



19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA

11 Número de publicación: **2 316 963**

51 Int. Cl.:

C12N 15/32 (2006.01)

C12N 15/82 (2006.01)

C12N 5/14 (2006.01)

C12N 15/63 (2006.01)

A01H 1/00 (2006.01)

C07K 14/325 (2006.01)

C07K 16/12 (2006.01)

A01N 63/00 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

96 Número de solicitud europea: **04713453 .1**

96 Fecha de presentación : **20.02.2004**

97 Número de publicación de la solicitud: **1594966**

97 Fecha de publicación de la solicitud: **16.11.2005**

54 Título: **Genes delta-endotoxina y los métodos para su uso.**

30 Prioridad: **20.02.2003 US 448632 P**
20.02.2003 US 448633 P
20.02.2003 US 448797 P
20.02.2003 US 448806 P
20.02.2003 US 448810 P
20.02.2003 US 448812 P
19.02.2004 US 782141
19.02.2004 US 782096
19.02.2004 US 781979
19.02.2004 US 783417
19.02.2004 US 782020
19.02.2004 US 782570

45 Fecha de publicación de la mención BOPI:
16.04.2009

45 Fecha de la publicación del folleto de la patente:
16.04.2009

73 Titular/es: **Athenix Corporation**
108 T W Alexander Drive, P.O. Box 110347
Research Triangle Park
North Carolina 27709, US

72 Inventor/es: **Carozzi, Nadine;**
Hargiss, Tracy;
Koziel, Michael, G.;
Duck, Nicholas, B. y
Carr, Brian

74 Agente: **Carvajal y Urquijo, Isabel**

Aviso: En el plazo de nueve meses a contar desde la fecha de publicación en el Boletín europeo de patentes, de la mención de concesión de la patente europea, cualquier persona podrá oponerse ante la Oficina Europea de Patentes a la patente concedida. La oposición deberá formularse por escrito y estar motivada; sólo se considerará como formulada una vez que se haya realizado el pago de la tasa de oposición (art. 99.1 del Convenio sobre concesión de Patentes Europeas).

DESCRIPCIÓN

Genes delta-endotoxina y los métodos para su uso.

5 **Campo de la invención**

Esta invención se relaciona con el campo de biología molecular. Se proporcionan genes novedosos que codifican proteínas de pesticidas. Estas proteínas y las secuencias del ácido nucleico que las codifican son útiles en la preparación de formulaciones de pesticidas y en la producción de plantas transgénicas resistentes a las plagas.

10 **Antecedentes de la invención**

Bacillus thuringiensis es una espora Gram-positiva que forma las bacterias del suelo, caracterizada por su capacidad de producir inclusiones cristalinas que son específicamente tóxicas para ciertas órdenes y especies de insectos, pero son inofensivas a las plantas y otros organismos no-blancos. Por esta razón, las composiciones que incluyen cepas del *Bacillus thuringiensis* o sus proteínas insecticidas se pueden utilizar como insecticidas ecológicamente aceptables para controlar las plagas de insectos o vectores de insectos agrícolas de una variedad de enfermedades humanas o animales.

Las proteínas (delta-endotoxinas) Cristal (Cry) a partir del *Bacillus thuringiensis* tienen potente actividad insecticida contra predominantemente Lepidópteros, Dípteros, y Larvas de coleópteros. Estas proteínas también han mostrado actividad contra Hymenoptera, Homoptera, Phthiraptera, Mallophaga, y Órdenes de la plaga de ácaros, así como otras órdenes de invertebrados tales como Nematelminthes, Platyhelminthes, y Sarcomastigophora (Feitelson (1993) The *Bacillus Thuringiensis* family tree. In Advanced Engineered Pesticides. Marcel Dekker, Inc., New York, N.Y.) Estas proteínas se clasificaron originalmente como CryI a CryV basándose en primer lugar en su actividad insecticida. Las principales clases fueron Lepidoptera-específica (I), Lepidoptera y Díptera-específica (II), Coleoptera-específica (II), Díptera-específica (IV), y Nemátodo-específica (V) y (VI). Las proteínas además se clasificaron en subfamilias; proteínas relacionadas más altamente dentro de cada familia se señalaron con letras divisionales tales como CryIA, CryIB, CryIC, etc. A las proteínas aún más estrechamente relacionadas dentro de cada división se les dieron nombres tales como CryIC1, CryIC2, etc. US 6177615 describe una proteína CryIC recombinante modificada genéticamente, designada como Cry IC*.

Recientemente se describió, una nueva nomenclatura para los genes Cry sobre la base de la homología de la secuencia de aminoácido mejor que la especificidad del insecto blanco (Crickmore *et al.* (1998) Microbiol. Mol. Biol. Rev. 62:807-813). En la nueva clasificación, a cada toxina se le asigna un nombre único, incorporando un rango primario (un número arábigo), un rango secundario (una letra mayúscula), un rango terciario (una letra minúscula), y un rango cuaternario (otro número arábigo). En la nueva clasificación, los números Romanos han sido intercambiados por números Árabigos en el rango primario. Las proteínas con menos del 45% de identidad de la secuencia tienen diferentes rangos primarios, y el criterio para rangos secundarios y terciarios son 78% y 95%, respectivamente. Como un ejemplo, Kalman *et al.*, (Appl Environ Microbiol. 1993, 59(4): 1131-7) describe el gen cryIC(b).

La proteína de cristal no muestra actividad insecticida hasta que ha sido ingerida y solubilizado en el intestino medio del insecto. La protoxina ingerida se hidroliza por las proteasas en el tracto digestivo del insecto a una molécula tóxica activa. (Höfte and Whiteley (1989) Microbiol. Rev. 53:242-255). Esta toxina se une a los receptores del borde ciliado apical en el intestino medio de la larva blanco y se inserta en la membrana apical creando canales iónicos o poros, resultando en la muerte larval.

Las Delta-endotoxinas generalmente tienen cinco dominios de secuencias conservados, y tres dominios estructurales conservados (ver, por ejemplo, de Maagd *et al.* (2001) Trends Genetics 17:193-199). El primer dominio estructural conservado consiste de siete hélices alfa y se involucra en la inserción de la membrana y formación del poro. El dominio II consiste de tres hojas beta organizadas en una configuración de llave Griega, y dominio III consiste de dos hojas-beta antiparalelas en formación "rollo de gelatina" (de Maagd *et al.* (2001) *supra*). Los dominios II y III se involucran en el reconocimiento y enlace del receptor, y por consiguiente se consideran determinantes de la especificidad de la toxina.

Debido a la devastación que los insectos pueden conferir, existe una necesidad continua de descubrir nuevas formas de las delta-endotoxinas del *Bacillus thuringiensis*.

