ile Asn
355 360 365

Tyr Ile Lys Phe Thr Leu Thr Asp Gly Arg Thr Met Ser Val Gly Glu
370 375 380

Gln Ser Gly Asp Thr Gln Leu Leu Gly Phe Asp Asn His Thr Ile Ala
385 390 395 400

Ala Ile Phe Val Asp Glu Gly Ser Ser Asp Lys Ile Ser Cys Val Ser
405 410 415

Val Ser Cys Ile Pro Lys Gln Tyr Glu Glu Glu
420 425

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 61
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1626
II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácido nucleico que codifica una proteína de fusión PirAB, TIC10375 compuesta por las secuencias de codificación de TIC10357 y TIC10366 en enlace operativo y en marco.

SECUENCIA SEQ ID No: 61

atgagtgatt tagaagtaaa aataggtgtt aatcctgctg atgttcgtta tacagcta	60
tttaaagttg caccaaacga cggatatgtg atgtatgaaa aaaatacgcc aatcattcca	120
gaaattggtg tgaatattac ggttataaat acaggtcgtg aagaaatgga agttcactat	180
gaatgggctc caccatttgg tggatggcaa tgtgcatcta caacaataat cccacctgat	240
ggtaagcctg tttatatattgc tcatccgtca aatgctttttt attatcagcg aatcattgct	300
tataacaaaa aagaatcaac agcgttcggg aattgcgaat acatgaataa tgaatatatc	360
gtaacaatgg aaaagaaaaa caacatagaa ttaaaaagta gtggtcgtta tacattagat	420
gattttttacc atgatcatgc ttatgcattt aaagtcgctt tgactattgg acttaaaaaa	480
ataccttatg ttggaagtat tttatctaca cttgttaaaa tattatggcc tactggagca	540
tcaggtgaat ctttacaaaa cttatgggaa atggaaagaa atgaaattca atcaatgatt	600
gatgaagcta cacttcatac tataaacgat atattaaacg gaattgtaaa ttcactcggt	660
gataaaatag ccgatattaa tagaactata gaaaattacg ggtttgcagc tgcaaaagat	720
gattatataa acttaatttc aaattatata attggattgg aagaacagtt taaatttgaa	780
agtgaaggct ctgaatttat agcttatgca acaatgccac tgttatctat tactgttggt	840
ttgcaattat catatttggc atttggttta gataataaag ctaactttgg acttgatagt	900
gctgatatag ataaatgtag tagaaacata gatgaaattt ataaagatgt taaaaaatat	960
atagaaaaat atgctaagtg gtctgattct gactcttaca gtaatgctaa tagtgaaaac	1020
atatataatg aagttatggg atctcgtgct ttttgtgctt taaatggatt tgaacacatt	1080
gaaatctggt ctgaaataca atcacgtaaa tcacttgatt tttcaattat aagtacatct	1140
gtatcttatt ctgttgaggt cggtgtttta acgcctaaca tgacaaggat ggcaacagct	1200
gttgaagttg gccgccttt gttacctgtt atggttgatg gacatagaaa caagatagtt	1260
aaaattgagg gttgggatag tgtagaaatt aatagttatc gtcgtgtcgg ttgccttaaa	1320
atcacttatg aaaatggtga tgtttacgat atgggtgtta aaacatctaa tcctgttagc	1380
atttcacttg atggtgaatt tgtagatacc gtaaaagtcg ttcaaggtga tacatatgca	1440
attaattaca tcaaattcac attaactgat ggacgcacaa tgtcagttgg tgaacaaagc	1500
ggtgatacac aactattagg ttttgataat catactattg ctgcaatttt tgttgatgaa	1560
ggttcttcag ataaaatttc atgtgttagc gtttcatgca ttcctaagca gtacgaagaa	1620

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 62

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 541

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína de fusión
PirAB TIC10375.

SECUENCIA SEQ ID No: 62

Met Ser Asp Leu Glu Val Lys Ile Gly Val Asn Pro Ala Asp Val Arg
1 5 10 15

Tyr Thr Ala Asn Phe Lys Val Ala Pro Asn Asp Gly Tyr Val Met Tyr
20 25 30

Glu Lys Asn Thr Pro Ile Ile Pro Glu Ile Gly Val Asn Ile Thr Val
35 40 45

Ile Asn Thr Gly Arg Glu Glu Met Glu Val His Tyr Glu Trp Ala Pro
50 55 60

Pro Phe Gly Gly Trp Gln Cys Ala Ser Thr Thr Ile Ile Pro Pro Asp
65 70 75 80

Gly Lys Pro Val Tyr Ile Ala His Pro Ser Asn Ala Phe Tyr Tyr Gln
85 90 95

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

Glu Tyr Met Asn Asn Glu Tyr Ile Val Thr Met Glu Lys Lys Asn Asn
115 120 125

Ile Glu Leu Lys Ser Ser Gly Arg Tyr Thr Leu Asp Asp Phe Tyr His
130 135 140

Asp His Ala Tyr Ala Phe Lys Val Ala Leu Thr Ile Gly Leu Lys Lys
145 150 155 160

Ile Pro Tyr Val Gly Ser Ile Leu Ser Thr Leu Val Lys Ile Leu Trp
165 170 175

Pro Thr Gly Ala Ser Gly Glu Ser Leu Gln Asn Leu Trp Glu Met Glu
180 185 190

Arg Asn Glu Ile Gln Ser Met Ile Asp Glu Ala Thr Leu His Thr Ile
195 200 205

Asn Asp Ile Leu Asn Gly Ile Val Asn Ser Leu Gly Asp Lys Ile Ala
210 215 220

Asp Ile Asn Arg Thr Ile Glu Asn Tyr Gly Phe Ala Ala Ala Lys Asp
225 230 235 240

Asp Tyr Ile Asn Leu Ile Ser Asn Tyr Ile Ile Gly Leu Glu Glu Gln
245 250 255

Phe Lys Phe Glu Ser Glu Gly Ser Glu Phe Ile Ala Tyr Ala Thr Met
260 265 270

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

Gly Leu Asp Asn Lys Ala Asn Phe Gly Leu Asp Ser Ala Asp Ile Asp
290 295 300

Lys Cys Ser Arg Asn Ile Asp Glu Ile Tyr Lys Asp Val Lys Lys Tyr
305 310 315 320

Ile Glu Lys Tyr Ala Lys Trp Ser Asp Ser Asp Ser Tyr Ser Asn Ala
325 330 335

Asn Ser Glu Asn Ile Tyr Asn Glu Val Met Gly Ser Arg Ala Phe Cys
340 345 350

Ala Leu Asn Gly Phe Glu His Ile Glu Ile Trp Ser Glu Ile Gln Ser
355 360 365

Arg Lys Ser Leu Asp Phe Ser Ile Ile Ser Thr Ser Val Ser Tyr Ser
370 375 380

Val Glu Val Gly Val Leu Thr Pro Asn Met Thr Arg Met Ala Thr Ala
385 390 395 400

Val Glu Val Gly Pro Pro Leu Leu Pro Val Met Val Asp Gly His Arg
405 410 415

Asn Lys Ile Val Lys Ile Glu Gly Trp Asp Ser Val Glu Ile Asn Ser
420 425 430

Tyr Arg Arg Val Gly Cys Leu Lys Ile Thr Tyr Glu Asn Gly Asp Val
435 440 445

Tyr Asp Met Gly Val Lys Thr Ser Asn Pro Val Ser Ile Ser Leu Asp
450 455 460

Gly Glu Phe Val Asp Thr Val Lys Val Val Gln Gly Asp Thr Tyr Ala
465 470 475 480

Ile Asn Tyr Ile Lys Phe Thr Leu Thr Asp Gly Arg Thr Met Ser Val
485 490 495

Gly Glu Gln Ser Gly Asp Thr Gln Leu Leu Gly Phe Asp Asn His Thr
500 505 510

Ile Ala Ala Ile Phe Val Asp Glu Gly Ser Ser Asp Lys Ile Ser Cys
515 520 525

Val Ser Val Ser Cys Ile Pro Lys Gln Tyr Glu Glu Glu
530 535 540

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 63
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 435
II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Photorhabdus luminescens

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: misc_feature

LOCALIZACIÓN: (1)..(435)

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácidos nucleicos obtenida de
Photorhabdus luminescens
cepa laumondii TT01 que codifica una secuencia de proteína pesticida
PirA TIC10358.

SECUENCIA SEQ ID No: 63

```
atgccagtca atcagattgg cttacataat gaaaaggtga aaaatatgag aaaaataaca      60
gttgataatg atgtggtagg acatgatact gaaatcaact cggttgtttc atcaactgcg      120
gagaaaattc gccaacagtt tggagtaaag gtcgacccta attcaagtca ggaaaagttc      180
tacattgcaa caccgattat tcctgaatcc cgaaagaata tcgttgtaac caatgaaggt      240
ctcgccgatg ttatcacggc gaaatattac tggtcacatt cttttacgtc agaatatattt      300
gaggataact cagttgatgt caaggttgga gagagcaaag tgttggttgc cccttcaaac      360
ccgttggtatt acagcaaagt agtcattttc aacaacacta aatccgtggc atttgtaaca      420
gtaagagaaa aataa                                     435
```

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 64

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 144

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Photorhabdus luminescens

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: MISC_FEATURE

LOCALIZACIÓN: (1)..(144)

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína PirA
TIC10358.

SECUENCIA SEQ ID No: 64

```
Met Pro Val Asn Gln Ile Gly Leu His Asn Glu Lys Val Lys Asn Met
1           5           10           15
```

```
Arg Lys Ile Thr Val Asp Asn Asp Val Val Gly His Asp Thr Glu Ile
          20           25           30
```

Asn Ser Val Val Ser Ser Thr Ala Glu Lys Ile Arg Gln Gln Phe Gly
35 40 45

Val Lys Val Asp Pro Asn Ser Ser Gln Glu Lys Phe Tyr Ile Ala Thr
50 55 60

Pro Ile Ile Pro Glu Ser Arg Lys Asn Ile Val Val Thr Asn Glu Gly
65 70 75 80

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

Ser Glu Tyr Phe Glu Asp Asn Ser Val Asp Val Lys Val Gly Glu Ser
100 105 110

Lys Val Leu Val Ala Pro Ser Asn Pro Leu Tyr Tyr Ser Lys Val Val
115 120 125

Ile Phe Asn Asn Thr Lys Ser Val Ala Phe Val Thr Val Arg Glu Lys
130 135 140

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 65

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1254

II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Photorhabdus luminescens

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: misc_feature

LOCALIZACIÓN: (1)..(1254)

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácidos nucleicos obtenida de
Photorhabdus luminescens

cepa laumondii TT01 que codifica una secuencia de proteína PirB
TIC10367 pesticida.

SECUENCIA SEQ ID No: 65

atgagcgata ttgttaagta taacgatgta agtgcaccga tcccttatgc tgtttattca 60

aatgccgtat atgcatttga gtgggattca tctgctattc taaagcaagc cgtcgtcaag 120

ggattgtcgt atgtaccaca tgtagggaaa tatctttctt acattgttgg ttttttttgg 180

aaagataaag agaaagacat ttggcaggag gttgtaggaa aagttcaaca actgggttgaa	240
gatagtatat taaaagcagt taaaggtata ctctcaggta acatcaatga attaaaagaa	300
aaaatgaatg aggtaatccg ttctctggag aagaatttag gtaccaaga agcaagggat	360
gactacatgc atcttgccag gagtatgggt ggaaaagaag ctagcttgat ttttcatgaa	420
aataagacaa attttcacat attgccgatg tattccacac ttgccctgat gcagattatg	480
tattggactg ttggcattga gcgtcgcaag gaaatcggat tgagtgatat tgaagtcgag	540
aatctaaggt catatatcaa aaagttagtt agtgatgcag agcatcacgt gaatagagtt	600
tataagttag aacttgatag tgtagtgtca gactctgatg ttaatcgctg ggctgataat	660
atcatgtatg tccatggata ttgtcaaata catgggtctgg aatatatgga catcattaaa	720
aatatccaat ccagaggtaa taatattact gggttttatc cgagaactat cagctactct	780
acattctttg gttcgccaac aagtgatgcg cgtattttgg cattaaggcc agagaaggat	840
atgccagaac cgttcaaacc caaattttta aatgaacggt ttaataaaat tgcatcggtc	900
aaagggtaga tagtacgaat tggtagcgct aaacgtggtg gggggctgga gataacattt	960
gagaatggca gcaagtatca acagggccaa gcaacgaatg agcatgaaat cgtcaatctc	1020
aaaggtaatt tgattaagac gttggaagta tgggggaatg gggccattga tgaagcaaaa	1080
tttacattaa cgaatggaga tgtgttgaca atagggtcaac gtaattcctc taattaccgt	1140
aagttctctc ttgatgggtca ttatatgtgc ggggtgttca tcgcaaata tcgttctgga	1200
ctggctggtc aagcagctaa tattgccgtt tcttatcacc aattagttga gtaa	1254

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 66

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 417

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Photorhabdus luminescens*

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: MISC_FEATURE

LOCALIZACIÓN: (1)..(417)

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína PirB TIC10367.

SECUENCIA SEQ ID No: 66

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

Ala Val Tyr Ser Asn Ala Val Tyr Ala Phe Glu Trp Asp Ser Ser Ala
20 25 30

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

Gly Lys Tyr Leu Ser Tyr Ile Val Gly Phe Phe Trp Lys Asp Lys Glu
50 55 60

Lys Asp Ile Trp Gln Glu Val Val Gly Lys Val Gln Gln Leu Val Glu
65 70 75 80

Asp Ser Ile Leu Lys Ala Val Lys Gly Ile Leu Ser Gly Asn Ile Asn
85 90 95

Glu Leu Lys Glu Lys Met Asn Glu Val Ile Arg Ser Leu Glu Lys Asn
100 105 110

Leu Gly Thr Gln Glu Ala Arg Asp Asp Tyr Met His Leu Ala Arg Ser
115 120 125

Met Val Gly Lys Glu Ala Ser Leu Ile Phe His Glu Asn Lys Thr Asn
130 135 140

Phe His Ile Leu Pro Met Tyr Ser Thr Leu Ala Leu Met Gln Ile Met
145 150 155 160

Tyr Trp Thr Val Gly Ile Glu Arg Arg Lys Glu Ile Gly Leu Ser Asp
165 170 175

Ile Glu Val Glu Asn Leu Arg Ser Tyr Ile Lys Lys Leu Val Ser Asp
180 185 190

Ala Glu His His Val Asn Arg Val Tyr Lys Leu Glu Leu Asp Ser Val
195 200 205

Val Ser Asp Ser Asp Val Asn Arg Val Ala Asp Asn Ile Met Tyr Val

210

215

220

His Gly Tyr Cys Gln Ile His Gly Leu Glu Tyr Met Asp Ile Ile Lys
 225 230 235 240

Asn Ile Gln Ser Arg Gly Asn Asn Ile Thr Gly Phe Tyr Pro Arg Thr
 245 250 255

Ile Ser Tyr Ser Thr Phe Phe Gly Ser Pro Thr Ser Asp Ala Arg Ile
 260 265 270

Leu Ala Leu Arg Pro Glu Lys Asp Met Pro Glu Pro Phe Lys Pro Lys
 275 280 285

Phe Leu Asn Glu Arg Phe Asn Lys Ile Ala Ser Val Lys Gly Tyr Ile
 290 295 300

Val Arg Ile Gly Gly Ala Lys Arg Val Gly Gly Leu Glu Ile Thr Phe
 305 310 315 320

Glu Asn Gly Ser Lys Tyr Gln Gln Gly Gln Ala Thr Asn Glu His Glu
 325 330 335

Ile Val Asn Leu Lys Gly Asn Leu Ile Lys Thr Leu Glu Val Trp Gly
 340 345 350

Asn Gly Ala Ile Asp Glu Ala Lys Phe Thr Leu Thr Asn Gly Asp Val
 355 360 365

Leu Thr Ile Gly Gln Arg Asn Ser Ser Asn Tyr Arg Lys Phe Ser Leu
 370 375 380

Asp Gly His Tyr Ile Cys Gly Val Phe Ile Ala Asn Asp Arg Ser Gly
 385 390 395 400

Leu Ala Gly Gln Ala Ala Asn Ile Ala Val Ser Tyr His Gln Leu Val
 405 410 415

Glu

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 67
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1686
II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácido nucleico que codifica una proteína de fusión PirAB, TIC10376
compuesta por las secuencias de codificación de TIC10358 y TIC10367 en enlace operativo y en marco.

SECUENCIA SEQ ID No: 67

atgccagtca atcagattgg cttacataat gaaaaggtga aaaatatgag aaaaataaca	60
gttgataatg atgtggtagg acatgatact gaaatcaact cggttgtttc atcaactgcg	120
gagaaaattc gccaacagtt tggagtaaag gtcgacccta attcaagtca ggaaaagttc	180
tacattgcaa caccgattat tcctgaatcc cgaaagaata tcgttgtaac caatgaaggt	240
ctcgccgatg ttatcacggc gaaatattac tggtcacatt cttttacgtc agaatatattt	300
gaggataact cagttgatgt caaggttgga gagagcaaag tggttggtgc cccttcaaac	360
ccgttggtatt acagcaaagt agtcattttc aacaacacta aatccgtggc atttgtaaca	420
gtaagagaaa aaatgagcga tattgttaag tataacgatg taagtgcacc gatcccttat	480
gctgtttatt caaatgccgt atatgcattt gagtgggatt catctgctat tctaaagcaa	540
gccgtcgtca agggattgtc gtatgtacca catgtaggga aatatctttc ttacattggt	600
ggtttttttt ggaaagataa agagaaagac atttggcagg aggttgtagg aaaagttcaa	660
caactgggtg aagatagtat attaaaagca gttaaaggta tactctcagg taacatcaat	720
gaattaaaag aaaaaatgaa tgaggtaatc cgttctctgg agaagaattt aggtacccaa	780
gaagcaaggg atgactacat gcatcttgcc aggagtatgg ttggaaaaga agctagcttg	840
atttttcatg aaaataagac aaattttcac atattgccga tgtattccac acttgccctg	900
atgcagatta tgtattggac tggtggcatt gagcgtcgca aggaaatcgg attgagtgat	960
attgaagtcg agaatctaag gtcatatatc aaaaagttag ttagtgatgc agagcatcac	1020
gtgaatagag ttataagtt agaacttgat agtgtagtgt cagactctga tgtaaatcgc	1080

gtggctgata atatcatgta tgtccatgga tattgtcaaa tacatgggtct ggaatatatg	1140
gacatcatta aaaatatcca atccagaggt aataatatta ctgggtttta tccgagaact	1200
atcagctact ctacattctt tggttcgcca acaagtgatg cgcgtatttt ggcattaagg	1260
ccagagaagg atatgccaga accgttcaaa cccaaatttt taaatgaacg gtttaataaa	1320
attgcatcgg tcaaagggta catagtacga attggtggcg ctaaactgtg tggggggctg	1380
gagataacat ttgagaatgg cagcaagtat caacagggcc aagcaacgaa tgagcatgaa	1440
atcgtcaatc tcaaaggtaa tttgattaag acgttggaag tatgggggaa tggggccatt	1500
gatgaagcaa aatttacatt aacgaatgga gatgtgttga caataggtca acgtaattcc	1560
tctaattacc gtaagttctc tcttgatggc cattatatatt gcgggggtgt catcgcaa	1620
gatcgttctg gactggctgg tcaagcagct aatattgccg tttcttatca ccaattagtt	1680
gagtaa	1686

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 68

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 561

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína de fusión PirAB TIC10376.

SECUENCIA SEQ ID No: 68

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

Arg	Lys	Ile	Thr	Val	Asp	Asn	Asp	Val	Val	Gly	His	Asp	Thr	Glu	Ile
			20					25					30		

Asn	Ser	Val	Val	Ser	Ser	Thr	Ala	Glu	Lys	Ile	Arg	Gln	Gln	Phe	Gly
		35					40					45			

Val	Lys	Val	Asp	Pro	Asn	Ser	Ser	Gln	Glu	Lys	Phe	Tyr	Ile	Ala	Thr
	50					55					60				

Pro Ile Ile Pro Glu Ser Arg Lys Asn Ile Val Val Thr Asn Glu Gly
65 70 75 80

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

Ser Glu Tyr Phe Glu Asp Asn Ser Val Asp Val Lys Val Gly Glu Ser
100 105 110

Lys Val Leu Val Ala Pro Ser Asn Pro Leu Tyr Tyr Ser Lys Val Val
115 120 125

Ile Phe Asn Asn Thr Lys Ser Val Ala Phe Val Thr Val Arg Glu Lys
130 135 140

Met Ser Asp Ile Val Lys Tyr Asn Asp Val Ser Ala Pro Ile Pro Tyr
145 150 155 160

Ala Val Tyr Ser Asn Ala Val Tyr Ala Phe Glu Trp Asp Ser Ser Ala
165 170 175

Ile Leu Lys Gln Ala Val Val Lys Gly Leu Ser Tyr Val Pro His Val
180 185 190

Gly Lys Tyr Leu Ser Tyr Ile Val Gly Phe Phe Trp Lys Asp Lys Glu
195 200 205

Lys Asp Ile Trp Gln Glu Val Val Gly Lys Val Gln Gln Leu Val Glu
210 215 220

Asp Ser Ile Leu Lys Ala Val Lys Gly Ile Leu Ser Gly Asn Ile Asn
225 230 235 240

Glu Leu Lys Glu Lys Met Asn Glu Val Ile Arg Ser Leu Glu Lys Asn
245 250 255

Leu Gly Thr Gln Glu Ala Arg Asp Asp Tyr Met His Leu Ala Arg Ser
260 265 270

Met Val Gly Lys Glu Ala Ser Leu Ile Phe His Glu Asn Lys Thr Asn
275 280 285

Phe His Ile Leu Pro Met Tyr Ser Thr Leu Ala Leu Met Gln Ile Met
290 295 300

Tyr Trp Thr Val Gly Ile Glu Arg Arg Lys Glu Ile Gly Leu Ser Asp
305 310 315 320

Ile Glu Val Glu Asn Leu Arg Ser Tyr Ile Lys Lys Leu Val Ser Asp
325 330 335

Ala Glu His His Val Asn Arg Val Tyr Lys Leu Glu Leu Asp Ser Val
340 345 350

Val Ser Asp Ser Asp Val Asn Arg Val Ala Asp Asn Ile Met Tyr Val
355 360 365

His Gly Tyr Cys Gln Ile His Gly Leu Glu Tyr Met Asp Ile Ile Lys
370 375 380

Asn Ile Gln Ser Arg Gly Asn Asn Ile Thr Gly Phe Tyr Pro Arg Thr
385 390 395 400

Ile Ser Tyr Ser Thr Phe Phe Gly Ser Pro Thr Ser Asp Ala Arg Ile
405 410 415

Leu Ala Leu Arg Pro Glu Lys Asp Met Pro Glu Pro Phe Lys Pro Lys
420 425 430

Phe Leu Asn Glu Arg Phe Asn Lys Ile Ala Ser Val Lys Gly Tyr Ile
435 440 445

Val Arg Ile Gly Gly Ala Lys Arg Val Gly Gly Leu Glu Ile Thr Phe
450 455 460

Glu Asn Gly Ser Lys Tyr Gln Gln Gly Gln Ala Thr Asn Glu His Glu
465 470 475 480

Ile Val Asn Leu Lys Gly Asn Leu Ile Lys Thr Leu Glu Val Trp Gly
485 490 495

Asn Gly Ala Ile Asp Glu Ala Lys Phe Thr Leu Thr Asn Gly Asp Val
500 505 510

Leu Thr Ile Gly Gln Arg Asn Ser Ser Asn Tyr Arg Lys Phe Ser Leu
515 520 525

Asp Gly His Tyr Ile Cys Gly Val Phe Ile Ala Asn Asp Arg Ser Gly
530 535 540

Leu Ala Gly Gln Ala Ala Asn Ile Ala Val Ser Tyr His Gln Leu Val
545 550 555 560

Glu

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 69
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 402
II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Photorhabdus asymbiotica*

CARACTERÍSTICA:
NOMBRE/CLAVE: misc_feature
LOCALIZACIÓN: (1)..(402)
OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácidos nucleicos obtenida de
Photorhabdus asymbiotica
que codifica una secuencia de proteína PirA pesticida TIC10360.

SECUENCIA SEQ ID No: 69
atgtctagaa taactatattt tattgattca gatgaacaaa aatcagaatt taattctgat 60
tctcctgttc cggtagctaa agacttaa atacagttgttc ctttgagtga tctgactata 120
tcccctcggt ctagtgtgga agtatattaga atagatacac caataattcc agaattccaga 180
agatctctga gagttgtaaa tacagggctg gcaagtagtg ttacggctaa attttactgg 240
tctcatagtt ttacctctga atggtttgag tctggttcta tcgatgtagg attaggagaa 300
gataaggtat taaacgtgcc taacaactct ttttattata gtaaatttgt tatctataat 360
aacacggata aagttgctta tattacggca aatttggttt aa 402

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 70

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 133

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Photorhabdus asymbiotica

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: MISC_FEATURE

LOCALIZACIÓN: (1)..(133)

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína PirA TIC10360.

SECUENCIA SEQ ID No: 70

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

Phe Asn Ser Asp Ser Pro Val Pro Val Arg Lys Asp Leu Asn Thr Val
20 25 30

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

Phe Arg Ile Asp Thr Pro Ile Ile Pro Glu Ser Arg Arg Ser Leu Arg
50 55 60

Val Val Asn Thr Gly Leu Ala Ser Ser Val Thr Ala Lys Phe Tyr Trp
65 70 75 80

Ser His Ser Phe Thr Ser Glu Trp Phe Glu Ser Gly Ser Ile Asp Val
85 90 95

Gly Leu Gly Glu Asp Lys Val Leu Asn Val Pro Asn Asn Ser Phe Tyr
100 105 110

Tyr Ser Lys Phe Val Ile Tyr Asn Asn Thr Asp Lys Val Ala Tyr Ile
115 120 125

Thr Ala Asn Leu Val
130

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 71

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1260

II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Photorhabdus asymbiotica*

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: misc_feature

LOCALIZACIÓN: (1)..(1260)

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácidos nucleicos obtenida de *Photorhabdus asymbiotica* que codifica una secuencia de proteína PirB pesticida TIC10369.

SECUENCIA SEQ ID No: 71

```
atgcagacag agaatgtttt agacataaga accattgtgg ctaatgaata tgctataaaa      60
acgagtgcac tagagtggga tgttactgat attgtaaaaa atgcaatcat aggaggcata      120
tcttttatac ctacggttgg tcctgctata tcttttttag tcggtttatt ttggcctcaa      180
tcaaaagaaa atatatggga agggattgtc aaacaaattg agaggatgat agaggaatct      240
gcattaaaga cgattaaagg tatccttgct ggtgatattg cctatataca agagcgaatg      300
gcaactgttg ctgatcttct tgagaaacat ccaggatcgg cagaagcgcg gagtgctttt      360
aataacctgg cagaaaatat agatggttat cacaaaaaat ttaataattt ctcggatgat      420
gtaaattatc agatattacc catgttttct actacagtta tgatgcagat aacatattgg      480
gttgctgggt tagagagaaa agatgaaata gggcttagtg atattgatat tgaaaaagtc      540
cgagggttaa ttaaaaagac agtagaacag gctaataatt atattaataa tatatatggt      600
agagaactta atgatgctct taataattcg acggctgaca ctgttgcaaa taatgttatg      660
tctgttcacg gtcattgtcg tttacatgga attgaatata tcagtatttg ggatagatta      720
agtgaaactg agtctgtaaa taatagaatc tatgttgatg tttaagtta ttctactttc      780
tttgaccgtc aaacagcaaa ggccagaatt caggcattga cgccagagaa agatatggct      840
ccacctctca aaccggctct taatggagga aagagaagaa agataaattc gttaatggga      900
catattgtac gtattggagg ggcgccaagg gtaggagggc tgacagttat atttgatgat      960
ggtagtcgcc atcaattagg gacaatatct ggtgagacgg catctatttc tctggatggt     1020
aatcgaatta ctagtttgga agtatggggc aatggtgctg ttgataaagc tgtctttact     1080
ttgagtgatg gtcgttcggt gtcatttggc gcacctggaa catccagata taggaagttt     1140
```

tatgttggtg aaagtcacta catttcaggg atctatttgt ccagtgatta cagcccgtta	1200
gcaggtcagg cagcaaatat agctgtatct tatcagctga taaatgatga tgaaaaataa	1260

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 72

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 419

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Photorhabdus asymbiotica

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: MISC_FEATURE

LOCALIZACIÓN: (1)..(419)

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína PirB TIC10369.

SECUENCIA SEQ ID No: 72

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

Tyr	Ala	Ile	Lys	Thr	Ser	Ala	Leu	Glu	Trp	Asp	Val	Thr	Asp	Ile	Val
			20					25					30		

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

Ala	Ile	Ser	Phe	Leu	Val	Gly	Leu	Phe	Trp	Pro	Gln	Ser	Lys	Glu	Asn
	50					55					60				

Ile	Trp	Glu	Gly	Ile	Val	Lys	Gln	Ile	Glu	Arg	Met	Ile	Glu	Glu	Ser
65					70					75					80

Ala	Leu	Lys	Thr	Ile	Lys	Gly	Ile	Leu	Ala	Gly	Asp	Ile	Ala	Tyr	Ile
				85					90					95	

Gln	Glu	Arg	Met	Ala	Thr	Val	Ala	Asp	Leu	Leu	Glu	Lys	His	Pro	Gly
			100					105					110		

Ser	Ala	Glu	Ala	Arg	Ser	Ala	Phe	Asn	Asn	Leu	Ala	Glu	Asn	Ile	Asp
		115					120					125			

Gly Tyr His Lys Lys Phe Asn Asn Phe Ser Asp Asp Val Asn Tyr Gln
130 135 140

Ile Leu Pro Met Phe Ser Thr Thr Val Met Met Gln Ile Thr Tyr Trp
145 150 155 160

Val Ala Gly Leu Glu Arg Lys Asp Glu Ile Gly Leu Ser Asp Ile Asp
165 170 175

Ile Glu Lys Val Arg Gly Leu Ile Lys Lys Thr Val Glu Gln Ala Asn
180 185 190

Asn Tyr Ile Asn Asn Ile Tyr Gly Arg Glu Leu Asn Asp Ala Leu Asn
195 200 205

Asn Ser Thr Ala Asp Thr Val Ala Asn Asn Val Met Ser Val His Gly
210 215 220

His Cys Arg Leu His Gly Ile Glu Tyr Ile Ser Ile Trp Asp Arg Leu
225 230 235 240

Ser Glu Thr Glu Ser Val Asn Asn Arg Ile Tyr Val Asp Val Leu Ser
245 250 255

Tyr Ser Thr Phe Phe Asp Arg Gln Thr Ala Lys Ala Arg Ile Gln Ala
260 265 270

Leu Thr Pro Glu Lys Asp Met Ala Pro Pro Leu Lys Pro Ala Leu Asn
275 280 285

Gly Gly Lys Arg Arg Lys Ile Asn Ser Leu Met Gly His Ile Val Arg
290 295 300

Ile Gly Gly Ala Pro Arg Val Gly Gly Leu Thr Val Ile Phe Asp Asp
305 310 315 320

Gly Ser Arg His Gln Leu Gly Thr Ile Ser Gly Glu Thr Ala Ser Ile
325 330 335

Ser Leu Asp Gly Asn Arg Ile Thr Ser Leu Glu Val Trp Gly Asn Gly
340 345 350

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

Phe Gly Ala Pro Gly Thr Ser Arg Tyr Arg Lys Phe Tyr Val Gly Glu
370 375 380

Ser His Tyr Ile Ser Gly Ile Tyr Leu Ser Ser Asp Tyr Ser Pro Leu
385 390 395 400

Ala Gly Gln Ala Ala Asn Ile Ala Val Ser Tyr Gln Leu Ile Asn Asp
405 410 415

Asp Glu Lys

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 73
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1659
II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:
OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácido nucleico que codifica una
proteína de fusión PirAB, TIC10377
compuesta por las secuencias de codificación de TIC10360 y TIC10369
en enlace
operativo y en marco.

SECUENCIA SEQ ID No: 73
atgtctagaa taactatattt tattgattca gatgaacaaa aatcagaatt taattctgat 60
tctcctgttc cggtagctaa agacttaa atacagttgttc ctttgagtga tctgactata 120
tcccctcggt ctagtgtgga agtatattaga atagatacac caataattcc agaattccaga 180
agatctctga gagttgtaaa tacagggctg gcaagtagtg ttacggctaa attttactgg 240
tctcatagtt ttacctctga atggtttgag tctgggttcta tcgatgtagg attaggagaa 300
gataaggtat taaacgtgcc taacaactct ttttattata gtaaatttgt tatctataat 360
aacacggata aagttgctta tattacggca aatttggtta tgcagacaga gaatgtttta 420

gacataagaa ccattgtggc taatgaatat gctataaaaa cgagtgcatt agagtgggat	480
gttactgata ttgtaaaaaa tgcaatcata ggaggcatat cttttatacc tacggttggt	540
cctgctatat ctttttttagt cggtttattht tggcctcaat caaaagaaaa tatatgggaa	600
gggattgtca aacaaattga gaggatgata gaggaatctg cattaaagac gattaaaggt	660
atccttgctg gtgatattgc ctatatataa gagcgaatgg caactgttgc tgatcttctt	720
gagaaacatc caggatcggc agaagcgcgg agtgctttta ataacctggc agaaaatata	780
gatggttatc acaaaaaatt taataatttc tcggatgatg taaattatca gatattaccc	840
atgttttcta ctacagttat gatgcagata acatattggg ttgctggtht agagagaaaa	900
gatgaaatag ggcttagtga tattgatatt gaaaaagtcc gagggttaat taaaaagaca	960
gtagaacagg ctaataatta tattaataat atatatggta gagaacttaa tgatgctctt	1020
aataattcga cggctgacac tgttgcaaht aatgttatgt ctgttcatgg tcattgtcgt	1080
ttacatggaa ttgaatatat cagtatttgg gatagattaa gtgaaactga gtctgtaaat	1140
aatagaatct atgttgatgt tttaagttat tctactttct ttgaccgtca aacagcaaag	1200
gccagaattc aggcattgac gccagagaaa gatatggctc cacctctcaa accggctctt	1260
aatggaggaa agagaagaaa gataaattcg ttaatgggac atattgtacg tattggaggg	1320
gcgccaaggg taggagggct gacagttata tttgatgatg gtagtcgcca tcaattaggg	1380
acaatatctg gtgagacggc atctattttct ctggatggta atcgaattac tagtttgga	1440
gtatggggca atggtgctgt tgataaagct gtctttactt tgagtgatgg tcgttcgttg	1500
tcatttggcg cacctggaac atccagatat aggaagthtt atgttggtga aagtcactac	1560
atthtcagga tctatttgtc cagtgattac agcccgttag caggtcaggc agcaaatata	1620
gctgtatctt atcagctgat aaatgatgat gaaaaataa	1659

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 74

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 552

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína de fusión PirAB TIC10377.

SECUENCIA SEQ ID No: 74

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

Phe Asn Ser Asp Ser Pro Val Pro Val Arg Lys Asp Leu Asn Thr Val
20 25 30

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

Phe Arg Ile Asp Thr Pro Ile Ile Pro Glu Ser Arg Arg Ser Leu Arg
50 55 60

Val Val Asn Thr Gly Leu Ala Ser Ser Val Thr Ala Lys Phe Tyr Trp
65 70 75 80

Ser His Ser Phe Thr Ser Glu Trp Phe Glu Ser Gly Ser Ile Asp Val
85 90 95

Gly Leu Gly Glu Asp Lys Val Leu Asn Val Pro Asn Asn Ser Phe Tyr
100 105 110

Tyr Ser Lys Phe Val Ile Tyr Asn Asn Thr Asp Lys Val Ala Tyr Ile
115 120 125

Thr Ala Asn Leu Val Met Gln Thr Glu Asn Val Leu Asp Ile Arg Thr
130 135 140

Ile Val Ala Asn Glu Tyr Ala Ile Lys Thr Ser Ala Leu Glu Trp Asp
145 150 155 160

Val Thr Asp Ile Val Lys Asn Ala Ile Ile Gly Gly Ile Ser Phe Ile
165 170 175

Pro Thr Val Gly Pro Ala Ile Ser Phe Leu Val Gly Leu Phe Trp Pro
180 185 190

Gln Ser Lys Glu Asn Ile Trp Glu Gly Ile Val Lys Gln Ile Glu Arg

195					200					205					
Met	Ile	Glu	Glu	Ser	Ala	Leu	Lys	Thr	Ile	Lys	Gly	Ile	Leu	Ala	Gly
210						215					220				
Asp	Ile	Ala	Tyr	Ile	Gln	Glu	Arg	Met	Ala	Thr	Val	Ala	Asp	Leu	Leu
225					230					235					240
Glu	Lys	His	Pro	Gly	Ser	Ala	Glu	Ala	Arg	Ser	Ala	Phe	Asn	Asn	Leu
				245					250					255	
Ala	Glu	Asn	Ile	Asp	Gly	Tyr	His	Lys	Lys	Phe	Asn	Asn	Phe	Ser	Asp
			260					265					270		
Asp	Val	Asn	Tyr	Gln	Ile	Leu	Pro	Met	Phe	Ser	Thr	Thr	Val	Met	Met
	275						280					285			
Gln	Ile	Thr	Tyr	Trp	Val	Ala	Gly	Leu	Glu	Arg	Lys	Asp	Glu	Ile	Gly
290						295					300				
Leu	Ser	Asp	Ile	Asp	Ile	Glu	Lys	Val	Arg	Gly	Leu	Ile	Lys	Lys	Thr
305					310					315					320
Val	Glu	Gln	Ala	Asn	Asn	Tyr	Ile	Asn	Asn	Ile	Tyr	Gly	Arg	Glu	Leu
				325					330					335	
Asn	Asp	Ala	Leu	Asn	Asn	Ser	Thr	Ala	Asp	Thr	Val	Ala	Asn	Asn	Val
			340					345					350		
Met	Ser	Val	His	Gly	His	Cys	Arg	Leu	His	Gly	Ile	Glu	Tyr	Ile	Ser
		355					360					365			
Ile	Trp	Asp	Arg	Leu	Ser	Glu	Thr	Glu	Ser	Val	Asn	Asn	Arg	Ile	Tyr
370						375					380				
Val	Asp	Val	Leu	Ser	Tyr	Ser	Thr	Phe	Phe	Asp	Arg	Gln	Thr	Ala	Lys
385					390					395					400
Ala	Arg	Ile	Gln	Ala	Leu	Thr	Pro	Glu	Lys	Asp	Met	Ala	Pro	Pro	Leu
				405					410					415	

Lys Pro Ala Leu Asn Gly Gly Lys Arg Arg Lys Ile Asn Ser Leu Met
420 425 430

Gly His Ile Val Arg Ile Gly Gly Ala Pro Arg Val Gly Gly Leu Thr
435 440 445

Val Ile Phe Asp Asp Gly Ser Arg His Gln Leu Gly Thr Ile Ser Gly
450 455 460

Glu Thr Ala Ser Ile Ser Leu Asp Gly Asn Arg Ile Thr Ser Leu Glu
465 470 475 480

Val Trp Gly Asn Gly Ala Val Asp Lys Ala Val Phe Thr Leu Ser Asp
485 490 495

Gly Arg Ser Leu Ser Phe Gly Ala Pro Gly Thr Ser Arg Tyr Arg Lys
500 505 510

Phe Tyr Val Gly Glu Ser His Tyr Ile Ser Gly Ile Tyr Leu Ser Ser
515 520 525

Asp Tyr Ser Pro Leu Ala Gly Gln Ala Ala Asn Ile Ala Val Ser Tyr
530 535 540

Gln Leu Ile Asn Asp Asp Glu Lys
545 550

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 75
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 432
II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Xenorhabdus sp

CARACTERÍSTICA:
NOMBRE/CLAVE: misc_feature
LOCALIZACIÓN: (1)..(432)
OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácidos nucleicos obtenida de
Xenorhabdus sp. cepa
NBAlI XenSa04 que codifica una secuencia de proteína PirA
pesticida TIC10361.