60 **Resumen de la invención**

Se proporcionan, las composiciones y métodos para conferir resistencia pesticida a bacterias, plantas, células vegetales, tejidos, y semillas. Las composiciones incluyen moléculas de ácido nucleico aisladas que codifican las secuencias para polipéptidos delta-endotoxina, vectores que comprenden aquellas moléculas de ácido nucleico, y células huésped que comprenden los vectores. Las composiciones también incluyen secuencias de polipéptido aisladas o recombinantes de la endotoxina, las composiciones que comprenden estos polipéptidos, y anticuerpos con aquellos polipéptidos. Las secuencias del nucleótido se pueden utilizar en construcciones de ADN o cassettes de expresión para la transformación y expresión en organismos, que incluyen microorganismos y plantas. Las secuencias del nucleótido o aminoácido pueden ser secuencias sintéticas que han sido diseñadas para la expresión óptima en un organismo, que incluyen, pero

ES 2 316 963 T3

no limitan a, un microorganismo o una planta. Las composiciones también comprenden bacterias, plantas, células vegetales, tejidos, y semillas transformadas.

En particular, la presente invención proporciona las moléculas de ácido nucleico aisladas que contienen una secuencia del nucleótido que codifica una secuencia de aminoácido mostrada en la SEQ ID No:3 o 5, o una secuencia del nucleótido publicada en la SEQ ID No:1, 2 o 4, así como las variantes y los fragmentos de esta. Las secuencias del nucleótido que son complementarias con una secuencia del nucleótido de la invención, o que hibridizan a una secuencia de la invención, también se abarcan.

Se proporcionan los métodos para producir los polipéptidos de la invención, y para utilizar aquellos polipéptidos para controlar o matar un insecto lepidóptero o coleóptero.

Las composiciones y métodos de la invención son útiles para la producción de organismos con resistencia pesticida, específicamente bacterias y plantas. Estos organismos y composiciones derivados de ellos son deseables para propósitos agrícolas. Las composiciones de la invención también son útiles para generar proteínas delta-endotoxina alteradas o mejoradas que tienen actividad de pesticida, o para detectar la presencia de proteínas delta-endotoxina o ácidos nucleicos en productos u organismos.

Descripción de figuras

Figura 1 muestra una alineación de AXMI-004 (SEQ ID No:3) con cry1Ac (SEQ ID No:31), cry1Ca (SEQ ID No:32), cry2Aa (SEQ ID No:34), cry3Aa1 (SEQ ID No:35), cry1Ia (SEQ ID No:33), y cry7Aa (SEQ ID No:41). Las toxinas que tienen dominios no-tóxicos C-terminal se truncaron artificialmente como se muestra. La alineación muestra los residuos de aminoácido más altamente conservados destacados en negro, y los residuos de aminoácido altamente conservados destacados en gris. El grupo conservado 1 se encuentra de aproximadamente 174 a aproximadamente 196 residuos de aminoácido de la SEQ ID No:3. El grupo conservado 2 se encuentra de aproximadamente 250 a aproximadamente 292 residuos de aminoácido de la SEQ ID No:3. El grupo conservado 3 se encuentra de aproximadamente 476 a aproximadamente 521 residuos de aminoácido de la SEQ ID No:3. El grupo conservado 4 se encuentra de aproximadamente 542 a aproximadamente 552 residuos de aminoácido de la SEQ ID No:3. El grupo conservado 5 se encuentra de aproximadamente 618 a aproximadamente 628 residuos de aminoácido de la SEQ ID No:3.

Figuras 2A, B, y C muestran una alineación de AXMI-006 (SEQ ID No:7) con cry1Aa (SEQ ID No:30), cry1Ac (SEQ ID No:31), cry1Ia (SEQ ID No:33), cry3Aa1 (SEQ ID No:35), cry3Ba (SEQ ID No:36), cry 4Aa (SEQ ID No:38), cry6Aa (SEQ ID No:40), cry7Aa (SEQ ID No:41), cry8Aa (SEQ ID No:42), cry10Aa (SEQ ID No:43), cry16Aa (SEQ ID No:44), cry19Ba (SEQ ID No:45), y cry24Aa (SEQ ID No:47). Como se muestra, las toxinas que tienen dominios no-tóxicos C-terminal se truncaron artificialmente. La alineación muestra los residuos de aminoácido más altamente conservados destacados en negro, y residuos de aminoácido altamente conservados destacados en gris. El grupo conservado 1 se encuentra de aproximadamente 218 a aproximadamente 239 residuos de aminoácido de la SEQ ID No:7. El grupo conservado 2 se encuentra de aproximadamente 300 a aproximadamente 350 residuos de aminoácido de la SEQ ID No:7. El grupo conservado 3 se encuentra de aproximadamente 547 a aproximadamente 592 residuos de aminoácido de la SEQ ID No:7. El grupo conservado 4 se encuentra de aproximadamente 611 a aproximadamente 621 residuos de aminoácido de la SEQ ID No: 7. El grupo conservado 5 se encuentra de aproximadamente 694 a aproximadamente 704 residuos de aminoácido de la SEQ ID No:7.

Figuras 3A, B, y C muestran una alineación de AXMI-007 (SEQ ID No:9) con cry1Aa (SEQ ID No:30), cry1Ac (SEQ ID No:31), cry1Ia (SEQ ID No:33), cry3Aa1 (SEQ ID No:35), cry3Ba (SEQ ID No:36), cry 4Aa (SEQ ID No:38), cry6Aa (SEQ ID No:40), cry7Aa (SEQ ID No:41), cry8Aa (SEQ ID No:42), cry10Aa (SEQ ID No:43), cry16Aa (SEQ ID No:44), cry19Ba (SEQ ID No:45), y cry24Aa (SEQ ID No:47). Como se muestra, las toxinas que tienen dominios no-tóxicos C-terminales se truncaron artificialmente. La alineación muestra los residuos de aminoácido más altamente conservados destacados en negro, y residuos de aminoácido altamente conservados destacados en gris. El grupo conservado 1 se encuentra de aproximadamente 217 a aproximadamente 238 residuos de aminoácido de la SEQ ID No:9. El grupo conservado 2 se encuentra de aproximadamente 299 a aproximadamente 347 residuos de aminoácido de la SEQ ID No:9. El grupo conservado 3 se encuentra de aproximadamente 445 a aproximadamente 590 residuos de aminoácido de la SEQ ID No:9. El grupo conservado 4 se encuentra de aproximadamente 609 a aproximadamente 619 residuos de aminoácido de la SEQ ID No: 9. El grupo conservado 5 se encuentra de aproximadamente 692 a aproximadamente 702 residuos de aminoácido de la SEQ ID No:9.