SECUENCIA SEQ ID No: 75

atgatcacaa taaatataaa tacaaacggt gttaatggta ttaccattac aaatagtaat	60
aatgaaccta ctccagtatc gacaacttac ggtccaaata caccagcatc agaaccctt	120
acagtcagta attatagtga tatcacaata gaaccacatt cttctgtgca ggcaacaaga	180
attgacacgc ctattattcc tgaaacacgt ccagattact atgtagccaa ctccggccct	240
gcaccaacag ttagggctgt tttttattgg tctcattctt tcacatcaga atggttcgaa	300
tcttcctcta tcacagtga agcaggagag gatggaatat taaaagcacc tggtaattct	360
ttatattaca gcaaagtcgt catttataat gacaccgata aacgggcttt tgttactgga	420
tataataaat aa	432

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 76
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 143
II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Xenorhabdus sp

CARACTERÍSTICA:
NOMBRE/CLAVE: MISC_FEATURE
LOCALIZACIÓN: (1)..(143)
OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína PirA TIC10361.

SECUENCIA SEQ ID No: 76

Met	Ile	Thr	Ile	Asn	Ile	Asn	Thr	Asn	Gly	Val	Asn	Gly	Ile	Thr	Ile
1				5				10					15		

Thr	Asn	Ser	Asn	Asn	Glu	Pro	Thr	Pro	Val	Ser	Thr	Thr	Tyr	Gly	Pro
			20					25					30		

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

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

Ile	Ile	Pro	Glu	Thr	Arg	Pro	Asp	Tyr	Tyr	Val	Ala	Asn	Ser	Gly	Pro
-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----

65		70		75		80									
Ala	Pro	Thr	Val	Arg	Ala	Val	Phe	Tyr	Trp	Ser	His	Ser	Phe	Thr	Ser
				85					90					95	
Glu	Trp	Phe	Glu	Ser	Ser	Ser	Ile	Thr	Val	Lys	Ala	Gly	Glu	Asp	Gly
			100					105					110		
Ile	Leu	Lys	Ala	Pro	Gly	Asn	Ser	Leu	Tyr	Tyr	Ser	Lys	Val	Val	Ile
		115					120					125			
Tyr	Asn	Asp	Thr	Asp	Lys	Arg	Ala	Phe	Val	Thr	Gly	Tyr	Asn	Lys	
	130					135					140				

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 77
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1278
II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Xenorhabdus sp

CARACTERÍSTICA:
NOMBRE/CLAVE: misc_feature
LOCALIZACIÓN: (1)..(1278)
OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácidos nucleicos obtenida de
Xenorhabdus sp. cepa
NBAII XenSa04 que codifica una secuencia de proteína PirB
TIC10370 pesticida.

SECUENCIA SEQ ID No: 77

atgaataacca cacctattac tgtatctgaa aatgaaacat cgcctttact gactgacgta	60
atgcctatgg atctttatgc agtatccacc cctgattatg aatgggatat gtcgtcaatc	120
ataaaggatg ctattattgg tggcatagga tttattccag gtccgggtcc ggcattatcc	180
ttcctgttag gactattttg gcctcagcag aaagacaata cttgggagca aattctccaa	240
aaagtagagc agatgataga gaatgctgtt ctacaaacca ttaaaggaat acttaatgga	300
gaaatacaag agatcaaagg gaaaatggaa catgtagaat ctatgctgaa aaactcgccg	360
ggtagtcagg aaagtcatga tgcatatatg ttcttgga gatatctggt gagtatagat	420
gaaaaattca aatcttttga taatagaaca aattaccaga ttctcccaat gtataactaat	480

actattatgt tacagatccc ttattggaaa atgggaatag agaagaaaaa agatattggg	540
ctgacagata ttgaagtcaa tgaattaaaa gaacttatcg acaaattagt aggtaaggcc	600
aagaactata ttcatacgat gtatactaata gaatataacg atgctataaa cacatcaaca	660
gcagggagtg tcactaataa tttattatct gtaaggggat attgtttatt acacggtttg	720
gagtgtattg agttaattga gcatatacag aataatagcc ttgaaagtgg tttctatcct	780
aaaactatca gttattcgac agtgtttgat cgtccgacta ataaaatgag aattcaggct	840
cttacagaag acgatgcaat gcaggagcct ttcaagccat ctttaattaa tgggaaatac	900
aataaaatac aatccataat tggatatgta caaagaattg ggaatgcacc tagagttggt	960
ggtattaaaa ttacattttac caatggctca tcttatacac ttggtacggt gacctcagaa	1020
acaaattcaa ttgaactaaa tgatagtgtt atcgagagct tggaagtatg gggaaatggt	1080
gctgttgatg aggcattatt taagttgagt gatgggcggt tattgcgtat tggtgagcgt	1140
tacgcgaaaa aatacagaaa atatgctgtt gatcatcact atattgcggg aatttacttg	1200
gccagcgatg agccttcact tgctgggtcaa gccgcaggta ttgccgtttc atatcatatg	1260
atggccgaca aaaaataa	1278

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 78

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 425

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Xenorhabdus sp

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: MISC_FEATURE

LOCALIZACIÓN: (1)..(425)

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína PirB TIC10370.

SECUENCIA SEQ ID No: 78

Met	Asn	Thr	Thr	Pro	Ile	Thr	Val	Ser	Glu	Asn	Glu	Thr	Ser	Pro	Leu
1				5				10					15		

Leu	Thr	Asp	Val	Met	Pro	Met	Asp	Leu	Tyr	Ala	Val	Ser	Thr	Pro	Asp
			20					25					30		

Tyr Glu Trp Asp Met Ser Ser Ile Ile Lys Asp Ala Ile Ile Gly Gly
35 40 45

Ile Gly Phe Ile Pro Gly Pro Gly Pro Ala Leu Ser Phe Leu Leu Gly
50 55 60

Leu Phe Trp Pro Gln Gln Lys Asp Asn Thr Trp Glu Gln Ile Leu Gln
65 70 75 80

Lys Val Glu Gln Met Ile Glu Asn Ala Val Leu Gln Thr Ile Lys Gly
85 90 95

Ile Leu Asn Gly Glu Ile Gln Glu Ile Lys Gly Lys Met Glu His Val
100 105 110

Glu Ser Met Leu Lys Asn Ser Pro Gly Ser Gln Glu Ser His Asp Ala
115 120 125

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

Ser Phe Asp Asn Arg Thr Asn Tyr Gln Ile Leu Pro Met Tyr Thr Asn
145 150 155 160

Thr Ile Met Leu Gln Ile Pro Tyr Trp Lys Met Gly Ile Glu Lys Lys
165 170 175

Lys Asp Ile Gly Leu Thr Asp Ile Glu Val Asn Glu Leu Lys Glu Leu
180 185 190

Ile Asp Lys Leu Val Gly Lys Ala Lys Asn Tyr Ile His Thr Met Tyr
195 200 205

Thr Asn Glu Tyr Asn Asp Ala Ile Asn Thr Ser Thr Ala Gly Ser Val
210 215 220

Thr Asn Asn Leu Leu Ser Val Arg Gly Tyr Cys Leu Leu His Gly Leu
225 230 235 240

Glu Cys Ile Glu Leu Ile Glu His Ile Gln Asn Asn Ser Leu Glu Ser

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

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 79
 I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1707
 II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN
 VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácido nucleico que codifica una proteína de fusión PirAB, TIC10378

compuesta por las secuencias de codificación de TIC10361 y TIC10370 en enlace

operativo y en marco.

SECUENCIA SEQ ID No: 79

atgatcaciaa taaatataaa tacaaacggt gttaatggta ttaccattac aaatagtaat	60
aatgaaccta ctccagtatc gacaacttac ggtccaaata caccagcatc agaaccctt	120
acagtcagta attatagtga tatcacaata gaaccacatt cttctgtgca ggcaacaaga	180
attgacacgc ctattattcc tgaaacacgt ccagattact atgtagccaa ctccggccct	240
gcaccaacag ttagggctgt tttttattgg tctcattctt tcacatcaga atgggttcgaa	300
tcttcctcta tcacagtga agcaggagag gatggaatat taaaagcacc tggtaattct	360
ttatattaca gcaaagtcgt catttataat gacaccgata aacgggcttt tgttactgga	420
tataataaaa tgaataccac acctattact gtatctgaaa atgaaacatc gcctttactg	480
actgacgtaa tgcctatgga tctttatgca gtatccaccc ctgattatga atgggatatg	540
tctgtcaatca taaaggatgc tattattggg ggcattaggat ttattccagg tccgggtccg	600
gcattatcct tcctgttagg actatcttgg cctcagcaga aagacaatac ttggggagcaa	660
attctccaaa aagtagagca gatgatagag aatgctgttc tacaaacat taaaggaata	720
cttaatggag aaatacaaga gatcaaaggg aaaatggaac atgtagaatc tatgctgaaa	780
aactcgccgg gtagtcagga aagtcattgat gcatatatgt tcctggcaag atatctggtg	840
agtatagatg aaaaattcaa atcttttgat aatagaacaa attaccagat tctcccaatg	900
tatactaata ctattatggt acagatccct tattggaaaa tgggaataga gaagaaaaaa	960
gatattgggc tgacagatat tgaagtcaat gaattaaaag aacttatcga caaattagta	1020
ggtaaggcca agaactatat tcatacgtg tataactaatg aatataacga tgctataaac	1080
acatcaacag caggagtggt cactaataat ttattatctg taaggggata ttgtttatta	1140
cacggtttgg agtgtattga gtttaattgag catatacaga ataatagcct tgaaagtggg	1200
ttctatccta aaactatcag ttattcgaca gtgtttgatc gtccgactaa taaaatgaga	1260
attcaggctc ttacagaaga cgatgcaatg caggagcctt tcaagccatc ttttaattaat	1320

```

gggaaataca ataaaataca atccataatt ggatatgtac aaagaattgg gaatgcacct      1380
agagttggtg gtattaaaat tacatttacc aatgggtcat cttatacact tgggtacggtg      1440
acctcagaaa caaattcaat tgaactaaat gatagtgtta tcgagagctt ggaagtatgg      1500
ggaaatggtg ctgttgatga ggcattattht aagttgagtg atgggcgttht attgcgtatt      1560
ggtgagcgtht acgcgaaaaa atacagaaaa tatgctgttg atcatcacta tattgcggga      1620
atttacttgg ccagcgatga gccttcactt gctgggtcaag ccgcaggtat tgccgthtca      1680
tatcatatga tggccgacaa aaaataa                                           1707

```

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 80

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 568

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína de fusión PirAB TIC10378.

SECUENCIA SEQ ID No: 80

```

Met Ile Thr Ile Asn Ile Asn Thr Asn Gly Val Asn Gly Ile Thr Ile
1           5           10           15

```

```

Thr Asn Ser Asn Asn Glu Pro Thr Pro Val Ser Thr Thr Tyr Gly Pro
          20           25           30

```

```

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

```

```

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

```

```

Ile Ile Pro Glu Thr Arg Pro Asp Tyr Tyr Val Ala Asn Ser Gly Pro
          65           70           75           80

```

```

Ala Pro Thr Val Arg Ala Val Phe Tyr Trp Ser His Ser Phe Thr Ser
          85           90           95

```

Glu Trp Phe Glu Ser Ser Ser Ile Thr Val Lys Ala Gly Glu Asp Gly
100 105 110

Ile Leu Lys Ala Pro Gly Asn Ser Leu Tyr Tyr Ser Lys Val Val Ile
115 120 125

Tyr Asn Asp Thr Asp Lys Arg Ala Phe Val Thr Gly Tyr Asn Lys Met
130 135 140

Asn Thr Thr Pro Ile Thr Val Ser Glu Asn Glu Thr Ser Pro Leu Leu
145 150 155 160

Thr Asp Val Met Pro Met Asp Leu Tyr Ala Val Ser Thr Pro Asp Tyr
165 170 175

Glu Trp Asp Met Ser Ser Ile Ile Lys Asp Ala Ile Ile Gly Gly Ile
180 185 190

Gly Phe Ile Pro Gly Pro Gly Pro Ala Leu Ser Phe Leu Leu Gly Leu
195 200 205

Phe Trp Pro Gln Gln Lys Asp Asn Thr Trp Glu Gln Ile Leu Gln Lys
210 215 220

Val Glu Gln Met Ile Glu Asn Ala Val Leu Gln Thr Ile Lys Gly Ile
225 230 235 240

Leu Asn Gly Glu Ile Gln Glu Ile Lys Gly Lys Met Glu His Val Glu
245 250 255

Ser Met Leu Lys Asn Ser Pro Gly Ser Gln Glu Ser His Asp Ala Tyr
260 265 270

Met Phe Leu Ala Arg Tyr Leu Val Ser Ile Asp Glu Lys Phe Lys Ser
275 280 285

Phe Asp Asn Arg Thr Asn Tyr Gln Ile Leu Pro Met Tyr Thr Asn Thr
290 295 300

Ile Met Leu Gln Ile Pro Tyr Trp Lys Met Gly Ile Glu Lys Lys Lys
305 310 315 320

Asp Ile Gly Leu Thr Asp Ile Glu Val Asn Glu Leu Lys Glu Leu Ile
325 330 335

Asp Lys Leu Val Gly Lys Ala Lys Asn Tyr Ile His Thr Met Tyr Thr
340 345 350

Asn Glu Tyr Asn Asp Ala Ile Asn Thr Ser Thr Ala Gly Ser Val Thr
355 360 365

Asn Asn Leu Leu Ser Val Arg Gly Tyr Cys Leu Leu His Gly Leu Glu
370 375 380

Cys Ile Glu Leu Ile Glu His Ile Gln Asn Asn Ser Leu Glu Ser Gly
385 390 395 400

Phe Tyr Pro Lys Thr Ile Ser Tyr Ser Thr Val Phe Asp Arg Pro Thr
405 410 415

Asn Lys Met Arg Ile Gln Ala Leu Thr Glu Asp Asp Ala Met Gln Glu
420 425 430

Pro Phe Lys Pro Ser Leu Ile Asn Gly Lys Tyr Asn Lys Ile Gln Ser
435 440 445

Ile Ile Gly Tyr Val Gln Arg Ile Gly Asn Ala Pro Arg Val Gly Gly
450 455 460

Ile Lys Ile Thr Phe Thr Asn Gly Ser Ser Tyr Thr Leu Gly Thr Val
465 470 475 480

Thr Ser Glu Thr Asn Ser Ile Glu Leu Asn Asp Ser Val Ile Glu Ser
485 490 495

Leu Glu Val Trp Gly Asn Gly Ala Val Asp Glu Ala Leu Phe Lys Leu
500 505 510

Ser Asp Gly Arg Leu Leu Arg Ile Gly Glu Arg Tyr Ala Lys Lys Tyr
515 520 525

Arg Lys Tyr Ala Val Asp His His Tyr Ile Ala Gly Ile Tyr Leu Ala
530 535 540

Ser Asp Glu Pro Ser Leu Ala Gly Gln Ala Ala Gly Ile Ala Val Ser
545 550 555 560

Tyr His Met Met Ala Asp Lys Lys
565

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 81

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 411

II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Yersinia aldovae*

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: misc_feature

LOCALIZACIÓN: (1)..(411)

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácidos nucleicos obtenida de *Yersinia aldovae* cepa

670-83 que codifica una secuencia de proteína PirA TIC10362
pesticida.

SECUENCIA SEQ ID No: 81

atgagcaagg taaccatcac tattgatagc tgttcaaagt aagtcgaagt taaaaatcaa	60
actgagggttg ataccgaaag tctagcggtg accactgcac aagttagagc caggggtgcca	120
actgagggtcg cacctaattc aagcaccgaa gttctgtatc ggagtacacc gattattcct	180
gaaagtcgtc gaaatgtaat gatcactaat gatgggtgctg caaatgtcat tacagcccaa	240
tactactggt cgcatagttt cacgagtcaa tggttcttat atacgtctat tgacgtcaat	300
gttggtgatt ctaagctatt agtctcacc tccaactcat tgtattacag taagggtggt	360
ctgattaata acacaaaccg taaagcatat gttactgccg aggaaaaata g	411

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 82

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 136

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Yersinia aldovae*

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: MISC_FEATURE

LOCALIZACIÓN: (1)..(136)

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína PirA TIC10362.

SECUENCIA SEQ ID No: 82

Met Ser Lys Val Thr Ile Thr Ile Asp Ser Cys Ser Asn Glu Val Glu
1 5 10 15

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

Ala Gln Val Arg Ala Arg Val Pro Thr Glu Val Ala Pro Asn Ser Ser
35 40 45

Thr Glu Val Leu Tyr Arg Ser Thr Pro Ile Ile Pro Glu Ser Arg Arg
50 55 60

Asn Val Met Ile Thr Asn Asp Gly Ala Ala Asn Val Ile Thr Ala Gln
65 70 75 80

Tyr Tyr Trp Ser His Ser Phe Thr Ser Gln Trp Phe Leu Tyr Thr Ser
85 90 95

Ile Asp Val Asn Val Gly Asp Ser Lys Leu Leu Val Ser Pro Ser Asn
100 105 110

Ser Leu Tyr Tyr Ser Lys Val Val Leu Ile Asn Asn Thr Asn Arg Lys
115 120 125

Ala Tyr Val Thr Ala Glu Glu Lys
130 135

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 83

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1251

II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Yersinia aldovae

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: misc_feature

LOCALIZACIÓN: (1)..(1251)

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácidos nucleicos obtenida de *Yersinia aldovae* cepa

670-83 que codifica una secuencia de proteína PirB pesticida TIC10371.

SECUENCIA SEQ ID No: 83

atgaataaca ttacagaata taacaataca gagaactttg tcccttataa tgtatacgct	60
acttcagcct ttgaatttga ctgggattct tcagccattc ttaagcaagc agtgcttaaa	120
ggtatatcat tcattcctta tgtcggtgat tattttatcct ctattattgg cttcttttgg	180
aaagaccaag agagagatat ctggcaggaa attttgggcc gggtacagca acttatcgaa	240
gagaatgtgc ttaaagctat taaaggcatt ttattgggcg atattgctga acttaaaggg	300
aaggttgcat ccgttgctgc ggccttgag gaccatcctg gtacaccgga agccaaaagt	360
ttattttatga gcgtatcggg acatttggat agcgtacaac gcaagtttac tacttttgat	420
cacaaaacta attaccatat cctgccgatg tattcagcaa ccgcgttgat gcaaataatg	480
tactggacca tgggcattga gcgtaaagac gatatcggat tgaacagtaa tgaagttggg	540
caacttcaac gaaatattaa tctattgggt acacatgtcg aggattatat tcaagagatt	600
tacgatacag aattagagat ccaatacaac gactcggcac ctaatactgt agccaacaat	660
gttatgtatg tacatggcta ctgtcgggtg catggtttgg agtataccga gatcattcaa	720
agtattcaga agaatagaag caatacacag ggactgtatt caaaaatact gagctactcg	780
actttctttg gttggccaac cagtcaggcg cgaattctcg cattaaaaga cgaaataaat	840
atgccggagc catttaagcc aaaattaata aatggccgta taaaccaagt taagtcagtt	900
aaaggctata tacgacgtat cggaggtgct ttacgggtag gtggattaga aatcaccttt	960
gagaatggta gtaagtactc gcaaggaact gttactgggtg aatttagttc aattgacctt	1020
aatgggagtg tcattgaaac aatggaaact tggggtagtg gcgcaattga cgaagctaaa	1080
tttaccttaa gcgatggccg tacctttact gtcggtcaac gttattcaac aaattacaga	1140
aagtttgcac ttgagggaca ctatatttct ggcattttta ttgccagcga tcgaagtgaa	1200
cttgccggcc aagctgcaaa tatttgtgtt tcttatcatc agaaacagtg a	1251

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 84
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 416
II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Yersinia aldovae*

CARACTERÍSTICA:
NOMBRE/CLAVE: MISC_FEATURE
LOCALIZACIÓN: (1)..(416)
OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína PirB
TIC10371.

SECUENCIA SEQ ID No: 84

Met Asn Asn Ile Thr Glu Tyr Asn Asn Thr Glu Asn Phe Val Pro Tyr
1 5 10 15

Asn Val Tyr Ala Thr Ser Ala Phe Glu Phe Asp Trp Asp Ser Ser Ala
20 25 30

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

Gly Asp Tyr Leu Ser Ser Ile Ile Gly Phe Phe Trp Lys Asp Gln Glu
50 55 60

Arg Asp Ile Trp Gln Glu Ile Leu Gly Arg Val Gln Gln Leu Ile Glu
65 70 75 80

Glu Asn Val Leu Lys Ala Ile Lys Gly Ile Leu Leu Gly Asp Ile Ala
85 90 95

Glu Leu Lys Gly Lys Val Ala Ser Val Val Ala Ala Leu Gln Asp His
100 105 110

Pro Gly Thr Pro Glu Ala Lys Ser Leu Phe Met Ser Val Ser Val His
115 120 125

Leu Asp Ser Val Gln Arg Lys Phe Thr Thr Phe Asp His Lys Thr Asn
130 135 140

Tyr His Ile Leu Pro Met Tyr Ser Ala Thr Ala Leu Met Gln Ile Met
145 150 155 160

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

Asn Glu Val Gly Gln Leu Gln Arg Asn Ile Asn Leu Leu Val Thr His
180 185 190

Val Glu Asp Tyr Ile Gln Glu Ile Tyr Asp Thr Glu Leu Glu Ile Gln
195 200 205

Tyr Asn Asp Ser Ala Pro Asn Thr Val Ala Asn Asn Val Met Tyr Val
210 215 220

His Gly Tyr Cys Arg Val His Gly Leu Glu Tyr Thr Glu Ile Ile Gln
225 230 235 240

Ser Ile Gln Lys Asn Arg Ser Asn Thr Gln Gly Leu Tyr Ser Lys Ile
245 250 255

Leu Ser Tyr Ser Thr Phe Phe Gly Trp Pro Thr Ser Gln Ala Arg Ile
260 265 270

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

Leu Ile Asn Gly Arg Ile Asn Gln Val Lys Ser Val Lys Gly Tyr Ile
290 295 300

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

Glu Asn Gly Ser Lys Tyr Ser Gln Gly Thr Val Thr Gly Glu Phe Ser
325 330 335

Ser Ile Asp Leu Asn Gly Ser Val Ile Glu Thr Met Glu Thr Trp Gly
340 345 350

Ser Gly Ala Ile Asp Glu Ala Lys Phe Thr Leu Ser Asp Gly Arg Thr
355 360 365

Phe Thr Val Gly Gln Arg Tyr Ser Thr Asn Tyr Arg Lys Phe Ala Leu
370 375 380

Glu Gly His Tyr Ile Ser Gly Ile Phe Ile Ala Ser Asp Arg Ser Glu
385 390 395 400

Leu Ala Gly Gln Ala Ala Asn Ile Cys Val Ser Tyr His Gln Lys Gln
405 410 415

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 85

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1659

II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácido nucleico que codifica una proteína de fusión PirAB, TIC10379

compuesta por las secuencias de codificación de TIC10362 y TIC10371 en enlace operativo y en marco.

SECUENCIA SEQ ID No: 85

atgagcaagg taaccatcac tattgatagc tggtcaaagt aagtcgaagt taaaaatcaa	60
actgagggttg ataccgaaag tctagcggtg accactgcac aagttagagc caggggtgcca	120
actgagggtcg cacctaattc aagcaccgaa gttctgtatc ggagtacacc gattattcct	180
gaaagtcgtc gaaatgtaat gatcactaat gatgggtgctg caaatgtcat tacagcccaa	240
tactactggt cgcatagttt cacgagtcaa tggttcttat atacgtctat tgacgtcaat	300
gttggtgatt ctaagctatt agtctcacc tccaactcat tgtattacag taagggtggt	360
ctgattaata acacaaaccg taaagcatat gttactgccg aggaaaaaat gaataacatt	420
acagaatata acaatacaga gaactttgtc cttataatg tatacgctac ttcagccttt	480
gaatttgact gggattcttc agccattctt aagcaagcag tgcttaaagg tatatcattc	540
attccttatg tcggtgatta tttatctct attattggct tcttttgaa agaccaagag	600
agagatatct ggcaggaaat tttgggccg gtacagcaac ttatcgaaga gaatgtgctt	660
aaagctatta aaggcatttt attgggcgat attgctgaac ttaaaggga ggttgcattc	720

gttgctgcgg ccttgcagga ccatcctggt acaccggaag ccaaaagttt atttatgagc	780
gtatcggtac atttgatag cgtacaacgc aagtttacta cttttgatca caaaactaat	840
taccatatcc tgccgatgta ttcagcaacc gcgttgatgc aaataatgta ctggaccatg	900
ggcattgagc gtaaagacga tatcggttg aacagtaatg aagttgggca acttcaacga	960
aatattaatc tattgggttac acatgtcgag gattatattc aagagattta cgatacagaa	1020
ttagagatcc aatacaacga ctcggcacct aatactgtag ccaacaatgt tatgtatgta	1080
catggctact gtcgggtgca tggtttgag tataccgaga tcattcaaag tattcagaag	1140
aatagaagca atacacaggg actgtattca aaaatactga gctactcgac tttctttggt	1200
tggccaacca gtcaggcgcg aattctcgca ttaaaagacg aaataaatat gccggagcca	1260
tttaagccaa aattaataaa tggccgtata aaccaagtta agtcagttaa aggctatata	1320
cgacgtatcg gaggtgcttt acgggtaggt ggattagaaa tcacctttga gaatggtagt	1380
aagtactcgc aaggaactgt tactggtgaa ttagttcaa ttgacctaa tgggagtgtc	1440
attgaaacaa tggaaacttg gggtagtggc gcaattgacg aagctaaatt taccttaagc	1500
gatggccgta cctttactgt cggtaacgt tattcaacaa attacagaaa gtttgcactt	1560
gagggacact atatttctgg catttttatt gccagcgatc gaagtgaact tgccggccaa	1620
gctgcaaata tttgtgtttc ttatcatcag aaacagtga	1659

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 86

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 552

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína de fusión PirAB TIC10379.

SECUENCIA SEQ ID No: 86

Met	Ser	Lys	Val	Thr	Ile	Thr	Ile	Asp	Ser	Cys	Ser	Asn	Glu	Val	Glu
1				5				10					15		

Val Lys Asn Gln Thr Glu Val Asp Thr Glu Ser Leu Ala Leu Thr Thr

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

Val Val Ala Ala Leu Gln Asp His Pro Gly Thr Pro Glu Ala Lys Ser
245 250 255

Leu Phe Met Ser Val Ser Val His Leu Asp Ser Val Gln Arg Lys Phe
260 265 270

Thr Thr Phe Asp His Lys Thr Asn Tyr His Ile Leu Pro Met Tyr Ser
275 280 285

Ala Thr Ala Leu Met Gln Ile Met Tyr Trp Thr Met Gly Ile Glu Arg
290 295 300

Lys Asp Asp Ile Gly Leu Asn Ser Asn Glu Val Gly Gln Leu Gln Arg
305 310 315 320

Asn Ile Asn Leu Leu Val Thr His Val Glu Asp Tyr Ile Gln Glu Ile
325 330 335

Tyr Asp Thr Glu Leu Glu Ile Gln Tyr Asn Asp Ser Ala Pro Asn Thr
340 345 350

Val Ala Asn Asn Val Met Tyr Val His Gly Tyr Cys Arg Val His Gly
355 360 365

Leu Glu Tyr Thr Glu Ile Ile Gln Ser Ile Gln Lys Asn Arg Ser Asn
370 375 380

Thr Gln Gly Leu Tyr Ser Lys Ile Leu Ser Tyr Ser Thr Phe Phe Gly
385 390 395 400

Trp Pro Thr Ser Gln Ala Arg Ile Leu Ala Leu Lys Asp Glu Ile Asn
405 410 415

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

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

Val Gly Gly Leu Glu Ile Thr Phe Glu Asn Gly Ser Lys Tyr Ser Gln

atgattacaa	ttaatataag	tggtggttca	gtaacaatta	ataacactta	caatatcaca	60
tcagaatctg	gcattcaaaa	taccctgcc	tcagaacctc	tcaccgtcat	tccttataga	120
gatatgacaa	tagaaccaca	ctcttctatt	gaggcaacaa	gaactgatac	gcctattatt	180
cctgaaacac	gccccaat	ttatatcgcc	aattccggcc	ctgcatcaga	agttagagca	240

```

gtgtttttatt ggtcgcattc tttcacatca caatgggttcg aatcttcctc tatcatagtg      300
aaagcagggg aagacggcat attacaatca ccaagcaact cgctatatta cagcaagggt      360
gtcatttata atgatacaga taaacgcgcc tttgtgactg gatataataa gtaa          414

```

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 88

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 137

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Xenorhabdus doucetiae*

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: MISC_FEATURE

LOCALIZACIÓN: (1)..(137)

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína PirA TIC10363.

SECUENCIA SEQ ID No: 88

```

Met Ile Thr Ile Asn Ile Ser Gly Gly Ser Val Thr Ile Asn Asn Thr
1           5           10           15

```

```

Tyr Asn Ile Thr Ser Glu Ser Gly Ile Gln Asn Thr Pro Ala Ser Glu
          20           25           30

```

```

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

```

```

Ser Ile Glu Ala Thr Arg Thr Asp Thr Pro Ile Ile Pro Glu Thr Arg
          50           55           60

```

```

Pro Asn Tyr Tyr Ile Ala Asn Ser Gly Pro Ala Ser Glu Val Arg Ala
          65           70           75           80

```

```

Val Phe Tyr Trp Ser His Ser Phe Thr Ser Gln Trp Phe Glu Ser Ser
          85           90           95

```

```

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

```

```

Asn Ser Leu Tyr Tyr Ser Lys Val Val Ile Tyr Asn Asp Thr Asp Lys

```

115

120

125

Arg Ala Phe Val Thr Gly Tyr Asn Lys
130 135

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 89
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1293
II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Xenorhabdus doucetiae*

CARACTERÍSTICA:
NOMBRE/CLAVE: misc_feature
LOCALIZACIÓN: (1)..(1293)
OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácidos nucleicos obtenida de
Xenorhabdus doucetiae
cepa FRM16 que codifica una secuencia de proteína PirB pesticida
TIC10372.

SECUENCIA SEQ ID No: 89
atgaataaca catctataaa tatcaatgag aatgaaacat tacctttaga agttatccct 60
tcaatgcctg aacccatggt aatcgttcct tatgcaactt ctactcctga ttatgaatgg 120
gatgcctccg gaataataaa agatgccatt attggtggta taggatttat tcctggccca 180
gggtccggcaa tatcttttct gttaggactc ttttggcctc aacaggcaga caataacttg 240
gaacaaattc tgcaaaaagt cgagcagatg atagaggatg ctgttctcaa aaccattcaa 300
gggtatattga atggcgatat acaagaaatt aaaggtaaaa tggaacatgt ccaatacatg 360
ttggaaacct caccgggtag ccaagaaagc cgtgaagctt atatgtttct ggcgagatat 420
ctggtgagta tagatgaaaa attcaagtcc tttgataata aaacaaatta ccaaattctc 480
ccgatgtata ccaacactct catgttacag gttccttatt ggaaaatggg catagagaag 540
caaaaggata ttggtttatc cgatatagaa gttaatgaat taaaacagct tatcgataaa 600
ttatatacca aggctaacag ctatattcat gaaacgtata cgcgtcaata taacgatgcg 660
ataaacacgt caaccgcagc aaatatcacc aataatttat tttctgtcag aggatattgt 720
ttgttacacg gtttagagtg tcttgaaatg attgagcatc taaaaagaa tagccttgaa 780
agtggtttct atcccaaaac catcagttat tctaccgtat tcgatcgtca gactcccaaa 840

```

atgagaattc aggctctgac agaagacgat caaatgcagg agccattaaa gccatcttta      900
atcaacggca aatacaatca aataaaatca ttgactggat atgtccgtag aattggcaat      960
gctcccagag tgggggggat gacgatcaca ttgccaacg gtgcatctta cacactgggt     1020
acagtaacat cagaaacgac gtcaattgag ctcaatggca gtgtgatcga aagcttggaa     1080
gtctggggag atggcgcggt tgatgaggca ttatttacgt taagtataa acgcctattc     1140
cgtatcgggtg agcgctacgc cagaaaatac aaaaaatatg ctgttgatag ccactatatt     1200
gcagggcttt atttagccag tgatgagcct tcacttgcag gtcaagccgc aggtattgcc     1260
gtttcatacc atatgctgga tgacaaaaaa taa                                  1293

```

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 90

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 430

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Xenorhabdus doucetiae*

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: MISC_FEATURE

LOCALIZACIÓN: (1)..(430)

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína PirBTIC10372.

SECUENCIA SEQ ID No: 90

```

Met Asn Asn Thr Ser Ile Asn Ile Asn Glu Asn Glu Thr Leu Pro Leu
1           5           10           15

```

```

Glu Val Ile Pro Ser Met Pro Glu Pro Met Leu Ile Val Pro Tyr Ala
          20           25           30

```

```

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

```

```

Ala Ile Ile Gly Gly Ile Gly Phe Ile Pro Gly Pro Gly Pro Ala Ile
          50           55           60

```

```

Ser Phe Leu Leu Gly Leu Phe Trp Pro Gln Gln Ala Asp Asn Thr Trp
65           70           75           80

```

Glu Gln Ile Leu Gln Lys Val Glu Gln Met Ile Glu Asp Ala Val Leu
85 90 95

Lys Thr Ile Gln Gly Ile Leu Asn Gly Asp Ile Gln Glu Ile Lys Gly
100 105 110

Lys Met Glu His Val Gln Tyr Met Leu Glu Thr Ser Pro Gly Ser Gln
115 120 125

Glu Ser Arg Glu Ala Tyr Met Phe Leu Ala Arg Tyr Leu Val Ser Ile
130 135 140

Asp Glu Lys Phe Lys Ser Phe Asp Asn Lys Thr Asn Tyr Gln Ile Leu
145 150 155 160

Pro Met Tyr Thr Asn Thr Leu Met Leu Gln Val Pro Tyr Trp Lys Met
165 170 175

Gly Ile Glu Lys Gln Lys Asp Ile Gly Leu Ser Asp Ile Glu Val Asn
180 185 190

Glu Leu Lys Gln Leu Ile Asp Lys Leu Tyr Thr Lys Ala Asn Ser Tyr
195 200 205

Ile His Glu Thr Tyr Thr Arg Gln Tyr Asn Asp Ala Ile Asn Thr Ser
210 215 220

Thr Ala Ala Asn Ile Thr Asn Asn Leu Phe Ser Val Arg Gly Tyr Cys
225 230 235 240

Leu Leu His Gly Leu Glu Cys Leu Glu Met Ile Glu His Leu Gln Lys
245 250 255

Asn Ser Leu Glu Ser Gly Phe Tyr Pro Lys Thr Ile Ser Tyr Ser Thr
260 265 270

Val Phe Asp Arg Gln Thr Pro Lys Met Arg Ile Gln Ala Leu Thr Glu
275 280 285

Asp Asp Gln Met Gln Glu Pro Leu Lys Pro Ser Leu Ile Asn Gly Lys
290 295 300

Tyr Asn Gln Ile Lys Ser Leu Thr Gly Tyr Val Arg Arg Ile Gly Asn
305 310 315 320

Ala Pro Arg Val Gly Gly Met Thr Ile Thr Phe Ala Asn Gly Ala Ser
325 330 335

Tyr Thr Leu Gly Thr Val Thr Ser Glu Thr Thr Ser Ile Glu Leu Asn
340 345 350

Gly Ser Val Ile Glu Ser Leu Glu Val Trp Gly Asp Gly Ala Val Asp
355 360 365

Glu Ala Leu Phe Thr Leu Ser Asp Lys Arg Leu Phe Arg Ile Gly Glu
370 375 380

Arg Tyr Ala Arg Lys Tyr Lys Lys Tyr Ala Val Asp Ser His Tyr Ile
385 390 395 400

Ala Gly Leu Tyr Leu Ala Ser Asp Glu Pro Ser Leu Ala Gly Gln Ala
405 410 415

Ala Gly Ile Ala Val Ser Tyr His Met Leu Asp Asp Lys Lys
420 425 430

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 91
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1704
II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácido nucleico que codifica una
proteína de fusión PirAB, TIC10380
compuesta por las secuencias de codificación de TIC10363 y TIC10372
en enlace
operativo y en marco.

SECUENCIA SEQ ID No: 91
atgattacaa ttaatataag tggtggttca gtaacaatta ataacactta caatatcaca 60
tcagaatctg gcattcaaaa taccctgcc tcagaacctc tcaccgtcat tccttataga 120

gatatgacaa tagaaccaca ctcttctatt gaggcaacaa gaactgatac gcctattatt	180
cctgaaacac gcccgaatta ttatatcgcc aattccggcc ctgcatcaga agttagagca	240
gtgtttttatt ggtcgcattc tttcacatca caatggttcg aatcttcctc tatcatagt	300
aaagcagggg aagacggcat attacaatca ccaagcaact cgctatatta cagcaagggt	360
gtcatttata atgatacaga taaacgcgcc tttgtgactg gatataataa gatgaataac	420
acatctataa atatcaatga gaatgaaaca ttacctttag aagttatccc ttcaatgcct	480
gaacccatgt taatcgttcc ttatgcaact tctactcctg attatgaatg ggatgcctcc	540
ggaataataa aagatgccat tattgggtgg ataggattta ttcttgggcc aggtccggca	600
atatcttttc tgtaggact cttttggcct caacaggcag acaataactg ggaacaaatt	660
ctgcaaaaag tcgagcagat gatagaggat gctgttctca aaaccattca aggtatattg	720
aatggcgata tacaagaaat taaaggtaaa atggaacatg tccaatacat gttggaaacc	780
tcaccgggta gccaagaaag ccgtgaagct tatatgtttc tggcgagata tctgggtgagt	840
atagatgaaa aattcaagtc ctttgataat aaaacaaatt accaaattct cccgatgtat	900
accaacactc tcatgttaca ggttccttat tggaaaatgg gcatagagaa gcaaaaggat	960
attggtttat ccgatataga agttaatgaa ttaaaacagc ttatcgataa attatatacc	1020
aaggctaaca gctatatcca tgaaacgtat acgcgtcaat ataacgatgc gataaacacg	1080
tcaaccgcag caaatatcac caataattta ttttctgtca gaggatattg tttgttacac	1140
ggtttagagt gtcttgaaat gattgagcat ctacaaaaga atagccttga aagtggtttc	1200
tatcccaaaa ccatcagtta ttctaccgta ttcgatcgtc agactcccaa aatgagaatt	1260
caggctctga cagaagacga tcaaatgcag gagccattaa agccatcttt aatcaacggc	1320
aaatacaatc aaataaaaatc attgactgga tatgtccgta gaattggcaa tgctcccaga	1380
gtggggggga tgacgatcac atttgccaac ggtgcatctt acacactggg tacagtaaca	1440
tcagaaaacga cgtcaattga gctcaatggc agtgtgatcg aaagcttgga agtctgggga	1500
gatggcgcggt ttgatgaggc attatttacg ttaagtgata aacgcctatt ccgtatcgg	1560
gagcgctacg ccagaaaata caaaaaatat gctgttgata gccactatat tgcagggctt	1620
tatttagcca gtgatgagcc ttcacttgca ggtcaagccg caggtattgc cgtttcatac	1680
catatgctgg atgacaaaaa ataa	1704

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 92
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 567
II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:
OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína de fusión
PirAB TIC10380.