Figuras 4A, B, y C muestran una alineación de AXMI-008 (SEQ ID No:14) con cry1Aa (SEQ ID No:30), cry1Ac (SEQ ID No:31), cry1Ia (SEQ ID No:33), cry2Aa (SEQ ID No:34), cry3Aa1 (SEQ ID No:35), cry3Bb (SEQ ID No:37), cry4Aa (SEQ ID No:38), cry4Ba (SEQ ID No:39), cry6Aa (SEQ ID No:40), cry7Aa (SEQ ID No:41), cry8Aa (SEQ ID No:42), cry10Aa (SEQ ID No:43), cry16Aa (SEQ ID No:44), cry19Ba (SEQ ID No:45), cry24Aa (SEQ ID No:47), cry25Aa (SEQ ID No:48), cry39Aa1 (SEQ ID No:49), y cry40Aa1 (SEQ ID No:51). Como se muestra, las toxinas que tienen dominios no-tóxicos C-terminal se truncaron artificialmente. La alineación muestra los residuos de aminoácido más altamente conservados destacados en negro, y residuos de aminoácido altamente conservados destacados en gris. El grupo conservado 1 se encuentra de aproximadamente 185 a aproximadamente 206 residuos de aminoácido de la SEQ ID No:14. El grupo conservado 2 se encuentra de aproximadamente 276 a aproximadamente 318 residuos de aminoácido de la SEQ ID No:14. El grupo conservado 3 se encuentra de aproximadamente 497 a aproximadamente 547 residuos de aminoácido de la SEQ ID No:14. El grupo conservado 4 se encuentra de apro-

ximadamente 576 a aproximadamente 586 residuos de aminoácido de la SEQ ID No:14. El grupo conservado 5 se encuentra de aproximadamente 657 a aproximadamente 667 residuos de aminoácido de la SEQ ID No:14.

Figuras 5A y B muestran una alineación de AXMI-008orf2 (SEQ ID No:18) con cry19Aa-orf2 (SEQ ID No:46), crybun2-orf2 (SEQ ID No:50), crybun3-orf2 (SEQ ID No:52), cry4Aa (SEQ ID No:38), y cry4Ba (SEQ ID No:39). La alineación muestra los residuos de aminoácido más altamente conservados destacados en negro, y los residuos de aminoácido altamente conservados destacados en gris.

Figuras 6A, B, y C muestran una alineación de AXMI-009 (SEQ ID No:20) con cry1Aa (SEQ ID No:30), cry1Ac (SEQ ID No:31), cry1Ca (SEQ ID No:32), cry1Ia (SEQ ID No:33), cry3Aa1 (SEQ ID No:35), cry3Ba (SEQ ID No:36), cry3Bb (SEQ ID No:37), cry4Aa (SEQ ID No:38), cry6Aa (SEQ ID No:40), cry7Aa (SEQ ID No:41), cry8Aa (SEQ ID No:42), cry10Aa (SEQ ID No:43), cry16Aa (SEQ ID No:44), cry19Ba (SEQ ID No:45), cry24Aa (SEQ ID No:47), cry25Aa (SEQ ID No:48), cry40Aa1 (SEQ ID No:51). Como se muestra, las toxinas que tienen dominios no-tóxicos C-terminal se truncan artificialmente. La alineación muestra los residuos de aminoácido más altamente conservados destacados en negro, y los residuos de aminoácido altamente conservados destacados en gris. El grupo conservado 1 se encuentra de aproximadamente 196 a aproximadamente 217 residuos de aminoácido de la SEQ ID No:20. El grupo conservado 2 se encuentra de aproximadamente 269 a aproximadamente 311 residuos de aminoácido de la SEQ ID No:20. El grupo conservado 3 se encuentra de aproximadamente 514 a aproximadamente 556 residuos de aminoácido de la SEQ ID No:20. El grupo conservado 4 se encuentra de aproximadamente 574 a aproximadamente 584 residuos de aminoácido de la SEQ ID No:20. El grupo conservado 5 se encuentra de aproximadamente 651 a aproximadamente 661 residuos de aminoácido de la SEQ ID No:20.

Figuras 7A, B, y C muestran una alineación de AXMI-014 (SEQ ID No:27) con cry1Aa (SEQ ID No:30), cry1Ac (SEQ ID No:31), cry1Ia (SEQ ID No:33), cry2Aa (SEQ ID No:34), cry3Aa1 (SEQ ID No:35), cry3Bb (SEQ ID No:37), cry4Aa (SEQ ID No:38), cry4Ba (SEQ ID No:39), cry6Aa (SEQ ID No:40), cry7Aa (SEQ ID No:41), cry8Aa (SEQ ID No:42), cry10Aa (SEQ ID No:43), cry16Aa (SEQ ID No:44), cry19Ba (SEQ ID No:45), cry24Aa (SEQ ID No:47), cry25Aa (SEQ ID No:48), cry39Aa1 (SEQ ID No:49), y cry40Aa1 (SEQ ID No:51). Como se muestra, las toxinas que tienen dominios no-tóxicos C-terminal se truncan artificialmente. La alineación muestra los residuos de aminoácido más altamente conservados destacados en negro, y los residuos de aminoácido altamente conservados destacados en gris. El grupo conservado 1 se encuentra de aproximadamente 177 a aproximadamente 188 residuos de aminoácido de la SEQ ID No:27. El grupo conservado 2 se encuentra de aproximadamente 251 a aproximadamente 293 residuos de aminoácido de la SEQ ID No:27. El grupo conservado 3 se encuentra de aproximadamente 483 a aproximadamente 533 residuos de aminoácido de la SEQ ID No:27. El grupo conservado 4 se encuentra de aproximadamente 552 a aproximadamente 562 residuos de aminoácido de la SEQ ID No:27.

Figura 8 muestra una fotografía de un gel de acrilamida SDS de gradiente 4-20%. Las sendas 1-4 contienen diversas concentraciones de cultivo celular *Bacillus* esporulado que expresa la proteína AXMI-004 de 69 kD. Las sendas 5-8 contienen diversas concentraciones de BSA. La senda 9 contiene un marcador de tamaño. Una flecha indica la banda de 69 kD.

Descripción detallada

La presente invención se señala para las composiciones y métodos que regulan la resistencia de plagas en organismos, particularmente plantas o células vegetales. Los métodos involucran la transformación de los organismos con una secuencia del nucleótido que codifica una proteína delta-endotoxina o delta-endotoxina-asociada de la invención. En particular, las secuencias del nucleótido de la invención son útiles para preparar plantas y microorganismos que poseen actividad de pesticida. De esta manera, se proporcionan bacterias transformadas, plantas, células vegetales, tejidos vegetales y semillas. Las composiciones son ácidos nucleicos y proteínas delta-endotoxina o delta-endotoxina-asociada de *Bacillus thuringiensis*. Las secuencias encuentran uso en la construcción de vectores de expresión para la posterior transformación en los organismos de interés, como sondas para el aislamiento de otros genes delta-endotoxina o delta-endotoxina-asociados, y para la generación de proteínas de pesticidas alteradas por métodos conocidos en el oficio, tales como intercambio del dominio o transposición de ADN. Las proteínas encuentran uso en controlar o matar poblaciones de insectos lepidópteros o coleópteros y para producir composiciones con actividad de pesticida.