SECUENCIA SEQ ID No: 92

Met Ile Thr Ile Asn Ile Ser Gly Gly Ser Val Thr Ile Asn Asn Thr
1 5 10 15

Tyr Asn Ile Thr Ser Glu Ser Gly Ile Gln Asn Thr Pro Ala Ser Glu
20 25 30

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

Ser Ile Glu Ala Thr Arg Thr Asp Thr Pro Ile Ile Pro Glu Thr Arg
50 55 60

Pro Asn Tyr Tyr Ile Ala Asn Ser Gly Pro Ala Ser Glu Val Arg Ala
65 70 75 80

Val Phe Tyr Trp Ser His Ser Phe Thr Ser Gln Trp Phe Glu Ser Ser
85 90 95

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

Asn Ser Leu Tyr Tyr Ser Lys Val Val Ile Tyr Asn Asp Thr Asp Lys
115 120 125

Arg Ala Phe Val Thr Gly Tyr Asn Lys Met Asn Asn Thr Ser Ile Asn
130 135 140

Ile Asn Glu Asn Glu Thr Leu Pro Leu Glu Val Ile Pro Ser Met Pro

145					150					155					160
Glu	Pro	Met	Leu	Ile	Val	Pro	Tyr	Ala	Thr	Ser	Thr	Pro	Asp	Tyr	Glu
				165					170					175	
Trp	Asp	Ala	Ser	Gly	Ile	Ile	Lys	Asp	Ala	Ile	Ile	Gly	Gly	Ile	Gly
			180					185					190		
Phe	Ile	Pro	Gly	Pro	Gly	Pro	Ala	Ile	Ser	Phe	Leu	Leu	Gly	Leu	Phe
		195					200					205			
Trp	Pro	Gln	Gln	Ala	Asp	Asn	Thr	Trp	Glu	Gln	Ile	Leu	Gln	Lys	Val
	210					215					220				
Glu	Gln	Met	Ile	Glu	Asp	Ala	Val	Leu	Lys	Thr	Ile	Gln	Gly	Ile	Leu
225					230					235					240
Asn	Gly	Asp	Ile	Gln	Glu	Ile	Lys	Gly	Lys	Met	Glu	His	Val	Gln	Tyr
				245					250					255	
Met	Leu	Glu	Thr	Ser	Pro	Gly	Ser	Gln	Glu	Ser	Arg	Glu	Ala	Tyr	Met
			260					265					270		
Phe	Leu	Ala	Arg	Tyr	Leu	Val	Ser	Ile	Asp	Glu	Lys	Phe	Lys	Ser	Phe
		275					280					285			
Asp	Asn	Lys	Thr	Asn	Tyr	Gln	Ile	Leu	Pro	Met	Tyr	Thr	Asn	Thr	Leu
	290					295					300				
Met	Leu	Gln	Val	Pro	Tyr	Trp	Lys	Met	Gly	Ile	Glu	Lys	Gln	Lys	Asp
305					310					315					320
Ile	Gly	Leu	Ser	Asp	Ile	Glu	Val	Asn	Glu	Leu	Lys	Gln	Leu	Ile	Asp
				325					330					335	
Lys	Leu	Tyr	Thr	Lys	Ala	Asn	Ser	Tyr	Ile	His	Glu	Thr	Tyr	Thr	Arg
			340					345					350		
Gln	Tyr	Asn	Asp	Ala	Ile	Asn	Thr	Ser	Thr	Ala	Ala	Asn	Ile	Thr	Asn
		355					360					365			

Asn Leu Phe Ser Val Arg Gly Tyr Cys Leu Leu His Gly Leu Glu Cys
370 375 380

Leu Glu Met Ile Glu His Leu Gln Lys Asn Ser Leu Glu Ser Gly Phe
385 390 395 400

Tyr Pro Lys Thr Ile Ser Tyr Ser Thr Val Phe Asp Arg Gln Thr Pro
405 410 415

Lys Met Arg Ile Gln Ala Leu Thr Glu Asp Asp Gln Met Gln Glu Pro
420 425 430

Leu Lys Pro Ser Leu Ile Asn Gly Lys Tyr Asn Gln Ile Lys Ser Leu
435 440 445

Thr Gly Tyr Val Arg Arg Ile Gly Asn Ala Pro Arg Val Gly Gly Met
450 455 460

Thr Ile Thr Phe Ala Asn Gly Ala Ser Tyr Thr Leu Gly Thr Val Thr
465 470 475 480

Ser Glu Thr Thr Ser Ile Glu Leu Asn Gly Ser Val Ile Glu Ser Leu
485 490 495

Glu Val Trp Gly Asp Gly Ala Val Asp Glu Ala Leu Phe Thr Leu Ser
500 505 510

Asp Lys Arg Leu Phe Arg Ile Gly Glu Arg Tyr Ala Arg Lys Tyr Lys
515 520 525

Lys Tyr Ala Val Asp Ser His Tyr Ile Ala Gly Leu Tyr Leu Ala Ser
530 535 540

Asp Glu Pro Ser Leu Ala Gly Gln Ala Ala Gly Ile Ala Val Ser Tyr
545 550 555 560

His Met Leu Asp Asp Lys Lys
565

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 93

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 429

II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Xenorhabdus griffinae*

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: misc_feature

LOCALIZACIÓN: (1)..(429)

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácidos nucleicos obtenida de *Xenorhabdus griffinae* cepa BMMCB que codifica una secuencia de proteína PirA pesticida TIC10364.

SECUENCIA SEQ ID No: 93

```
atgagcataa tcaatataaa tataagtggg agtagtgaca ttacaatcat aaacaatacc      60
ccatctaacc cagaaccact catttacaat acagacacac ccgcatcaga acctcttacc      120
gtcaatcctt atagggatat gacaatagag ccacactctt ctattgaggc aataagaatt      180
gatacgccaa ttattcccga aaccgcgcc aattattacg tagccaattc tggccccgca      240
tcatcagtta gagccgtttt ttattgggtc cactctttca catcagaatg gttcgaatat      300
tctgctatca cagtgaagac cggggaagac ggcatattac aatcacccgag caactctgtg      360
tattacagca aggtcgtcac ttataacgaa accgataaac gcgcctttgt tactggatat      420
aataagtaa                                     429
```

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 94

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 142

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Xenorhabdus griffinae*

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: MISC_FEATURE

LOCALIZACIÓN: (1)..(142)

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína PirA TIC10364.

SECUENCIA SEQ ID No: 94

Met Ser Ile Ile Asn Ile Asn Ile Ser Gly Ser Ser Asp Ile Thr Ile

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

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 95

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1278

II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Xenorhabdus griffinae*

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: misc_feature

LOCALIZACIÓN: (1)..(1278)

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácidos nucleicos obtenida de *Xenorhabdus griffinae*

cepa BMMCB que codifica una secuencia de proteína PirB pesticida TIC10373.

SECUENCIA SEQ ID No: 95

atgaatacca caccgattaa tgtatctgaa aatgacacat tgcctgtact cactgacgtc	60
atgcttatcg tgccttatac cacctctacc cccgattatg aatgggatat gtcataaata	120
ataaaggatg ccattattgg cggcgtaggg ttatttccag gagtaggttc cgcaatgtct	180
ttcctgttag ggctattttg gccgcaacag aaagataata cctgggagca aatcctccaa	240
aaagtagagc aatgataga gaatgctgct ctacaaacga ttaaaggaat acttaatgga	300
gatatacaag aatcaaagg aaaaatggaa catgtgcaat acatgctgga aacctcgct	360
ggcagccagg aaagccatga cgcctatatg ttcctggcta gatattctggg gagtatcgat	420
gaaagattca agtcttttga taataaaaca aactaccaga tcctgccgat gtacactaac	480
acggttatgt tacagatccc ttattggaaa atggggatag aaaagaaaaa tgatattggg	540
ctgaccgata ttgaagtcaa tgagttaaaa caacttatcg acacattggg tgacagagcc	600
agaaactata ttcatacgat gtataactaat gaataataata atgccataaa tacatcaaca	660
gcagagagtg tcactaataa ttatttgtct gtaagagggt attgtttatt acacggttta	720
gagtgtattg agttaattga acatctacaa aataatagcc tggaaagtgg ttttaatcct	780
aaaactatca gttattcaac cgtatttgat cgtcctacta acaaaacgag aattcaggct	840
ctgacagaag acgatcaaat gcaggaaccc ttcaagccct cttaaatcga cggtaaatac	900
aataaaataa aatcattgct tggctatgta cgaagaatcg gcaatgcccc cagagtgggt	960
ggatttcaaa tcacatttgc caacgattca tcctatacac tcggcaccgt aacatcagaa	1020
acgagttcta ttgaactcaa tgatagtgtt atcgaaagggt tggaagtatg gggcaatggc	1080
gcggttgatg aggcgttatt tacgttaagt gatgggcgct aactcagagt cgggtgaacgc	1140
tacgcgacaa aatacagaaa atacgctgtt gatggccact atattgcagg gctgtactta	1200
gccagcgatg aaccttcact tgctggtcag gccgcaggta ttgccgtttc ataccatatg	1260
ttagctgata aaaaataa	1278

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 96

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 425

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Xenorhabdus griffinae*

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: MISC_FEATURE

LOCALIZACIÓN: (1)..(425)

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína PirB TIC10373.

SECUENCIA SEQ ID No: 96

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

Leu Thr Asp Val Met Leu Ile Val Pro Tyr Thr Thr Ser Thr Pro Asp
20 25 30

Tyr Glu Trp Asp Met Ser Ser Ile Ile Lys Asp Ala Ile Ile Gly Gly
35 40 45

Val Gly Phe Ile Pro Gly Val Gly Ser Ala Met Ser Phe Leu Leu Gly
50 55 60

Leu Phe Trp Pro Gln Gln Lys Asp Asn Thr Trp Glu Gln Ile Leu Gln
65 70 75 80

Lys Val Glu Gln Met Ile Glu Asn Ala Ala Leu Gln Thr Ile Lys Gly
85 90 95

Ile Leu Asn Gly Asp Ile Gln Glu Ile Lys Gly Lys Met Glu His Val
100 105 110

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

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

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

Thr Val Met Leu Gln Ile Pro Tyr Trp Lys Met Gly Ile Glu Lys Lys
165 170 175

Asn Asp Ile Gly Leu Thr Asp Ile Glu Val Asn Glu Leu Lys Gln Leu
180 185 190

Ile Asp Thr Leu Val Asp Arg Ala Arg Asn Tyr Ile His Thr Met Tyr
195 200 205

Thr Asn Glu Tyr Asn Asn Ala Ile Asn Thr Ser Thr Ala Glu Ser Val
210 215 220

Thr Asn Asn Leu Leu Ser Val Arg Gly Tyr Cys Leu Leu His Gly Leu
225 230 235 240

Glu Cys Ile Glu Leu Ile Glu His Leu Gln Asn Asn Ser Leu Glu Ser
245 250 255

Gly Phe Asn Pro Lys Thr Ile Ser Tyr Ser Thr Val Phe Asp Arg Pro
260 265 270

Thr Asn Lys Thr Arg Ile Gln Ala Leu Thr Glu Asp Asp Gln Met Gln
275 280 285

Glu Pro Phe Lys Pro Ser Leu Ile Asp Gly Lys Tyr Asn Lys Ile Lys
290 295 300

Ser Leu Leu Gly Tyr Val Arg Arg Ile Gly Asn Ala Pro Arg Val Gly
305 310 315 320

Gly Ile Gln Ile Thr Phe Ala Asn Asp Ser Ser Tyr Thr Leu Gly Thr
325 330 335

Val Thr Ser Glu Thr Ser Ser Ile Glu Leu Asn Asp Ser Val Ile Glu
340 345 350

Arg Leu Glu Val Trp Gly Asn Gly Ala Val Asp Glu Ala Leu Phe Thr
355 360 365

Leu Ser Asp Gly Arg Gln Leu Arg Val Gly Glu Arg Tyr Ala Thr Lys
370 375 380

Tyr Arg Lys Tyr Ala Val Asp Gly His Tyr Ile Ala Gly Leu Tyr Leu
385 390 395 400

Ala Ser Asp Glu Pro Ser Leu Ala Gly Gln Ala Ala Gly Ile Ala Val
405 410 415

Ser Tyr His Met Leu Ala Asp Lys Lys
420 425

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 97

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1704

II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácido nucleico que codifica una proteína de fusión PirAB, TIC10381

compuesta por las secuencias de codificación de TIC10364 y TIC10364 en enlace

operativo y en marco.

SECUENCIA SEQ ID No: 97

atgagcataa tcaatataaa tataagtggg agtagtgaca ttacaatcat aaacaatacc	60
ccatctaacc cagaaccact catttacaat acagacacac ccgcatcaga acctcttacc	120
gtcaatcctt atagggatat gacaatagag ccacactctt ctattgaggc aataagaatt	180
gatacgccaa ttattcccga aacccgcccc aattattacg tagccaattc tggccccgca	240
tcatcagtta gagccgtttt ttattggtct cactctttca catcagaatg gttcgaatat	300
tctgctatca cagtgaaagc cggggaagac ggcatattac aatcacgag caactctgtg	360
tattacagca aggtcgtcat ttataacgaa accgataaac gcgcctttgt tactggatat	420
aataagatga ataccacacc gattaatgta tctgaaaatg acacattgcc tgtactcact	480
gacgtcatgc ttatcgtgcc ttataccacc tctacccccg attatgaatg ggatatgtca	540
tcaataataa aggatgccat tattggcggc gtaggggtta ttccaggagt aggttccgca	600
atgtctttcc tgtaggggt attttggccg caacagaaag ataatacctg ggagcaaadc	660
ctccaaaaag tagagcaaat gatagagaat gctgctctac aaacgattaa aggaatactt	720
aatggagata tacaagaaat caaaggaaaa atggaacatg tgcaatacat gctggaaacc	780
tcgcctggca gccaggaaa ccatgacgcc tatatgttcc tggctagata tctggtgagt	840

```

atcgatgaaa gattcaagtc ttttgataat aaaacaaact accagatcct gccgatgtac      900
actaacacgg ttatgttaca gatcccttat tggaaaatgg ggatagaaaa gaaaaatgat      960
attgggctga ccgatattga agtcaatgag ttaaaacaac ttatcgacac attggttgac     1020
agagccagaa actatattca tacgatgtat actaatgaat ataataatgc cataaatata     1080
tcaacagcag agagtgtcac taataattta ttgtctgtaa gagggatttg tttattacac     1140
ggtttagagt gtattgagtt aattgaacat ctacaaaata atagcctgga aagtggtttt     1200
aatcctaaaa ctatcagtta ttcaaccgta ttgatcgtc ctactaaca aacgagaatt     1260
caggctctga cagaagacga tcaaatgcag gaacccttca agccctcttt aatcgacggt     1320
aaatacaata aaataaaatc attgcttggc tatgtacgaa gaatcggcaa tgcccccaga     1380
gtgggtggta ttcaaatcac atttgccaac gattcatcct atacactcgg caccgtaaca     1440
tcagaaacga gttctattga actcaatgat agtgttatcg aaaggttgga agtatggggc     1500
aatggcgcgg ttgatgaggc gttatttacg ttaagtgatg ggcgtcaact cagagtcggt     1560
gaacgctacg cgacaaaata cagaaaatac gctgttgatg gccactatat tgcagggctg     1620
tacttagcca gcgatgaacc ttcacttgct ggtcaggccg caggtattgc cgtttcatac     1680
catatgttag ctgataaaaa ataa                                           1704

```

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 98

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 567

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína de fusión PirAB TIC10381.

SECUENCIA SEQ ID No: 98

```

Met Ser Ile Ile Asn Ile Asn Ile Ser Gly Ser Ser Asp Ile Thr Ile
1           5           10           15

```

```

Ile Asn Asn Thr Pro Ser Asn Pro Glu Pro Leu Ile Tyr Asn Thr Asp
          20           25           30

```

Thr Pro Ala Ser Glu Pro Leu Thr Val Asn Pro Tyr Arg Asp Met Thr
35 40 45

Ile Glu Pro His Ser Ser Ile Glu Ala Ile Arg Ile Asp Thr Pro Ile
50 55 60

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

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

Trp Phe Glu Tyr Ser Ala Ile Thr Val Lys Ala Gly Glu Asp Gly Ile
100 105 110

Leu Gln Ser Pro Ser Asn Ser Val Tyr Tyr Ser Lys Val Val Ile Tyr
115 120 125

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

Thr Thr Pro Ile Asn Val Ser Glu Asn Asp Thr Leu Pro Val Leu Thr
145 150 155 160

Asp Val Met Leu Ile Val Pro Tyr Thr Thr Ser Thr Pro Asp Tyr Glu
165 170 175

Trp Asp Met Ser Ser Ile Ile Lys Asp Ala Ile Ile Gly Gly Val Gly
180 185 190

Phe Ile Pro Gly Val Gly Ser Ala Met Ser Phe Leu Leu Gly Leu Phe
195 200 205

Trp Pro Gln Gln Lys Asp Asn Thr Trp Glu Gln Ile Leu Gln Lys Val
210 215 220

Glu Gln Met Ile Glu Asn Ala Ala Leu Gln Thr Ile Lys Gly Ile Leu
225 230 235 240

Asn Gly Asp Ile Gln Glu Ile Lys Gly Lys Met Glu His Val Gln Tyr

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

Gln Ile Thr Phe Ala Asn Asp Ser Ser Tyr Thr Leu Gly Thr Val Thr
465 470 475 480

Ser Glu Thr Ser Ser Ile Glu Leu Asn Asp Ser Val Ile Glu Arg Leu
485 490 495

Glu Val Trp Gly Asn Gly Ala Val Asp Glu Ala Leu Phe Thr Leu Ser
500 505 510

Asp Gly Arg Gln Leu Arg Val Gly Glu Arg Tyr Ala Thr Lys Tyr Arg
515 520 525

Lys Tyr Ala Val Asp Gly His Tyr Ile Ala Gly Leu Tyr Leu Ala Ser
530 535 540

Asp Glu Pro Ser Leu Ala Gly Gln Ala Ala Gly Ile Ala Val Ser Tyr
545 550 555 560

His Met Leu Ala Asp Lys Lys
565

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 99
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 408
II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Xenorhabdus nematophila*

CARACTERÍSTICA:
NOMBRE/CLAVE: misc_feature
LOCALIZACIÓN: (1)..(408)
OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácidos nucleicos obtenida de
Xenorhabdus nematophila
que codifica una secuencia de proteína PirA pesticida TIC10359.

SECUENCIA SEQ ID No: 99
atgattacaa tcaatatcac tgggtgataat gtaagagtta ataacaatat agcaacagaa 60
accgacctcc aaaatacacc tgcttcagca cccttatcaa ttattaattt tagggatatg 120
acaatagaac ctcatcattc tggttgaggcg ataagaaccg atacaccgat tattcctgaa 180
tcacgaccaa attactatgt tgctaattct ggcccggcct catcagtcag agctgttttc 240

tattggtccc actctttttac atcagaatgg tttgaatctt cctctattat tgtaaaagca	300
ggcgaagacg gagtctttaca ttcaccgggt aattctttat attacagcaa ggttgtaatt	360
tataacgata cagacaaacg tgcttttggt accggctaca atctataa	408

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 100
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 135
II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Xenorhabdus nematophila*

CARACTERÍSTICA:
NOMBRE/CLAVE: MISC_FEATURE
LOCALIZACIÓN: (1)..(135)
OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína PirA TIC10359.

SECUENCIA SEQ ID No: 100

Met	Ile	Thr	Ile	Asn	Ile	Thr	Gly	Asp	Asn	Val	Arg	Val	Asn	Asn	Asn
1				5					10					15	

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

Ser	Ile	Ile	Asn	Phe	Arg	Asp	Met	Thr	Ile	Glu	Pro	His	Ser	Ser	Val
			35				40					45			

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

Tyr	Tyr	Val	Ala	Asn	Ser	Gly	Pro	Ala	Ser	Ser	Val	Arg	Ala	Val	Phe
65					70					75					80

Tyr	Trp	Ser	His	Ser	Phe	Thr	Ser	Glu	Trp	Phe	Glu	Ser	Ser	Ser	Ile
				85					90					95	

Ile	Val	Lys	Ala	Gly	Glu	Asp	Gly	Val	Leu	His	Ser	Pro	Gly	Asn	Ser
			100					105					110		

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

Phe Val Thr Gly Tyr Asn Leu
 130 135

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 101

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1290

II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Xenorhabdus nematophila*

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: misc_feature

LOCALIZACIÓN: (1)..(1290)

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácidos nucleicos obtenida de *Xenorhabdus nematophila*

que codifica una secuencia de proteína PirB pesticida TIC10368.

SECUENCIA SEQ ID No: 101

atgaataatg aaccgatgaa tactaatgaa tcacaagctt cagagatagt accctcaatg	60
aatgaatcta tattagcagc accttattca atttctacac ctaattatga atgggatatg	120
tcacataata taaaagatgc cattattggt ggtataggct ttattcctgg tccgggctca	180
gcaatatcat ttttgttagg gttattttgg ccacaacaaa ccgacaatac ttgggagcaa	240
attctccaaa aagtagaaca aatgatcgag caagccaatc tcaaaactat tcaaggaata	300
ttgaacggcg atatacaaga aattaaaggc aaaatggaac atgtgcaatt catgctagaa	360
tcctcacctg gcactcaaga aagccatgac gcatacatgt ttctggcgag atatctggtc	420
agtatagacg aaaaattcaa gtcttttgat aacaaaacaa attatcaaatt tcttcccatg	480
tataccaata cgattatggt acaagcccct tattggaaaa tgggtataga gagaaaagat	540
gagataaaac taacagatat agaagttaat gaattaaaag agctgatagg aaaattatct	600
accagcgccg ataaatatat tcatgatgtc tatactcgtg aatatgataa tgcgatgaac	660
acttcaacag cagcaaatat caccaataat ttattatctg taagaggcta ttgtttatta	720
catggtttag aatgtctcga agtcattaac catatacaaa ataatagcct tgagcaaagt	780
ttttatccta aaactatcag ctactccacc gtattcgatc gccagacaaa taaaacaagg	840

```

gttcaagccc tgacagaaga cgatcaaattg caagagccat tcaagcctgc ttttaattaat      900
gggaagtaca acaaaataaa atcattgattt gggatatgtac aaagaatcgg aaacgcacccc      960
agagttggag gcattaaagt cacatttgca aacgatgcat cttataccct cggtacagta      1020
acttcagaag taaactcaat tgaactgaat gacagcggtta taaccagcct ggaagtatgg      1080
ggaaatggcg ctgttgatga ggcattcttt acattaagtg acggacgtca atttaggctt      1140
ggccaacgct atgccagtaa ctatagaaaa tatgctgtcg ataaccacta tatttcagga      1200
ttgtacttag ccagtgatga accttcattg gcaggccaag cagcaggcat tgcagtttca      1260
taccatatga tagctgataa aaaatcatag      1290

```

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 102

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 429

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Xenorhabdus nematophila*

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: MISC_FEATURE

LOCALIZACIÓN: (1)..(429)

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína PirB TIC10368.

SECUENCIA SEQ ID No: 102

```

Met Asn Asn Glu Pro Met Asn Thr Asn Glu Ser Gln Ala Ser Glu Ile
1              5              10              15

```

```

Val Pro Ser Met Asn Glu Ser Ile Leu Ala Ala Pro Tyr Ser Ile Ser
              20              25              30

```

```

Thr Pro Asn Tyr Glu Trp Asp Met Ser Ser Ile Ile Lys Asp Ala Ile
              35              40              45

```

```

Ile Gly Gly Ile Gly Phe Ile Pro Gly Pro Gly Ser Ala Ile Ser Phe
              50              55              60

```

```

Leu Leu Gly Leu Phe Trp Pro Gln Gln Thr Asp Asn Thr Trp Glu Gln
65              70              75              80

```

Ile Leu Gln Lys Val Glu Gln Met Ile Glu Gln Ala Asn Leu Lys Thr
85 90 95

Ile Gln Gly Ile Leu Asn Gly Asp Ile Gln Glu Ile Lys Gly Lys Met
100 105 110

Glu His Val Gln Phe Met Leu Glu Ser Ser Pro Gly Thr Gln Glu Ser
115 120 125

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

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

Tyr Thr Asn Thr Ile Met Leu Gln Ala Pro Tyr Trp Lys Met Gly Ile
165 170 175

Glu Arg Lys Asp Glu Ile Lys Leu Thr Asp Ile Glu Val Asn Glu Leu
180 185 190

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

Asp Val Tyr Thr Arg Glu Tyr Asp Asn Ala Met Asn Thr Ser Thr Ala
210 215 220

Ala Asn Ile Thr Asn Asn Leu Leu Ser Val Arg Gly Tyr Cys Leu Leu
225 230 235 240

His Gly Leu Glu Cys Leu Glu Val Ile Asn His Ile Gln Asn Asn Ser
245 250 255

Leu Glu Gln Ser Phe Tyr Pro Lys Thr Ile Ser Tyr Ser Thr Val Phe
260 265 270

Asp Arg Gln Thr Asn Lys Thr Arg Val Gln Ala Leu Thr Glu Asp Asp
275 280 285

Gln Met Gln Glu Pro Phe Lys Pro Ala Leu Ile Asn Gly Lys Tyr Asn

290

295

300

Lys Ile Lys Ser Leu Ile Gly Tyr Val Gln Arg Ile Gly Asn Ala Pro
 305 310 315 320

Arg Val Gly Gly Ile Lys Val Thr Phe Ala Asn Asp Ala Ser Tyr Thr
 325 330 335

Leu Gly Thr Val Thr Ser Glu Val Asn Ser Ile Glu Leu Asn Asp Ser
 340 345 350

Val Ile Thr Ser Leu Glu Val Trp Gly Asn Gly Ala Val Asp Glu Ala
 355 360 365

Phe Phe Thr Leu Ser Asp Gly Arg Gln Phe Arg Leu Gly Gln Arg Tyr
 370 375 380

Ala Ser Asn Tyr Arg Lys Tyr Ala Val Asp Asn His Tyr Ile Ser Gly
 385 390 395 400

Leu Tyr Leu Ala Ser Asp Glu Pro Ser Leu Ala Gly Gln Ala Ala Gly
 405 410 415

Ile Ala Val Ser Tyr His Met Ile Ala Asp Lys Lys Ser
 420 425

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 103

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1766

II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácido nucleico que codifica un operón compuesto por las

secuencias de codificación de TIC10359 y TIC10368.

SECUENCIA SEQ ID No: 103

atgattacaa tcaatatcac tgggtgataat gtaagagtta ataacaatat agcaacagaa 60

accgacctcc aaaatacacc tgcttcagca cccttatcaa ttattaattt tagggatatg 120

acaatagaac	ctcattcatc	tgttgaggcg	ataagaaccg	atacaccgat	tattcctgaa	180
tcacgaccaa	attactatgt	tgctaattct	ggccccgcct	catcagtcag	agctgttttc	240
tattggtccc	actcttttac	atcagaatgg	tttgaatctt	cctctattat	tgtaaaagca	300
ggcgaagacg	gagtcttaca	ttcaccgggt	aattctttat	attacagcaa	ggttgtaatt	360
tataacgata	cagacaaacg	tgcttttggt	accggctaca	atctataatg	acgcagaaat	420
acaatccata	tttccaatga	atttcaaata	acatccttaa	ggcaagaaac	aaaatcatga	480
ataatgaacc	gatgaatact	aatgaatcac	aagcttcaga	gatagtaccc	tcaatgaatg	540
aatctatatt	agcagcacct	tattcaattt	ctacacctaa	ttatgaatgg	gatatgtcat	600
caataataaa	agatgccatt	attggtggta	taggcctttat	tcctgggtccg	ggctcagcaa	660
tatcatTTTT	gttaggggtta	ttttggccac	aacaaaccga	caatacttgg	gagcaaattc	720
tccaaaaagt	agaacaaatg	atcgagcaag	ccaatctcaa	aactattcaa	ggaatattga	780
acggcgatat	acaagaaatt	aaaggcaaaa	tggaacatgt	gcaattcatg	ctagaatcct	840
cacctggcac	tcaagaaagc	catgacgcat	acatgtttct	ggcgagatat	ctggtcagta	900
tagacgaaaa	attcaagtct	tttgataaca	aaacaaatta	tcaaattctt	cccatgtata	960
ccaatacgat	tatgtttaca	gccccttatt	ggaaaatggg	tatagagaga	aaagatgaga	1020
taaaactaac	agatatagaa	gttaatgaat	taaaagagct	gataggaaaa	ttatctacca	1080
gcgccgataa	atatattcat	gatgtctata	ctcgtgaata	tgataatgcg	atgaacactt	1140
caacagcagc	aaatatcacc	aataatttat	tatctgtaag	aggctattgt	ttattacatg	1200
gtttagaatg	tctcgaagtc	attaaccata	tacaaaataa	tagccttgag	caaagtTTTT	1260
atcctaaaac	tatcagctac	tccaccgtat	tcgatcgcca	gacaaataaa	acaagggttc	1320
aagccctgac	agaagacgat	caaatgcaag	agccattcaa	gcctgcttta	attaatggga	1380
agtacaacaa	aataaaatca	ttgattgggt	atgtacaaag	aatcggaaac	gcacccagag	1440
ttggaggcat	taaagtcaca	tttgcaaacg	atgcatctta	taccctcggg	acagtaactt	1500
cagaagtaaa	ctcaattgaa	ctgaatgaca	gcgtttataa	cagcctggaa	gtatggggaa	1560
atggcgctgt	tgatgaggca	ttctttacat	taagtgcagg	acgtcaattt	aggcttggcc	1620
aacgctatgc	cagtaactat	agaaaatatg	ctgtcgataa	ccactatatt	tcaggattgt	1680
acttagccag	tgatgaacct	tcattggcag	gccaagcagc	aggcattgca	gtttcatacc	1740

atatgatagc tgataaaaaa tcatag

1766

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 104

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 417

II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Photorhabdus luminescens*

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: misc_feature

LOCALIZACIÓN: (1)..(417)

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácidos nucleicos obtenida de *Photorhabdus luminescens*

cepa Hm que codifica una secuencia de proteína PirA pesticida PirA_ABE68878.

SECUENCIA SEQ ID No: 104

atgaggaaaa taaatatgtc tagaataacc attgttgttg attcagatac acaaaaagca	60
gaagtttatt ctaattctcc tgtgccggtg catagagatt taaatgcagt tggtcctttg	120
agtgatgtga ctatatacacc tcatgctagt gtggaagtat ttagaataga caccccaata	180
attccagaat ccagaagctc tctgagagtt gtaaatacag ggtagcaaa tagtggttacg	240
gctaaatfff actggtctca tagttttacc tctgaatggg ttgaagctgg atctatagat	300
gtaggattag gagaagataa ggtattaaac gtgcctagca gctcttttta ttatagtaaa	360
tttgttatct ataataacac ggatagagtg gcttatgtta cggcaaattt ggtttaa	417

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 105

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 138

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Photorhabdus luminescens*

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: MISC_FEATURE

LOCALIZACIÓN: (1)..(138)

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína PirA PirA_ABE68878.

SECUENCIA SEQ ID No: 105

Met Arg Lys Ile Asn Met Ser Arg Ile Thr Ile Val Val Asp Ser Asp
1 5 10 15

Thr Gln Lys Ala Glu Val Tyr Ser Asn Ser Pro Val Pro Val His Arg
20 25 30

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

Ala Ser Val Glu Val Phe Arg Ile Asp Thr Pro Ile Ile Pro Glu Ser
50 55 60

Arg Ser Ser Leu Arg Val Val Asn Thr Gly Leu Ala Asn Ser Val Thr
65 70 75 80

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

Gly Ser Ile Asp Val Gly Leu Gly Glu Asp Lys Val Leu Asn Val Pro
100 105 110

Ser Ser Ser Phe Tyr Tyr Ser Lys Phe Val Ile Tyr Asn Asn Thr Asp
115 120 125

Arg Val Ala Tyr Val Thr Ala Asn Leu Val
130 135

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 106
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1260
II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Photorhabdus luminescens*

CARACTERÍSTICA:
NOMBRE/CLAVE: misc_feature
LOCALIZACIÓN: (1)..(1260)
OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácidos nucleicos obtenida de
Photorhabdus luminescens
cepa Hm que codifica una secuencia de proteína PirB pesticida
PirB_ABE68879.

SECUENCIA SEQ ID No: 106

atgcatacag	aaaatgtttt	agacatcaga	accattgtgg	ctaatagaata	tgtgggtaaaa	60
acgagtgcac	tagagtggga	tggtacggat	attgtaaaaa	atgcaatcat	aggggggtatc	120
tctttttatac	cttcgggttg	tcttgcgata	tcttttttttg	tcgggtttatt	ctggcctcaa	180
tcgaaagaaa	atatatggga	aggaattgtc	aaacaaattg	agaggatgat	agaggagtct	240
gcgttaaaga	cgattaaagg	tatccttgcg	ggtgatattg	cctatataca	agagcgcacg	300
gcaaccgttg	ctgatcttct	tgataagcat	ccaggatctg	acgaagcgag	gagcgccttt	360
aataacctgg	cagaaaatat	agatgggtat	cacaaaaaat	ttaataattt	ttcggatgat	420
gttaactatc	aatattacc	catgttttct	actacgggta	tgatgcagat	aacctattgg	480
gttgctgggt	tagagagaag	agctgaaatt	gggcttagtg	atattgatat	tgaaaaagtc	540
cgaggattaa	tcaaaaagac	ggtagaacaa	gctaatagtt	atattaatag	tatctatgat	600
agagagctta	atgatgctct	taataactcg	acggcggaca	ctgttgcaaa	taatgttatg	660
tctgttcatg	gtcactgtcg	tttacatggg	attgaatata	tcagtatttg	ggatagatta	720
agtgaatctg	agtctgtaaa	taatagaatc	tatgttgatg	ttttaagtta	ttctactttc	780
tttgatcgtc	aaacagcaaa	agccagaatt	caggcattga	ctccagagca	agatatggct	840
ccgcctctca	aaccagctct	taatggaggg	aagagaagaa	agatagattc	tttaatggga	900
catattgtac	gtattggagg	agctccgaga	gtaggagggc	tgacagttgt	atttgatgac	960
ggcagtagcc	atcgattagg	tacaatatct	ggtgagacgg	catctatttc	tctgaatggt	1020
agtcgaatta	ccagtttgga	agtatggggc	aatgggtgctg	ttgatagagc	cgtctttact	1080
ttgagtgatg	gtcgggtttt	gttatttggc	gatcctggaa	catctcgata	taggaaattt	1140
tatgttggtg	atagtcacta	tatttcaggg	atatatttgt	ccagtgatta	caaccatta	1200
gcaggtcagg	cagcaaatat	tgctgtatct	tatcagttga	taaatgatga	tgaaaaatag	1260

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 107

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 419

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Photorhabdus luminescens*

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: MISC_FEATURE

LOCALIZACIÓN: (1)..(419)

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína PirB
PirB_ABE68879.

SECUENCIA SEQ ID No: 107

Met His Thr Glu Asn Val Leu Asp Ile Arg Thr Ile Val Ala Asn Glu
1 5 10 15

Tyr Val Val Lys Thr Ser Ala Leu Glu Trp Asp Val Thr Asp Ile Val
20 25 30

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

Ala Ile Ser Phe Leu Val Gly Leu Phe Trp Pro Gln Ser Lys Glu Asn
50 55 60

Ile Trp Glu Gly Ile Val Lys Gln Ile Glu Arg Met Ile Glu Glu Ser
65 70 75 80

Ala Leu Lys Thr Ile Lys Gly Ile Leu Ala Gly Asp Ile Ala Tyr Ile
85 90 95

Gln Glu Arg Met Ala Thr Val Ala Asp Leu Leu Asp Lys His Pro Gly
100 105 110

Ser Asp Glu Ala Arg Ser Ala Phe Asn Asn Leu Ala Glu Asn Ile Asp
115 120 125

Gly Tyr His Lys Lys Phe Asn Asn Phe Ser Asp Asp Val Asn Tyr Gln
130 135 140

Ile Leu Pro Met Phe Ser Thr Thr Val Met Met Gln Ile Thr Tyr Trp
145 150 155 160

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

Ile Glu Lys Val Arg Gly Leu Ile Lys Lys Thr Val Glu Gln Ala Asn
180 185 190

Ser Tyr Ile Asn Ser Ile Tyr Asp Arg Glu Leu Asn Asp Ala Leu Asn
195 200 205

Asn Ser Thr Ala Asp Thr Val Ala Asn Asn Val Met Ser Val His Gly
210 215 220

His Cys Arg Leu His Gly Ile Glu Tyr Ile Ser Ile Trp Asp Arg Leu
225 230 235 240

Ser Glu Ser Glu Ser Val Asn Asn Arg Ile Tyr Val Asp Val Leu Ser
245 250 255

Tyr Ser Thr Phe Phe Asp Arg Gln Thr Ala Lys Ala Arg Ile Gln Ala
260 265 270

Leu Thr Pro Glu Gln Asp Met Ala Pro Pro Leu Lys Pro Ala Leu Asn
275 280 285

Gly Gly Lys Arg Arg Lys Ile Asp Ser Leu Met Gly His Ile Val Arg
290 295 300

Ile Gly Gly Ala Pro Arg Val Gly Gly Leu Thr Val Val Phe Asp Asp
305 310 315 320

Gly Ser Ser His Arg Leu Gly Thr Ile Ser Gly Glu Thr Ala Ser Ile
325 330 335

Ser Leu Asn Gly Ser Arg Ile Thr Ser Leu Glu Val Trp Gly Asn Gly
340 345 350

Ala Val Asp Arg Ala Val Phe Thr Leu Ser Asp Gly Arg Phe Leu Leu
355 360 365

Phe Gly Asp Pro Gly Thr Ser Arg Tyr Arg Lys Phe Tyr Val Gly Asp
370 375 380

Ser His Tyr Ile Ser Gly Ile Tyr Leu Ser Ser Asp Tyr Asn Pro Leu
385 390 395 400

Ala Gly Gln Ala Ala Asn Ile Ala Val Ser Tyr Gln Leu Ile Asn Asp
405 410 415

Asp Glu Lys

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 108

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1674

II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácido nucleico que codifica una proteína de fusión PirAB, TIC10434
compuesta por las secuencias de codificación de PirA_ABE68878 y PirB_ABE68879
en enlace operativo y en marco.