Definiciones

Por "delta-endotoxina" se entiende una toxina del *Bacillus thuringiensis* que tiene actividad tóxica contra una o más plagas, que incluyen, pero no limitan a, miembros de las órdenes Lepidoptera, Diptera, y Coleoptera. En algunos casos, las proteínas delta-endotoxina han sido aisladas a partir de otros organismos, que incluyen *Clostridium bifermentans* y *Paenibacillus popilliae*. Las proteínas delta-endotoxina incluyen secuencias de aminoácido deducidas de las secuencias de cuerpo entero del nucleótido revelado aquí, y secuencias de aminoácido que son más pequeñas que las secuencias de cuerpo entero, ya sea debido al uso de un sitio inicial en dirección 3' alterno, o debido a que producen una proteína más pequeña que tiene actividad de pesticida. El procedimiento puede ocurrir en el organismo de la proteína en la que se expresa, o en la plaga después de la ingestión de la proteína. Las delta-endotoxinas incluyen proteínas identificadas como cry1 a cry43, cyt1 y cyt2, y Cyt-como toxina. Existen actualmente más de 250 especies conocidas de delta-endotoxinas con un amplio rango de especificidad y toxicidad. Para una lista extensa, ver Crickmore *et al.* (1998), Microbiol. Mol. Biol. Rev. 62:807-813, y para actualizaciones regulares ver Crickmore *et al.* (2003) "Bacillus thuringiensis toxin nomenclature," at www.biols.susx.ac.uk/Home/NeilCrickmore/Bt/index.

Los genes bacterianos, tales como los genes AXMI, a menudo poseen múltiples codones de iniciación de la metionina en proximidad con el inicio del marco de lectura abierto. Con frecuencia, la iniciación de la traducción en uno o más de estos codones iniciales conducirá a la generación de una proteína funcional. Estos codones iniciales pueden incluir los codones ATG. Sin embargo, las bacterias tales como *Bacillus* sp. también reconocen el codón GTG como un codón inicial, y las proteínas que inicien la traducción en los codones GTG contienen una metionina en el primer aminoácido. Adicionalmente, no se determina con frecuencia *a priori* que de estos codones se utilizan naturalmente en las bacterias. De esta manera, se entiende que el uso de uno de los codones de metionina alternos también, puede conducir a la generación de proteínas delta-endotoxina que codifican la actividad de pesticida. Por ejemplo, un sitio inicial alternativo para una proteína delta-endotoxina AXMI-004 de la invención tiene en el par de base 385 de la SEQ ID No:1. La traducción a partir de este sitio inicial alternativo resulta en la secuencia de aminoácido encontrada en la SEQ ID No:5. Un sitio inicial alternativo para una proteína delta-endotoxina AXMI-007 puede estar en el par de base 151 de la SEQ ID No:8. La traducción a partir de este sitio inicial alternativo resulta en la secuencia de aminoácido encontrada en la SEQ ID No:11. Un sitio inicial alternativo para una proteína delta-endotoxina AXMI-008 puede estar en el nucleótido 177 de la SEQ ID No:12. La traducción a partir de este sitio inicial alternativo resulta en la secuencia de aminoácido encontrada en la SEQ ID No:16. Un sitio inicial alternativo para una proteína delta-endotoxina AXMI-009 puede estar en el nucleótido 34 de la SEQ ID No:19. La traducción a partir de este sitio inicial alternativo resulta en la secuencia de aminoácido encontrada en la SEQ ID No:22. Un sitio inicial alternativo adicional para una proteína delta-endotoxina AXMI-009 puede estar en el nucleótido 64 de la SEQ ID No:1. La traducción a partir de este sitio inicial alternativo resulta en la secuencia de aminoácido encontrada en la SEQ ID No:24. Un sitio inicial alternativo para una proteína delta-endotoxina AXMI-014 puede estar en el par de base 136 de la SEQ ID No:25. La traducción a partir de este sitio inicial alternativo resulta en la secuencia de aminoácido encontrada en la SEQ ID No:29. Las proteínas delta-endotoxina AXMI-004 se abarcan en la presente invención y se pueden utilizar en los métodos de la presente invención.

Además, pueden tener uno o más marcos de lectura abiertos adicionales en las secuencias reveladas del nucleótido que codifican una o más proteínas delta-endotoxina-asociadas. Por “proteína delta-endotoxina-asociada” se entiende una proteína codificada por una secuencia del nucleótido revelada aquí, que utiliza un marco de lectura abierto, alternativo de aquel utilizado por las delta-endotoxinas de la presente invención. Las proteínas tales como estas, son conocidas en el oficio como proteínas auxiliares, secuencias estabilizantes, o proteínas delta-endotoxina-asociadas. Estas proteínas delta-endotoxina-asociadas pueden tener actividad de pesticida, o pueden ser importantes para facilitar la expresión de proteínas delta-endotoxina. Los métodos son conocidas en el oficio por medición de la actividad de pesticida y determinando los efectos de las proteínas delta-endotoxina-asociadas sobre la expresión de proteína delta-endotoxina y formación del cristal (ver, por ejemplo, Park *et al.* (1999) FEMS Microbiol. Lett. 181:319-327; Ge *et al.* (1998) FEMS Microbiol. Lett. 165:35-41; Rosso and Delecluse (1997) Appl. Environ. Microbiol. 63:4449-4455). Estas proteínas delta-endotoxina-asociadas se pueden utilizar en los métodos revelados aquí, en combinación con las proteínas delta-endotoxina de la invención. En una modalidad, la proteína delta-endotoxina-asociada tiene la secuencia de aminoácido encontrada en la SEQ ID No:18 y se codifica por la secuencia del nucleótido de la SEQ ID No:17.

Por “célula vegetal” se entiende todas las formas conocidas de la planta, que incluyen tejido sin diferencias (por ejemplo, callos), células de cultivo en suspensión, protoplastos, células de hojas, células de raíz, células de floema, semillas de plantas, polen, propágulos, embriones y similares. Por “cassette de expresión de la planta” se entiende un constructor de ADN que es capaz de resultar en la expresión de una proteína a partir de un marco de lectura abierto en una célula vegetal. Usualmente estas contienen un promotor y una secuencia codificante. Con frecuencia, tales construcciones también contendrán una región sin traducir 3'. Tales construcciones pueden contener una “secuencia señal” o “secuencia líder” para facilitar el transporte co-traducciona l o pos-traducciona l del péptido a ciertas estructuras intracelulares tales como el cloroplasto (u otro plastidio), retículo endoplasmático, o aparato de Golgi.