SECUENCIA SEQ ID No: 108

atgaggaaaa taaatatgtc tagaataacc attgttggtg attcagatac acaaaaagca	60
gaagtttatt ctaattctcc tgtgccggtg catagagatt taaatgcagt tggtcctttg	120
agtgatgtga ctatatacacc tcatgctagt gtggaagtat ttagaataga caccccaata	180
attccagaat ccagaagctc tctgagagtt gtaaatacag ggtagcaaa tagtggttacg	240
gctaaatddd actggtctca tagttttacc tctgaatggt ttgaagctgg atctatagat	300
gtaggattag gagaagataa ggtattaaac gtgcctagca gctcttttta ttatagtaaa	360
tttgttatct ataataacac ggatagagtg gcttatgtta cggcaaattt ggttatgcat	420
acagaaaatg ttttagacat cagaaccatt gtggctaatt aatatgtggt aaaaacgagt	480
gcattagagt gggatgttac ggatattgta aaaaatgcaa tcataggggg tatctctttt	540
ataccttcgg ttggtcctgc gatatacttt ttggtcgggt tattctggcc tcaatcgaaa	600
gaaaatatat gggaaggaat tgtcaaaca attgagagga tgatagagga gtctgcgtta	660
aagacgatta aaggtatcct tgcgggtgat attgcctata tacaagagcg catggcaacc	720
gttgctgatc ttcttgataa gcatccagga tctgacgaag cgaggagcgc ctttaataac	780
ctggcagaaa atatagatgg ttatcacaaa aaatttaata atttttcgga tgatgttaac	840

tatcaaatat tacccatggt ttctactacg gttatgatgc agataaccta ttgggttgct	900
ggtttagaga gaagagctga aattgggctt agtgatattg atattgaaaa agtccgagga	960
ttaatcaaaa agacggtaga acaagcta atgttatatta atagtatcta tgatagagag	1020
cttaatgatg ctcttaataa ctcgacggcg gacactgttg caaataatgt tatgtctggt	1080
catggtcact gtcgtttaca tgggattgaa tatatcagta tttgggatag attaagtga	1140
tctgagtctg taaataatag aatctatgtt gatgttttaa gttattctac tttctttgat	1200
cgtcaaacag caaaagccag aattcaggca ttgactccag agcaagatat ggctccgcct	1260
ctcaaaccag ctcttaatgg agggaagaga agaaagatag attctttaat gggacatatt	1320
gtacgtattg gaggagctcc gagagtagga gggctgacag ttgtatttga tgacggcagt	1380
agccatcgat taggtacaat atctggtgag acggcatcta tttctctgaa tggtagtcga	1440
attaccagtt tggaagtatg gggcaatggt gctgttgata gagccgtctt tactttgagt	1500
gatggtcggg ttttgttatt tggcgatcct ggaacatctc gatataggaa attttatggt	1560
ggtgatagtc actatatattc agggatatat ttgtccagtg attacaaccc attagcaggt	1620
caggcagcaa atattgctgt atcttatcag ttgataaatg atgatgaaaa atag	1674

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 109

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 557

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína de fusión PirAB TIC10434.

SECUENCIA SEQ ID No: 109

Met	Arg	Lys	Ile	Asn	Met	Ser	Arg	Ile	Thr	Ile	Val	Val	Asp	Ser	Asp
1				5					10					15	

Thr	Gln	Lys	Ala	Glu	Val	Tyr	Ser	Asn	Ser	Pro	Val	Pro	Val	His	Arg
			20					25					30		

Asp	Leu	Asn	Ala	Val	Gly	Pro	Leu	Ser	Asp	Val	Thr	Ile	Ser	Pro	His
-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----

35

40

45

Ala Ser Val Glu Val Phe Arg Ile Asp Thr Pro Ile Ile Pro Glu Ser
 50 55 60

Arg Ser Ser Leu Arg Val Val Asn Thr Gly Leu Ala Asn Ser Val Thr
 65 70 75 80

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

Gly Ser Ile Asp Val Gly Leu Gly Glu Asp Lys Val Leu Asn Val Pro
 100 105 110

Ser Ser Ser Phe Tyr Tyr Ser Lys Phe Val Ile Tyr Asn Asn Thr Asp
 115 120 125

Arg Val Ala Tyr Val Thr Ala Asn Leu Val Met His Thr Glu Asn Val
 130 135 140

Leu Asp Ile Arg Thr Ile Val Ala Asn Glu Tyr Val Val Lys Thr Ser
 145 150 155 160

Ala Leu Glu Trp Asp Val Thr Asp Ile Val Lys Asn Ala Ile Ile Gly
 165 170 175

Gly Ile Ser Phe Ile Pro Ser Val Gly Pro Ala Ile Ser Phe Leu Val
 180 185 190

Gly Leu Phe Trp Pro Gln Ser Lys Glu Asn Ile Trp Glu Gly Ile Val
 195 200 205

Lys Gln Ile Glu Arg Met Ile Glu Glu Ser Ala Leu Lys Thr Ile Lys
 210 215 220

Gly Ile Leu Ala Gly Asp Ile Ala Tyr Ile Gln Glu Arg Met Ala Thr
 225 230 235 240

Val Ala Asp Leu Leu Asp Lys His Pro Gly Ser Asp Glu Ala Arg Ser
 245 250 255

Ala Phe Asn Asn Leu Ala Glu Asn Ile Asp Gly Tyr His Lys Lys Phe
260 265 270

Asn Asn Phe Ser Asp Asp Val Asn Tyr Gln Ile Leu Pro Met Phe Ser
275 280 285

Thr Thr Val Met Met Gln Ile Thr Tyr Trp Val Ala Gly Leu Glu Arg
290 295 300

Arg Ala Glu Ile Gly Leu Ser Asp Ile Asp Ile Glu Lys Val Arg Gly
305 310 315 320

Leu Ile Lys Lys Thr Val Glu Gln Ala Asn Ser Tyr Ile Asn Ser Ile
325 330 335

Tyr Asp Arg Glu Leu Asn Asp Ala Leu Asn Asn Ser Thr Ala Asp Thr
340 345 350

Val Ala Asn Asn Val Met Ser Val His Gly His Cys Arg Leu His Gly
355 360 365

Ile Glu Tyr Ile Ser Ile Trp Asp Arg Leu Ser Glu Ser Glu Ser Val
370 375 380

Asn Asn Arg Ile Tyr Val Asp Val Leu Ser Tyr Ser Thr Phe Phe Asp
385 390 395 400

Arg Gln Thr Ala Lys Ala Arg Ile Gln Ala Leu Thr Pro Glu Gln Asp
405 410 415

Met Ala Pro Pro Leu Lys Pro Ala Leu Asn Gly Gly Lys Arg Arg Lys
420 425 430

Ile Asp Ser Leu Met Gly His Ile Val Arg Ile Gly Gly Ala Pro Arg
435 440 445

Val Gly Gly Leu Thr Val Val Phe Asp Asp Gly Ser Ser His Arg Leu
450 455 460

Gly Thr Ile Ser Gly Glu Thr Ala Ser Ile Ser Leu Asn Gly Ser Arg

465 470 475 480

Ile Thr Ser Leu Glu Val Trp Gly Asn Gly Ala Val Asp Arg Ala Val
485 490 495

Phe Thr Leu Ser Asp Gly Arg Phe Leu Leu Phe Gly Asp Pro Gly Thr
500 505 510

Ser Arg Tyr Arg Lys Phe Tyr Val Gly Asp Ser His Tyr Ile Ser Gly
515 520 525

Ile Tyr Leu Ser Ser Asp Tyr Asn Pro Leu Ala Gly Gln Ala Ala Asn
530 535 540

Ile Ala Val Ser Tyr Gln Leu Ile Asn Asp Asp Glu Lys
545 550 555

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 110
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1668
II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:
OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácido nucleico que codifica una
proteína de fusión PirAB, TIC11210
compuesta por las secuencias de codificación de TIC7575 y TIC7665 en
enlace operativo
y en marco.

SECUENCIA SEQ ID No: 110
atgaatacaa tcaatataaa tataagtggc agtaccgtta cagtcataag caataacgat 60
tccaatccag aaccattaac ttataatata aacacaccag catcagaccc tcttacagcc 120
agtccttata gggatatgac aatagagcca cactcttcta ttgaagcaac aagaaccgat 180
acaccgatta ttcccgaaac tcgtcccaat tactatgtag ccaattctgg ccccgcatca 240
tcagttaggg ctgtttttta ttggtctcat tctttcacat cagaatgggt cgaatattcc 300
tctatcatag tgaaagccgg gaaagacgga atattacaat caccgaataa cgctttatat 360
tacagtaaag ttgtcattta taacgatacc gataaacgtg cctttgttac cggatataat 420

aagatgaata atagtcgaat gaatgatcag ttatcaatag caccttattc aatttcgaca	480
cccaattatg aatgggatat gtcacatcaatc ataaaagatg ccattatcgg tggcatagga	540
tttattcccg gaccaggctc tgcaatctct tttttattag ggctgttctg gcctcaacag	600
acagacaata cctgggatca aatcctccaa aaaatcgaac agatgataga agaagcgaat	660
ttaaaaacca ttaaaggtat attaaatgga gatatacaag aaattaaagg aaaaatggac	720
catgtgcaat atatgctaga gaattctcct ggcagccagg aaagccatga tgcttatatg	780
tttttagcaa ggtttttggg cagtattgat gaaaaattca aatctttcga tgatagaaca	840
aattatcaaa ttcttcccat gtatacgaac accattatgt tacaagcgcc ttattggaaa	900
atgggcctcg aaaagaaaga ggatacggg ttaagcgata ttgaagttag cgaattaa	960
gaacttatcg ataaattata tactaaatca tatgattata tccataacac gtataatcgt	1020
gaatatgata atgcaatcaa tacgtcaacc gcagagagta tcaccaataa ttattgtct	1080
gtcagaggat attgtttatt acatgggtgt gaatgtcttg aagttattgc gcatatacaa	1140
aacaatagcc ttgataaagg cttctaccct aaaacgatca gctattcgag tgttttcgat	1200
cgtcctacaa acaaaatgag gattcaggcg cttacagaag atgaccaa	1260
ttcaaactt ctttcgtcaa tgggtcaatat aataaaataa aatcattgga ggggttatgtc	1320
acaaggatcg gcaatgcccc ccgagtcggg ggaattaa	1380
tcttatactc ttgggtactgt gacttcagaa acaaccttta ttgaactcaa tgagagtgtt	1440
ataaccagca tagaagtgtg gggaaatggg gccgttgatg aggcattctt tacattgagt	1500
gacggtcgcc aaatgctggc tgggtcaacgc tatgccagtc gctacagaaa atatgctgtc	1560
gatggtcatt atatctcagg attgtactta gccagtgatg aaccatccct tgctgggtcaa	1620
gccgccggta ttgccgtttc atatcatatg attggttgata aacaatag	1668

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 111

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 555

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína de fusión PirAB TIC11210.

SECUENCIA SEQ ID No: 111

Met Asn Thr Ile Asn Ile Asn Ile Ser Gly Ser Thr Val Thr Val Ile
1 5 10 15

Ser Asn Asn Asp Ser Asn Pro Glu Pro Leu Thr Tyr Asn Thr Asn Thr
20 25 30

Pro Ala Ser Asp Pro Leu Thr Ala Ser Pro Tyr Arg Asp Met Thr Ile
35 40 45

Glu Pro His Ser Ser Ile Glu Ala Thr Arg Thr Asp Thr Pro Ile Ile
50 55 60

Pro Glu Thr Arg Pro Asn Tyr Tyr Val Ala Asn Ser Gly Pro Ala Ser
65 70 75 80

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

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

Gln Ser Pro Asn Asn Ala Leu Tyr Tyr Ser Lys Val Val Ile Tyr Asn
115 120 125

Asp Thr Asp Lys Arg Ala Phe Val Thr Gly Tyr Asn Lys Met Asn Asn
130 135 140

Ser Pro Met Asn Asp Gln Leu Ser Ile Ala Pro Tyr Ser Ile Ser Thr
145 150 155 160

Pro Asn Tyr Glu Trp Asp Met Ser Ser Ile Ile Lys Asp Ala Ile Ile
165 170 175

Gly Gly Ile Gly Phe Ile Pro Gly Pro Gly Ser Ala Ile Ser Phe Leu
180 185 190

Leu Gly Leu Phe Trp Pro Gln Gln Thr Asp Asn Thr Trp Asp Gln Ile

195

200

205

Leu Gln Lys Ile Glu Gln Met Ile Glu Glu Ala Asn Leu Lys Thr Ile
 210 215 220

Lys Gly Ile Leu Asn Gly Asp Ile Gln Glu Ile Lys Gly Lys Met Asp
 225 230 235 240

His Val Gln Tyr Met Leu Glu Asn Ser Pro Gly Ser Gln Glu Ser His
 245 250 255

Asp Ala Tyr Met Phe Leu Ala Arg Phe Leu Val Ser Ile Asp Glu Lys
 260 265 270

Phe Lys Ser Phe Asp Asp Arg Thr Asn Tyr Gln Ile Leu Pro Met Tyr
 275 280 285

Thr Asn Thr Ile Met Leu Gln Ala Pro Tyr Trp Lys Met Gly Leu Glu
 290 295 300

Lys Lys Glu Asp Ile Gly Leu Ser Asp Ile Glu Val Ser Glu Leu Lys
 305 310 315 320

Glu Leu Ile Asp Lys Leu Tyr Thr Lys Ser Tyr Asp Tyr Ile His Asn
 325 330 335

Thr Tyr Asn Arg Glu Tyr Asp Asn Ala Ile Asn Thr Ser Thr Ala Glu
 340 345 350

Ser Ile Thr Asn Asn Leu Leu Ser Val Arg Gly Tyr Cys Leu Leu His
 355 360 365

Gly Cys Glu Cys Leu Glu Val Ile Ala His Ile Gln Asn Asn Ser Leu
 370 375 380

Asp Lys Gly Phe Tyr Pro Lys Thr Ile Ser Tyr Ser Ser Val Phe Asp
 385 390 395 400

Arg Pro Thr Asn Lys Met Arg Ile Gln Ala Leu Thr Glu Asp Asp Gln
 405 410 415

Met Gln Glu Pro Phe Lys Pro Ser Phe Val Asn Gly Gln Tyr Asn Lys
420 425 430

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

Val Gly Gly Ile Lys Ile Thr Phe Glu Asn Asn Ala Ser Tyr Thr Leu
450 455 460

Gly Thr Val Thr Ser Glu Thr Thr Phe Ile Glu Leu Asn Glu Ser Val
465 470 475 480

Ile Thr Ser Ile Glu Val Trp Gly Asn Gly Ala Val Asp Glu Ala Phe
485 490 495

Phe Thr Leu Ser Asp Gly Arg Gln Met Arg Leu Gly Gln Arg Tyr Ala
500 505 510

Ser Arg Tyr Arg Lys Tyr Ala Val Asp Gly His Tyr Ile Ser Gly Leu
515 520 525

Tyr Leu Ala Ser Asp Glu Pro Ser Leu Ala Gly Gln Ala Ala Gly Ile
530 535 540

Ala Val Ser Tyr His Met Ile Val Asp Lys Gln
545 550 555

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 112
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1683
II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:
OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácido nucleico que codifica una
proteína de fusión PirAB, TIC11211
compuesta por las secuencias de codificación de TIC7575 y TIC7667 en
enlace operativo
y en marco.

SECUENCIA SEQ ID No: 112

atgaatacaa tcaatataaa tataagtggc agtaccgtta cagtcataag caataacgat	60
tccaatccag aaccattaac ttataatata aacacaccag catcagaccc tcttacagcc	120
agtccttata gggatatgac aatagagcca cactcttcta ttgaagcaac aagaaccgat	180
acaccgatta ttcccgaaac tcgtcccaat tactatgtag ccaattctgg ccccgcatca	240
tcagttaggg ctgtttttta ttggtctcat tctttcacat cagaatgggt cgaatattcc	300
tctatcatag tgaaagccgg gaaagacgga atattacaat caccgaataa cgctttatat	360
tacagtaaag ttgtcattta taacgatacc gataaacgtg cctttgttac cggatataat	420
aagatgcata cagaaaatgt tttagacata agaaccattg tggctaata ga atatgctgta	480
aaaacgagtg cattagagtg ggatgttact gatattgtaa aaaatgcaat cataggggga	540
atatccttta tcccttcggg ttgtcccgct atatcttttt tagtcgggtt attctggcct	600
caatcgaaag aaaatatatg ggaagggtt gtcaaacaaa ttgaaaggat gatagaggag	660
tctgcgttaa agacgattaa aggtatcctt gctggtgata ttgcatatat acaagaacga	720
atggcaaccg ttgctgatct tcttgataag catccaggat cagaagaagc gaggagtgct	780
tttaataacc tggcagaaaa tatagatggc tatcacaaaa agtttagtaa tttttcggat	840
gatgttaatt atcagatatt acccatgttt tctactacgg ttatgatgca gataacatat	900
tgggttgctg gtttagagag aaaagatgaa attgggctta gtaatattga tgttgaaaaa	960
gtccgaggat taattaaaaa gacggtagaa caggctaata gttatattaa caatatatat	1020
gatagagagc ttaatgatgc tcttaataac tcgacggctg aactgttgac aaataatgtt	1080
atgtctgttc atggtcactg tcgtttacat gggattgaat atatcagtat ttgggataaa	1140
ttaagtgaag ctgagtcggg aaataataaa atctatgttg atgttttaag ttattctact	1200
ttctttgacc gtcaaacagc aaaagccaga attcaggcat tgactccaga gaaagatatg	1260
actccacctc tcaaaccggc tcttaatgga ggaaaaagaa gaaagataga ttcgttaacg	1320
ggacatattg tgcgtattgg aggggctgcg agggtaggag ggctgacagt tgtatttgat	1380
gatggtaatc gccatcaatt aggtacaata tctggtgaga cgtcatctat ttctctgaat	1440
ggtagtcgaa ttaccagttt ggaagtatgg ggaaatgggt ctgttgatca agcgggtcttt	1500
actttaaatg atggtcgttc attgtcattg ggctcgccct gaacatctcg atataggaag	1560
ttttatgttg gtgaaagcca ctatattgca gggatatatt tgtccagtga ttacaacca	1620

ttagctgggtc aggcagcaaa tattgctgta tcttatcagt tgataaatga tgatgaaaaa 1680
tag 1683

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 113
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 560
II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:
OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína de fusión
PirAB TIC11211.

SECUENCIA SEQ ID No: 113

Met Asn Thr Ile Asn Ile Asn Ile Ser Gly Ser Thr Val Thr Val Ile
1 5 10 15

Ser Asn Asn Asp Ser Asn Pro Glu Pro Leu Thr Tyr Asn Thr Asn Thr
20 25 30

Pro Ala Ser Asp Pro Leu Thr Ala Ser Pro Tyr Arg Asp Met Thr Ile
35 40 45

Glu Pro His Ser Ser Ile Glu Ala Thr Arg Thr Asp Thr Pro Ile Ile
50 55 60

Pro Glu Thr Arg Pro Asn Tyr Tyr Val Ala Asn Ser Gly Pro Ala Ser
65 70 75 80

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

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

Gln Ser Pro Asn Asn Ala Leu Tyr Tyr Ser Lys Val Val Ile Tyr Asn
115 120 125

Asp Thr Asp Lys Arg Ala Phe Val Thr Gly Tyr Asn Lys Met His Thr
130 135 140

Glu Asn Val Leu Asp Ile Arg Thr Ile Val Ala Asn Glu Tyr Ala Val
145 150 155 160

Lys Thr Ser Ala Leu Glu Trp Asp Val Thr Asp Ile Val Lys Asn Ala
165 170 175

Ile Ile Gly Gly Ile Ser Phe Ile Pro Ser Val Gly Pro Ala Ile Ser
180 185 190

Phe Leu Val Gly Leu Phe Trp Pro Gln Ser Lys Glu Asn Ile Trp Glu
195 200 205

Gly Ile Val Lys Gln Ile Glu Arg Met Ile Glu Glu Ser Ala Leu Lys
210 215 220

Thr Ile Lys Gly Ile Leu Ala Gly Asp Ile Ala Tyr Ile Gln Glu Arg
225 230 235 240

Met Ala Thr Val Ala Asp Leu Leu Asp Lys His Pro Gly Ser Glu Glu
245 250 255

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

Lys Lys Phe Ser Asn Phe Ser Asp Asp Val Asn Tyr Gln Ile Leu Pro
275 280 285

Met Phe Ser Thr Thr Val Met Met Gln Ile Thr Tyr Trp Val Ala Gly
290 295 300

Leu Glu Arg Lys Asp Glu Ile Gly Leu Ser Asn Ile Asp Val Glu Lys
305 310 315 320

Val Arg Gly Leu Ile Lys Lys Thr Val Glu Gln Ala Asn Ser Tyr Ile
325 330 335

Asn Asn Ile Tyr Asp Arg Glu Leu Asn Asp Ala Leu Asn Asn Ser Thr
340 345 350

Ala Asp Thr Val Ala Asn Asn Val Met Ser Val His Gly His Cys Arg
355 360 365

Leu His Gly Ile Glu Tyr Ile Ser Ile Trp Asp Lys Leu Ser Glu Ala
370 375 380

Glu Ser Val Asn Asn Lys Ile Tyr Val Asp Val Leu Ser Tyr Ser Thr
385 390 395 400

Phe Phe Asp Arg Gln Thr Ala Lys Ala Arg Ile Gln Ala Leu Thr Pro
405 410 415

Glu Lys Asp Met Thr Pro Pro Leu Lys Pro Ala Leu Asn Gly Gly Lys
420 425 430

Arg Arg Lys Ile Asp Ser Leu Thr Gly His Ile Val Arg Ile Gly Gly
435 440 445

Ala Ala Arg Val Gly Gly Leu Thr Val Val Phe Asp Asp Gly Asn Arg
450 455 460

His Gln Leu Gly Thr Ile Ser Gly Glu Thr Ser Ser Ile Ser Leu Asn
465 470 475 480

Gly Ser Arg Ile Thr Ser Leu Glu Val Trp Gly Asn Gly Ala Val Asp
485 490 495

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

Pro Gly Thr Ser Arg Tyr Arg Lys Phe Tyr Val Gly Glu Ser His Tyr
515 520 525

Ile Ala Gly Ile Tyr Leu Ser Ser Asp Tyr Asn Pro Leu Ala Gly Gln
530 535 540

Ala Ala Asn Ile Ala Val Ser Tyr Gln Leu Ile Asn Asp Asp Glu Lys
545 550 555 560

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 114
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1668
II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácido nucleico que codifica una proteína de fusión PirAB, TIC11212
compuesta por las secuencias de codificación de TIC7662 y TIC7665 en enlace operativo y en marco.

SECUENCIA SEQ ID No: 114

atgagtacaa tcaatatcaa tataagtagc agtaccgtta ccgtcatcac gaataacgga	60
gaaacgccag tcccactcac ttacaatata aatacacctg aatcagaacc tcttaccgtc	120
aatccttata gggatatgac aatagagcca cgctcttcta ttgaagcaac aaggattgat	180
acaccgatta ttcccgaaac acgccctaatt tattatgtag ccaattcagg cccggcttca	240
tcagttaggg ccgtttttta ttggtcccat tctttcacat cacaatgggt cgaatattcc	300
tctatcatcg tcaaagccgg ggaagatggc atattagaat caccaagcaa ttctttatat	360
tacagcaaag tcgtcattta taatgatacc gataaacgcg ctttgtgac gggatataat	420
aagatgaata atagccaat gaatgatcag ttatcaatag caccttattc aatttcgaca	480
ccaattatg aatgggatat gtcacatc ataaaagatg ccattatcgg tggcatagga	540
tttattcccg gaccaggctc tgcaatctct tttttattag ggctgttctg gcctcaacag	600
acagacaata cctgggatca aatcctcaa aaaatcgaac agatgataga agaagcgaat	660
ttaaaaacca ttaaaggat attaaatgga gatatacaag aaattaaagg aaaaatggac	720
catgtgcaat atatgctaga gaattctcct ggcagccagg aaagccatga tgcttatatg	780
tttttagcaa ggtttttggt cagtattgat gaaaaattca aatctttcga tgatagaaca	840
aattatcaaa ttcttcccat gtatacgaac accattatgt tacaagcgcc ttattggaaa	900
atgggcctcg aaaagaaaga ggatacgggt ttaagcgata ttgaagttag cgaattaaaa	960
gaacttatcg ataaattata tactaaatca tatgattata tccataacac gtataatcgt	1020
gaatatgata atgcaatcaa tacgtcaacc gcagagagta tcaccaataa tttattgtct	1080
gtcagaggat attgtttatt acatggttgt gaatgtcttg aagttattgc gcatatacaa	1140
aacaatagcc ttgataaagg cttctaccct aaaacgatca gctattcgag tgttttcgat	1200

```

cgtcctacaa acaaaatgag gattcaggcg cttacagaag atgaccaa atgaccaa gcaagaaccg      1260
ttcaaacctt ctttcgtcaa tggtaaatat aataaaataa aatcattgga gggttatgtc      1320
acaaggatcg gcaatgcccc ccgagtcggt ggaattaaaa tcacatttga aaacaacgca      1380
tcttatactc ttggtactgt gacttcagaa acaaccttta ttgaactcaa tgagagtgtt      1440
ataaccagca tagaagtgtg gggaaatggg gccgttgatg aggcattctt tacattgagt      1500
gacggtcgcc aaatgcggct tggtaacgc tatgccagtc gctacagaaa atatgctgtc      1560
gatggtcatt atatctcagg attgtactta gccagtgatg aaccatccct tgctgggtcaa      1620
gccgccggtg ttgccgtttc atatcatatg attgttgata aacaatag      1668

```

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 115

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 555

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína de fusión PirAB TIC11212.

SECUENCIA SEQ ID No: 115

```

Met Ser Thr Ile Asn Ile Asn Ile Ser Ser Ser Thr Val Thr Val Ile
1           5           10           15

```

```

Thr Asn Asn Gly Glu Thr Pro Val Pro Leu Thr Tyr Asn Thr Asn Thr
          20           25           30

```

```

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

```

```

Glu Pro Arg Ser Ser Ile Glu Ala Thr Arg Ile Asp Thr Pro Ile Ile
          50           55           60

```

```

Pro Glu Thr Arg Pro Asn Tyr Tyr Val Ala Asn Ser Gly Pro Ala Ser
          65           70           75           80

```

```

Ser Val Arg Ala Val Phe Tyr Trp Ser His Ser Phe Thr Ser Gln Trp

```

85

90

95

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

Glu Ser Pro Ser Asn Ser Leu Tyr Tyr Ser Lys Val Val Ile Tyr Asn
 115 120 125

Asp Thr Asp Lys Arg Ala Phe Val Thr Gly Tyr Asn Lys Met Asn Asn
 130 135 140

Ser Pro Met Asn Asp Gln Leu Ser Ile Ala Pro Tyr Ser Ile Ser Thr
 145 150 155 160

Pro Asn Tyr Glu Trp Asp Met Ser Ser Ile Ile Lys Asp Ala Ile Ile
 165 170 175

Gly Gly Ile Gly Phe Ile Pro Gly Pro Gly Ser Ala Ile Ser Phe Leu
 180 185 190

Leu Gly Leu Phe Trp Pro Gln Gln Thr Asp Asn Thr Trp Asp Gln Ile
 195 200 205

Leu Gln Lys Ile Glu Gln Met Ile Glu Glu Ala Asn Leu Lys Thr Ile
 210 215 220

Lys Gly Ile Leu Asn Gly Asp Ile Gln Glu Ile Lys Gly Lys Met Asp
 225 230 235 240

His Val Gln Tyr Met Leu Glu Asn Ser Pro Gly Ser Gln Glu Ser His
 245 250 255

Asp Ala Tyr Met Phe Leu Ala Arg Phe Leu Val Ser Ile Asp Glu Lys
 260 265 270

Phe Lys Ser Phe Asp Asp Arg Thr Asn Tyr Gln Ile Leu Pro Met Tyr
 275 280 285

Thr Asn Thr Ile Met Leu Gln Ala Pro Tyr Trp Lys Met Gly Leu Glu
 290 295 300

Lys Lys Glu Asp Ile Gly Leu Ser Asp Ile Glu Val Ser Glu Leu Lys
305 310 315 320

Glu Leu Ile Asp Lys Leu Tyr Thr Lys Ser Tyr Asp Tyr Ile His Asn
325 330 335

Thr Tyr Asn Arg Glu Tyr Asp Asn Ala Ile Asn Thr Ser Thr Ala Glu
340 345 350

Ser Ile Thr Asn Asn Leu Leu Ser Val Arg Gly Tyr Cys Leu Leu His
355 360 365

Gly Cys Glu Cys Leu Glu Val Ile Ala His Ile Gln Asn Asn Ser Leu
370 375 380

Asp Lys Gly Phe Tyr Pro Lys Thr Ile Ser Tyr Ser Ser Val Phe Asp
385 390 395 400

Arg Pro Thr Asn Lys Met Arg Ile Gln Ala Leu Thr Glu Asp Asp Gln
405 410 415

Met Gln Glu Pro Phe Lys Pro Ser Phe Val Asn Gly Gln Tyr Asn Lys
420 425 430

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

Val Gly Gly Ile Lys Ile Thr Phe Glu Asn Asn Ala Ser Tyr Thr Leu
450 455 460

Gly Thr Val Thr Ser Glu Thr Thr Phe Ile Glu Leu Asn Glu Ser Val
465 470 475 480

Ile Thr Ser Ile Glu Val Trp Gly Asn Gly Ala Val Asp Glu Ala Phe
485 490 495

Phe Thr Leu Ser Asp Gly Arg Gln Met Arg Leu Gly Gln Arg Tyr Ala
500 505 510

Ser Arg Tyr Arg Lys Tyr Ala Val Asp Gly His Tyr Ile Ser Gly Leu

515

520

525

Tyr Leu Ala Ser Asp Glu Pro Ser Leu Ala Gly Gln Ala Ala Gly Ile
 530 535 540

Ala Val Ser Tyr His Met Ile Val Asp Lys Gln
 545 550 555

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 116

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1701

II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácido nucleico que codifica una proteína de fusión PirAB, TIC11301

compuesta por las secuencias de codificación de TIC7575 y TIC7661 en enlace

operativo y en marco.

SECUENCIA SEQ ID No: 116

atgaatacaa tcaatataaa tataagtggc agtaccgtta cagtcataag caataacgat	60
tccaatccag aaccattaac ttataatata aacacaccag catcagaccc tcttacagcc	120
agtccttata gggatatgac aatagagcca cactcttcta ttgaagcaac aagaaccgat	180
acaccgatta ttcccgaaac tcgtcccaat tactatgtag ccaattctgg ccccgcatca	240
tcagttaggg ctgtttttta ttggtctcat tctttcacat cagaatgggt cgaatattcc	300
tctatcatag tgaaagccgg gaaagacgga atattacaat caccgaataa cgctttatat	360
tacagtaaag ttgtcattta taacgatacc gataaacgtg cctttgttac cggatataat	420
aagatgaata ctacacctat tactgtatct acaaatgaaa catgccttt aatgactgac	480
gtaatgccca tggatcttta tgcaatatcc acacctgatt atgaatggga catgtcgtca	540
atcataaagg atgctgttat tgggtggcata ggatttattc caggtccggg cccggcaata	600
tccttcctgt tagggctatt ttggcctcag cagaaagaca atacttgga gcaaattctc	660
cagaaagtag agcagatgat agagaatgct gttctacaaa ctattaaagg aatacttaat	720
ggagaagttc aagagatcaa agggaaaatg gaacatgtag aatccatgct gaaaaactcg	780

cctggcagtc aggaaagtca tgatgcatat atgttcctgg cgagatatct ggtagtata	840
gatgaaaaat tcaaattcttt tgacaataga acaaattacc agcttctccc aatgtatact	900
aacactatta tgttacagat cccttattgg aaaatgggaa tagagaagaa aaaagatatt	960
gggctgacag atattgaagt taatgaatta aaagaactta tcgataaatt ggtagataag	1020
gccaaaaact atattcatac gatgtatact aatgaacata ataatgctgt aaacacatca	1080
acagcagaga gtgtcactaa taatttatta tctgtaagag gatattgttt attacacggt	1140
ttagaatgta ttgagttaat cgagcatata cagaataata gccttgagag tggtttctat	1200
cctaaaatta tcagttattc gactgcggtt gatcgtccta ctaacaaaat gagaattcag	1260
gctcttacag aagatgatgc aatgcaggag cttttcaaac catctttaat caatgggaaa	1320
tataataaaa tccaatcctt gactggatat gtacaaagaa ttgggaatgc acctagagtt	1380
ggtaggtatca gaatcacatt taccaacggc tcatcttata cacttggtac agtgacctca	1440
gaaacgcatt caattaagct aaacgatagt gttatcgaaa gcttggaagt atgggggaat	1500
ggtagctgttg atgaggcggt atttaagtta agtgatgggc gtttattgcy tattggtgag	1560
cgctacgcga aaaaatacag aaaatatgct gttgataatc actatattgc ggggatttac	1620
ttagccagcg atgagccttc acttgctggt caagccgcag gtattgccgt ttcatatcat	1680
atgatggctg acaaaaaata a	1701

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 117

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 566

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína de fusión PirAB TIC11301.

SECUENCIA SEQ ID No: 117

Met	Asn	Thr	Ile	Asn	Ile	Asn	Ile	Ser	Gly	Ser	Thr	Val	Thr	Val	Ile
1				5				10					15		

Ser	Asn	Asn	Asp	Ser	Asn	Pro	Glu	Pro	Leu	Thr	Tyr	Asn	Thr	Asn	Thr
			20					25					30		

Pro Ala Ser Asp Pro Leu Thr Ala Ser Pro Tyr Arg Asp Met Thr Ile
35 40 45

Glu Pro His Ser Ser Ile Glu Ala Thr Arg Thr Asp Thr Pro Ile Ile
50 55 60

Pro Glu Thr Arg Pro Asn Tyr Tyr Val Ala Asn Ser Gly Pro Ala Ser
65 70 75 80

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

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

Gln Ser Pro Asn Asn Ala Leu Tyr Tyr Ser Lys Val Val Ile Tyr Asn
115 120 125

Asp Thr Asp Lys Arg Ala Phe Val Thr Gly Tyr Asn Lys Met Asn Thr
130 135 140

Thr Pro Ile Thr Val Ser Thr Asn Glu Thr Ser Pro Leu Met Thr Asp
145 150 155 160

Val Met Pro Met Asp Leu Tyr Ala Ile Ser Thr Pro Asp Tyr Glu Trp
165 170 175

Asp Met Ser Ser Ile Ile Lys Asp Ala Val Ile Gly Gly Ile Gly Phe
180 185 190

Ile Pro Gly Pro Gly Pro Ala Ile Ser Phe Leu Leu Gly Leu Phe Trp
195 200 205

Pro Gln Gln Lys Asp Asn Thr Trp Glu Gln Ile Leu Gln Lys Val Glu
210 215 220

Gln Met Ile Glu Asn Ala Val Leu Gln Thr Ile Lys Gly Ile Leu Asn
225 230 235 240

Gly Glu Val Gln Glu Ile Lys Gly Lys Met Glu His Val Glu Ser Met
245 250 255

Leu Lys Asn Ser Pro Gly Ser Gln Glu Ser His Asp Ala Tyr Met Phe
260 265 270

Leu Ala Arg Tyr Leu Val Ser Ile Asp Glu Lys Phe Lys Ser Phe Asp
275 280 285

Asn Arg Thr Asn Tyr Gln Leu Leu Pro Met Tyr Thr Asn Thr Ile Met
290 295 300

Leu Gln Ile Pro Tyr Trp Lys Met Gly Ile Glu Lys Lys Lys Asp Ile
305 310 315 320

Gly Leu Thr Asp Ile Glu Val Asn Glu Leu Lys Glu Leu Ile Asp Lys
325 330 335

Leu Val Asp Lys Ala Lys Asn Tyr Ile His Thr Met Tyr Thr Asn Glu
340 345 350

His Asn Asn Ala Val Asn Thr Ser Thr Ala Glu Ser Val Thr Asn Asn
355 360 365

Leu Leu Ser Val Arg Gly Tyr Cys Leu Leu His Gly Leu Glu Cys Ile
370 375 380

Glu Leu Ile Glu His Ile Gln Asn Asn Ser Leu Glu Ser Gly Phe Tyr
385 390 395 400

Pro Lys Ile Ile Ser Tyr Ser Thr Ala Phe Asp Arg Pro Thr Asn Lys
405 410 415

Met Arg Ile Gln Ala Leu Thr Glu Asp Asp Ala Met Gln Glu Pro Phe
420 425 430

Lys Pro Ser Leu Ile Asn Gly Lys Tyr Asn Lys Ile Gln Ser Leu Thr
435 440 445

Gly Tyr Val Gln Arg Ile Gly Asn Ala Pro Arg Val Gly Gly Ile Arg
450 455 460

Ile Thr Phe Thr Asn Gly Ser Ser Tyr Thr Leu Gly Thr Val Thr Ser
 465 470 475 480

Glu Thr His Ser Ile Lys Leu Asn Asp Ser Val Ile Glu Ser Leu Glu
 485 490 495

Val Trp Gly Asn Gly Ala Val Asp Glu Ala Leu Phe Lys Leu Ser Asp
 500 505 510

Gly Arg Leu Leu Arg Ile Gly Glu Arg Tyr Ala Lys Lys Tyr Arg Lys
 515 520 525

Tyr Ala Val Asp Asn His Tyr Ile Ala Gly Ile Tyr Leu Ala Ser Asp
 530 535 540

Glu Pro Ser Leu Ala Gly Gln Ala Ala Gly Ile Ala Val Ser Tyr His
 545 550 555 560

Met Met Ala Asp Lys Lys
 565

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 118
 I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1701
 II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN
 VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:
 OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácido nucleico que codifica una
 proteína de fusión PirAB,
 TIC11302 compuesta por las secuencias de codificación de TIC7660 y
 TIC7576 en
 enlace operativo y en marco.

SECUENCIA SEQ ID No: 118
 atgatcacia taaatataaa tgtaaaccggc aatgatgtta caggtacaaa taataatgaa 60
 cctactccag tatcgacaac ttacgggtcca aatacaccag catcagaacc cctgttagtc 120
 agtaattata gtgatataac aatagaaccg cattcttctg tgcaggcaac aagaattgat 180
 acgcctgtta ttctgaagc acgccccgat tactatgttag ccaactccgg cctgcacca 240

tcagttaggg ctgtttttta ttggtctcat tctttcacat cagaatgggt cgaatcttcc	300
tctatcacag tgaaagcagg agaggacgga atattaaaag cacctggtaa ctctttatat	360
tacagcaaag tcgtcattta taatgatacg gataaacgag cctttgttac tggatataat	420
aaaatgaata tctcaccgat taatgtatct gaaaatgaaa cattacctga actcactgat	480
gttatgctta ttgtgcctta tacaacatct acccctgatt atgaatggga tatgtcatca	540
attataaagg atgcgattat tggcggcgta gggtttattc caggagcagg ctctgcaatg	600
tccttcctat tgggactatt ttggcctcaa cagaaagata atacatggga acagatcctc	660
caaaaagtag aacagatgat agagaatgcc gttctgcaaa ctattaaagg aatacttaat	720
ggagatatac aagaaatcaa ggggaaaatg gaacatgtgc aatacatgct ggaaacctcg	780
cctggcagtc aggaaagtca tgacgcatat atgttcctgg ctagatacct ggtgagtata	840
gatgaaaaat tcaagtcttt tgataataaa acaaaactacc agatcctgcc gatgtacact	900
aacacggtta tgttacaaat cccttattgg aaaatgggaa tagagaagaa aaatgatatt	960
gggctgacag atattgaagt caatgagtta aaacagctta tcgataaatt ggtcgacaag	1020
gccaagagtt acatccatac gatgtatacg aatgaatata atgatgccat aaatacatca	1080
acagcatcga gtgtcactaa taatttactc tctgtaagag gatattgttt attacacggt	1140
ttagagtgta ttgagttaat tgaacatcta caaaacaata gcctcgaaag tggtttttat	1200
cctaaaacta tcagttattc aactgtatth gatcgtcaga ctaacaaaat gagaattcag	1260
gctcttacag aagacgatca aatgcaggaa ccctttaagc catctttaat caacggcaaa	1320
tacaataaaa tacaatcctt gcttgatata gtacaaagaa ttggaaatgc acctagagt	1380
gggggtatta aaatcacctt tgccaacggt tcatcctata cacttggcac agtaacatca	1440
gaaacgagtt caattgaact caatgatagt gttatcgaaa gattggaagt atggggcaat	1500
ggcgctgttg atgaggcatt atttacgtta agtgatgggc gtcaactcag agtcggtgag	1560
cgctacgcga caaaatatag aaaatatgct gttgatggac actatattgc aggactgtac	1620
ttagctagcg atgaaccttc acttgctggt caagccgcag gtattgccgt ttcataccat	1680
atggttgatg ataaaaaata a	1701

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 119

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 566
II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:
OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína de fusión
PirAB TIC11302 f.

SECUENCIA SEQ ID No: 119

Met Ile Thr Ile Asn Ile Asn Val Asn Gly Asn Asp Val Thr Gly Thr
1 5 10 15

Asn Asn Asn Glu Pro Thr Pro Val Ser Thr Thr Tyr Gly Pro Asn Thr
20 25 30

Pro Ala Ser Glu Pro Pro Val Val Ser Asn Tyr Ser Asp Ile Thr Ile
35 40 45

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

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

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

Phe Glu Ser Ser Ser Ile Thr Val Lys Ala Gly Glu Asp Gly Ile Leu
100 105 110

Lys Ala Pro Gly Asn Ser Leu Tyr Tyr Ser Lys Val Val Ile Tyr Asn
115 120 125

Asp Thr Asp Lys Arg Ala Phe Val Thr Gly Tyr Asn Lys Met Asn Ile
130 135 140

Ser Pro Ile Asn Val Ser Glu Asn Glu Thr Leu Pro Glu Leu Thr Asp
145 150 155 160

Val Met Leu Ile Val Pro Tyr Thr Thr Ser Thr Pro Asp Tyr Glu Trp

165							170					175			
Asp	Met	Ser	Ser	Ile	Ile	Lys	Asp	Ala	Ile	Ile	Gly	Gly	Val	Gly	Phe
			180				185						190		
Ile	Pro	Gly	Ala	Gly	Ser	Ala	Met	Ser	Phe	Leu	Leu	Gly	Leu	Phe	Trp
		195			200							205			
Pro	Gln	Gln	Lys	Asp	Asn	Thr	Trp	Glu	Gln	Ile	Leu	Gln	Lys	Val	Glu
210					215					220					
Gln	Met	Ile	Glu	Asn	Ala	Val	Leu	Gln	Thr	Ile	Lys	Gly	Ile	Leu	Asn
225				230						235		240			
Gly	Asp	Ile	Gln	Glu	Ile	Lys	Gly	Lys	Met	Glu	His	Val	Gln	Tyr	Met
				245					250				255		
Leu	Glu	Thr	Ser	Pro	Gly	Ser	Gln	Glu	Ser	His	Asp	Ala	Tyr	Met	Phe
			260					265					270		
Leu	Ala	Arg	Tyr	Leu	Val	Ser	Ile	Asp	Glu	Lys	Phe	Lys	Ser	Phe	Asp
		275					280					285			
Asn	Lys	Thr	Asn	Tyr	Gln	Ile	Leu	Pro	Met	Tyr	Thr	Asn	Thr	Val	Met
290					295					300					
Leu	Gln	Ile	Pro	Tyr	Trp	Lys	Met	Gly	Ile	Glu	Lys	Lys	Asn	Asp	Ile
305				310					315				320		
Gly	Leu	Thr	Asp	Ile	Glu	Val	Asn	Glu	Leu	Lys	Gln	Leu	Ile	Asp	Lys
				325					330				335		
Leu	Val	Asp	Lys	Ala	Lys	Ser	Tyr	Ile	His	Thr	Met	Tyr	Thr	Asn	Glu
			340					345					350		
Tyr	Asn	Asp	Ala	Ile	Asn	Thr	Ser	Thr	Ala	Ser	Ser	Val	Thr	Asn	Asn
		355					360				365				
Leu	Leu	Ser	Val	Arg	Gly	Tyr	Cys	Leu	Leu	His	Gly	Leu	Glu	Cys	Ile
370					375					380					

Glu Leu Ile Glu His Leu Gln Asn Asn Ser Leu Glu Ser Gly Phe Tyr
385 390 395 400

Pro Lys Thr Ile Ser Tyr Ser Thr Val Phe Asp Arg Gln Thr Asn Lys
405 410 415

Met Arg Ile Gln Ala Leu Thr Glu Asp Asp Gln Met Gln Glu Pro Phe
420 425 430

Lys Pro Ser Leu Ile Asn Gly Lys Tyr Asn Lys Ile Gln Ser Leu Leu
435 440 445

Gly Tyr Val Gln Arg Ile Gly Asn Ala Pro Arg Val Gly Gly Ile Lys
450 455 460

Ile Thr Phe Ala Asn Gly Ser Ser Tyr Thr Leu Gly Thr Val Thr Ser
465 470 475 480

Glu Thr Ser Ser Ile Glu Leu Asn Asp Ser Val Ile Glu Arg Leu Glu
485 490 495

Val Trp Gly Asn Gly Ala Val Asp Glu Ala Leu Phe Thr Leu Ser Asp
500 505 510

Gly Arg Gln Leu Arg Val Gly Glu Arg Tyr Ala Thr Lys Tyr Arg Lys
515 520 525

Tyr Ala Val Asp Gly His Tyr Ile Ala Gly Leu Tyr Leu Ala Ser Asp
530 535 540

Glu Pro Ser Leu Ala Gly Gln Ala Ala Gly Ile Ala Val Ser Tyr His
545 550 555 560

Met Leu Asp Asp Lys Lys
565

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 120
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 2097
II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácido nucleico que codifica una proteína de fusión PirAB, TIC11440

compuesta por las secuencias de codificación de TIC4771, TIC4771, y TIC4472

en enlace operativo y en marco.

SECUENCIA SEQ ID No: 120

atgattacaa taaatataag tgggtgtagt ataaaaatta gtaacaacat aggatcagaa	60
actgatatca aaaatacacc tttttcagaa cctctttcaa ttagtaatta taaggatatg	120
acaatagagc cacattcgtc tatccaagca acaagaactg atacaccaat tattcctgaa	180
acacgaccaa attattatgt agctaattcc ggccctgccg catcagtgag agctgttttt	240
tattggtctc attctttttac atcagaatgg ttcgaacatt catctatcat tgtaaaagca	300
ggagaagatg gaatattgaa ctcacctagc aattctgtat attacagtaa ggttggtcatt	360
tacaacgata cggataaacg ggcctttgtc acaggttatg acaaaatgat aaccattaac	420
atctcaggag gtagcataaa gattagtaat aacattggct cggaactga tatcaagaac	480
acgccgtttt ctgaaccact ttcaattagt aattataaag atatgactat agaaccacac	540
tcgtctattc aggctacaag aacagataca ccaattatac ctgaaacacg acctaattac	600
tatgtagcca attccggacc tgcggcatca gtaagagctg tcttttactg gtcacattct	660
tttacgtcag agtggtttga acattcttca atcatagtaa aagcaggaga ggatggaatt	720
cttaactctc ctagcaactc tgtttattac agtaaagttg tgatatataa tgataccgat	780
aagagagctt tcgtgactgg atacgataag atgaataacg aacttatgaa cacaaatgaa	840
tcacaacctt cagagacatt atctttaatt aatgaatcta tattaacagc accttatgcc	900
gtttctaccc ctaattatga atgggatatg tcatcaataa taaaagatgc cattattgga	960
ggtataggat ttattcccgg gccgggttca gcaatatcgt ttttgctagg gctattttgg	1020
ccgcaacaaa cagacaatac ctgggagcaa attctccaaa aagtagaaca gatgatagag	1080
gaagcgaatt taaaaactat tcaaggaata ctgaacggag atatacaaga aataaaagga	1140
aagatggaac atgtggaata tatgctagaa acctcaccag gcactcaaga aagccatgac	1200
gcatatatgt tcttagcgag atatctggta agtatagatg aaaaattcaa atcttttgat	1260

aataaaacaa attatcaa	t tcttccaatg	tacaccaata	cgcttatg	tt acaggcac	ct 1320						
tactggaaaa tgggtat	aga gaagaa	aat gatatt	tttgc ta	acagatat	agaagtta	at 1380					
gaattaaaac agcttat	cga aaatct	tatat gccaa	ggcca at	agctatat	tcatgaag	t 1440					
tatacccg	t aatacg	ataa tgcg	gtaaat	acctca	acag ca	acaacgat	taccaata	at 1500			
ttattgtc	t taagagg	gta ttgt	tttatta	catggat	tag agtgc	ccttga	agtccttg	at 1560			
catatacaa	ataata	atct tga	tcagag	c ttctat	ccga aa	actatc	ag ttattct	act 1620			
gtatttgat	c gctca	acaaa	caaga ct	ccaggct	c ttacc	gaaga	cgagcaa	atg 1680			
gaagaacc	ac tcaa	accctc	ttttat	taaat	gggga	aatata	ataaaa	ataa	atcactg	at 1740	
ggatatgt	ac agaga	attgg aa	acgccc	ct agag	ttggag	gtata	aaaa	aat	tacattt	act 1800	
aatggatc	at ctcat	actct	gggtac	agt ac	ctcaga	at caa	actca	at	tgaacta	aa 1860	
gatagtgt	ta accag	tgt gga	agtat	gg gga	aatgg	tgt	ctgtt	gatga	ggcattc	ttt 1920	
acattaag	t acggt	cgtca att	taggct	tggtca	acgct	atgcc	agtaa	ctacaga	aaaa	1980	
tatgctgt	t atggc	acta tatt	tcagga	ttgtac	ttag	ccagt	gatga	gccttc	actt	2040	
gctgg	tcaag	ccgcag	gtat	tgcag	tttca	tatcat	atat	tggtt	gataa	gaaataa	2097

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 121

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 698

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína de fusión PirAB TIC11440.

SECUENCIA SEQ ID No: 121

Met	Ile	Thr	Ile	Asn	Ile	Ser	Gly	Gly	Ser	Ile	Lys	Ile	Ser	Asn	Asn
1				5					10					15	

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

Ser	Ile	Ser	Asn	Tyr	Lys	Asp	Met	Thr	Ile	Glu	Pro	His	Ser	Ser	Ile
		35					40					45			

Gln Ala Thr Arg Thr Asp Thr Pro Ile Ile Pro Glu Thr Arg Pro Asn
50 55 60

Tyr Tyr Val Ala Asn Ser Gly Pro Ala Ala Ser Val Arg Ala Val Phe
65 70 75 80

Tyr Trp Ser His Ser Phe Thr Ser Glu Trp Phe Glu His Ser Ser Ile
85 90 95

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

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

Phe Val Thr Gly Tyr Asp Lys Met Ile Thr Ile Asn Ile Ser Gly Gly
130 135 140

Ser Ile Lys Ile Ser Asn Asn Ile Gly Ser Glu Thr Asp Ile Lys Asn
145 150 155 160

Thr Pro Phe Ser Glu Pro Leu Ser Ile Ser Asn Tyr Lys Asp Met Thr
165 170 175

Ile Glu Pro His Ser Ser Ile Gln Ala Thr Arg Thr Asp Thr Pro Ile
180 185 190

Ile Pro Glu Thr Arg Pro Asn Tyr Tyr Val Ala Asn Ser Gly Pro Ala
195 200 205

Ala Ser Val Arg Ala Val Phe Tyr Trp Ser His Ser Phe Thr Ser Glu
210 215 220

Trp Phe Glu His Ser Ser Ile Ile Val Lys Ala Gly Glu Asp Gly Ile
225 230 235 240

Leu Asn Ser Pro Ser Asn Ser Val Tyr Tyr Ser Lys Val Val Ile Tyr
245 250 255

Asn Asp Thr Asp Lys Arg Ala Phe Val Thr Gly Tyr Asp Lys Met Asn
260 265 270

Asn Glu Leu Met Asn Thr Asn Glu Ser Gln Pro Ser Glu Thr Leu Ser
275 280 285

Leu Ile Asn Glu Ser Ile Leu Thr Ala Pro Tyr Ala Val Ser Thr Pro
290 295 300

Asn Tyr Glu Trp Asp Met Ser Ser Ile Ile Lys Asp Ala Ile Ile Gly
305 310 315 320

Gly Ile Gly Phe Ile Pro Gly Pro Gly Ser Ala Ile Ser Phe Leu Leu
325 330 335

Gly Leu Phe Trp Pro Gln Gln Thr Asp Asn Thr Trp Glu Gln Ile Leu
340 345 350

Gln Lys Val Glu Gln Met Ile Glu Glu Ala Asn Leu Lys Thr Ile Gln
355 360 365

Gly Ile Leu Asn Gly Asp Ile Gln Glu Ile Lys Gly Lys Met Glu His
370 375 380

Val Glu Tyr Met Leu Glu Thr Ser Pro Gly Thr Gln Glu Ser His Asp
385 390 395 400

Ala Tyr Met Phe Leu Ala Arg Tyr Leu Val Ser Ile Asp Glu Lys Phe
405 410 415

Lys Ser Phe Asp Asn Lys Thr Asn Tyr Gln Ile Leu Pro Met Tyr Thr
420 425 430

Asn Thr Leu Met Leu Gln Ala Pro Tyr Trp Lys Met Gly Ile Glu Lys
435 440 445

Lys Asn Asp Ile Leu Leu Thr Asp Ile Glu Val Asn Glu Leu Lys Gln
450 455 460

Leu Ile Glu Asn Leu Tyr Ala Lys Ala Asn Ser Tyr Ile His Glu Val
465 470 475 480

Tyr Thr Arg Glu Tyr Asp Asn Ala Val Asn Thr Ser Thr Ala Thr Thr
485 490 495

Ile Thr Asn Asn Leu Leu Ser Val Arg Gly Tyr Cys Leu Leu His Gly
500 505 510

Leu Glu Cys Leu Glu Val Leu Asp His Ile Gln Asn Asn Asn Leu Asp
515 520 525

Gln Ser Phe Tyr Pro Lys Thr Ile Ser Tyr Ser Thr Val Phe Asp Arg
530 535 540

Ser Thr Asn Lys Thr Arg Leu Gln Ala Leu Thr Glu Asp Glu Gln Met
545 550 555 560

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

Lys Ser Leu Ile Gly Tyr Val Gln Arg Ile Gly Asn Ala Pro Arg Val
580 585 590

Gly Gly Ile Lys Ile Thr Phe Thr Asn Gly Ser Ser His Thr Leu Gly
595 600 605

Thr Val Thr Ser Glu Ser Asn Ser Ile Glu Leu Asn Asp Ser Val Ile
610 615 620

Thr Ser Val Glu Val Trp Gly Asn Gly Ala Val Asp Glu Ala Phe Phe
625 630 635 640

Thr Leu Ser Asp Gly Arg Gln Phe Arg Leu Gly Gln Arg Tyr Ala Ser
645 650 655

Asn Tyr Arg Lys Tyr Ala Val Asp Gly His Tyr Ile Ser Gly Leu Tyr
660 665 670

Leu Ala Ser Asp Glu Pro Ser Leu Ala Gly Gln Ala Ala Gly Ile Ala
675 680 685

Val Ser Tyr His Ile Leu Val Asp Lys Lys
690 695

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 122

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 2124

II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácido nucleico que codifica una proteína de fusión PirAB, TIC11441

compuesta por las secuencias de codificación de TIC7575, TIC7575, y TIC7576

en enlace operativo y en marco.

SECUENCIA SEQ ID No: 122

atgaatacaa tcaatataaa tataagtggc agtaccgtta cagtcataag caataacgat	60
tccaatccag aaccattaac ttataatata aacacaccag catcagaccc tcttacagcc	120
agtccttata gggatatgac aatagagcca cactcttcta ttgaagcaac aagaaccgat	180
acaccgatta ttcccgaaac tcgtcccaat tactatgtag ccaattctgg ccccgcatca	240
tcagttaggg ctgtttttta ttggtctcat tctttcacat cagaatgggt cgaatattcc	300
tctatcatag tgaaagccgg gaaagacgga atattacaat caccgaataa cgctttatat	360
tacagtaaag ttgtcattta taacgatacc gataaacgtg cctttgttac cggatataat	420
aagatgaaca ctataaacat caacatttcc ggaagcacgg taacggtgat ttctaacaat	480
gattcaaacc ctgagccatt aacatataac actaatacgc ctgcgagtga tccactaaca	540
gccagtccgt atagagatat gactatagag cctcattctt ctattgaggc aacgagaaca	600
gatacaccaa ttattccaga aactcgtccg aattactatg tcgccaattc tgggtccagca	660
tcatcagtta gggctgtatt ctattggtct cattcattca catcagagtg gttcgaatat	720
tcatctatca tagtgaaagc aggcaaggac ggtatactac aaagcccaaa taacgcatta	780
tattactcga aggttggtcat ttacaatgat acggataaga gagctttcgt tactggatat	840
aacaaaatga atatctcacc gattaatgta tctgaaaatg aaacattacc tgaactcact	900
gatgttatgc ttattgtgcc ttatacaaca tctacccttg attatgaatg ggatatgtca	960
tcaattataa aggatgcatg tattggcggc gtaggggttta ttccaggagc aggcctctgca	1020

atgtccttcc tattgggact attttggcct caacagaaag ataatacatg ggaacagatc	1080
ctccaaaaag tagaacagat gatagagaat gccgttctgc aaactattaa aggaatactt	1140
aatggagata tacaagaaat caaggggaaa atggaacatg tgcaatacat gctggaaacc	1200
tcgcctggca gtcaggaaaag tcatgacgca tatatgttcc tggctagata cctgggtgagt	1260
atagatgaaa aattcaagtc ttttgataat aaaacaaact accagatcct gccgatgtac	1320
actaacacgg ttatgtttaca aatcccttat tggaaaatgg gaatagagaa gaaaaatgat	1380
attgggctga cagatattga agtcaatgag ttaaaacagc ttatcgataa attgggtcgac	1440
aaggccaaga gttacatcca tacgatgtat acgaatgaat ataatgatgc cataaataca	1500
tcaacagcat cgagtgtcac taataattta ctctctgtaa gaggatattg tttattacac	1560
ggtttagagt gtattgagtt aattgaacat ctacaaaaca atagcctcga aagtgggtttt	1620
tatcctaaaa ctatcagtta ttcaactgta tttgatcgtc agactaaca aatgagaatt	1680
caggctctta cagaagacga tcaaatgcag gaacccttta agccatcttt aatcaacggc	1740
aaatacaata aaatacaatc cttgcttggga tatgtacaaa gaattggaaa tgcacctaga	1800
gtggggggta ttaaaatcac ctttgccaac ggttcatcct atacacttgg cacagtaaca	1860
tcagaaacga gttcaattga actcaatgat agtgttatcg aaagattgga agtatggggc	1920
aatggcgctg ttgatgaggc attatttacg ttaagtgatg ggcgtcaact cagagtcggt	1980
gagcgctacg cgacaaaata tagaaaatat gctgttgatg gacactatat tgcaggactg	2040
tacttagcta gcgatgaacc ttcacttgct ggtcaagccg caggtattgc cgtttcatac	2100
catatgttgg atgataaaaa ataa	2124

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 123

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 707

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína de fusión PirAB TIC11441 f.

SECUENCIA SEQ ID No: 123

Met Asn Thr Ile Asn Ile Asn Ile Ser Gly Ser Thr Val Thr Val Ile
1 5 10 15

Ser Asn Asn Asp Ser Asn Pro Glu Pro Leu Thr Tyr Asn Thr Asn Thr
20 25 30

Pro Ala Ser Asp Pro Leu Thr Ala Ser Pro Tyr Arg Asp Met Thr Ile
35 40 45

Glu Pro His Ser Ser Ile Glu Ala Thr Arg Thr Asp Thr Pro Ile Ile
50 55 60

Pro Glu Thr Arg Pro Asn Tyr Tyr Val Ala Asn Ser Gly Pro Ala Ser
65 70 75 80

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

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

Gln Ser Pro Asn Asn Ala Leu Tyr Tyr Ser Lys Val Val Ile Tyr Asn
115 120 125

Asp Thr Asp Lys Arg Ala Phe Val Thr Gly Tyr Asn Lys Met Asn Thr
130 135 140

Ile Asn Ile Asn Ile Ser Gly Ser Thr Val Thr Val Ile Ser Asn Asn
145 150 155 160

Asp Ser Asn Pro Glu Pro Leu Thr Tyr Asn Thr Asn Thr Pro Ala Ser
165 170 175

Asp Pro Leu Thr Ala Ser Pro Tyr Arg Asp Met Thr Ile Glu Pro His
180 185 190

Ser Ser Ile Glu Ala Thr Arg Thr Asp Thr Pro Ile Ile Pro Glu Thr
195 200 205

Arg Pro Asn Tyr Tyr Val Ala Asn Ser Gly Pro Ala Ser Ser Val Arg

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

Asn Tyr Gln Ile Leu Pro Met Tyr Thr Asn Thr Val Met Leu Gln Ile
435 440 445

Pro Tyr Trp Lys Met Gly Ile Glu Lys Lys Asn Asp Ile Gly Leu Thr
450 455 460

Asp Ile Glu Val Asn Glu Leu Lys Gln Leu Ile Asp Lys Leu Val Asp
465 470 475 480

Lys Ala Lys Ser Tyr Ile His Thr Met Tyr Thr Asn Glu Tyr Asn Asp
485 490 495

Ala Ile Asn Thr Ser Thr Ala Ser Ser Val Thr Asn Asn Leu Leu Ser
500 505 510

Val Arg Gly Tyr Cys Leu Leu His Gly Leu Glu Cys Ile Glu Leu Ile
515 520 525

Glu His Leu Gln Asn Asn Ser Leu Glu Ser Gly Phe Tyr Pro Lys Thr
530 535 540

Ile Ser Tyr Ser Thr Val Phe Asp Arg Gln Thr Asn Lys Met Arg Ile
545 550 555 560

Gln Ala Leu Thr Glu Asp Asp Gln Met Gln Glu Pro Phe Lys Pro Ser
565 570 575

Leu Ile Asn Gly Lys Tyr Asn Lys Ile Gln Ser Leu Leu Gly Tyr Val
580 585 590

Gln Arg Ile Gly Asn Ala Pro Arg Val Gly Gly Ile Lys Ile Thr Phe
595 600 605

Ala Asn Gly Ser Ser Tyr Thr Leu Gly Thr Val Thr Ser Glu Thr Ser
610 615 620

Ser Ile Glu Leu Asn Asp Ser Val Ile Glu Arg Leu Glu Val Trp Gly
625 630 635 640

Asn Gly Ala Val Asp Glu Ala Leu Phe Thr Leu Ser Asp Gly Arg Gln

645

650

655

Leu Arg Val Gly Glu Arg Tyr Ala Thr Lys Tyr Arg Lys Tyr Ala Val
660 665 670

Asp Gly His Tyr Ile Ala Gly Leu Tyr Leu Ala Ser Asp Glu Pro Ser
675 680 685

Leu Ala Gly Gln Ala Ala Gly Ile Ala Val Ser Tyr His Met Leu Asp
690 695 700

Asp Lys Lys
705

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 124

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 2115

II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácido nucleico que codifica una proteína de fusión PirAB, TIC11442

compuesta por las secuencias de codificación de TIC7575, TIC4771, y TIC4472

en enlace operativo y en marco.

SECUENCIA SEQ ID No: 124

atgaatacaa tcaatataaa tataagtggc agtaccgtta cagtcataag caataacgat	60
tccaatccag aaccattaac ttataatata aacacaccag catcagaccc tcttacagcc	120
agtccttata gggatatgac aatagagcca cactcttcta ttgaagcaac aagaaccgat	180
acaccgatta ttcccgaaac tcgtcccaat tactatgtag ccaattctgg ccccgcatca	240
tcagttaggg ctgtttttta ttggtctcat tctttcacat cagaatgggt cgaatattcc	300
tctatcatag tgaaagccgg gaaagacgga atattacaat caccgaataa cgctttatat	360
tacagtaaag ttgtcattta taacgatacc gataaacgtg cctttgttac cggatataat	420
aagatgatta caataaatat aagtgggtgg agtataaaaa ttagtaacaa cataggatca	480
gaaactgata tcaaaaatac acctttttca gaacctcttt caattagtaa ttataaggat	540

atgacaatag agccacattc gtctatccaa gcaacaagaa ctgatacacc aattattcct	600
gaaacacgac caaattatta tgtagctaat tccggccctg cgcacacagt gagagctggt	660
ttttattggt ctcatctttt tacatcagaa tggttcgaac attcatctat cattgtaaaa	720
gcaggagaag atggaatatt gaactcacct agcaattctg tatattacag taaggttgtc	780
atttacaacg atacggataa acgggccttt gtcacagggt atgacaaaat gaataacgaa	840
cttatgaaca caaatgaatc acaaccttca gagacattat ctttaattaa tgaatctata	900
ttaacagcac cttatgccgt ttctaccctt aattatgaat gggatatgtc atcaataata	960
aaagatgcca ttattggagg tataggattt attcccgggc cgggttcagc aatatcgttt	1020
ttgctagggc tattttggcc gcaacaaaca gacaatacct gggagcaaat tctccaaaaa	1080
gtagaacaga tgatagagga agcgaattta aaaactattc aaggaatact gaacggagat	1140
atacaagaaa taaaaggaaa gatggaacat gtggaatata tgctagaaac ctcaccaggc	1200
actcaagaaa gccatgacgc atatatgttc ttagcgagat atctggtaag tatagatgaa	1260
aaattcaaat cttttgataa taaaacaaat tatcaaattc ttccaatgta caccaatacg	1320
cttatgttac aggcacctta ctggaaaatg ggtatagaga agaaaaatga tattttgcta	1380
acagatatag aagttaatga attaaaacag cttatcgaaa atctatatgc caaggccaat	1440
agctatattc atgaagtgtg taccctgtgaa tacgataatg cggtaaatac ctcaacagca	1500
acaacgatta ccaataatth attgtctgtg agagggtatt gtttattaca tggattagag	1560
tgcttgaag tccttgatca tatacaaaat aataatcttg atcagagctt ctatccgaaa	1620
actatcagtt attctactgt atttgatcgc tcaacaaaca aaacaagact ccaggctctt	1680
accgaagacg agcaaatgga agaaccactc aaaccctctt ttattaatgg ggaatataat	1740
aaaataaaat cactgattgg atatgtacag agaattggaa acgcccctag agttggaggt	1800
ataaaaatta catttactaa tggatcatct catactctgg gtacagtgac ctcagaatca	1860
aactcaattg aactaaatga tagtggtata accagtgtgg aagtatgggg aaatgggtgct	1920
gttgatgagg cattctttac attaagtacg ggtcgtcaat ttaggcttgg tcaacgctat	1980
gccagtaact acagaaaata tgctgttgat ggccactata tttcaggatt gtacttagcc	2040
agtgatgagc cttcacttgc tgggtcaagcc gcagggtattg cagtttcata tcatatattg	2100
gttgataaga aataa	2115

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 125
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 704
II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:
OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína de fusión
PirAB TIC11442.

SECUENCIA SEQ ID No: 125

Met Asn Thr Ile Asn Ile Asn Ile Ser Gly Ser Thr Val Thr Val Ile
1 5 10 15

Ser Asn Asn Asp Ser Asn Pro Glu Pro Leu Thr Tyr Asn Thr Asn Thr
20 25 30

Pro Ala Ser Asp Pro Leu Thr Ala Ser Pro Tyr Arg Asp Met Thr Ile
35 40 45

Glu Pro His Ser Ser Ile Glu Ala Thr Arg Thr Asp Thr Pro Ile Ile
50 55 60

Pro Glu Thr Arg Pro Asn Tyr Tyr Val Ala Asn Ser Gly Pro Ala Ser
65 70 75 80

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

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

Gln Ser Pro Asn Asn Ala Leu Tyr Tyr Ser Lys Val Val Ile Tyr Asn
115 120 125

Asp Thr Asp Lys Arg Ala Phe Val Thr Gly Tyr Asn Lys Met Ile Thr
130 135 140

Ile Asn Ile Ser Gly Gly Ser Ile Lys Ile Ser Asn Asn Ile Gly Ser
145 150 155 160

Glu Thr Asp Ile Lys Asn Thr Pro Phe Ser Glu Pro Leu Ser Ile Ser
165 170 175

Asn Tyr Lys Asp Met Thr Ile Glu Pro His Ser Ser Ile Gln Ala Thr
180 185 190

Arg Thr Asp Thr Pro Ile Ile Pro Glu Thr Arg Pro Asn Tyr Tyr Val
195 200 205

Ala Asn Ser Gly Pro Ala Ala Ser Val Arg Ala Val Phe Tyr Trp Ser
210 215 220

His Ser Phe Thr Ser Glu Trp Phe Glu His Ser Ser Ile Ile Val Lys
225 230 235 240

Ala Gly Glu Asp Gly Ile Leu Asn Ser Pro Ser Asn Ser Val Tyr Tyr
245 250 255

Ser Lys Val Val Ile Tyr Asn Asp Thr Asp Lys Arg Ala Phe Val Thr
260 265 270

Gly Tyr Asp Lys Met Asn Asn Glu Leu Met Asn Thr Asn Glu Ser Gln
275 280 285

Pro Ser Glu Thr Leu Ser Leu Ile Asn Glu Ser Ile Leu Thr Ala Pro
290 295 300

Tyr Ala Val Ser Thr Pro Asn Tyr Glu Trp Asp Met Ser Ser Ile Ile
305 310 315 320

Lys Asp Ala Ile Ile Gly Gly Ile Gly Phe Ile Pro Gly Pro Gly Ser
325 330 335

Ala Ile Ser Phe Leu Leu Gly Leu Phe Trp Pro Gln Gln Thr Asp Asn
340 345 350

Thr Trp Glu Gln Ile Leu Gln Lys Val Glu Gln Met Ile Glu Glu Ala
355 360 365

Asn Leu Lys Thr Ile Gln Gly Ile Leu Asn Gly Asp Ile Gln Glu Ile
370 375 380

Lys Gly Lys Met Glu His Val Glu Tyr Met Leu Glu Thr Ser Pro Gly
385 390 395 400

Thr Gln Glu Ser His Asp Ala Tyr Met Phe Leu Ala Arg Tyr Leu Val
405 410 415

Ser Ile Asp Glu Lys Phe Lys Ser Phe Asp Asn Lys Thr Asn Tyr Gln
420 425 430

Ile Leu Pro Met Tyr Thr Asn Thr Leu Met Leu Gln Ala Pro Tyr Trp
435 440 445

Lys Met Gly Ile Glu Lys Lys Asn Asp Ile Leu Leu Thr Asp Ile Glu
450 455 460

Val Asn Glu Leu Lys Gln Leu Ile Glu Asn Leu Tyr Ala Lys Ala Asn
465 470 475 480

Ser Tyr Ile His Glu Val Tyr Thr Arg Glu Tyr Asp Asn Ala Val Asn
485 490 495

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

Tyr Cys Leu Leu His Gly Leu Glu Cys Leu Glu Val Leu Asp His Ile
515 520 525

Gln Asn Asn Asn Leu Asp Gln Ser Phe Tyr Pro Lys Thr Ile Ser Tyr
530 535 540

Ser Thr Val Phe Asp Arg Ser Thr Asn Lys Thr Arg Leu Gln Ala Leu
545 550 555 560

Thr Glu Asp Glu Gln Met Glu Glu Pro Leu Lys Pro Ser Phe Ile Asn
565 570 575

Gly Glu Tyr Asn Lys Ile Lys Ser Leu Ile Gly Tyr Val Gln Arg Ile
580 585 590

Gly Asn Ala Pro Arg Val Gly Gly Ile Lys Ile Thr Phe Thr Asn Gly
595 600 605

Ser Ser His Thr Leu Gly Thr Val Thr Ser Glu Ser Asn Ser Ile Glu
610 615 620

Leu Asn Asp Ser Val Ile Thr Ser Val Glu Val Trp Gly Asn Gly Ala
625 630 635 640

Val Asp Glu Ala Phe Phe Thr Leu Ser Asp Gly Arg Gln Phe Arg Leu
645 650 655

Gly Gln Arg Tyr Ala Ser Asn Tyr Arg Lys Tyr Ala Val Asp Gly His
660 665 670

Tyr Ile Ser Gly Leu Tyr Leu Ala Ser Asp Glu Pro Ser Leu Ala Gly
675 680 685

Gln Ala Ala Gly Ile Ala Val Ser Tyr His Ile Leu Val Asp Lys Lys
690 695 700

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 126
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 2124
II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:
OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácido nucleico que codifica una
proteína de fusión PirAB, TIC11443
compuesta por las secuencias de codificación de TIC7660, TIC7575, y
TIC7576
en enlace operativo y en marco.

SECUENCIA SEQ ID No: 126
atgatcaciaa taaatataaa tgtaaaccggc aatgatgtta caggtacaaa taataatgaa 60
cctactccag tatcgacaac ttacgggtcca aatacaccag catcagaacc cctgttagtc 120
agtaattata gtgatataac aatagaaccg cattcttctg tgcaggcaac aagaattgat 180
acgcctgtta ttctgaagc acgccccgat tactatgttag ccaactccgg cctgcacca 240

tcagttaggg	ctgtttttta	ttggtctcat	tctttcacat	cagaatgggt	cgaatcttcc	300
tctatcacag	tgaaagcagg	agaggacgga	atattaaaag	cacctggtaa	ctctttatat	360
tacagcaaag	tcgtcattta	taatgatacg	gataaacgag	cctttgttac	tggatataat	420
aaaatgaata	caatcaatat	aaatataagt	ggcagtaccg	ttacagtcac	aagcaataac	480
gattccaatc	cagaaccatt	aacttataat	acaaacacac	cagcatcaga	ccctcttaca	540
gccagtcctt	atagggatat	gacaatagag	ccacactctt	ctattgaagc	aacaagaacc	600
gatacaccga	ttattcccga	aactcgtccc	aattactatg	tagccaattc	tggccccgca	660
tcatcagtta	gggctgtttt	ttattgggtc	cattctttca	catcagaatg	gttcgaatat	720
tcctctatca	tagtgaaagc	cgggaaagac	ggaatattac	aatcaccgaa	taacgcttta	780
tattacagta	aagttgtcat	ttataacgat	accgataaac	gtgcctttgt	taccggatat	840
aataagatga	atatctcacc	gattaatgta	tctgaaaatg	aaacattacc	tgaactcact	900
gatgttatgc	ttattgtgcc	ttatacaaca	tctacccttg	attatgaatg	ggatatgtca	960
tcaattataa	aggatgcat	tattggcggc	gtagggttta	ttccaggagc	aggctctgca	1020
atgtccttcc	tattgggact	atthttggcct	caacagaaag	ataatacatg	ggaacagatc	1080
ctccaaaaag	tagaacagat	gatagagaat	gccgttctgc	aaactattaa	aggaataactt	1140
aatggagata	tacaagaaat	caaggggaaa	atggaacatg	tgcaatacat	gctggaaacc	1200
tcgcctggca	gtcaggaaaag	tcatgacgca	tatatgttcc	tggctagata	cctgggtgagt	1260
atagatgaaa	aattcaagtc	ttttgataat	aaaacaaact	accagatcct	gccgatgtac	1320
actaacacgg	ttatgtttaca	aatcccttat	tggaaaatgg	gaatagagaa	gaaaaatgat	1380
attgggctga	cagatattga	agtcaatgag	ttaaaacagc	ttatcgataa	attgggtcgac	1440
aaggccaaga	gttacatcca	tacgatgtat	acgaatgaat	ataatgatgc	cataaataca	1500
tcaacagcat	cgagtgtcac	taataattta	ctctctgtaa	gaggatattg	tttattacac	1560
ggtttagagt	gtattgagtt	aattgaacat	ctacaaaaca	atagcctcga	aagtgggtttt	1620
tatcctaaaa	ctatcagtta	ttcaactgta	tttgatcgtc	agactaacia	aatgagaatt	1680
caggctctta	cagaagacga	tcaaatgcag	gaacccttta	agccatcttt	aatcaacggc	1740
aaatacaata	aaatacaatc	cttgcttgga	tatgtacaaa	gaattggaaa	tgcacctaga	1800
gtggggggta	ttaaaatcac	ctttgccaac	ggttcatcct	atacacttgg	cacagtaaca	1860

tcagaaacga gttcaattga actcaatgat agtggttatcg aaagattgga agtatggggc	1920
aatggcgctg ttgatgaggc attattttacg ttaagtgatg ggcgtcaact cagagtcggt	1980
gagcgctacg cgacaaaata tagaaaatat gctgttgatg gacactatat tgcaggactg	2040
tacttagcta gcgatgaacc ttcacttgct ggtcaagccg caggtattgc cgtttcatac	2100
catatgttgg atgataaaaa ataa	2124

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 127

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 707

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína de fusión PirAB TIC11443.