Por “secuencia señal” se entiende una secuencia que se conoce o sospecha que resulta en transporte de un péptido co-traducciona l o pos-traducciona l a través de la membrana celular. En eucariotas, esto normalmente involucra la secreción en el aparato de Golgi, con alguna glicosilación resultante. Por “secuencia líder” se entiende cualquier secuencia que cuando se traduce, resulta en una secuencia de aminoácido suficiente para activar transporte co-traducciona l de la cadena peptídica con un organelo sub-celular. De esta manera, este incluye transporte dirigido de secuencias líder y/o glicosilación por pasaje en el retículo endoplasmático, pasaje a vacuolas, plastidios que incluyen cloroplastos, mitocondrias, y similares.

Por “vector de transformación de plantas” se entiende una molécula de ADN que es necesaria para la transformación eficiente de una célula vegetal. Tal molécula puede consistir de uno o más cassettes de expresión de plantas, y se pueden organizar en más de una molécula de ADN “vector”. Por ejemplo, vectores binarios son vectores de transformación de plantas que utilizan dos vectores de ADN no-continuos para codificar todos los requisitos de las funciones cis- y trans- que actúan para la transformación de células vegetales (Hellens and Mullineaux (2000) Trends in Plant Science 5:446-451). “Vector” se refiere a un constructor de ácido nucleico diseñado para transferir entre diferentes células huésped. “Vector de expresión” se refiere a un vector que tiene la capacidad de incorporar, integrar y expresar las secuencias o fragmentos de ADN heterólogo en una célula foránea.

“Plantas transgénicas” o “plantas transformadas” o “plantas o células o tejidos transformados establemente” se refiere a plantas que tienen secuencias del ácido nucleico o fragmentos de ADN exógenos incorporados o integrados en la célula vegetal. Estas secuencias del ácido nucleico incluyen aquellas que son exógenas, o no están presentes en la célula vegetal sin transformar, así como aquellas que pueden ser endógenas, o están presentes en la célula vegetal sin transformar. “Heterólogas” generalmente se refieren a las secuencias del ácido nucleico que no son endógenas a

la célula o parte del genoma nativo, en las cuales están presentes, y han sido adicionadas a la célula por infección, transfección, microinyección, electroporación, microproyección, o similares.

“Promotor” se refiere a un secuencia de ácido nucleico que funciona para dirigir la transcripción de una secuencia codificante en dirección 3’. El promotor junto con otras secuencias del ácido nucleico reguladoras transcripcionales y traduccionales (también denominadas “secuencias control”) son necesarios para la expresión de una secuencia de ADN de interés.

Se proporcionan aquí las novedosas secuencias aisladas del nucleótido que confieren actividad de pesticida. También se proporcionan aquí, las secuencias de aminoácido para las proteínas delta-endotoxina y delta-endotoxina-asociadas. La proteína resultante a partir de la traducción de este gen permite que las células controlen o exterminen las plagas, que la ingieren.

Una molécula de ácido nucleico o proteína “aislada” o “purificada”, o porción biológicamente activa de esta, es sustancialmente libre de otro material celular, o medio de cultivo cuando se produce por técnicas recombinantes, o sustancialmente libres de precursores químicos u otros productos químicos cuando se sintetizan químicamente. Preferiblemente, un ácido nucleico “aislado” es libre de secuencias (preferiblemente una proteína que codifica secuencias) que flanquean naturalmente el ácido nucleico (i.e., secuencias localizadas en los terminales 5’ y 3’ del ácido nucleico) en el ADN genómico del organismo a partir del cual el ácido nucleico se deriva. Para propósitos de la invención, cuando se utiliza “aislado” para referirse a las moléculas de ácido nucleico excluye los cromosomas aislados. Por ejemplo, en varias modalidades, la molécula aislada de ácido nucleico delta-endotoxina o que codifica la delta-endotoxina-asociada, puede contener menos de aproximadamente 5 kb, 4 kb, 3 kb, 2 kb, 1 kb, 0.5 kb, o 0.1 kb de la secuencia del nucleótido que flanquea naturalmente la molécula de ácido nucleico en el ADN genómico de la célula a partir de la cual el ácido nucleico se deriva. Una proteína delta-endotoxina o delta-endotoxina-asociada que es sustancialmente libre del material celular incluye preparaciones de proteínas que tienen menos de aproximadamente 30%, 20%, 10%, o 5% (en peso seco) de proteína no-delta-endotoxina o no- delta-endotoxina-asociada (también se refiere aquí como una “proteína contaminante”). Varios aspectos de la invención se describen con más detalle en las siguientes subsecciones.

Moléculas de Ácidos Nucleicos Aisladas, y Variantes y Fragmentos de estas

Un aspecto de la invención pertenece a las moléculas de ácido nucleico aisladas, que comprenden secuencias del nucleótido que codifican las proteínas delta-endotoxina y polipéptidos o porciones biológicamente activas de estas, así como moléculas de ácido nucleico suficientes para utilizar como sondas de hibridación para identificar ácidos nucleicos que codifican la delta-endotoxina. Como se utiliza aquí, el término “molécula de ácido nucleico” se entiende que incluye moléculas de ADN (por ejemplo, cADN o ADN genómico) y moléculas de ARN (por ejemplo, ARNm) y análogos del ADN o ARN generado, utilizando los análogos de nucleótido. La molécula de ácido nucleico puede ser monocatenaria o bicatenaria, pero preferiblemente es ADN bicatenario.

Las secuencias del nucleótido, que codifican las proteínas de la presente invención incluyen, las secuencias publicadas en la SEQ ID NOS:1, 2 y 4, y los complementos de estas. Por “complemento” se entiende una secuencia del nucleótido que es suficientemente complementaria a una secuencia dada del nucleótido de tal manera que puede hibridar a la secuencia dada del nucleótido para formar por consiguiente, un dúplex estable. Las secuencias correspondientes de aminoácido para las proteínas delta-endotoxina codificadas por estas secuencias del nucleótido, se publican en la SEQ ID NOS:3 y 5.

Las moléculas de ácido nucleico que son fragmentos de estas secuencias del nucleótido que codifican la proteína delta-endotoxina, también se abarcan por la presente invención. Por “fragmento” se entiende una porción de la secuencia del nucleótido que codifica una proteína delta-endotoxina. Un fragmento de una secuencia del nucleótido puede codificar una porción biológicamente activa de una proteína delta-endotoxina, o puede ser un fragmento que se puede utilizar como una sonda de hibridación o cebador de PCR utilizando los métodos revelados a continuación. Las moléculas de ácido nucleico que son fragmentos de una secuencia del nucleótido delta-endotoxina comprenden al menos aproximadamente 15, 20, 50, 75, 100, 200, 300, 350, 400, 450, 500, 550, 600, 650, 700, 750, 800, 850, 900, 950, 1000, 1100, 1200, 1300, 1400, 1500, 1600, 1700, 1800, 1900, 2000, 2100, 2200, 2300, 2400, 2500, 3000, 3500, 4000, 4500, 5000, 5500 nucleótidos, o hasta el número de nucleótidos presente en una secuencia de cuerpo entero del nucleótido que codifica la proteína delta-endotoxina, revelada aquí (por ejemplo, 2190 nucleótidos para la SEQ ID No:1, 1890 para la SEQ ID No:2, etc.), dependiendo del uso pretendido.