SECUENCIA SEQ ID No: 127

Met	Ile	Thr	Ile	Asn	Ile	Asn	Val	Asn	Gly	Asn	Asp	Val	Thr	Gly	Thr
1				5					10					15	

Asn	Asn	Asn	Glu	Pro	Thr	Pro	Val	Ser	Thr	Thr	Tyr	Gly	Pro	Asn	Thr
			20					25					30		

Pro	Ala	Ser	Glu	Pro	Pro	Val	Val	Ser	Asn	Tyr	Ser	Asp	Ile	Thr	Ile
		35					40					45			

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

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

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

Phe	Glu	Ser	Ser	Ser	Ile	Thr	Val	Lys	Ala	Gly	Glu	Asp	Gly	Ile	Leu
			100					105					110		

Lys Ala Pro Gly Asn Ser Leu Tyr Tyr Ser Lys Val Val Ile Tyr Asn
115 120 125

Asp Thr Asp Lys Arg Ala Phe Val Thr Gly Tyr Asn Lys Met Asn Thr
130 135 140

Ile Asn Ile Asn Ile Ser Gly Ser Thr Val Thr Val Ile Ser Asn Asn
145 150 155 160

Asp Ser Asn Pro Glu Pro Leu Thr Tyr Asn Thr Asn Thr Pro Ala Ser
165 170 175

Asp Pro Leu Thr Ala Ser Pro Tyr Arg Asp Met Thr Ile Glu Pro His
180 185 190

Ser Ser Ile Glu Ala Thr Arg Thr Asp Thr Pro Ile Ile Pro Glu Thr
195 200 205

Arg Pro Asn Tyr Tyr Val Ala Asn Ser Gly Pro Ala Ser Ser Val Arg
210 215 220

Ala Val Phe Tyr Trp Ser His Ser Phe Thr Ser Glu Trp Phe Glu Tyr
225 230 235 240

Ser Ser Ile Ile Val Lys Ala Gly Lys Asp Gly Ile Leu Gln Ser Pro
245 250 255

Asn Asn Ala Leu Tyr Tyr Ser Lys Val Val Ile Tyr Asn Asp Thr Asp
260 265 270

Lys Arg Ala Phe Val Thr Gly Tyr Asn Lys Met Asn Ile Ser Pro Ile
275 280 285

Asn Val Ser Glu Asn Glu Thr Leu Pro Glu Leu Thr Asp Val Met Leu
290 295 300

Ile Val Pro Tyr Thr Thr Ser Thr Pro Asp Tyr Glu Trp Asp Met Ser
305 310 315 320

Ser Ile Ile Lys Asp Ala Ile Ile Gly Gly Val Gly Phe Ile Pro Gly

325

330

335

Ala Gly Ser Ala Met Ser Phe Leu Leu Gly Leu Phe Trp Pro Gln Gln
 340 345 350

Lys Asp Asn Thr Trp Glu Gln Ile Leu Gln Lys Val Glu Gln Met Ile
 355 360 365

Glu Asn Ala Val Leu Gln Thr Ile Lys Gly Ile Leu Asn Gly Asp Ile
 370 375 380

Gln Glu Ile Lys Gly Lys Met Glu His Val Gln Tyr Met Leu Glu Thr
 385 390 395 400

Ser Pro Gly Ser Gln Glu Ser His Asp Ala Tyr Met Phe Leu Ala Arg
 405 410 415

Tyr Leu Val Ser Ile Asp Glu Lys Phe Lys Ser Phe Asp Asn Lys Thr
 420 425 430

Asn Tyr Gln Ile Leu Pro Met Tyr Thr Asn Thr Val Met Leu Gln Ile
 435 440 445

Pro Tyr Trp Lys Met Gly Ile Glu Lys Lys Asn Asp Ile Gly Leu Thr
 450 455 460

Asp Ile Glu Val Asn Glu Leu Lys Gln Leu Ile Asp Lys Leu Val Asp
 465 470 475 480

Lys Ala Lys Ser Tyr Ile His Thr Met Tyr Thr Asn Glu Tyr Asn Asp
 485 490 495

Ala Ile Asn Thr Ser Thr Ala Ser Ser Val Thr Asn Asn Leu Leu Ser
 500 505 510

Val Arg Gly Tyr Cys Leu Leu His Gly Leu Glu Cys Ile Glu Leu Ile
 515 520 525

Glu His Leu Gln Asn Asn Ser Leu Glu Ser Gly Phe Tyr Pro Lys Thr
 530 535 540

Ile Ser Tyr Ser Thr Val Phe Asp Arg Gln Thr Asn Lys Met Arg Ile
545 550 555 560

Gln Ala Leu Thr Glu Asp Asp Gln Met Gln Glu Pro Phe Lys Pro Ser
565 570 575

Leu Ile Asn Gly Lys Tyr Asn Lys Ile Gln Ser Leu Leu Gly Tyr Val
580 585 590

Gln Arg Ile Gly Asn Ala Pro Arg Val Gly Gly Ile Lys Ile Thr Phe
595 600 605

Ala Asn Gly Ser Ser Tyr Thr Leu Gly Thr Val Thr Ser Glu Thr Ser
610 615 620

Ser Ile Glu Leu Asn Asp Ser Val Ile Glu Arg Leu Glu Val Trp Gly
625 630 635 640

Asn Gly Ala Val Asp Glu Ala Leu Phe Thr Leu Ser Asp Gly Arg Gln
645 650 655

Leu Arg Val Gly Glu Arg Tyr Ala Thr Lys Tyr Arg Lys Tyr Ala Val
660 665 670

Asp Gly His Tyr Ile Ala Gly Leu Tyr Leu Ala Ser Asp Glu Pro Ser
675 680 685

Leu Ala Gly Gln Ala Ala Gly Ile Ala Val Ser Tyr His Met Leu Asp
690 695 700

Asp Lys Lys
705

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 128
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 2124
II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácido nucleico que codifica una proteína de fusión PirAB, TIC11444
compuesta por las secuencias de codificación de TIC7660 y TIC7576 en enlace operativo y en marco.

SECUENCIA SEQ ID No: 128

atgaatacaa tcaatataaa tataagtggc agtaccgtta cagtcataag caataacgat	60
tccaatccag aaccattaac ttataatata aacacaccag catcagaccc tcttacagcc	120
agtccttata gggatatgac aatagagcca cactcttcta ttgaagcaac aagaaccgat	180
acaccgatta ttcccgaaac tcgtcccaat tactatgtag ccaattctgg ccccgcatca	240
tcagttaggg ctgtttttta ttggtctcat tctttcacat cagaatgggt cgaatattcc	300
tctatcatag tgaaagccgg gaaagacgga atattacaat caccgaataa cgctttatat	360
tacagtaaag ttgtcattta taacgatacc gataaacgtg cctttgttac cggatataat	420
aagatgatca caataaatat aaatgtaaac ggcaatgatg ttacaggtac aaataataat	480
gaacctactc cagtatcgac aacttacggc ccaatacac cagcatcaga accccctgta	540
gtcagtaatt atagtgatat aacaatagaa ccgcattctt ctgtgcaggc aacaagaatt	600
gatacgcttg ttattcctga agcacgcccc gattactatg tagccaactc cggccctgca	660
ccatcagtta gggctgtttt ttattgggtc cattctttca catcagaatg gttcgaatct	720
tcctctatca cagtgaaagc aggagaggac ggaatattaa aagcacctgg taactcttta	780
tattacagca aagtcgtcat ttataatgat acggataaac gagcctttgt tactggatat	840
aataaaatga atactacacc tattactgta tctacaaatg aaacatcgcc tttaatgact	900
gacgtaatgc ccatggatct ttatgcaata tccacacctg attatgaatg ggacatgtcg	960
tcaatcataa aggatgctgt tattggtggc ataggattta ttccagggtcc gggcccggca	1020
atatccttcc tgttagggct attttggcct cagcagaaag acaatacttg ggagcaaatt	1080
ctccagaaag tagagcagat gatagagaat gctgttctac aaactattaa aggaatactt	1140
aatggagaag ttcaagagat caaagggaaa atggaacatg tagaatccat gctgaaaaac	1200
tcgcctggca gtcaggaaag tcatgatgca tatatgttcc tggcgagata tctgggttagt	1260
atagatgaaa aattcaaatc ttttgacaat agaacaaatt accagcttct cccaatgtat	1320
actaacacta ttatgtttaca gatcccttat tggaaaatgg gaataagagaa gaaaaaagat	1380

```

attgggctga cagatatgtga agttaatgaa ttaaaagaac ttatcgataa attgggttgat      1440
aaggccaaaa actatatattca tacgatgtat actaatgaac ataataatgc tgtaaacaca      1500
tcaacagcag agagtgtcac taataattta ttatctgtaa gaggatattg ttattacac      1560
ggtttagaat gtattgagtt aatcgagcat atacagaata atagccttga gagtggtttc      1620
tatacctaaaa ttatcagtta ttcgactgcg ttgatcgtc ctactaaca aatgagaatt      1680
caggctctta cagaagatga tgcaatgcag gagcctttca aaccatcttt aatcaatggg      1740
aaatataata aaatccaatc cttgactgga tatgtacaaa gaattgggaa tgcacctaga      1800
gttggtggta tcagaatcac atttaccac ggctcatctt atacacttgg tacagtgacc      1860
tcagaaacgc attcaattaa gctaaacgat agtgttatcg aaagcttgga agtatggggg      1920
aatggtgctg ttgatgaggc gttatttaag ttaagtgatg ggcgtttatt gcgtattggt      1980
gagcgctacg cgaaaaaata cagaaaatat gctgttgata atcactatat tgcgggggatt      2040
tacttagcca gcgatgagcc ttcacttgct ggtcaagccg caggtattgc cgtttcatat      2100
catatgatgg ctgacaaaaa ataa      2124

```

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 129

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 707

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína de fusión PirAB TIC11444.

SECUENCIA SEQ ID No: 129

```

Met Asn Thr Ile Asn Ile Asn Ile Ser Gly Ser Thr Val Thr Val Ile
1           5           10           15

```

```

Ser Asn Asn Asp Ser Asn Pro Glu Pro Leu Thr Tyr Asn Thr Asn Thr
          20           25           30

```

```

Pro Ala Ser Asp Pro Leu Thr Ala Ser Pro Tyr Arg Asp Met Thr Ile
          35           40           45

```

Glu Pro His Ser Ser Ile Glu Ala Thr Arg Thr Asp Thr Pro Ile Ile
50 55 60

Pro Glu Thr Arg Pro Asn Tyr Tyr Val Ala Asn Ser Gly Pro Ala Ser
65 70 75 80

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

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

Gln Ser Pro Asn Asn Ala Leu Tyr Tyr Ser Lys Val Val Ile Tyr Asn
115 120 125

Asp Thr Asp Lys Arg Ala Phe Val Thr Gly Tyr Asn Lys Met Ile Thr
130 135 140

Ile Asn Ile Asn Val Asn Gly Asn Asp Val Thr Gly Thr Asn Asn Asn
145 150 155 160

Glu Pro Thr Pro Val Ser Thr Thr Tyr Gly Pro Asn Thr Pro Ala Ser
165 170 175

Glu Pro Pro Val Val Ser Asn Tyr Ser Asp Ile Thr Ile Glu Pro His
180 185 190

Ser Ser Val Gln Ala Thr Arg Ile Asp Thr Pro Val Ile Pro Glu Ala
195 200 205

Arg Pro Asp Tyr Tyr Val Ala Asn Ser Gly Pro Ala Pro Ser Val Arg
210 215 220

Ala Val Phe Tyr Trp Ser His Ser Phe Thr Ser Glu Trp Phe Glu Ser
225 230 235 240

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

Gly Asn Ser Leu Tyr Tyr Ser Lys Val Val Ile Tyr Asn Asp Thr Asp
260 265 270

Lys Arg Ala Phe Val Thr Gly Tyr Asn Lys Met Asn Thr Thr Pro Ile
275 280 285

Thr Val Ser Thr Asn Glu Thr Ser Pro Leu Met Thr Asp Val Met Pro
290 295 300

Met Asp Leu Tyr Ala Ile Ser Thr Pro Asp Tyr Glu Trp Asp Met Ser
305 310 315 320

Ser Ile Ile Lys Asp Ala Val Ile Gly Gly Ile Gly Phe Ile Pro Gly
325 330 335

Pro Gly Pro Ala Ile Ser Phe Leu Leu Gly Leu Phe Trp Pro Gln Gln
340 345 350

Lys Asp Asn Thr Trp Glu Gln Ile Leu Gln Lys Val Glu Gln Met Ile
355 360 365

Glu Asn Ala Val Leu Gln Thr Ile Lys Gly Ile Leu Asn Gly Glu Val
370 375 380

Gln Glu Ile Lys Gly Lys Met Glu His Val Glu Ser Met Leu Lys Asn
385 390 395 400

Ser Pro Gly Ser Gln Glu Ser His Asp Ala Tyr Met Phe Leu Ala Arg
405 410 415

Tyr Leu Val Ser Ile Asp Glu Lys Phe Lys Ser Phe Asp Asn Arg Thr
420 425 430

Asn Tyr Gln Leu Leu Pro Met Tyr Thr Asn Thr Ile Met Leu Gln Ile
435 440 445

Pro Tyr Trp Lys Met Gly Ile Glu Lys Lys Lys Asp Ile Gly Leu Thr
450 455 460

Asp Ile Glu Val Asn Glu Leu Lys Glu Leu Ile Asp Lys Leu Val Asp
465 470 475 480

Lys Ala Lys Asn Tyr Ile His Thr Met Tyr Thr Asn Glu His Asn Asn
485 490 495

Ala Val Asn Thr Ser Thr Ala Glu Ser Val Thr Asn Asn Leu Leu Ser
500 505 510

Val Arg Gly Tyr Cys Leu Leu His Gly Leu Glu Cys Ile Glu Leu Ile
515 520 525

Glu His Ile Gln Asn Asn Ser Leu Glu Ser Gly Phe Tyr Pro Lys Ile
530 535 540

Ile Ser Tyr Ser Thr Ala Phe Asp Arg Pro Thr Asn Lys Met Arg Ile
545 550 555 560

Gln Ala Leu Thr Glu Asp Asp Ala Met Gln Glu Pro Phe Lys Pro Ser
565 570 575

Leu Ile Asn Gly Lys Tyr Asn Lys Ile Gln Ser Leu Thr Gly Tyr Val
580 585 590

Gln Arg Ile Gly Asn Ala Pro Arg Val Gly Gly Ile Arg Ile Thr Phe
595 600 605

Thr Asn Gly Ser Ser Tyr Thr Leu Gly Thr Val Thr Ser Glu Thr His
610 615 620

Ser Ile Lys Leu Asn Asp Ser Val Ile Glu Ser Leu Glu Val Trp Gly
625 630 635 640

Asn Gly Ala Val Asp Glu Ala Leu Phe Lys Leu Ser Asp Gly Arg Leu
645 650 655

Leu Arg Ile Gly Glu Arg Tyr Ala Lys Lys Tyr Arg Lys Tyr Ala Val
660 665 670

Asp Asn His Tyr Ile Ala Gly Ile Tyr Leu Ala Ser Asp Glu Pro Ser
675 680 685

Leu Ala Gly Gln Ala Ala Gly Ile Ala Val Ser Tyr His Met Met Ala
690 695 700

Asp Lys Lys
705

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 130
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 2124
II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácido nucleico que codifica una proteína de fusión PirAB, TIC11445
compuesta por las secuencias de codificación de TIC7660, TIC7662, y TIC7663
en enlace operativo y en marco.

SECUENCIA SEQ ID No: 130

atgatcaciaa taaatataaa tgtaaaccggc aatgatgtta caggtacaaa taataatgaa	60
cctactccag tatcgacaac ttacgggtcca aatacaccag catcagaacc ccctgtagtc	120
agtaattata gtgatataac aatagaaccg cattcttctg tgcaggcaac aagaattgat	180
acgcctgtta ttcctgaagc acgccccgat tactatgtag ccaactccgg ccctgcacca	240
tcagttaggg ctgtttttta ttggtctcat tctttcacat cagaatgggt cgaatcttcc	300
tctatcacag tgaaagcagg agaggacgga atattaaaag cacctggtaa ctctttatat	360
tacagcaaag tcgtcattta taatgatacg gataaacgag cctttgttac tggatataat	420
aaaatgagta caatcaatat caatataagt agcagtaccg ttaccgtcat cacgaataac	480
ggagaaaacgc cagtcccact cacttacaat acaaatacac ctgaatcaga acctcttacc	540
gtcaatcctt atagggatat gacaatagag ccacgtctt ctattgaagc aacaaggatt	600
gatacaccga ttattcccga aacacgccct aattattatg tagccaattc aggccccgct	660
tcatcagtta gggccgtttt ttattgggtc cattctttca catcacaatg gttcgaatat	720
tcctctatca tcgtcaaagc cggggaagat ggcataatag aatcaccaag caattcttta	780
tattacagca aagtcgtcat ttataatgat accgataaac gcgcctttgt gacgggatat	840
aataagatga ataccactct gattaatgta tctgaaaaag aaacattgcc tgtacaaact	900
gatatcatgc ttatcgcgcc ttattcagta tcgacccccg attatgaatg ggatatgtcc	960

tcactcatca aggatgccat tattggtggc gtaggggttta ttcccgtcgt aggttccgca	1020
atgtccttcc tgctaggatt attttggccc caacagaaag ataatacttg ggagcaaatt	1080
ctccaaaaag tcgagcagat gatcgagaat gcccagctaa atacgattaa aggaatactt	1140
aatggcgata tacaagagat caaaggaaaa atggagcatg tacaatacat gttggaaacc	1200
tcgccgggca gtcaagaaag tcatgatgcc tatatgttcc tggccagata tctggtgagt	1260
atcgatgaga aatttaagtc ttttgataat aaaacaaact atcaaatttt gccgatgtat	1320
acgaacacgg ttatgttgca gatcccttat tggaaaatgg ggatcgagaa gaaaaatgat	1380
attgggctga ccgatattga agtcaatgag ttaaaacagc ttatcgacac attggttgac	1440
agagccagga actatattca tacgatgtat gaaagagaat atgataatgc catcaacacc	1500
tcaaccgcgg cgagcgtcac taataattta ttgtccgtca gaggatattg cctgttacac	1560
ggtttagagt gtattgaaac cattgaacat ctgcaaaata atagccttaa tagtggtttc	1620
tatcctaaaa ccattagtta ttcaacggta tttgatcgtc ccacgaacaa aacgagaatt	1680
caggctctga ccgaagatga ccaaatgcaa gagcctttca agccagcttt aattggcggt	1740
aagtacaata aaataaaatc attgcttggc tatgtacgaa gaattgggaa tgcccccaga	1800
gtggggggaa ttaaggtcac ctttaccac ggatcatctt atacacttgg cacagtcaca	1860
tcagaaacgg actcaattga gctaaatgag agtggttatcg aaagattaga agtatggggc	1920
aatggtgctg ttgatgaggc attatttacg ttaagcgatg ggcgccaact caggatcggc	1980
gagcgctacg cgaaaaaata cagaaaatat gctgttgatg gacactatat ttcagggctg	2040
tacttagcca gcgatgaacc ttcccttgct ggtcaggccg caggatttgc cgtttcatac	2100
catatgcttg ctgataaaaa ataa	2124

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 131

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 707

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína de fusión PirAB TIC11445.

SECUENCIA SEQ ID No: 131

Met Ile Thr Ile Asn Ile Asn Val Asn Gly Asn Asp Val Thr Gly Thr
1 5 10 15

Asn Asn Asn Glu Pro Thr Pro Val Ser Thr Thr Tyr Gly Pro Asn Thr
20 25 30

Pro Ala Ser Glu Pro Pro Val Val Ser Asn Tyr Ser Asp Ile Thr Ile
35 40 45

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

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

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

Phe Glu Ser Ser Ser Ile Thr Val Lys Ala Gly Glu Asp Gly Ile Leu
100 105 110

Lys Ala Pro Gly Asn Ser Leu Tyr Tyr Ser Lys Val Val Ile Tyr Asn
115 120 125

Asp Thr Asp Lys Arg Ala Phe Val Thr Gly Tyr Asn Lys Met Ser Thr
130 135 140

Ile Asn Ile Asn Ile Ser Ser Ser Thr Val Thr Val Ile Thr Asn Asn
145 150 155 160

Gly Glu Thr Pro Val Pro Leu Thr Tyr Asn Thr Asn Thr Pro Glu Ser
165 170 175

Glu Pro Leu Thr Val Asn Pro Tyr Arg Asp Met Thr Ile Glu Pro Arg
180 185 190

Ser Ser Ile Glu Ala Thr Arg Ile Asp Thr Pro Ile Ile Pro Glu Thr
195 200 205

Arg Pro Asn Tyr Tyr Val Ala Asn Ser Gly Pro Ala Ser Ser Val Arg
210 215 220

Ala Val Phe Tyr Trp Ser His Ser Phe Thr Ser Gln Trp Phe Glu Tyr
225 230 235 240

Ser Ser Ile Ile Val Lys Ala Gly Glu Asp Gly Ile Leu Glu Ser Pro
245 250 255

Ser Asn Ser Leu Tyr Tyr Ser Lys Val Val Ile Tyr Asn Asp Thr Asp
260 265 270

Lys Arg Ala Phe Val Thr Gly Tyr Asn Lys Met Asn Thr Thr Leu Ile
275 280 285

Asn Val Ser Glu Lys Glu Thr Leu Pro Val Gln Thr Asp Ile Met Leu
290 295 300

Ile Ala Pro Tyr Ser Val Ser Thr Pro Asp Tyr Glu Trp Asp Met Ser
305 310 315 320

Ser Leu Ile Lys Asp Ala Ile Ile Gly Gly Val Gly Phe Ile Pro Val
325 330 335

Val Gly Ser Ala Met Ser Phe Leu Leu Gly Leu Phe Trp Pro Gln Gln
340 345 350

Lys Asp Asn Thr Trp Glu Gln Ile Leu Gln Lys Val Glu Gln Met Ile
355 360 365

Glu Asn Ala Gln Leu Asn Thr Ile Lys Gly Ile Leu Asn Gly Asp Ile
370 375 380

Gln Glu Ile Lys Gly Lys Met Glu His Val Gln Tyr Met Leu Glu Thr
385 390 395 400

Ser Pro Gly Ser Gln Glu Ser His Asp Ala Tyr Met Phe Leu Ala Arg
405 410 415

Tyr Leu Val Ser Ile Asp Glu Lys Phe Lys Ser Phe Asp Asn Lys Thr

420

425

430

Asn Tyr Gln Ile Leu Pro Met Tyr Thr Asn Thr Val Met Leu Gln Ile
435 440 445

Pro Tyr Trp Lys Met Gly Ile Glu Lys Lys Asn Asp Ile Gly Leu Thr
450 455 460

Asp Ile Glu Val Asn Glu Leu Lys Gln Leu Ile Asp Thr Leu Val Asp
465 470 475 480

Arg Ala Arg Asn Tyr Ile His Thr Met Tyr Glu Arg Glu Tyr Asp Asn
485 490 495

Ala Ile Asn Thr Ser Thr Ala Ala Ser Val Thr Asn Asn Leu Leu Ser
500 505 510

Val Arg Gly Tyr Cys Leu Leu His Gly Leu Glu Cys Ile Glu Thr Ile
515 520 525

Glu His Leu Gln Asn Asn Ser Leu Asn Ser Gly Phe Tyr Pro Lys Thr
530 535 540

Ile Ser Tyr Ser Thr Val Phe Asp Arg Pro Thr Asn Lys Thr Arg Ile
545 550 555 560

Gln Ala Leu Thr Glu Asp Asp Gln Met Gln Glu Pro Phe Lys Pro Ala
565 570 575

Leu Ile Gly Gly Lys Tyr Asn Lys Ile Lys Ser Leu Leu Gly Tyr Val
580 585 590

Arg Arg Ile Gly Asn Ala Pro Arg Val Gly Gly Ile Lys Val Thr Phe
595 600 605

Thr Asn Gly Ser Ser Tyr Thr Leu Gly Thr Val Thr Ser Glu Thr Asp
610 615 620

Ser Ile Glu Leu Asn Glu Ser Val Ile Glu Arg Leu Glu Val Trp Gly
625 630 635 640

Asn Gly Ala Val Asp Glu Ala Leu Phe Thr Leu Ser Asp Gly Arg Gln
645 650 655

Leu Arg Ile Gly Glu Arg Tyr Ala Lys Lys Tyr Arg Lys Tyr Ala Val
660 665 670

Asp Gly His Tyr Ile Ser Gly Leu Tyr Leu Ala Ser Asp Glu Pro Ser
675 680 685

Leu Ala Gly Gln Ala Ala Gly Ile Ala Val Ser Tyr His Met Leu Ala
690 695 700

Asp Lys Lys
705

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 132
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 2124
II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de aminoácidos que codifica una proteína de fusión, TIC11446
compuesta por las secuencias de codificación de TIC7662, TIC7660, y TIC7661
en enlace operativo y en marco.

SECUENCIA SEQ ID No: 132

atgagtacaa tcaatatcaa tataagtagc agtaccgtta ccgtcatcac gaataacgga	60
gaaacgccag tcccactcac ttacaatata aatacacctg aatcagaacc tcttaccgtc	120
aatccttata gggatatgac aatagagcca cgctcttcta ttgaagcaac aaggattgat	180
acaccgatta ttcccgaaac acgccctaatt tattatgtag ccaattcagg cccggcttca	240
tcagttaggg ccgttttttta ttggtcccat tctttcacat cacaatgggt cgaatattcc	300
tctatcatcg tcaaagccgg ggaagatggc atattagaat caccaagcaa ttctttatat	360
tacagcaaag tcgtcattta taatgatacc gataaacgcg cttttgtgac gggatataat	420
aagatgatca caataaatat aaatgtaaac ggcaatgatg ttacaggtac aaataataat	480

gaacctactc cagtatcgac aacttacggt ccaaatacac cagcatcaga accccctgta	540
gtcagtaatt atagtgatat aacaatagaa ccgcattctt ctgtgcaggc aacaagaatt	600
gatacgcttg ttattcctga agcacgcccc gattactatg tagccaactc cggccctgca	660
ccatcagtta gggctgtttt ttattgggtct cattctttca catcagaatg gttcgaatct	720
tcctctatca cagtgaaagc aggagaggac ggaatattaa aagcacctgg taactcttta	780
tattacagca aagtcgtcat ttataatgat acggataaac gagcctttgt tactggatat	840
aataaaatga atactacacc tattactgta tctacaaatg aaacatcgcc tttaatgact	900
gacgtaatgc ccatggatct ttatgcaata tccacacctg attatgaatg ggacatgtcg	960
tcaatcataa aggatgctgt tattgggtggc ataggattta ttccagggtcc gggcccggca	1020
atataccttc tgtaggggt attttggcct cagcagaaag acaatacttg ggagcaaatt	1080
ctccagaaag tagagcagat gatagagaat gctgttctac aaactattaa aggaatactt	1140
aatggagaag ttcaagagat caaagggaaa atggaacatg tagaatccat gctgaaaaac	1200
tcgcctggca gtcaggaaaag tcatgatgca tatatgttcc tggcgagata tctgggttagt	1260
atagatgaaa aattcaaatac ttttgacaat agaacaaatt accagcttct cccaatgtat	1320
actaacacta ttatgttaca gatcccttat tggaaaatgg gaatagagaa gaaaaaagat	1380
attgggctga cagatattga agttaatgaa ttaaaagaac ttatcgataa attgggttgat	1440
aaggccaaaa actatatcca tacgatgtat actaatgaac ataataatgc tgtaaacaca	1500
tcaacagcag agagtgtcac taataattta ttatctgtaa gaggatattg tttattacac	1560
ggtttagaat gtattgagtt aatcgagcat atacagaata atagccttga gagtgggttc	1620
tatcctaaaa ttatcagtta ttcgactgcg tttgatcgtc ctactaaca aatgagaatt	1680
caggctctta cagaagatga tgcaatgcag gagcctttca aaccatcttt aatcaatggg	1740
aaatataata aaatccaatac cttgactgga tatgtacaaa gaattgggaa tgcacctaga	1800
gttggtggta tcagaatcac atttaccaac ggctcatctt atacacttgg tacagtgacc	1860
tcagaaacgc attcaattaa gctaaacgat agtgttatcg aaagcttggga agtatggggg	1920
aatggtgctg ttgatgaggc gttatttaag ttaagtgatg ggcgtttatt gcgtattggt	1980
gagcgctacg cgaaaaaata cagaaaatat gctgttgata atcactatat tgcgggggatt	2040
tacttagcca gcgatgagcc ttcacttgct ggtcaagccg caggtattgc cgtttcatat	2100

catatgatgg ctgacaaaaa ataa

2124

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 133

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 707

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína de fusión PirAB TIC11446.

SECUENCIA SEQ ID No: 133

Met Ser Thr Ile Asn Ile Asn Ile Ser Ser Ser Thr Val Thr Val Ile
1 5 10 15

Thr Asn Asn Gly Glu Thr Pro Val Pro Leu Thr Tyr Asn Thr Asn Thr
20 25 30

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

Glu Pro Arg Ser Ser Ile Glu Ala Thr Arg Ile Asp Thr Pro Ile Ile
50 55 60

Pro Glu Thr Arg Pro Asn Tyr Tyr Val Ala Asn Ser Gly Pro Ala Ser
65 70 75 80

Ser Val Arg Ala Val Phe Tyr Trp Ser His Ser Phe Thr Ser Gln Trp
85 90 95

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

Glu Ser Pro Ser Asn Ser Leu Tyr Tyr Ser Lys Val Val Ile Tyr Asn
115 120 125

Asp Thr Asp Lys Arg Ala Phe Val Thr Gly Tyr Asn Lys Met Ile Thr
130 135 140

Ile Asn Ile Asn Val Asn Gly Asn Asp Val Thr Gly Thr Asn Asn Asn
145 150 155 160

Glu Pro Thr Pro Val Ser Thr Thr Tyr Gly Pro Asn Thr Pro Ala Ser
165 170 175

Glu Pro Pro Val Val Ser Asn Tyr Ser Asp Ile Thr Ile Glu Pro His
180 185 190

Ser Ser Val Gln Ala Thr Arg Ile Asp Thr Pro Val Ile Pro Glu Ala
195 200 205

Arg Pro Asp Tyr Tyr Val Ala Asn Ser Gly Pro Ala Pro Ser Val Arg
210 215 220

Ala Val Phe Tyr Trp Ser His Ser Phe Thr Ser Glu Trp Phe Glu Ser
225 230 235 240

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

Gly Asn Ser Leu Tyr Tyr Ser Lys Val Val Ile Tyr Asn Asp Thr Asp
260 265 270

Lys Arg Ala Phe Val Thr Gly Tyr Asn Lys Met Asn Thr Thr Pro Ile
275 280 285

Thr Val Ser Thr Asn Glu Thr Ser Pro Leu Met Thr Asp Val Met Pro
290 295 300

Met Asp Leu Tyr Ala Ile Ser Thr Pro Asp Tyr Glu Trp Asp Met Ser
305 310 315 320

Ser Ile Ile Lys Asp Ala Val Ile Gly Gly Ile Gly Phe Ile Pro Gly
325 330 335

Pro Gly Pro Ala Ile Ser Phe Leu Leu Gly Leu Phe Trp Pro Gln Gln
340 345 350

Lys Asp Asn Thr Trp Glu Gln Ile Leu Gln Lys Val Glu Gln Met Ile
355 360 365

Glu Asn Ala Val Leu Gln Thr Ile Lys Gly Ile Leu Asn Gly Glu Val
370 375 380

Gln Glu Ile Lys Gly Lys Met Glu His Val Glu Ser Met Leu Lys Asn
385 390 395 400

Ser Pro Gly Ser Gln Glu Ser His Asp Ala Tyr Met Phe Leu Ala Arg
405 410 415

Tyr Leu Val Ser Ile Asp Glu Lys Phe Lys Ser Phe Asp Asn Arg Thr
420 425 430

Asn Tyr Gln Leu Leu Pro Met Tyr Thr Asn Thr Ile Met Leu Gln Ile
435 440 445

Pro Tyr Trp Lys Met Gly Ile Glu Lys Lys Lys Asp Ile Gly Leu Thr
450 455 460

Asp Ile Glu Val Asn Glu Leu Lys Glu Leu Ile Asp Lys Leu Val Asp
465 470 475 480

Lys Ala Lys Asn Tyr Ile His Thr Met Tyr Thr Asn Glu His Asn Asn
485 490 495

Ala Val Asn Thr Ser Thr Ala Glu Ser Val Thr Asn Asn Leu Leu Ser
500 505 510

Val Arg Gly Tyr Cys Leu Leu His Gly Leu Glu Cys Ile Glu Leu Ile
515 520 525

Glu His Ile Gln Asn Asn Ser Leu Glu Ser Gly Phe Tyr Pro Lys Ile
530 535 540

Ile Ser Tyr Ser Thr Ala Phe Asp Arg Pro Thr Asn Lys Met Arg Ile
545 550 555 560

Gln Ala Leu Thr Glu Asp Asp Ala Met Gln Glu Pro Phe Lys Pro Ser
565 570 575

Leu Ile Asn Gly Lys Tyr Asn Lys Ile Gln Ser Leu Thr Gly Tyr Val
580 585 590

Gln Arg Ile Gly Asn Ala Pro Arg Val Gly Gly Ile Arg Ile Thr Phe
595 600 605

Thr Asn Gly Ser Ser Tyr Thr Leu Gly Thr Val Thr Ser Glu Thr His
610 615 620

Ser Ile Lys Leu Asn Asp Ser Val Ile Glu Ser Leu Glu Val Trp Gly
625 630 635 640

Asn Gly Ala Val Asp Glu Ala Leu Phe Lys Leu Ser Asp Gly Arg Leu
645 650 655

Leu Arg Ile Gly Glu Arg Tyr Ala Lys Lys Tyr Arg Lys Tyr Ala Val
660 665 670

Asp Asn His Tyr Ile Ala Gly Ile Tyr Leu Ala Ser Asp Glu Pro Ser
675 680 685

Leu Ala Gly Gln Ala Ala Gly Ile Ala Val Ser Tyr His Met Met Ala
690 695 700

Asp Lys Lys
705

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 134
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1305
II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Xenorhabdus nematophila*

CARACTERÍSTICA:
NOMBRE/CLAVE: misc_feature
LOCALIZACIÓN: (1)..(1305)
OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácidos nucleicos obtenida de
Xenorhabdus nematophila
cepa MDI-0035777 que codifica una secuencia de proteína PirB
pesticida TIC11505.

SECUENCIA SEQ ID No: 134

atgaataatg aaccgatgaa tactaatgaa tcacaagctt cagagatagt accctcaatg	60
aatgaatcta tattaatga atctatatta gcagcacctt attcaatttc tacaccta	120
tatgaatggg atatgtcatc aataataaaa gatgccatta ttggtggtat aggctttatt	180
cctggtccgg gttcagcaat atcatttttg ttaggggttat tttggccaca acaaaccgac	240
aatacttggg agcaaattct ccaaaaagta gaacaaatga tcgagcaagc caatctcaaa	300
actattcaag gaattattgaa cggcgatata caagaaatta aaggcaaaat ggaacatgtg	360
caattcatgc tagaatcttc acctggcact caagaaagcc atgacgcata catgtttctg	420
gcgagatata tggtcagtat agacgaaaaa ttcaagtctt ttgataacaa aacaaattat	480
caaattcttc ccatgtatac caatacgatt atgttacaag ccccttattg gaaaatgggt	540
atagagagaa aagatgagat aaaactaaca gatatagaag ttaatgaatt aaaagagctg	600
ataggaaaat tatctaccag cgccgataaa tatattcatg atgtctatac tcgtgaatat	660
gataatgcga tgaacacttc aacagcagca aatatcacca ataatttatt atctgtaaga	720
ggctattggt tattacatgg tttagaatgt ctggaagtca ttaaccatat acaaaataat	780
agccttgagc aaagtthtta tcctaaaact atcagctact ccaccgtatt cgatcgccag	840
acaaataaaa caaggggttc agccctgaca gaagacgata aatgcaaga gccattcaag	900
cctgctttaa ttaatgggaa gtacaacaaa ataaaatcat tgattgggta tgtacaaaga	960
atcggaacg caccagagt tggaggcatt aaagtcacat ttgcaaacga tgcatcttat	1020
accctcggtg cagtaacttc agaagtaaac tcaattgaac tgaatgacag cgttataacc	1080
agcctggaag tatggggaaa tggcgctgtt gatgaggcat tctttacatt aagtgcgga	1140
cgtcaattta ggcttggcca acgctatgcc agtaactata gaaaatatgc tgtcgataac	1200
cactatattt caggattgta cttagccagt gatgaacctt cattggcagg ccaagcagca	1260
ggcattgcag tttcatacca tatgatagct gataaaaaat catag	1305

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 135

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 434

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Xenorhabdus nematophila*

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: MISC_FEATURE

LOCALIZACIÓN: (1)..(434)

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína PirB TIC11505.

SECUENCIA SEQ ID No: 135

Met Asn Asn Glu Pro Met Asn Thr Asn Glu Ser Gln Ala Ser Glu Ile
1 5 10 15

Val Pro Ser Met Asn Glu Ser Ile Leu Asn Glu Ser Ile Leu Ala Ala
20 25 30

Pro Tyr Ser Ile Ser Thr Pro Asn Tyr Glu Trp Asp Met Ser Ser Ile
35 40 45

Ile Lys Asp Ala Ile Ile Gly Gly Ile Gly Phe Ile Pro Gly Pro Gly
50 55 60

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

Asn Thr Trp Glu Gln Ile Leu Gln Lys Val Glu Gln Met Ile Glu Gln
85 90 95

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

Ile Lys Gly Lys Met Glu His Val Gln Phe Met Leu Glu Ser Ser Pro
115 120 125

Gly Thr Gln Glu Ser His Asp Ala Tyr Met Phe Leu Ala Arg Tyr Leu
130 135 140

Val Ser Ile Asp Glu Lys Phe Lys Ser Phe Asp Asn Lys Thr Asn Tyr
145 150 155 160

Gln Ile Leu Pro Met Tyr Thr Asn Thr Ile Met Leu Gln Ala Pro Tyr
165 170 175

Trp Lys Met Gly Ile Glu Arg Lys Asp Glu Ile Lys Leu Thr Asp Ile
180 185 190

Glu Val Asn Glu Leu Lys Glu Leu Ile Gly Lys Leu Ser Thr Ser Ala
195 200 205

Asp Lys Tyr Ile His Asp Val Tyr Thr Arg Glu Tyr Asp Asn Ala Met
210 215 220

Asn Thr Ser Thr Ala Ala Asn Ile Thr Asn Asn Leu Leu Ser Val Arg
225 230 235 240

Gly Tyr Cys Leu Leu His Gly Leu Glu Cys Leu Glu Val Ile Asn His
245 250 255

Ile Gln Asn Asn Ser Leu Glu Gln Ser Phe Tyr Pro Lys Thr Ile Ser
260 265 270

Tyr Ser Thr Val Phe Asp Arg Gln Thr Asn Lys Thr Arg Val Gln Ala
275 280 285

Leu Thr Glu Asp Asp Gln Met Gln Glu Pro Phe Lys Pro Ala Leu Ile
290 295 300

Asn Gly Lys Tyr Asn Lys Ile Lys Ser Leu Ile Gly Tyr Val Gln Arg
305 310 315 320

Ile Gly Asn Ala Pro Arg Val Gly Gly Ile Lys Val Thr Phe Ala Asn
325 330 335

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

Glu Leu Asn Asp Ser Val Ile Thr Ser Leu Glu Val Trp Gly Asn Gly
355 360 365

Ala Val Asp Glu Ala Phe Phe Thr Leu Ser Asp Gly Arg Gln Phe Arg
370 375 380

Leu Gly Gln Arg Tyr Ala Ser Asn Tyr Arg Lys Tyr Ala Val Asp Asn
385 390 395 400

His Tyr Ile Ser Gly Leu Tyr Leu Ala Ser Asp Glu Pro Ser Leu Ala
405 410 415

Gly Gln Ala Ala Gly Ile Ala Val Ser Tyr His Met Ile Ala Asp Lys
420 425 430

Lys Ser

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 136

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1731

II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácido nucleico que codifica una proteína de fusión PirAB, TIC11506

compuesta por las secuencias de codificación de TIC10364 y TIC11505 en enlace operativo y en marco.

SECUENCIA SEQ ID No: 136

atgagcataa tcaatataaa tataagtgggt agtagtgaca ttacaatcat aaacaataacc	60
ccatctaacc cagaaccact catttacaat acagacacac ccgcatcaga acctcttacc	120
gtcaatcctt atagggatat gacaatagag ccacactctt ctattgaggc aataagaatt	180
gatacgccaa ttattcccga aaccgcgcc aattattacg tagccaattc tggccccgca	240
tcatacgtta gagccgtttt ttattggtct cactctttca catcagaatg gttcgaatat	300
tctgctatca cagtgaaagc cggggaagac ggcataattac aatcacccag caactctgtg	360
tattacagca aggtcgtcat ttataacgaa accgataaac gcgcctttgt tactggatat	420
aataagatga ataatgaacc gatgaatact aatgaatcac aagcttcaga gatagtaccc	480
tcaatgaatg aatctatatatt aaatgaatct atattagcag caccttattc aatttctaca	540
cctaattatg aatgggatat gtcataata ataaaagatg ccattattgg tggatataggc	600
tttattcctg gtccgggttc agcaatatca tttttgtag ggttattttg gccacaacaa	660
accgacaata cttgggagca aattctccaa aaagtagaac aatgatcga gcaagccaat	720

ctcaaaacta ttcaaggaat attgaacggc gatatacaag aaattaaagg caaaatggaa	780
catgtgcaat tcatgctaga atcctcacct ggcaactcaag aaagccatga cgcatacatg	840
tttctggcga gatatctggt cagtatagac gaaaaattca agtcttttga taacaaaaca	900
aattatcaaa ttcttcccat gtataccaat acgattatgt tacaagcccc ttattggaaa	960
atgggtatag agagaaaaga tgagataaaa ctaacagata tagaagttaa tgaattaa	1020
gagctgatag gaaaattatc taccagcgcc gataaatata ttcattgatg ctatactcgt	1080
gaatatgata atgcatgaa cacttcaaca gcagcaaata tcaccaataa ttattatct	1140
gtaagaggct attgtttatt acatgggtta gaatgtctcg aagtcattaa ccatatacaa	1200
aataatagcc ttgagcaaag tttttatcct aaaactatca gctactccac cgtattcgat	1260
cgccagacaa ataaaacaag ggttcaagcc ctgacagaag acgatcaaat gcaagagcca	1320
ttcaagcctg ctttaattaa tgggaagtac aacaaaataa aatcattgat tgggtatgta	1380
caaagaatcg gaaacgcacc cagagttgga ggcatataag tcacatttgc aaacgatgca	1440
tcttataccc tcggtacagt aacttcagaa gtaaaactcaa ttgaactgaa tgacagcggt	1500
ataaccagcc tggaagtatg gggaaatggc gctgttgatg aggcattctt tacattaagt	1560
gacggacgtc aatttaggct tggccaacgc tatgccagta actatagaaa atatgctgtc	1620
gataaccact atatttcagg attgtactta gccagtgatg aaccttcatt ggcaggccaa	1680
gcagcaggca ttgcagtttc ataccatatg atagctgata aaaaatcata g	1731

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 137

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 576

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína de fusión PirAB TIC11506.

SECUENCIA SEQ ID No: 137

Met	Ser	Ile	Ile	Asn	Ile	Asn	Ile	Ser	Gly	Ser	Ser	Asp	Ile	Thr	Ile
1				5				10					15		

Ile Asn Asn Thr Pro Ser Asn Pro Glu Pro Leu Ile Tyr Asn Thr Asp
20 25 30

Thr Pro Ala Ser Glu Pro Leu Thr Val Asn Pro Tyr Arg Asp Met Thr
35 40 45

Ile Glu Pro His Ser Ser Ile Glu Ala Ile Arg Ile Asp Thr Pro Ile
50 55 60

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

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

Trp Phe Glu Tyr Ser Ala Ile Thr Val Lys Ala Gly Glu Asp Gly Ile
100 105 110

Leu Gln Ser Pro Ser Asn Ser Val Tyr Tyr Ser Lys Val Val Ile Tyr
115 120 125

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

Asn Glu Pro Met Asn Thr Asn Glu Ser Gln Ala Ser Glu Ile Val Pro
145 150 155 160

Ser Met Asn Glu Ser Ile Leu Asn Glu Ser Ile Leu Ala Ala Pro Tyr
165 170 175

Ser Ile Ser Thr Pro Asn Tyr Glu Trp Asp Met Ser Ser Ile Ile Lys
180 185 190

Asp Ala Ile Ile Gly Gly Ile Gly Phe Ile Pro Gly Pro Gly Ser Ala
195 200 205

Ile Ser Phe Leu Leu Gly Leu Phe Trp Pro Gln Gln Thr Asp Asn Thr
210 215 220

Trp Glu Gln Ile Leu Gln Lys Val Glu Gln Met Ile Glu Gln Ala Asn

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

Lys Tyr Asn Lys Ile Lys Ser Leu Ile Gly Tyr Val Gln Arg Ile Gly
450 455 460

Asn Ala Pro Arg Val Gly Gly Ile Lys Val Thr Phe Ala Asn Asp Ala
465 470 475 480

Ser Tyr Thr Leu Gly Thr Val Thr Ser Glu Val Asn Ser Ile Glu Leu
485 490 495

Asn Asp Ser Val Ile Thr Ser Leu Glu Val Trp Gly Asn Gly Ala Val
500 505 510

Asp Glu Ala Phe Phe Thr Leu Ser Asp Gly Arg Gln Phe Arg Leu Gly
515 520 525

Gln Arg Tyr Ala Ser Asn Tyr Arg Lys Tyr Ala Val Asp Asn His Tyr
530 535 540

Ile Ser Gly Leu Tyr Leu Ala Ser Asp Glu Pro Ser Leu Ala Gly Gln
545 550 555 560

Ala Ala Gly Ile Ala Val Ser Tyr His Met Ile Ala Asp Lys Lys Ser
565 570 575

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 138
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1290
II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Xenorhabdus bovienii*

CARACTERÍSTICA:
NOMBRE/CLAVE: misc_feature
LOCALIZACIÓN: (1)..(1290)
OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácidos nucleicos obtenida de
Xenorhabdus bovienii cepa
MDI-0035808 que codifica una secuencia de proteína PirB pesticida
TIC11510.

SECUENCIA SEQ ID No: 138
atgaataatg aaccgatgaa tactaatgaa tcacaagctt cagagatagt accctcaatg

aatgaatcta tattagcagc accttattca atttctacac ctaattatga atgggatatg	120
tcatcaataa taaaagatgc cattattggg ggtataggct ttattcctgg tccgggctca	180
gcaatatcat ttttgttagg gttattttgg ccacaacaaa cgcacaatac ttgggagcaa	240
attctccaaa aagtagaaca aatgatcgag caagccaatc tcaaaactat tcaaggaata	300
ttgaacggcg atatacaaga aattaaaggc aaaatggaac atgtgcaatt catgctagaa	360
tcctcatctg gcactcaaga aagccatgac gcatacatgt ttctggcgag atatctggtc	420
agtatagacg aaaaattcaa gtcttttgat aacaaaacaa attatcaaat tcttcccatg	480
tataccaata cgattatggt acaagcccct tattggaaaa tgggtataga gagaaaagat	540
gagatcaaac taacagatat agaagttaat gaattaaaag agctgatagg aaaattatct	600
accagcgccg ataaatatat tcatgatgtc tatactcgtg aatatgataa tgcgatgaac	660
acttcaacag cagcaaatat caccaataat ttattatctg taagaggcta ttgtttatta	720
catggtttag aatgtctcga agtcattaac catatacaaa ataatagcct tgagcaaagt	780
ttttatccta aaactatcag ctactccacc gtattcgatc gccagacaaa taaaacaagg	840
gttcaagccc tgacagaaga cgatcaaatg caagagccat tcaagcctgc tttagttaat	900
gggaagtaca aaaaaataaa atcattgatt gggatatgtac aaagaatcgg aaacgcaccc	960
agagttggag gcattaaagt cacatttgca aacgatgcat cttataccct cggtagagta	1020
acttcagaag taaactcaat tgaactgaat gacagcgta taaccagcct ggaagtatgg	1080
ggaaatggcg ctattgatga ggcattcttt acattaagtg acggacgtca atttaggctt	1140
ggccaacgct atgccagtaa ctatagaaaa tatgctgtcg ataaccacta tatttcagga	1200
ttgtacttag ccagtgatga accttcattg gcaggtcaag cagcaggcat tgcagtttca	1260
taccatatga tagctgataa aaaatcatag	1290

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 139

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 429

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Xenorhabdus bovienii*

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: MISC_FEATURE

LOCALIZACIÓN: (1)..(429)

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína PirB TIC11510.

SECUENCIA SEQ ID No: 139

Met Asn Asn Glu Pro Met Asn Thr Asn Glu Ser Gln Ala Ser Glu Ile
1 5 10 15

Val Pro Ser Met Asn Glu Ser Ile Leu Ala Ala Pro Tyr Ser Ile Ser
20 25 30

Thr Pro Asn Tyr Glu Trp Asp Met Ser Ser Ile Ile Lys Asp Ala Ile
35 40 45

Ile Gly Gly Ile Gly Phe Ile Pro Gly Pro Gly Ser Ala Ile Ser Phe
50 55 60

Leu Leu Gly Leu Phe Trp Pro Gln Gln Thr Asp Asn Thr Trp Glu Gln
65 70 75 80

Ile Leu Gln Lys Val Glu Gln Met Ile Glu Gln Ala Asn Leu Lys Thr
85 90 95

Ile Gln Gly Ile Leu Asn Gly Asp Ile Gln Glu Ile Lys Gly Lys Met
100 105 110

Glu His Val Gln Phe Met Leu Glu Ser Ser Ser Gly Thr Gln Glu Ser
115 120 125

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

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

Tyr Thr Asn Thr Ile Met Leu Gln Ala Pro Tyr Trp Lys Met Gly Ile
165 170 175

Glu Arg Lys Asp Glu Ile Lys Leu Thr Asp Ile Glu Val Asn Glu Leu
180 185 190

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

Asp Val Tyr Thr Arg Glu Tyr Asp Asn Ala Met Asn Thr Ser Thr Ala
210 215 220

Ala Asn Ile Thr Asn Asn Leu Leu Ser Val Arg Gly Tyr Cys Leu Leu
225 230 235 240

His Gly Leu Glu Cys Leu Glu Val Ile Asn His Ile Gln Asn Asn Ser
245 250 255

Leu Glu Gln Ser Phe Tyr Pro Lys Thr Ile Ser Tyr Ser Thr Val Phe
260 265 270

Asp Arg Gln Thr Asn Lys Thr Arg Val Gln Ala Leu Thr Glu Asp Asp
275 280 285

Gln Met Gln Glu Pro Phe Lys Pro Ala Leu Val Asn Gly Lys Tyr Asn
290 295 300

Lys Ile Lys Ser Leu Ile Gly Tyr Val Gln Arg Ile Gly Asn Ala Pro
305 310 315 320

Arg Val Gly Gly Ile Lys Val Thr Phe Ala Asn Asp Ala Ser Tyr Thr
325 330 335

Leu Gly Thr Val Thr Ser Glu Val Asn Ser Ile Glu Leu Asn Asp Ser
340 345 350

Val Ile Thr Ser Leu Glu Val Trp Gly Asn Gly Ala Ile Asp Glu Ala
355 360 365

Phe Phe Thr Leu Ser Asp Gly Arg Gln Phe Arg Leu Gly Gln Arg Tyr
370 375 380

Ala Ser Asn Tyr Arg Lys Tyr Ala Val Asp Asn His Tyr Ile Ser Gly
385 390 395 400

Leu Tyr Leu Ala Ser Asp Glu Pro Ser Leu Ala Gly Gln Ala Ala Gly

405

410

415

Ile Ala Val Ser Tyr His Met Ile Ala Asp Lys Lys Ser
 420 425

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 140

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1716

II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácido nucleico que codifica una proteína de fusión PirAB, TIC11512

compuesta por las secuencias de codificación de TIC10364 y TIC11510 en enlace

operativo y en marco.

SECUENCIA SEQ ID No: 140

atgagcataa tcaatataaa tataagtggg agtagtgaca ttacaatcat aaacaatacc	60
ccatctaacc cagaaccact catttacaat acagacacac ccgcatcaga acctcttacc	120
gtcaatcctt atagggatat gacaatagag ccacactcct ctattgaggc aataagaatt	180
gatacgccaa ttattcccga aacccgcccc aattattacg tagccaattc tggccccgca	240
tcatacagtta gagccgtttt ttattgggtc cactctttca catcagaatg gttcgaatat	300
tctgctatca cagtgaaagc cggggaagac ggcatattac aatcacgag caactctgtg	360
tattacagca aggtcgtcat ttataacgaa accgataaac gcgcctttgt tactggatat	420
aataagatga ataatgaacc gatgaatact aatgaatcac aagcttcaga gatagtaccc	480
tcaatgaatg aatctatat agcagcacct tattcaattt ctacacctaa ttatgaatgg	540
gatatgtcat caataataaa agatgccatt attggtggta taggctttat tcctgggtccg	600
ggctcagcaa tatcattttt gttaggggta ttttggccac aacaaaccga caatacttgg	660
gagcaaattc tccaaaaagt agaacaaatg atcgagcaag ccaatctcaa aactattcaa	720
ggaatattga acggcgatat acaagaaatt aaaggcaaaa tggaacatgt gcaattcatg	780
ctagaatcct catctggcac tcaagaaagc catgacgcat acatgtttct ggcgagatat	840
ctgggtcagta tagacgaaaa attcaagtct tttgataaca aaacaaatta tcaaattcct	900

```

cccatgtata ccaatacgat tatgttacaa gccccttatt ggaaaatggg tatagagaga      960
aaagatgaga tcaaactaac agatatagaa gttaatgaat taaaagagct gataggaaaa      1020
ttatctacca gcgccgataa atatattcat gatgtctata ctctgtaata tgataatgcg      1080
atgaacactt caacagcagc aaatatcacc aataatttat tatctgtaag aggctattgt      1140
ttattacatg gtttagaatg tctcgaagtc attaaccata tacaaaataa tagccttgag      1200
caaagttttt atcctaaaac tatcagctac tccaccgtat tcgatcgcca gacaaataaa      1260
acaagggttc aagccctgac agaagacgat caaatgcaag agccattcaa gcctgcttta      1320
gttaatggga agtacaacaa aataaaatca ttgattgggt atgtacaaag aatcggaaac      1380
gcaccagag ttggaggcat taaagtcaca ttgcaaacg atgcatctta taccctcggt      1440
acagtaactt cagaagtaaa ctcaattgaa ctgaatgaca gcgttataac cagcctggaa      1500
gtatggggaa atggcgctat tgatgaggca ttctttacat taagtgcgg acgtcaattt      1560
aggcttggcc aacgctatgc cagtaactat agaaaatatg ctgtcgataa ccactatatt      1620
tcaggattgt acttagccag tgatgaacct tcattggcag gtcaagcagc aggcattgca      1680
gtttcatacc atatgatagc tgataaaaaa tcatag      1716

```

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 141

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 571

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína de fusión PirAB TIC11512.

SECUENCIA SEQ ID No: 141

```

Met Ser Ile Ile Asn Ile Asn Ile Ser Gly Ser Ser Asp Ile Thr Ile
1           5           10           15

```

```

Ile Asn Asn Thr Pro Ser Asn Pro Glu Pro Leu Ile Tyr Asn Thr Asp
          20           25           30

```

```

Thr Pro Ala Ser Glu Pro Leu Thr Val Asn Pro Tyr Arg Asp Met Thr
          35           40           45

```

Ile Glu Pro His Ser Ser Ile Glu Ala Ile Arg Ile Asp Thr Pro Ile
50 55 60

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

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

Trp Phe Glu Tyr Ser Ala Ile Thr Val Lys Ala Gly Glu Asp Gly Ile
100 105 110

Leu Gln Ser Pro Ser Asn Ser Val Tyr Tyr Ser Lys Val Val Ile Tyr
115 120 125

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

Asn Glu Pro Met Asn Thr Asn Glu Ser Gln Ala Ser Glu Ile Val Pro
145 150 155 160

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

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

Gly Ile Gly Phe Ile Pro Gly Pro Gly Ser Ala Ile Ser Phe Leu Leu
195 200 205

Gly Leu Phe Trp Pro Gln Gln Thr Asp Asn Thr Trp Glu Gln Ile Leu
210 215 220

Gln Lys Val Glu Gln Met Ile Glu Gln Ala Asn Leu Lys Thr Ile Gln
225 230 235 240

Gly Ile Leu Asn Gly Asp Ile Gln Glu Ile Lys Gly Lys Met Glu His
245 250 255

Val Gln Phe Met Leu Glu Ser Ser Ser Gly Thr Gln Glu Ser His Asp
260 265 270

Ala Tyr Met Phe Leu Ala Arg Tyr Leu Val Ser Ile Asp Glu Lys Phe
275 280 285

Lys Ser Phe Asp Asn Lys Thr Asn Tyr Gln Ile Leu Pro Met Tyr Thr
290 295 300

Asn Thr Ile Met Leu Gln Ala Pro Tyr Trp Lys Met Gly Ile Glu Arg
305 310 315 320

Lys Asp Glu Ile Lys Leu Thr Asp Ile Glu Val Asn Glu Leu Lys Glu
325 330 335

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

Tyr Thr Arg Glu Tyr Asp Asn Ala Met Asn Thr Ser Thr Ala Ala Asn
355 360 365

Ile Thr Asn Asn Leu Leu Ser Val Arg Gly Tyr Cys Leu Leu His Gly
370 375 380

Leu Glu Cys Leu Glu Val Ile Asn His Ile Gln Asn Asn Ser Leu Glu
385 390 395 400

Gln Ser Phe Tyr Pro Lys Thr Ile Ser Tyr Ser Thr Val Phe Asp Arg
405 410 415

Gln Thr Asn Lys Thr Arg Val Gln Ala Leu Thr Glu Asp Asp Gln Met
420 425 430

Gln Glu Pro Phe Lys Pro Ala Leu Val Asn Gly Lys Tyr Asn Lys Ile
435 440 445

Lys Ser Leu Ile Gly Tyr Val Gln Arg Ile Gly Asn Ala Pro Arg Val
450 455 460

Gly Gly Ile Lys Val Thr Phe Ala Asn Asp Ala Ser Tyr Thr Leu Gly
465 470 475 480

Thr Val Thr Ser Glu Val Asn Ser Ile Glu Leu Asn Asp Ser Val Ile
485 490 495

Thr Ser Leu Glu Val Trp Gly Asn Gly Ala Ile Asp Glu Ala Phe Phe
500 505 510

Thr Leu Ser Asp Gly Arg Gln Phe Arg Leu Gly Gln Arg Tyr Ala Ser
515 520 525

Asn Tyr Arg Lys Tyr Ala Val Asp Asn His Tyr Ile Ser Gly Leu Tyr
530 535 540

Leu Ala Ser Asp Glu Pro Ser Leu Ala Gly Gln Ala Ala Gly Ile Ala
545 550 555 560

Val Ser Tyr His Met Ile Ala Asp Lys Lys Ser
565 570

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 142

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1290

II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Xenorhabdus nematophila*

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: misc_feature

LOCALIZACIÓN: (1)..(1290)

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácidos nucleicos obtenida de *Xenorhabdus nematophila*

cepa AN6/1 que codifica una secuencia de proteína PirB pesticida TIC11511.

SECUENCIA SEQ ID No: 142

atgaataatg aaccgatgaa tactaatgaa tcacaagctt cagagatagt accctcaatg 60

aatgaatcta tattagcagc accttattca atttctacac ctaattatga atgggatatg 120

tcatcaataa taaaagatgc cattattggt ggtataggct ttattcctgg tccgggctca 180

gcaatatcat ttttgttagg gttattttgg ccacaacaaa ccgacaatac ttgggagcaa 240

attctccaaa aagtagaaca aatgatcgag caagccaatc tcaaaactat tcaaggaata 300

ttgaacggcg atatacaaga aattaaaggc aaaatggaac atgtgcaatt catgctagaa	360
tcctcacctg gcactcaaga aagccatgac gcatacatgt ttctggcgag atatctggtc	420
agtatagacg aaaaattcaa gtcttttgat aacaaaacaa attatcaaatt tcttcccatg	480
tataccaata cgattatggtt acaagcccct tattggaaaa tgggtataga gagaaaagat	540
gagataaaac taacagatat agaagttaat gaattaaaag agctgatagg aaaattatct	600
accagcgccg ataaatatat tcatgatgtc tatactcgtg aatatgataa tgcgatgaac	660
acttcaacag cagcaaatat caccaataat ttattatctg taagaggcta ttgtttatta	720
catgggttag aatgtctcga agtcattaac catatacaaa ataatagcct tgagcaaagt	780
ttttatccta aaactatcag ctactccacc gtattcgatc gccagacaaa taaaacaagg	840
gttcaagccc tgacagaaga cgatcaaatt caagagccat tcaagcctgc tttaattaat	900
gggaagtaca aaaaaataaa atcattgatt gggatatgtac aaagaatcgg aaacgcaccc	960
agagttggag gcattaaagt cacatttgca aacgatgcat cttataccct cggtacagta	1020
acttcagaag taaactcaat tgaactgaat gacagcgta taaccagcct ggaagtatgg	1080
ggaaatggcg ctattgatga ggcattcttt acattaagtg acggacgtca atttaggctt	1140
ggccaacgct atgccagtaa ctatagaaaa tatgctgtcg ataaccacta tatttcagga	1200
ttgtacttag ccagtgatga accttcattg gcaggccaag cagcaggcat tgcagtttca	1260
taccatatga tagctgataa aaaatcatag	1290

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 143

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 429

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Xenorhabdus nematophila*

CARACTERÍSTICA:

NOMBRE/CLAVE: MISC_FEATURE

LOCALIZACIÓN: (1)..(429)

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína PirB TIC11511.

SECUENCIA SEQ ID No: 143

Met Asn Asn Glu Pro Met Asn Thr Asn Glu Ser Gln Ala Ser Glu Ile
1 5 10 15

Val Pro Ser Met Asn Glu Ser Ile Leu Ala Ala Pro Tyr Ser Ile Ser
20 25 30

Thr Pro Asn Tyr Glu Trp Asp Met Ser Ser Ile Ile Lys Asp Ala Ile
35 40 45

Ile Gly Gly Ile Gly Phe Ile Pro Gly Pro Gly Ser Ala Ile Ser Phe
50 55 60

Leu Leu Gly Leu Phe Trp Pro Gln Gln Thr Asp Asn Thr Trp Glu Gln
65 70 75 80

Ile Leu Gln Lys Val Glu Gln Met Ile Glu Gln Ala Asn Leu Lys Thr
85 90 95

Ile Gln Gly Ile Leu Asn Gly Asp Ile Gln Glu Ile Lys Gly Lys Met
100 105 110

Glu His Val Gln Phe Met Leu Glu Ser Ser Pro Gly Thr Gln Glu Ser
115 120 125

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

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

Tyr Thr Asn Thr Ile Met Leu Gln Ala Pro Tyr Trp Lys Met Gly Ile
165 170 175

Glu Arg Lys Asp Glu Ile Lys Leu Thr Asp Ile Glu Val Asn Glu Leu
180 185 190

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

Asp Val Tyr Thr Arg Glu Tyr Asp Asn Ala Met Asn Thr Ser Thr Ala
210 215 220

Ala Asn Ile Thr Asn Asn Leu Leu Ser Val Arg Gly Tyr Cys Leu Leu
225 230 235 240

His Gly Leu Glu Cys Leu Glu Val Ile Asn His Ile Gln Asn Asn Ser
245 250 255

Leu Glu Gln Ser Phe Tyr Pro Lys Thr Ile Ser Tyr Ser Thr Val Phe
260 265 270

Asp Arg Gln Thr Asn Lys Thr Arg Val Gln Ala Leu Thr Glu Asp Asp
275 280 285

Gln Met Gln Glu Pro Phe Lys Pro Ala Leu Ile Asn Gly Lys Tyr Asn
290 295 300

Lys Ile Lys Ser Leu Ile Gly Tyr Val Gln Arg Ile Gly Asn Ala Pro
305 310 315 320

Arg Val Gly Gly Ile Lys Val Thr Phe Ala Asn Asp Ala Ser Tyr Thr
325 330 335

Leu Gly Thr Val Thr Ser Glu Val Asn Ser Ile Glu Leu Asn Asp Ser
340 345 350

Val Ile Thr Ser Leu Glu Val Trp Gly Asn Gly Ala Ile Asp Glu Ala
355 360 365

Phe Phe Thr Leu Ser Asp Gly Arg Gln Phe Arg Leu Gly Gln Arg Tyr
370 375 380

Ala Ser Asn Tyr Arg Lys Tyr Ala Val Asp Asn His Tyr Ile Ser Gly
385 390 395 400

Leu Tyr Leu Ala Ser Asp Glu Pro Ser Leu Ala Gly Gln Ala Ala Gly
405 410 415

Ile Ala Val Ser Tyr His Met Ile Ala Asp Lys Lys Ser
420 425

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 144
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1716
II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:
OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de ácido nucleico que codifica una proteína de fusión PirAB, TIC11513
compuesta por las secuencias de codificación de TIC10364 y TIC11511
en
enlace operativo y en marco.

SECUENCIA SEQ ID No: 144

atgagcataa tcaatataaa tataagtggg agtagtgaca ttacaatcat aaacaatacc	60
ccatctaacc cagaaccact catttacaat acagacacac ccgcatcaga acctcttacc	120
gtcaatcctt atagggatat gacaatagag ccacactctt ctattgaggc aataagaatt	180
gatacgccaa ttattcccga aaccgcgcc aattattacg tagccaattc tggccccgca	240
tcatcagtta gagccgtttt ttattgggtc cactctttca catcagaatg gttcgaatat	300
tctgctatca cagtgaaagc cggggaagac ggcatattac aatcacgag caactctgtg	360
tattacagca aggtcgtcat ttataacgaa accgataaac gcgcctttgt tactggatat	420
aataagatga ataatgaacc gatgaatact aatgaatcac aagcttcaga gatagtaccc	480
tcaatgaatg aatctatatt agcagcacct tattcaattt ctacacctaa ttatgaatgg	540
gatatgtcat caataataaa agatgccatt attgggtggta taggctttat tcctgggtccg	600
ggctcagcaa tatcattttt gttagggtta ttttggccac aacaaaccga caatacttgg	660
gagcaaattc tccaaaaagt agaacaaatg atcgagcaag ccaatctcaa aactattcaa	720
ggaatattga acggcgatat acaagaaatt aaaggcaaaa tggaacatgt gcaattcatg	780
ctagaatcct cacctggcac tcaagaaagc catgacgcat acatgtttct ggcgagatat	840
ctggtcagta tagacgaaaa attcaagtct tttgataaca aaacaaatta tcaaattctt	900
cccatgtata ccaatacgat tatgttaca gccccttatt ggaaaatggg tatagagaga	960
aaagatgaga taaaactaac agatatagaa gttaatgaat taaaagagct gataggaaaa	1020
ttatctacca gcgccgataa atatattcat gatgtctata ctcgtgaata tgataatgcg	1080
atgaacactt caacagcagc aaatatcacc aataatttat tatctgtaag aggctattgt	1140

ttattacatg gtttagaatg tctcgaagtc attaaccata tacaaaataa tagccttgag	1200
caaagttttt atcctaaaac tatcagctac tccaccgtat tcgatcgcca gacaaataaa	1260
acaagggttc aagccctgac agaagacgat caaatgcaag agccattcaa gcctgcttta	1320
attaatggga agtacaacaa aataaaatca ttgattgggt atgtacaaag aatcggaaac	1380
gcaccagag ttggaggcat taaagtcaca ttgcaaacg atgcatctta taccctcggt	1440
acagtaactt cagaagtaaa ctcaattgaa ctgaatgaca gcgttataac cagcctggaa	1500
gtatggggaa atggcgctat tgatgaggca ttctttacat taagtgacgg acgtcaattt	1560
aggcttggcc aacgctatgc cagtaactat agaaaatatg ctgtcgataa ccactatatt	1620
tcaggattgt acttagccag tgatgaacct tcattggcag gccaaagcagc aggcattgca	1680
gtttcatacc atatgatagc tgataaaaaa tcatag	1716

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 145

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 571

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína de fusión PirAB TIC11513.

SECUENCIA SEQ ID No: 145

Met	Ser	Ile	Ile	Asn	Ile	Asn	Ile	Ser	Gly	Ser	Ser	Asp	Ile	Thr	Ile
1				5					10					15	

Ile	Asn	Asn	Thr	Pro	Ser	Asn	Pro	Glu	Pro	Leu	Ile	Tyr	Asn	Thr	Asp
			20					25					30		

Thr	Pro	Ala	Ser	Glu	Pro	Leu	Thr	Val	Asn	Pro	Tyr	Arg	Asp	Met	Thr
		35					40					45			

Ile	Glu	Pro	His	Ser	Ser	Ile	Glu	Ala	Ile	Arg	Ile	Asp	Thr	Pro	Ile
	50					55					60				

Ile	Pro	Glu	Thr	Arg	Pro	Asn	Tyr	Tyr	Val	Ala	Asn	Ser	Gly	Pro	Ala
-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----

65					70						75				80
Ser	Ser	Val	Arg	Ala	Val	Phe	Tyr	Trp	Ser	His	Ser	Phe	Thr	Ser	Glu
				85					90					95	
Trp	Phe	Glu	Tyr	Ser	Ala	Ile	Thr	Val	Lys	Ala	Gly	Glu	Asp	Gly	Ile
			100					105					110		
Leu	Gln	Ser	Pro	Ser	Asn	Ser	Val	Tyr	Tyr	Ser	Lys	Val	Val	Ile	Tyr
		115					120					125			
Asn	Glu	Thr	Asp	Lys	Arg	Ala	Phe	Val	Thr	Gly	Tyr	Asn	Lys	Met	Asn
	130					135					140				
Asn	Glu	Pro	Met	Asn	Thr	Asn	Glu	Ser	Gln	Ala	Ser	Glu	Ile	Val	Pro
145					150					155					160
Ser	Met	Asn	Glu	Ser	Ile	Leu	Ala	Ala	Pro	Tyr	Ser	Ile	Ser	Thr	Pro
				165					170					175	
Asn	Tyr	Glu	Trp	Asp	Met	Ser	Ser	Ile	Ile	Lys	Asp	Ala	Ile	Ile	Gly
			180					185					190		
Gly	Ile	Gly	Phe	Ile	Pro	Gly	Pro	Gly	Ser	Ala	Ile	Ser	Phe	Leu	Leu
		195					200					205			
Gly	Leu	Phe	Trp	Pro	Gln	Gln	Thr	Asp	Asn	Thr	Trp	Glu	Gln	Ile	Leu
	210					215					220				
Gln	Lys	Val	Glu	Gln	Met	Ile	Glu	Gln	Ala	Asn	Leu	Lys	Thr	Ile	Gln
225					230					235					240
Gly	Ile	Leu	Asn	Gly	Asp	Ile	Gln	Glu	Ile	Lys	Gly	Lys	Met	Glu	His
				245					250					255	
Val	Gln	Phe	Met	Leu	Glu	Ser	Ser	Pro	Gly	Thr	Gln	Glu	Ser	His	Asp
			260					265					270		
Ala	Tyr	Met	Phe	Leu	Ala	Arg	Tyr	Leu	Val	Ser	Ile	Asp	Glu	Lys	Phe
		275					280					285			

Lys Ser Phe Asp Asn Lys Thr Asn Tyr Gln Ile Leu Pro Met Tyr Thr
290 295 300

Asn Thr Ile Met Leu Gln Ala Pro Tyr Trp Lys Met Gly Ile Glu Arg
305 310 315 320

Lys Asp Glu Ile Lys Leu Thr Asp Ile Glu Val Asn Glu Leu Lys Glu
325 330 335

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

Tyr Thr Arg Glu Tyr Asp Asn Ala Met Asn Thr Ser Thr Ala Ala Asn
355 360 365

Ile Thr Asn Asn Leu Leu Ser Val Arg Gly Tyr Cys Leu Leu His Gly
370 375 380

Leu Glu Cys Leu Glu Val Ile Asn His Ile Gln Asn Asn Ser Leu Glu
385 390 395 400

Gln Ser Phe Tyr Pro Lys Thr Ile Ser Tyr Ser Thr Val Phe Asp Arg
405 410 415

Gln Thr Asn Lys Thr Arg Val Gln Ala Leu Thr Glu Asp Asp Gln Met
420 425 430

Gln Glu Pro Phe Lys Pro Ala Leu Ile Asn Gly Lys Tyr Asn Lys Ile
435 440 445

Lys Ser Leu Ile Gly Tyr Val Gln Arg Ile Gly Asn Ala Pro Arg Val
450 455 460

Gly Gly Ile Lys Val Thr Phe Ala Asn Asp Ala Ser Tyr Thr Leu Gly
465 470 475 480

Thr Val Thr Ser Glu Val Asn Ser Ile Glu Leu Asn Asp Ser Val Ile
485 490 495

Thr Ser Leu Glu Val Trp Gly Asn Gly Ala Ile Asp Glu Ala Phe Phe

500

505

510

Thr Leu Ser Asp Gly Arg Gln Phe Arg Leu Gly Gln Arg Tyr Ala Ser
515 520 525

Asn Tyr Arg Lys Tyr Ala Val Asp Asn His Tyr Ile Ser Gly Leu Tyr
530 535 540

Leu Ala Ser Asp Glu Pro Ser Leu Ala Gly Gln Ala Ala Gly Ile Ala
545 550 555 560

Val Ser Tyr His Met Ile Ala Asp Lys Lys Ser
565 570

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 146

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1689

II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de codificación sintética usada para la expresión en células vegetales

que codifica una proteína de fusión PirAB TIC10376PL con un codón de alanina adicional

insertado después del codón iniciador de metionina.

SECUENCIA SEQ ID No: 146

atggctccgg tgaaccagat cgggctccac aacgagaagg tcaagaacat gcggaagatc	60
accgtggaca atgacgtggt gggccacgac accgagatca acagcgtcgt gagcagcacg	120
gccgagaaga tccggcagca gttcggcgtg aaagtcgatc ccaattcgtc ccaggagaag	180
ttctacatcg ccacgcccat catcccggag tcccgcaaga acatcgtggt caccaacgag	240
ggcctggcgg acgtcatcac cgccaagtac tattggagcc acagcttcac cagcgaatac	300
tttgaggaca actcggtgga cgtcaagggt ggcgagagca aagtgtggt cgtcccgagc	360
aaccctctct actacagcaa ggctcgtcatc ttcaacaaca ccaagtcggt ggccttcgtc	420
acggtccgcg agaagatgag cgacatcgtg aagtacaacg acgtcagcgc gcccatcccg	480
tacgcggttt acagtaacgc cgtgtacgcc ttcgagtggg actcgtcggc gatcctcaag	540

caagcagtgg tgaagggcctt gtcctacgtg ccgcacgtcg ggaagtacct ctcgtacatc	600
gtcggattct tctggaagga caaggagaag gacatctggc aagaggtggg gggcaagggtg	660
cagcagttgg tagaggactc gatcctcaag gcggtgaagg gcatcctgtc cggcaacatc	720
aacgagctaa aggagaagat gaatgaggtg atccgctccc ttgagaagaa tttgggaacc	780
caagaggccc gcgacgacta catgcacctg gcccgcagca tgggtgggcaa ggaggcaagc	840
cttatcttcc acgagaacaa gaccaacttc cacatcctgc cgatgtactc tacgctcgcc	900
ctcatgcaga tcatgtactg gacggtgggc atcgaacgcc gcaaggaaat tgggtctgagc	960
gacatcgagg tcgagaacct ccggagctac atcaagaagc tcgtcagcga cgcggagcac	1020
cacgtgaacc ggggtgtacaa gctggagctg gactccgtgg tcagcgactc ggacgtgaac	1080
cgggtggcgg acaacatcat gtacgtccac ggctactgcc agattcacgg cctggagtac	1140
atggacatca tcaagaacat acagtctcgt ggcaacaaca tcaccggctt ctaccctagg	1200
actatctcgt actctacatt ctttggctcg ccgaccagcg acgcgcggat tctggccctg	1260
cggccggaga aggacatgcc cgagcctttc aagcccaagt tcctgaacga gcggttcaac	1320
aagatcgcgt cgggtcaaggg ctacatcgtc cggatcggag gtgccaagag ggtcggcggc	1380
ctggagatca cgttcgagaa cgggtcgaag taccagcaag ggcaagcgac caacgagcac	1440
gagatcgtga acctcaaggg caaccttata aagaccctgg aggtgtgggg aaacggtgcc	1500
atcgacgagg ccaagttcac gctgacgaac ggcgacgtcc tcaccatcgg gcagcgcaac	1560
agcagcaact accggaagtt ctccctggac ggccactaca tctgcggcgt gttcatcgcc	1620
aacgaccgct cgggcctcgc gggacaagcc gcgaacatcg ccgtctccta ccatcagctc	1680
gtcgagtga	1689

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 147

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 562

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína de fusión PirAB TIC10376PL.

SECUENCIA SEQ ID No: 147

Met Ala Pro Val Asn Gln Ile Gly Leu His Asn Glu Lys Val Lys Asn
1 5 10 15

Met Arg Lys Ile Thr Val Asp Asn Asp Val Val Gly His Asp Thr Glu
20 25 30

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

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

Thr Pro Ile Ile Pro Glu Ser Arg Lys Asn Ile Val Val Thr Asn Glu
65 70 75 80

Gly Leu Ala Asp Val Ile Thr Ala Lys Tyr Tyr Trp Ser His Ser Phe
85 90 95

Thr Ser Glu Tyr Phe Glu Asp Asn Ser Val Asp Val Lys Val Gly Glu
100 105 110

Ser Lys Val Leu Val Ala Pro Ser Asn Pro Leu Tyr Tyr Ser Lys Val
115 120 125

Val Ile Phe Asn Asn Thr Lys Ser Val Ala Phe Val Thr Val Arg Glu
130 135 140

Lys Met Ser Asp Ile Val Lys Tyr Asn Asp Val Ser Ala Pro Ile Pro
145 150 155 160

Tyr Ala Val Tyr Ser Asn Ala Val Tyr Ala Phe Glu Trp Asp Ser Ser
165 170 175

Ala Ile Leu Lys Gln Ala Val Val Lys Gly Leu Ser Tyr Val Pro His
180 185 190

Val Gly Lys Tyr Leu Ser Tyr Ile Val Gly Phe Phe Trp Lys Asp Lys
195 200 205

Glu Lys Asp Ile Trp Gln Glu Val Val Gly Lys Val Gln Gln Leu Val
210 215 220

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

Asn Glu Leu Lys Glu Lys Met Asn Glu Val Ile Arg Ser Leu Glu Lys
245 250 255

Asn Leu Gly Thr Gln Glu Ala Arg Asp Asp Tyr Met His Leu Ala Arg
260 265 270

Ser Met Val Gly Lys Glu Ala Ser Leu Ile Phe His Glu Asn Lys Thr
275 280 285

Asn Phe His Ile Leu Pro Met Tyr Ser Thr Leu Ala Leu Met Gln Ile
290 295 300

Met Tyr Trp Thr Val Gly Ile Glu Arg Arg Lys Glu Ile Gly Leu Ser
305 310 315 320

Asp Ile Glu Val Glu Asn Leu Arg Ser Tyr Ile Lys Lys Leu Val Ser
325 330 335

Asp Ala Glu His His Val Asn Arg Val Tyr Lys Leu Glu Leu Asp Ser
340 345 350

Val Val Ser Asp Ser Asp Val Asn Arg Val Ala Asp Asn Ile Met Tyr
355 360 365

Val His Gly Tyr Cys Gln Ile His Gly Leu Glu Tyr Met Asp Ile Ile
370 375 380

Lys Asn Ile Gln Ser Arg Gly Asn Asn Ile Thr Gly Phe Tyr Pro Arg
385 390 395 400

Thr Ile Ser Tyr Ser Thr Phe Phe Gly Ser Pro Thr Ser Asp Ala Arg
405 410 415

Ile Leu Ala Leu Arg Pro Glu Lys Asp Met Pro Glu Pro Phe Lys Pro
420 425 430

Lys Phe Leu Asn Glu Arg Phe Asn Lys Ile Ala Ser Val Lys Gly Tyr
435 440 445

Ile Val Arg Ile Gly Gly Ala Lys Arg Val Gly Gly Leu Glu Ile Thr
450 455 460

Phe Glu Asn Gly Ser Lys Tyr Gln Gln Gly Gln Ala Thr Asn Glu His
465 470 475 480

Glu Ile Val Asn Leu Lys Gly Asn Leu Ile Lys Thr Leu Glu Val Trp
485 490 495

Gly Asn Gly Ala Ile Asp Glu Ala Lys Phe Thr Leu Thr Asn Gly Asp
500 505 510

Val Leu Thr Ile Gly Gln Arg Asn Ser Ser Asn Tyr Arg Lys Phe Ser
515 520 525

Leu Asp Gly His Tyr Ile Cys Gly Val Phe Ile Ala Asn Asp Arg Ser
530 535 540

Gly Leu Ala Gly Gln Ala Ala Asn Ile Ala Val Ser Tyr His Gln Leu
545 550 555 560

Val Glu

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 148

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1710

II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de codificación sintética usada para la expresión en células vegetales

que codifica una proteína de fusión PirAB TIC10378PL con un codón de alanina adicional

insertado después del codón iniciador de metionina.