Los fragmentos de las secuencias del nucleótido de la presente invención codificaran fragmentos de proteínas que retengan la actividad biológica de la proteína delta endotoxina y, por consiguiente, retengan la actividad de pesticida. Por “actividad de la delta-endotoxina” se entiende actividad de pesticida. Por “actividad retenida” se entiende que el fragmento tendrá al menos aproximadamente 30%, preferiblemente al menos aproximadamente 50%, más preferiblemente al menos aproximadamente 70%, aún más preferiblemente al menos aproximadamente 80% de la actividad de la proteína delta-endotoxina. Los métodos para medir la actividad de pesticida son bien conocidos en el oficio. Ver, por ejemplo, Czaplá and Lang (1990) J. Econ. Entomol. 83(6): 2480-2485; Andrews *et al.* (1988) Biochem. J. 252:199-206; Marrone *et al.* (1985) J. of Economic Entomology 78:290-293; y Patente U.S. No. 5,743,477.

Un fragmento de una secuencia del nucleótido que codifica una proteína delta-endotoxina, que codifica una porción biológicamente activa de una proteína de la invención codificara al menos aproximadamente 15, 25, 30, 50, 75, 100, 125, 150, 175, 200, 250, 300, 350, 400, 450, 500, 550, 600, o 650 aminoácidos continuos, o hasta el número total de aminoácidos presente en una proteína de cuerpo entero delta-endotoxina de la invención (por ejemplo, 629 aminoácidos para la SEQ ID No:3, 601 aminoácidos para la SEQ ID No:5, etc.).

Las proteínas delta-endotoxina preferidas, de la presente invención, se codifican por una secuencia del nucleótido suficientemente idéntica a las secuencias del nucleótido en SEQ ID No: 3 o 5. Por “suficientemente idéntica” se entiende un aminoácido o secuencia del nucleótido que tiene al menos 95% de identidad de la secuencia comparado con una secuencia referencia, utilizando uno de los programas de alineación descritos aquí, utilizando parámetros estándar. Alguien de habilidad en el oficio reconocerá que estos valores se pueden ajustar apropiadamente, para determinar la identidad correspondiente de las proteínas codificadas por dos secuencias del nucleótido, teniendo en cuenta la degeneración del codón, afinidad del aminoácido, posicionamiento del marco de lectura, y similares.

Para determinar el porcentaje de identidad de dos secuencias de aminoácido o de dos ácidos nucleicos, las secuencias se alinean para propósitos de comparación óptimos. El porcentaje de identidad entre las dos secuencias es una función del número de posiciones idénticas compartidas por las secuencias (i.e., porcentaje de identidad = número de posiciones idénticas/número total de posiciones (por ejemplo, posiciones superpuestas) x 100). En una modalidad, las dos secuencias tienen la misma longitud. El porcentaje de identidad entre dos secuencias se puede determinar utilizando técnicas similares a aquellas descritas a continuación, con o sin que se permitan huecos. En el cálculo del porcentaje de identidad, correspondencias normalmente exactas se enumeran.

La determinación del porcentaje de identidad entre dos secuencias, se puede lograr utilizando un algoritmo matemático. Un ejemplo no-limitante de un algoritmo matemático utilizado para la comparación de dos secuencias es el algoritmo de Karlin and Altschul (1990) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 87:2264, modificado en Karlin and Altschul (1993) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 90:5873-5877. Dicho algoritmo se incorpora en los programas BLASTN and BLASTX of Altschul *et al.* (1990) J. Mol. Biol. 215:403. Las investigaciones de nucleótido BLAST se pueden realizar con el programa BLASTN, puntuación = 100, longitud de la palabra = 12, para obtener secuencias del nucleótido homólogas a las moléculas delta-endotoxina o delta-endotoxina-asociada de ácido nucleico de la invención. Las investigaciones de proteína BLAST se pueden realizar con el programa BLASTX, puntuación = 50, longitud de la palabra = 3, para obtener las secuencias de aminoácido homólogas con las moléculas de la proteína delta-endotoxina de la invención. Para obtener alineaciones incompletas para propósitos de comparación, Gapped BLAST se puede utilizar como se describe en Altschul *et al.* (1997) Nucleic Acids Res. 25:3389. De manera alterna, se puede utilizar PSI-Blast para realizar una investigación repetida que detecta relaciones distantes entre moléculas. Ver, Altschul *et al.* (1997) *supra*. Cuando se utilizan los programas BLAST, Gapped BLAST, y PSIBlast, se pueden utilizar los parámetros por defecto de los programas respectivos (por ejemplo, BLASTX y BLASTN). Ver, www.ncbi.nlm.nih.gov. Otro ejemplo no-limitante de un algoritmo matemático utilizado para la comparación de secuencias es el algoritmo ClustalW (Higgins *et al.* (1994) Nucleic Acids Res. 22:4673-4680). ClustalW compara las secuencias y alinea la totalidad de la secuencia de aminoácido o ADN, y de esta manera puede proporcionar datos aproximadamente de la conservación de la secuencia total de aminoácido. El algoritmo ClustalW se utiliza en varios paquetes de software de análisis de ADN/aminoácido, disponibles comercialmente, tales como el módulo ALIGNX del vector NTi Program Suite (Informax, Inc). Después de la alineación de secuencias de aminoácido con ClustalW, el porcentaje de identidad de aminoácido se puede evaluar. Un ejemplo no-limitante de un programa de software útil para el análisis de alineaciones ClustalW es GeneDoc™. Genedoc™ (Karl Nicholas) permite la valoración de similitud e identidad del aminoácido (o ADN) entre proteínas múltiples. Otro ejemplo no-limitante de un algoritmo matemático utilizado para la comparación de secuencias es el algoritmo de Myers and Miller (1988) CABIOS 4:11-17. Dicho algoritmo se incorpora en el programa ALIGN (versión 2.0), que es parte del paquete de software alineación de la secuencia GCG (disponible de Accelrys, Inc., 9865 Scranton Rd., San Diego, California, USA). Cuando se utiliza el programa ALIGN para la comparación de las secuencias de aminoácido, una tabla de residuo en peso PAM120, una penalización de la longitud del hueco de 12, y una penalización del hueco de 4 se pueden utilizar.

La invención también abarca variantes de moléculas de ácido nucleico. “Variantes” de las secuencias del nucleótido que codifican la proteína delta-endotoxina, incluyen aquellas secuencias que codifican las proteínas delta-endotoxina reveladas aquí pero que difieren conservadoramente debido a la degeneración del código genético así como aquellas que son suficientemente idénticas como se discute anteriormente. Las variantes alélicas que ocurren naturalmente pueden ser identificadas con el uso de técnicas de biología molecular bien conocidas, tales como reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y técnicas de hibridación como se esquematizan a continuación. La variante de las secuencias del nucleótido también incluyen derivados sintéticamente de las secuencias del nucleótido que han sido generadas, por ejemplo, utilizando mutagénesis de sitio dirigida pero que aún codifican las proteínas delta-endotoxina reveladas en la presente invención como se discute abajo. Las variantes de las proteínas abarcadas por la presente invención son biológicamente activas, es decir que siguen teniendo la actividad biológica deseada de la proteína nativa, es decir, que retienen la actividad de pesticida. Por “actividad retenida” se entiende que la variante tendrá al menos aproximadamente 30%, preferiblemente al menos aproximadamente 50%, más preferiblemente al menos aproximadamente 70%, aún más preferiblemente al menos aproximadamente 80% de la actividad de la proteína delta-endotoxina. Los métodos para medir la actividad de pesticida son bien conocidos en el oficio. Ver, por ejemplo, Czapla and Lang (1990) J. Econ. Entomol. 83(6): 2480-2485; Andrews *et al.* (1988) Biochem. J. 252:199-206; Marrone *et al.* (1985) J. of Economic Entomology 8:290-293; y Patente U.S. No. 5,743,477.

La invención también abarca variantes de moléculas de ácido nucleico. “Variantes” de las secuencias del nucleótido que codifican la delta-endotoxina incluyen aquellas secuencias que codifican las proteínas delta-endotoxina reveladas aquí, pero que difieren conservadoramente debido a la degeneración del código genético así como aquellas que son suficientemente idénticas como se discute anteriormente. Las variantes alélicas que ocurren naturalmente pueden ser identificadas con el uso de técnicas de biología molecular bien conocidas, tales como reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y técnicas de hibridación como se esquematizan a continuación. Las variantes de las secuencias del nucleótido también incluyen sintéticamente derivadas de las secuencias del nucleótido que han sido generadas, por ejemplo, utilizando mutagénesis de sitio dirigida pero que aún codifican las proteínas delta-endotoxina reveladas en la presente invención como se discute abajo.

El artesano experto además apreciará que los cambios se pueden introducir por mutación en las secuencias del nucleótido de la invención lo que daría lugar a cambios en la secuencia de aminoácido de las proteínas delta-endotoxina codificadas, sin alterar la actividad biológica de las proteínas. De esta manera, la variante de las moléculas de ácido nucleico aisladas se puede crear, introduciendo una o más sustituciones, adiciones, o deleciones del nucleótido en la correspondiente secuencia del nucleótido revelada aquí, de tal forma que una o más sustituciones, adiciones o deleciones del aminoácido se introducen en la proteína codificada. Las mutaciones se pueden introducir por técnicas estándar, tales como mutagénesis de sitio dirigida y mutagénesis mediada por PCR. Dicha variante de las secuencias del nucleótido también se abarcan por la presente invención.

Por ejemplo, preferiblemente, las sustituciones de aminoácido conservadoras se pueden hacer en uno o más residuos de aminoácido pronosticados, preferiblemente no-esenciales. Un residuo de aminoácido “no-esencial” es un residuo que se puede alterar a partir de la secuencia de tipo salvaje de una proteína delta-endotoxina sin alterar la actividad biológica, mientras que un residuo de aminoácido “esencial” se requiere para la actividad biológica. Una “sustitución de aminoácido conservadora” es aquella en la cual el residuo de aminoácido se reemplaza con un residuo de aminoácido que tiene una cadena lateral similar. Las familias de residuos de aminoácido que tienen cadenas laterales similares han sido definidas en el oficio. Estos familias incluyen aminoácidos con cadenas laterales básicas (por ejemplo, lisina, arginina, histidina), cadenas laterales ácidas (por ejemplo, ácido aspártico, ácido glutámico), cadenas laterales polares sin carga (por ejemplo, glicina, asparagina, glutamina, serina, treonina, tirosina, cisteína), cadenas laterales no-polares (por ejemplo, alanina, valina, leucina, isoleucina, prolina, fenilalanina, metionina, triptófano), cadenas laterales beta-ramificadas (por ejemplo, treonina, valina, isoleucina) y cadenas laterales aromáticas (por ejemplo, tirosina, fenilalanina, triptófano, histidina).

Por lo general, cinco regiones altamente conservadas entre las proteínas delta-endotoxina, concentradas en su mayor parte en el centro del dominio o en el empalme entre dominios (Rajamohan *et al.* (1998) *Prog. Nucleic Acid Res. Mol. Biol.* 60:1 -23). Los bloques de aminoácidos conservados para varias delta-endotoxinas así como secuencias consenso se pueden encontrar en Schnepf *et al.* (1998) *Microbio. Mol. Biol. Rev.* 62:775-806 and Lereclus *et al.* (1989) *Role, Structure, and Molecular Organization of the Genes Coding for the Paraspore d-endotoxins of Bacillus thuringiensis*. In *Regulation of Prokaryotic Development*. Issar Smit, Slepecky, R.A., Setlow, P. American Society for Microbiology, Washington, D.C. 20006. Se ha propuesto que las delta-endotoxinas que tienen estas regiones conservadas pueden compartir una estructura similar, que consiste de tres dominios (Li *et al.* (1991) *Nature* 353: 815-821). El dominio I tiene la más alta similitud entre las delta-endotoxinas (Bravo (1997) *J. Bacteriol.* 179:2793-2801).

Las sustituciones del aminoácido se pueden hacer en regiones no-conservadas que retienen la función. En general, tales sustituciones no se deberían hacer para residuos de aminoácido conservados, o para residuos de aminoácido que residen dentro de una fracción conservada, donde tales residuos son esenciales para la actividad de la proteína. Ejemplos de residuos que se conservan y que pueden ser esenciales para la actividad de la proteína incluyen, por ejemplo, residuos que son idénticos entre todas las proteínas contenidas en las alineaciones proporcionadas. Ejemplos de residuos que se conservan pero que pueden permitir conservadoras sustituciones de aminoácido y no obstante retienen la actividad incluyen, por ejemplo, residuos que tienen solo sustituciones conservadoras entre todas las proteínas contenidas en las alineaciones proporcionadas. Sin embargo, alguien de habilidad en el oficio debería entender que las variantes funcionales pueden tener alteraciones menos conservadas o no-conservadas en los residuos conservados.

De manera alterna, la variante de las secuencias del nucleótido se puede hacer introduciendo mutaciones aleatoriamente a lo largo de toda o parte de la secuencia codificante, tal como por mutagénesis por saturación, y las mutantes resultantes se pueden seleccionar por la capacidad de conferir actividad delta-endotoxina para identificar mutantes que retienen actividad. Después de la mutagénesis, la proteína codificada puede ser expresada recombinantemente, y la actividad de la proteína se puede determinar utilizando técnicas de ensayos estándar.