SECUENCIA SEQ ID No: 148

atggctatca	cgatcaacat	caacaccaac	ggcgtgaacg	gcatcaccat	caccaacagc	60
aacaacgagc	cgacgcccgt	aagcacgacc	tacggtccca	acactccggc	gagcgagccg	120
ctcaccgtca	gcaactactc	ggacatcacc	atcgagccgc	acagctccgt	ccaggccacg	180
cgcacgcaca	cgccgatcat	cccggagacc	cggccggact	actacgtcgc	taactccggg	240
cccgcgccga	ccgtccgcgc	cgtgttctac	tggtcgcaca	gcttcacgtc	cgagtggttc	300
gagtccagct	ccataacggt	gaaggcgggc	gaggatggta	tcctcaaagc	gcccggaaac	360
tcgctctact	acagcaaggt	ggatcatctac	aatgacaccg	acaagcgcgc	cttcgtgacc	420
ggctacaaca	agatgaacac	gacgccgatc	accgtgtcgg	agaacgagac	gtcgcctctc	480
ctcaccgacg	tcatgccgat	ggacctgtac	gcggtgtcca	cacccgacta	cgagtgggac	540
atgtcctcca	tcatcaagga	cgccatcatc	ggcggcatcg	gcttcattcc	cggtcccggc	600
cctgctctgt	cgttcttgct	cggactgttc	tgccgcgagc	agaaggacaa	cacttgggag	660
caaatccttc	agaaggtgga	gcagatgatc	gagaacgcgg	tgctccagac	gatcaagggc	720
atcctgaacg	gcgagatcca	ggagatcaag	ggcaagatgg	agcacgtgga	gtccatgctc	780
aagaatagcc	ctggtagcca	agagtcccac	gacgcctaca	tgttcctagc	ccgttacctc	840
gtttccatcg	acgagaaatt	caagtccttc	gacaaccgca	cgaactacca	gatcctcccg	900
atgtacacca	ataccatcat	gctccagatt	ccctactgga	agatgggcat	cgagaagaag	960
aaggacattg	gcctgacgga	catcgaggtc	aacgaactta	aagagctgat	cgacaagctc	1020
gtcgggaagg	ccaagaatta	catccacaca	atgtacacta	atgagtacaa	cgacgcgatc	1080
aacacgagca	cggctgggtc	ggttaccaac	aacctgctct	ccgtgcgcgg	gtactgcttg	1140
ctgcacgggc	tagagtgcac	tgagctgatc	gagcacatcc	agaacaatag	cctggagagc	1200
gggttctacc	ctaagaccat	ctcgtactcc	acggtgttcg	accgcctac	gaacaagatg	1260
cggatacagg	cgctgaccga	ggacgacgcg	atgcaagaac	cgttcaagcc	gagcctgatt	1320
aacggcaagt	acaacaagat	ccagtcgatt	atcgggtacg	tccagcggat	cgggaacgct	1380
ccgcgcgtcg	gcgggattaa	gatcaccttc	acaaacggta	gcagttacac	gctcgggact	1440
gtcacgtccg	agacaaatag	tatcgagttg	aacgacagcg	tgatcgagtc	cctggaggtg	1500
tggggcaacg	gcgcggtgga	cgaggcgctg	tttaagctgt	cggatggccg	tctgctgcga	1560
ataggcgagc	ggtacgccaa	gaaataccgc	aagtacgccg	tggaccacca	ttacatcgcc	1620

```

gggatctacc tgcgcagcga tgaaccctcg cttgcggggac aggcggcccg gatcgcggtg      1680
tcgtatcaca tgatggccga caagaaatga                                         1710

```

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 149

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 569

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína de fusión
PirAB TIC10378PL.

SECUENCIA SEQ ID No: 149

```

Met Ala Ile Thr Ile Asn Ile Asn Thr Asn Gly Val Asn Gly Ile Thr
1           5           10           15

```

```

Ile Thr Asn Ser Asn Asn Glu Pro Thr Pro Val Ser Thr Thr Tyr Gly
          20           25           30

```

```

Pro Asn Thr Pro Ala Ser Glu Pro Leu Thr Val Ser Asn Tyr Ser Asp
          35           40           45

```

```

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

```

```

Pro Ile Ile Pro Glu Thr Arg Pro Asp Tyr Tyr Val Ala Asn Ser Gly
          65           70           75           80

```

```

Pro Ala Pro Thr Val Arg Ala Val Phe Tyr Trp Ser His Ser Phe Thr
          85           90           95

```

```

Ser Glu Trp Phe Glu Ser Ser Ser Ile Thr Val Lys Ala Gly Glu Asp
          100          105          110

```

```

Gly Ile Leu Lys Ala Pro Gly Asn Ser Leu Tyr Tyr Ser Lys Val Val
          115          120          125

```

```

Ile Tyr Asn Asp Thr Asp Lys Arg Ala Phe Val Thr Gly Tyr Asn Lys

```

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

Thr Asn Glu Tyr Asn Asp Ala Ile Asn Thr Ser Thr Ala Gly Ser Val
355 360 365

Thr Asn Asn Leu Leu Ser Val Arg Gly Tyr Cys Leu Leu His Gly Leu
370 375 380

Glu Cys Ile Glu Leu Ile Glu His Ile Gln Asn Asn Ser Leu Glu Ser
385 390 395 400

Gly Phe Tyr Pro Lys Thr Ile Ser Tyr Ser Thr Val Phe Asp Arg Pro
405 410 415

Thr Asn Lys Met Arg Ile Gln Ala Leu Thr Glu Asp Asp Ala Met Gln
420 425 430

Glu Pro Phe Lys Pro Ser Leu Ile Asn Gly Lys Tyr Asn Lys Ile Gln
435 440 445

Ser Ile Ile Gly Tyr Val Gln Arg Ile Gly Asn Ala Pro Arg Val Gly
450 455 460

Gly Ile Lys Ile Thr Phe Thr Asn Gly Ser Ser Tyr Thr Leu Gly Thr
465 470 475 480

Val Thr Ser Glu Thr Asn Ser Ile Glu Leu Asn Asp Ser Val Ile Glu
485 490 495

Ser Leu Glu Val Trp Gly Asn Gly Ala Val Asp Glu Ala Leu Phe Lys
500 505 510

Leu Ser Asp Gly Arg Leu Leu Arg Ile Gly Glu Arg Tyr Ala Lys Lys
515 520 525

Tyr Arg Lys Tyr Ala Val Asp His His Tyr Ile Ala Gly Ile Tyr Leu
530 535 540

Ala Ser Asp Glu Pro Ser Leu Ala Gly Gln Ala Ala Gly Ile Ala Val
545 550 555 560

Ser Tyr His Met Met Ala Asp Lys Lys

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 150

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1707

II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de codificación sintética usada para la expresión en células vegetales

que codifica una proteína de fusión PirAB TIC10380PL con un codón de alanina adicional

insertado después del codón iniciador de metionina.

SECUENCIA SEQ ID No: 150

atggctatca ccatcaacat cagcggcggg tccgtgacga tcaacaacac ctacaacatc	60
acttccgaga gcggcatcca gaacacgcca gcgtcggagc ctctcaccgt catcccgtac	120
cgtgacatga ccatcgagcc tcacagcagc attgaggcca cccgcaccga cagcccgatc	180
atcccgagga cgcgggccaa ctactacatc gctaactcgg gcccggcctc cgaggtgcgc	240
gcggtgttct actggtcgca ctcgttcacg tcgcagtggg tcgagtcgtc cagcataatc	300
gtcaaggcgg gcgaggacgg catcctccag tcgccgtcga acagtctgta ctactcgaag	360
gtggtcatct acaatgacac cgacaagcgc gcgttcgtca ccggctacaa caagatgaac	420
aacacctcca tcaacatcaa tgagaacgag acgctgccgc ttgaagtcac cccgtccatg	480
cccgagccca tgctgatcgt cccgtatgcc acgagcacgc cggattacga gtgggacgcc	540
agcgggatca tcaaggatgc catcatcggc gggatcgggt tcataccggg ccctggccca	600
gcgatctcct tcctgctggg cttgttctgg ccgcaacaag ctgacaacac ctgggagcag	660
atcctccaga aggtcgagca gatgatcgag gacgcagtgc taaagaccat ccagggcatc	720
ctgaacggtg acatccagga gatcaagggc aagatggagc acgtgcagta catgctggag	780
acatcgcccc gcagccagga gtcccgtgag gcgtacatgt tcctcgcccc ctacctcgtc	840
agcattgacg agaagttcaa gtccttcgac aacaagacca attaccagat cctgccccatg	900
tacacgaata ctctcatgct ccaagtgcc aactggaaga tgggcatcga gaagcagaag	960
gacatcggcc tctccgacat cgaagtcaac gagcttaaac agctaatacga caagctctac	1020

```

accaaagcta attcgtacat acacgaaaca tacacacggc agtacaacga cgcgataaac      1080
accagcacgg cagccaacat caccaacaac ctgttcagcg tgcgcggtta ctgcttgctg      1140
cacgggctgg agtgcctgga gatgattgag catcttcaga agaatagcct tgaatcgggt      1200
ttctacccta agaccataag ctacagcaca gtctttgacc gtcagacgcc caagatgcgg      1260
atacaagccc tgaccgagga cgatcagatg caagagccgc tcaaaccctc gctgataaac      1320
ggcaagtaca accagatcaa gagcctcacc ggatacgtcc ggcggatcgg caacgctccg      1380
cgcgtcggcg gaatgacgat caccttcgcc aatggcgcggt cctacaccct cgggacggtc      1440
acctccgaga ccaccagtat cgagctgaac ggctccgtga tcgagtcctt ggaggtgtgg      1500
ggcgacggcg cgggtggacga ggcgctcttc accttaagcg acaagcgcct gttccgtatc      1560
ggcgagcgct atgcgcgcaa gtacaagaag tatgccgtgg acagccacta catcgctggg      1620
ctctacctgg cctcggacga gccatcgttg gccgggcaag ctgcgggcat tgccgtcagc      1680
taccacatgc tcgacgacaa gaaatga                                          1707

```

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 151

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 568

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína de fusión PirAB TIC10380PL.

SECUENCIA SEQ ID No: 151

```

Met Ala Ile Thr Ile Asn Ile Ser Gly Gly Ser Val Thr Ile Asn Asn
1           5           10           15

```

```

Thr Tyr Asn Ile Thr Ser Glu Ser Gly Ile Gln Asn Thr Pro Ala Ser
          20           25           30

```

```

Glu Pro Leu Thr Val Ile Pro Tyr Arg Asp Met Thr Ile Glu Pro His
          35           40           45

```

```

Ser Ser Ile Glu Ala Thr Arg Thr Asp Thr Pro Ile Ile Pro Glu Thr
          50           55           60

```

Arg Pro Asn Tyr Tyr Ile Ala Asn Ser Gly Pro Ala Ser Glu Val Arg
65 70 75 80

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

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

Ser Asn Ser Leu Tyr Tyr Ser Lys Val Val Ile Tyr Asn Asp Thr Asp
115 120 125

Lys Arg Ala Phe Val Thr Gly Tyr Asn Lys Met Asn Asn Thr Ser Ile
130 135 140

Asn Ile Asn Glu Asn Glu Thr Leu Pro Leu Glu Val Ile Pro Ser Met
145 150 155 160

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

Glu Trp Asp Ala Ser Gly Ile Ile Lys Asp Ala Ile Ile Gly Gly Ile
180 185 190

Gly Phe Ile Pro Gly Pro Gly Pro Ala Ile Ser Phe Leu Leu Gly Leu
195 200 205

Phe Trp Pro Gln Gln Ala Asp Asn Thr Trp Glu Gln Ile Leu Gln Lys
210 215 220

Val Glu Gln Met Ile Glu Asp Ala Val Leu Lys Thr Ile Gln Gly Ile
225 230 235 240

Leu Asn Gly Asp Ile Gln Glu Ile Lys Gly Lys Met Glu His Val Gln
245 250 255

Tyr Met Leu Glu Thr Ser Pro Gly Ser Gln Glu Ser Arg Glu Ala Tyr
260 265 270

Met Phe Leu Ala Arg Tyr Leu Val Ser Ile Asp Glu Lys Phe Lys Ser
275 280 285

Phe Asp Asn Lys Thr Asn Tyr Gln Ile Leu Pro Met Tyr Thr Asn Thr
290 295 300

Leu Met Leu Gln Val Pro Tyr Trp Lys Met Gly Ile Glu Lys Gln Lys
305 310 315 320

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

Asp Lys Leu Tyr Thr Lys Ala Asn Ser Tyr Ile His Glu Thr Tyr Thr
340 345 350

Arg Gln Tyr Asn Asp Ala Ile Asn Thr Ser Thr Ala Ala Asn Ile Thr
355 360 365

Asn Asn Leu Phe Ser Val Arg Gly Tyr Cys Leu Leu His Gly Leu Glu
370 375 380

Cys Leu Glu Met Ile Glu His Leu Gln Lys Asn Ser Leu Glu Ser Gly
385 390 395 400

Phe Tyr Pro Lys Thr Ile Ser Tyr Ser Thr Val Phe Asp Arg Gln Thr
405 410 415

Pro Lys Met Arg Ile Gln Ala Leu Thr Glu Asp Asp Gln Met Gln Glu
420 425 430

Pro Leu Lys Pro Ser Leu Ile Asn Gly Lys Tyr Asn Gln Ile Lys Ser
435 440 445

Leu Thr Gly Tyr Val Arg Arg Ile Gly Asn Ala Pro Arg Val Gly Gly
450 455 460

Met Thr Ile Thr Phe Ala Asn Gly Ala Ser Tyr Thr Leu Gly Thr Val
465 470 475 480

Thr Ser Glu Thr Thr Ser Ile Glu Leu Asn Gly Ser Val Ile Glu Ser
485 490 495

Leu Glu Val Trp Gly Asp Gly Ala Val Asp Glu Ala Leu Phe Thr Leu
500 505 510

Ser Asp Lys Arg Leu Phe Arg Ile Gly Glu Arg Tyr Ala Arg Lys Tyr
515 520 525

Lys Lys Tyr Ala Val Asp Ser His Tyr Ile Ala Gly Leu Tyr Leu Ala
530 535 540

Ser Asp Glu Pro Ser Leu Ala Gly Gln Ala Ala Gly Ile Ala Val Ser
545 550 555 560

Tyr His Met Leu Asp Asp Lys Lys
565

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 152
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1707
II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:
OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de codificación sintética usada para la expresión en células vegetales que codifica una proteína de fusión PirAB TIC10381PL con un codón de alanina adicional insertado después del codón iniciador de metionina.

SECUENCIA SEQ ID No: 152
atggcttcaa tcatcaacat caacattagc gggtcgctcg acattactat cattaacaac 60
acgccgagca acccggagcc gctgatctac aacactgaca ctccggcctc cgagccgctc 120
accgtcaacc cttaccggga catgaccatc gagccgcaca gcagcatcga ggccattcga 180
atcgacacac ccatcatccc ggagacgcgg cccaactatt acgtggccaa ctcgggcccg 240
gcctcgctcg tccgggcggg gttctactgg tcgcactcct tcacgtccga gtgggttcgag 300
tacagcgcca tcacggtcaa ggcgggcgaa gacggtatcc tccaatcgcc ctggaacagc 360
gtgtactatt caaaggctcg catctacaac gagacggata agcgcgcggt cgtcaccggc 420
tacaacaaga tgaacaccac gccgatcaac gtgagcgaga acgacaccct acccgtgctc 480

accgacgtga tgttgatcgt gccctacaca acctccacgc cggactacga gtgggacatg	540
agtagcatca tcaaggacgc catcatcggc ggcgtgggct tcattcccgg cgtcgggtcg	600
gcgatgtcgt tcctgctggg cttgttctgg ccgcaacaga aggacaacac ctgggagcag	660
atccttcaga aggttgagca gatgatcgag aacgcggcac tccagaccat caagggcatc	720
ctgaacggcg acatccagga gatcaagggc aagatggagc acgtgcagta catgctggaa	780
acgtcgcccg gctctcagga atcccacgac gcctacatgt tcctggccag atacctcgtc	840
tctatcgacg agcgcttcaa gtccttcgac aacaagacga attaccagat cctgccgatg	900
tacacaaata ccgtgatgct acaaattccc tactggaaga tgggcatcga gaagaagaat	960
gacatcgggc tgacggacat cgaggtgaac gagctaaagc agctaatacga caccctggtg	1020
gaccgcgcaa ggaactacat tcacacaatg tacactaacg agtacaacaa cgccatcaac	1080
acttctactg ccgaatccgt gaccaacaac ctctctccg tacgcggtta ctgcctcctg	1140
cacggcctag agtgcattga gctgatcgag cacctccaga acaattcggt agagtccggc	1200
tttaaccgga agaccatcag ctacagcacc gtcttcgacc ggccgaccaa caagaccgcg	1260
atccaggccc tcacggagga cgaccaaatg caagagccgt tcaagccgag cctgatcgac	1320
gggaagtaca acaagatcaa gtcgctgctt ggctacgtcc gcagaatcgg gaacgcaccg	1380
cgcgtcggcg gcatacagat caccttcgcc aacgactcca gctacaccct gggcacccgta	1440
acatccgaga cgtcatccat cgagctgaac gacagcggtta tcgagcggct ggaggtgtgg	1500
ggcaacggcg cgggtggatga ggccctgttc acgctgagcg acggccgcca gctccgcgtc	1560
ggcgagcggc acgccacgaa gtatcggaag tacgcggtgg atgggcacta catcgctggc	1620
ttgtacctcg cgtccgacga gccagcctc gcggggccagg cggctgggat cgccgtatcg	1680
taccacatgc tcgcggacaa gaagtga	1707

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 153

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 568

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína de fusión PirAB TIC10381PL.

SECUENCIA SEQ ID No: 153

Met Ala Ser Ile Ile Asn Ile Asn Ile Ser Gly Ser Ser Asp Ile Thr
1 5 10 15

Ile Ile Asn Asn Thr Pro Ser Asn Pro Glu Pro Leu Ile Tyr Asn Thr
20 25 30

Asp Thr Pro Ala Ser Glu Pro Leu Thr Val Asn Pro Tyr Arg Asp Met
35 40 45

Thr Ile Glu Pro His Ser Ser Ile Glu Ala Ile Arg Ile Asp Thr Pro
50 55 60

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

Ala Ser Ser Val Arg Ala Val Phe Tyr Trp Ser His Ser Phe Thr Ser
85 90 95

Glu Trp Phe Glu Tyr Ser Ala Ile Thr Val Lys Ala Gly Glu Asp Gly
100 105 110

Ile Leu Gln Ser Pro Ser Asn Ser Val Tyr Tyr Ser Lys Val Val Ile
115 120 125

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

Asn Thr Thr Pro Ile Asn Val Ser Glu Asn Asp Thr Leu Pro Val Leu
145 150 155 160

Thr Asp Val Met Leu Ile Val Pro Tyr Thr Thr Ser Thr Pro Asp Tyr
165 170 175

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

Gly Phe Ile Pro Gly Val Gly Ser Ala Met Ser Phe Leu Leu Gly Leu

195					200					205						
Phe	Trp	Pro	Gln	Gln	Lys	Asp	Asn	Thr	Trp	Glu	Gln	Ile	Leu	Gln	Lys	
210					215					220						
Val	Glu	Gln	Met	Ile	Glu	Asn	Ala	Ala	Leu	Gln	Thr	Ile	Lys	Gly	Ile	
225					230					235					240	
Leu	Asn	Gly	Asp	Ile	Gln	Glu	Ile	Lys	Gly	Lys	Met	Glu	His	Val	Gln	
245					250					255						
Tyr	Met	Leu	Glu	Thr	Ser	Pro	Gly	Ser	Gln	Glu	Ser	His	Asp	Ala	Tyr	
260					265					270						
Met	Phe	Leu	Ala	Arg	Tyr	Leu	Val	Ser	Ile	Asp	Glu	Arg	Phe	Lys	Ser	
275					280					285						
Phe	Asp	Asn	Lys	Thr	Asn	Tyr	Gln	Ile	Leu	Pro	Met	Tyr	Thr	Asn	Thr	
290					295					300						
Val	Met	Leu	Gln	Ile	Pro	Tyr	Trp	Lys	Met	Gly	Ile	Glu	Lys	Lys	Asn	
305					310					315					320	
Asp	Ile	Gly	Leu	Thr	Asp	Ile	Glu	Val	Asn	Glu	Leu	Lys	Gln	Leu	Ile	
325					330					335						
Asp	Thr	Leu	Val	Asp	Arg	Ala	Arg	Asn	Tyr	Ile	His	Thr	Met	Tyr	Thr	
340					345					350						
Asn	Glu	Tyr	Asn	Asn	Ala	Ile	Asn	Thr	Ser	Thr	Ala	Glu	Ser	Val	Thr	
355					360					365						
Asn	Asn	Leu	Leu	Ser	Val	Arg	Gly	Tyr	Cys	Leu	Leu	His	Gly	Leu	Glu	
370					375					380						
Cys	Ile	Glu	Leu	Ile	Glu	His	Leu	Gln	Asn	Asn	Ser	Leu	Glu	Ser	Gly	
385					390					395					400	
Phe	Asn	Pro	Lys	Thr	Ile	Ser	Tyr	Ser	Thr	Val	Phe	Asp	Arg	Pro	Thr	
405					410					415						

Asn Lys Thr Arg Ile Gln Ala Leu Thr Glu Asp Asp Gln Met Gln Glu
420 425 430

Pro Phe Lys Pro Ser Leu Ile Asp Gly Lys Tyr Asn Lys Ile Lys Ser
435 440 445

Leu Leu Gly Tyr Val Arg Arg Ile Gly Asn Ala Pro Arg Val Gly Gly
450 455 460

Ile Gln Ile Thr Phe Ala Asn Asp Ser Ser Tyr Thr Leu Gly Thr Val
465 470 475 480

Thr Ser Glu Thr Ser Ser Ile Glu Leu Asn Asp Ser Val Ile Glu Arg
485 490 495

Leu Glu Val Trp Gly Asn Gly Ala Val Asp Glu Ala Leu Phe Thr Leu
500 505 510

Ser Asp Gly Arg Gln Leu Arg Val Gly Glu Arg Tyr Ala Thr Lys Tyr
515 520 525

Arg Lys Tyr Ala Val Asp Gly His Tyr Ile Ala Gly Leu Tyr Leu Ala
530 535 540

Ser Asp Glu Pro Ser Leu Ala Gly Gln Ala Ala Gly Ile Ala Val Ser
545 550 555 560

Tyr His Met Leu Ala Asp Lys Lys
565

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 154
I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1701
II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN
VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:
OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de codificación sintética usada para la expresión en células vegetales

que codifica una proteína de fusión PirAB TIC11103 PirAB compuesta por las secuencias de codificación TIC7661 y TIC7660 unidas de manera operativa.

SECUENCIA SEQ ID No: 154

atgaacacca ctccgattac tgtaagcact aacgaaacat cgcctctcat gacggacgtg	60
atgccgatgg acctgtacgc catctcgacg ccagactacg agtgggacat gagttccatc	120
atcaaggacg ccgtaattgg cggcatcggg ttcattccctg ggcccggccc ggccatctcc	180
ttcctgctgg gcctgtttctg gccgcagcag aaggacaaca catgggagca gatactccag	240
aaggtcgagc aaatgattga gaatgccgtg ttgcagacga tcaagggaat cctaaacggc	300
gaagtacagg agatcaaggg caagatggag cacgtcgagt ctatgctcaa gaactcgcca	360
ggctctcagg agtcacacga cgcctacatg ttcttggtc gttacctcgt ttcaattgac	420
gagaagttca agagcttcga caaccgcacc aactaccaac tgttgccgat gtacaccaat	480
acgattatgc tccagatacc ttattggaag atgggcatcg agaagaagaa ggacattggc	540
ctgaccgaca ttgaagtcaa cgagcttaag gagctgatcg acaagctggg ggacaaggcc	600
aagaactaca tccacacaat gtacacgaac gagcacaaca acgccgtgaa caccagcact	660
gccgagtccg tcacgaacaa tctcctcagc gtgcgcgggt actgcctgtt acacgggctg	720
gagtgcattg agctaattga gcacatccag aacaactccc tggagagcgg gttctaccgg	780
aagatcatca gctacagcac cgctttcgac cgcccgcaca acaagatgcg tatccaagcg	840
ctcacggagg acgacgcgat gcaagagccg tttaaaccgt cgctcattaa cggcaagtac	900
aacaagatcc agagcctcac gggctacgtg cagcggatcg gcaacgcgcc gcgcgtcggc	960
ggcatccgca tcacgttcac caacgggtcg tcctacacgc tcgggacggg gacctccgag	1020
acgcacagca tcaagctgaa cgactccgtg atcgagtcgt tagaggtctg gggaaacggg	1080
gccgtggacg aggccctgtt caagctgtcc gacggggcggc tcctccgcat cggcgagcgg	1140
tacgccaaga agtaccgcaa gtacgcggtg gacaaccact acatcgcggg catctacct	1200
gcgagcgacg agccgtccct ggcgggtcaa gccgcgggga tcgccgtgag ctatcacatg	1260
atggcggaca agaaaatgat tacgatcaac atcaacgtga acggcaacga cgtgacgggc	1320
accaacaaca atgagcccac tccagtcagc acgacgtacg gcccgaaacac tccggcctcg	1380
gagccaccgg tcgtctcgaa ctactccgac atcaccattg agccgcacag ctcggtccag	1440
gccacgcgga tcgacacgcc ggtgatcccc gagggcccggc cggactacta cgtggcgaac	1500

```

tcggggccctg cgccgtccgt gcggggccgtg ttctactggt cgactcgtt cacctccgag      1560
tggttcgagt cgtccagcat caccgtgaag gcggggcgagg acggaatcct caaggctcca      1620
gggaacagcc tgtactacag caaggtcgtc atctacaacg acacagacaa gcgggccttc      1680
gttaccgggt acaacaagtg a                                              1701

```

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 155

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 566

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína de fusión PirAB TIC11103.

SECUENCIA SEQ ID No: 155

```

Met Asn Thr Thr Pro Ile Thr Val Ser Thr Asn Glu Thr Ser Pro Leu
1              5              10              15

```

```

Met Thr Asp Val Met Pro Met Asp Leu Tyr Ala Ile Ser Thr Pro Asp
                20              25              30

```

```

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

```

```

Ile Gly Phe Ile Pro Gly Pro Gly Pro Ala Ile Ser Phe Leu Leu Gly
    50              55              60

```

```

Leu Phe Trp Pro Gln Gln Lys Asp Asn Thr Trp Glu Gln Ile Leu Gln
65              70              75              80

```

```

Lys Val Glu Gln Met Ile Glu Asn Ala Val Leu Gln Thr Ile Lys Gly
            85              90              95

```

```

Ile Leu Asn Gly Glu Val Gln Glu Ile Lys Gly Lys Met Glu His Val
        100              105              110

```

```

Glu Ser Met Leu Lys Asn Ser Pro Gly Ser Gln Glu Ser His Asp Ala

```

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

Val Thr Ser Glu Thr His Ser Ile Lys Leu Asn Asp Ser Val Ile Glu
340 345 350

Ser Leu Glu Val Trp Gly Asn Gly Ala Val Asp Glu Ala Leu Phe Lys
355 360 365

Leu Ser Asp Gly Arg Leu Leu Arg Ile Gly Glu Arg Tyr Ala Lys Lys
370 375 380

Tyr Arg Lys Tyr Ala Val Asp Asn His Tyr Ile Ala Gly Ile Tyr Leu
385 390 395 400

Ala Ser Asp Glu Pro Ser Leu Ala Gly Gln Ala Ala Gly Ile Ala Val
405 410 415

Ser Tyr His Met Met Ala Asp Lys Lys Met Ile Thr Ile Asn Ile Asn
420 425 430

Val Asn Gly Asn Asp Val Thr Gly Thr Asn Asn Asn Glu Pro Thr Pro
435 440 445

Val Ser Thr Thr Tyr Gly Pro Asn Thr Pro Ala Ser Glu Pro Pro Val
450 455 460

Val Ser Asn Tyr Ser Asp Ile Thr Ile Glu Pro His Ser Ser Val Gln
465 470 475 480

Ala Thr Arg Ile Asp Thr Pro Val Ile Pro Glu Ala Arg Pro Asp Tyr
485 490 495

Tyr Val Ala Asn Ser Gly Pro Ala Pro Ser Val Arg Ala Val Phe Tyr
500 505 510

Trp Ser His Ser Phe Thr Ser Glu Trp Phe Glu Ser Ser Ser Ile Thr
515 520 525

Val Lys Ala Gly Glu Asp Gly Ile Leu Lys Ala Pro Gly Asn Ser Leu
530 535 540

Tyr Tyr Ser Lys Val Val Ile Tyr Asn Asp Thr Asp Lys Arg Ala Phe

545

550

555

560

Val Thr Gly Tyr Asn Lys
565

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 156

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1701

II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de codificación sintética usada para la expresión en células vegetales

que codifica una proteína de fusión PirAB TIC11104 compuesta por las secuencias de

codificación de TIC7663 y TIC7662 unidas de manera operativa.

SECUENCIA SEQ ID No: 156

atgaacacca ccctcatcaa cgtaagttag aaggagacgc tgccggtgca gaccgacatc	60
atgctgatcg cgccgtactc cgtgtccacg ccggactacg agtgggacat gtcacgctc	120
atcaaggacg cgatcatcgg cggcgtcggg ttcattccctg tcgtcggctc ggccatgtcc	180
ttcctcctcg gcctgttctg gccgcagcag aaggacaaca cttgggaaca aatactgcag	240
aaggctcgagc agatgatcga gaacgcgcag ctcaacacga ttaagggcat tctgaacggc	300
gacatccagg agattaaggg caagatggag cacgtgcagt acatgcttga gacaagtcca	360
gggagtcagg agtcacacga cgcctacatg ttcttagccc gctacctagt gagcatcgac	420
gagaagttca agtcgttcga caacaagaca aactaccaa tcttgccaat gtacacgaat	480
accgtcatgc tacagatccc atactggaag atgggaattg agaagaaga cgacattggc	540
ttgacggaca tcgaagtcaa cgagcttaaa cagcttatcg acactctggt ggaccgcgcg	600
cgcaactaca tccacaccat gtacgagcga gagtacgaca acgcatcaa cacctcaacc	660
gctgcctcgg tgaccaaaaa cctgctctcc gtgcgcgggt actgcctcct gcacgggctg	720
gagtgcacg agactatcga gcaccttcag aacaacagcc tcaacagtgg gttctaccg	780
aagaccatca gctacagcac tgtcttcgac cggccacga acaagaccg catccaggct	840
ctgacggaag acgaccaaat gcaagagccg ttcaagccc cgctgatcgg cggcaagtac	900

```

aacaagatca agtccctggtt gggctacgtg cgaaggatcg gcaacgctcc acgggtcggc      960
ggcatcaagg tgacgtttcac caatgggtcg agctacacgc tcgggacggg cactcggaa      1020
accgactcca tcgaactgaa cgagtcggtc atcgagcggc tggaggtgtg gggcaacgga      1080
gccgtggacg aggcctcttt taccctgagc gatggccgcc agctccgcat cggcgagcgg      1140
tacgccaaga aataccggaa gtacgcggtg gatggggcact acatcagcgg cctctacctc      1200
gcgtcggacg agccctccct cgccggtcaa gcagccggga tcgcggtgtc ctaccacatg      1260
ctcgcagaca agaagatgtc caccatcaac atcaacatct cctccagcac ggtcactgtg      1320
attacaaaca atggcgagac gcccggtccc ctcacctaca acaccaacac gccggagtcg      1380
gagccgctga cgggtcaaccc gtaccgcgac atgaccatcg agccgcgctc ctccattgag      1440
gcgacccgca tcgacacgcc gatcatcccg gagacgagac cgaactacta tgtggcgaac      1500
tccggcccgg ccagcagcgt ccgggcggtg ttctactggt cgcacagctt cacctcgcaa      1560
tggttcgagt attcgtcgat catcgtgaag gcgggtgagg acggcatact ggagtcgccg      1620
tcgaacagcc tctactacag caagtggtg atctacaacg acacggacaa gagggcattc      1680
gtcacgggct acaacaagtg a      1701

```

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 157

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 566

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la proteína de fusión PirAB TIC11104 PirAB.

SECUENCIA SEQ ID No: 157

```

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

```

```

Gln Thr Asp Ile Met Leu Ile Ala Pro Tyr Ser Val Ser Thr Pro Asp
          20           25           30

```

```

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

```

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

Gly Phe Tyr Pro Lys Thr Ile Ser Tyr Ser Thr Val Phe Asp Arg Pro
260 265 270

Thr Asn Lys Thr Arg Ile Gln Ala Leu Thr Glu Asp Asp Gln Met Gln
275 280 285

Glu Pro Phe Lys Pro Ala Leu Ile Gly Gly Lys Tyr Asn Lys Ile Lys
290 295 300

Ser Leu Leu Gly Tyr Val Arg Arg Ile Gly Asn Ala Pro Arg Val Gly
305 310 315 320

Gly Ile Lys Val Thr Phe Thr Asn Gly Ser Ser Tyr Thr Leu Gly Thr
325 330 335

Val Thr Ser Glu Thr Asp Ser Ile Glu Leu Asn Glu Ser Val Ile Glu
340 345 350

Arg Leu Glu Val Trp Gly Asn Gly Ala Val Asp Glu Ala Leu Phe Thr
355 360 365

Leu Ser Asp Gly Arg Gln Leu Arg Ile Gly Glu Arg Tyr Ala Lys Lys
370 375 380

Tyr Arg Lys Tyr Ala Val Asp Gly His Tyr Ile Ser Gly Leu Tyr Leu
385 390 395 400

Ala Ser Asp Glu Pro Ser Leu Ala Gly Gln Ala Ala Gly Ile Ala Val
405 410 415

Ser Tyr His Met Leu Ala Asp Lys Lys Met Ser Thr Ile Asn Ile Asn
420 425 430

Ile Ser Ser Ser Thr Val Thr Val Ile Thr Asn Asn Gly Glu Thr Pro
435 440 445

Val Pro Leu Thr Tyr Asn Thr Asn Thr Pro Glu Ser Glu Pro Leu Thr
450 455 460

Val Asn Pro Tyr Arg Asp Met Thr Ile Glu Pro Arg Ser Ser Ile Glu
465 470 475 480

Ala Thr Arg Ile Asp Thr Pro Ile Ile Pro Glu Thr Arg Pro Asn Tyr
485 490 495

Tyr Val Ala Asn Ser Gly Pro Ala Ser Ser Val Arg Ala Val Phe Tyr
500 505 510

Trp Ser His Ser Phe Thr Ser Gln Trp Phe Glu Tyr Ser Ser Ile Ile
515 520 525

Val Lys Ala Gly Glu Asp Gly Ile Leu Glu Ser Pro Ser Asn Ser Leu
530 535 540

Tyr Tyr Ser Lys Val Val Ile Tyr Asn Asp Thr Asp Lys Arg Ala Phe
545 550 555 560

Val Thr Gly Tyr Asn Lys
565

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 158

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1701

II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de codificación sintética usada para la expresión en células vegetales que codifica una proteína de fusión PirAB TIC11302.

SECUENCIA SEQ ID No: 158

atgattacga tcaacatcaa cgtgaacggc aacgacgtga cgggcaccaa caacaatgag	60
cccactccag tcagcacgac gtacggcccg aacactccgg cctcggagcc accggtcgtc	120
tcgaactact ccgacatcac cattgagccg cacagctcgg tccaggccac gcggatcgac	180
acgccggtga tcccggaggc ccggccggac tactacgtgg cgaactcggg ccctgcgccg	240
tccgtgcggg ccgtgttcta ctggtcgac tcgttcacct ccgagtgggt cgagtcgtcc	300
agcatcaccg tgaaggcggg cgaggacgga atcctcaagg ctccaggga cagcctgtac	360
tacagcaagg tcgtcatcta caacgacaca gacaagcggg ccttcgttac cgggtacaac	420

aagatgaaca tcagcccgat caacgtctcg gagaacgaga cgctcccgga gctgaccgac	480
gtgatgctga tcgtcccata caccgaccagc acgccggatt acgagtggga catgtcgtcg	540
atcattaagg atgcgatcat cggaggcggt ggcttcatcc ctggcgcggg ctggccatg	600
agcttcctgc tcggcctggt ctggccgcag cagaaggata acacttggga gcagatactt	660
cagaaggtgg aacagatgat cgagaacgcg gtcctccaaa cgatcaaggg catcctcaac	720
ggcgacatcc aggagattaa gggaaagatg gagcacgttc agtacatgct cgaaaccagc	780
cctgggagcc aggagagcca cgacgcctac atgttcttggt cacgttacct cgtctcgatt	840
gacgagaagt tcaagtcctt cgacaacaag acaaactacc agatcttgcc aatgtacacc	900
aatacggtta tgttacagat tccgtactgg aagatgggca tcgagaagaa gaatgacatc	960
ggcttgaccg acatcgaggt caatgagctt aagcaactta tcgacaagct ggtggacaag	1020
gccaagtcct acatccacac aatgtacacc aacgagtaca acgacgcgat caacaccagc	1080
accgcctcaa gcgtcacaaa caacctcctg tccgtgcgcg gttactgcct tctgcacggc	1140
ctggagtgcg tcgaacttat tgagcatctc cagaacaaca gcctggagtc cggcttctac	1200
ccgaagacga tcagctactc cacggtcttc gaccggcaga ccaacaagat gcggatacaa	1260
gcgctcactg aggacgacca gatgcaagaa cccttcaagc cctcgctcat caacgggaag	1320
tacaacaaga tccagagcct cctcggctac gtccagcgca tcggcaacgc gccgcgcgtc	1380
ggcgggatca agatcacgtt cgccaacggg tctagttaca cgctgggcac cgtgaccagc	1440
gagacctcca gtattgagct taacgactcg gtgatcgagc ggctggaggt gtggggcaac	1500
ggcgcggtgg acgaggcgct gttcaccctc tcggacgggc ggcagctccg ggtcggcgag	1560
cggtagcgga ccaagtaccg taagtacgcc gtggacggcc actacatcgc cggctctgtac	1620
ctcgccagtg acgagcccag cctagcgggc caggcggtg gcacgcccgt gtcgtaccac	1680
atgctcgacg acaagaagtg a	1701

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 159

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 24

II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: Una secuencia de codificación sintética que codifica una etiqueta de Histidina que

está unida de manera operativa a secuencias de codificación expresadas en Escherichia coli y usadas para la purificación de proteínas.

SECUENCIA SEQ ID No: 159

caccaccatc acgctcacca tcac

24

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 160

I.- CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 8

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

VI.- FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Artificial

CARACTERÍSTICA:

OTRA INFORMACIÓN: La secuencia de aminoácidos de la etiqueta de Histidina.

SECUENCIA SEQ ID No: 160

His His His His Ala His His His

1

5