Utilizando métodos tales como PCR, hibridación, y similares se pueden identificar las correspondientes secuencias de delta-endotoxina, tales secuencias que tienen sustancial identidad con las secuencias de la invención. Ver, por ejemplo, Sambrook J., and Russell, D.W. (2001) *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*. (Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY) y Innis, *et al.* (1990) *PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications* (Academic Press, NY).

En un método de hibridación, toda o parte de la secuencia del nucleótido delta-endotoxina se puede utilizar para seleccionar bibliotecas de cADN o genómicas. Los métodos para la construcción de tales bibliotecas de cADN o genómicas, generalmente se conocen en el oficio y se revelan en Sambrook and Russell, 2001. Las así llamadas sondas

de hibridación pueden ser fragmentos de ADN genómico, fragmentos de cADN, fragmentos de ARN, u otros oligonucleótidos, y se pueden marcar con un grupo detectable tal como ^{32}P , o cualquier otro marcador detectable, tales como otros radioisótopos, un compuesto fluorescente, una enzima, o un cofactor de enzima. Las sondas para hibridación se pueden hacer por marcación de oligonucleótidos sintéticos basándose en la conocida secuencia delta-endotoxina codificante del nucleótido revelada aquí. Los cebadores degenerados diseñados con la base de nucleótidos conservados o residuos de aminoácido en la secuencia del nucleótido o secuencia codificada de aminoácido adicionalmente se pueden utilizar. La sonda normalmente comprende una región de secuencia del nucleótido que hibridiza bajo condiciones rigurosas con al menos aproximadamente 12, preferiblemente aproximadamente 25, más preferiblemente al menos aproximadamente 50, 75, 100, 125, 150, 175, 200, 250, 300, 350, o 400 nucleótidos consecutivos de la secuencia del nucleótido que codifica la delta-endotoxina de la invención o un fragmento o variante de esta. La preparación de sondas para la hibridación generalmente se conoce en el oficio y se revela en Sambrook and Russell, 2001, se incorporan aquí por referencia.

En técnicas de hibridación, toda o parte de una conocida secuencia del nucleótido, se utiliza como una sonda que selectivamente hibridiza con otras secuencias correspondientes del nucleótido presentes en una población de fragmentos de ADN o fragmentos de cADN genómicos clonados (i.e., bibliotecas genómicas o de cADN) a partir de un organismo seleccionado. Las sondas de hibridación pueden ser fragmentos genómicos de ADN, fragmentos de cADN, fragmentos de ARN, u otros oligonucleótidos, y se pueden marcar con un grupo detectable tal como ^{32}P , o cualquier otro marcador detectable. De esta manera, por ejemplo, sondas para la hibridación se pueden hacer por marcación de oligonucleótidos sintéticos basándose en la secuencia delta-endotoxina de la invención. Los métodos para la preparación de sondas para la hibridación y para la construcción de bibliotecas de cADN o genómicas generalmente se conocen en el oficio y se revelan en Sambrook *et al.* (1989) *Molecular Cloning: A Laboratory Manual* (2d ed., Cold Spring Harbor Laboratory Press, Plainview, New York).

Por ejemplo, la secuencia delta-endotoxina total revelada aquí, o una o más porciones de esta, se pueden utilizar como una sonda capaz de hibridizar específicamente con las correspondientes secuencias como delta-endotoxina y ARNs mensajero. Para lograr la hibridación específica bajo una variedad de condiciones, tales sondas incluyen secuencias que son únicas y tienen preferiblemente al menos aproximadamente 10 nucleótidos de longitud, y más preferiblemente al menos aproximadamente 20 nucleótidos de longitud. Tales sondas se pueden utilizar para amplificar las correspondientes secuencias delta-endotoxina a partir de un organismo seleccionado por PCR. Esta técnica se puede utilizar para aislar adicionales secuencias codificantes a partir de un organismo deseado o como un ensayo de diagnóstico para determinar la presencia de secuencias codificantes en un organismo. Las técnicas de hibridación incluyen selección por hibridación de bibliotecas de ADN en placas (tanto en placas o colonias; ver, por ejemplo, Sambrook *et al.* (1989) *Molecular Cloning: A Laboratory Manual* (2d ed., Cold Spring Harbor Laboratory Press, Plainview, New York).

La hibridación de tales secuencias se puede llevar a cabo, bajo condiciones rigurosas. Por “condiciones rigurosas” o “condiciones de hibridación rigurosas” se entiende condiciones bajo las cuales una sonda hibridizará con su secuencia diana, con un mayor grado detectablemente que con otras secuencias (por ejemplo, al menos 2-veces más de fondo). Las condiciones rigurosas son secuencia-dependiente y serán diferentes en circunstancias diferentes. Para controlar la severidad de las condiciones de hibridación y/o de lavado, las secuencias diana que son 100% complementarias a la sonda, se pueden identificar (sondeo homólogo). De manera alterna, las condiciones de severidad se pueden ajustar para permitir que algún desequilibrio en secuencias de modo que se detectan grados más bajos de similitud (sondeo heterólogo). Generalmente, una sonda tiene menos de aproximadamente 1000 nucleótidos de longitud, preferiblemente menos de 500 nucleótidos de longitud.

Usualmente, las condiciones rigurosas serán aquellas en las cuales la concentración de sal es menos de aproximadamente 1.5M de ion de Na, normalmente una concentración cerca de 0.01 a 1.0M de ion de Na (u otras sales) a pH 7.0 a 8.3 y la temperatura es al menos aproximadamente 30°C para sondas cortas (por ejemplo, 10 a 50 nucleótidos) y al menos aproximadamente 60°C para sondas largas (por ejemplo, más grandes de 50 nucleótidos). Las condiciones rigurosas también se pueden lograr con la adición de agentes desestabilizantes tales como la formamida. Ejemplares condiciones de severidad bajas incluyen hibridación con una solución reguladora de 30 a 35% de formamida, NaCl 1 M, 1% de SDS (sodio dodecil sulfato) a 37°C, y un lavado en 1X a 2X SSC (20X SSC = NaCl 3.0 M/citrato de sodio 0.3 M) entre 50 a 55°C. Ejemplares condiciones de severidad moderadas incluyen hibridación en 40 a 45% de formamida, NaCl 1.0 M, 1% de SDS a 37°C, y un lavado en 0.5X a 1X SSC entre 55 a 60°C. Ejemplares condiciones de severidad altas, incluyen hibridación en 50% de formamida, NaCl 1 M, 1% de SDS a 37°C, y un lavado en 0.1X SSC entre 60 a 65°C. Opcionalmente, las soluciones reguladoras de lavado pueden comprender aproximadamente 0.1 % a aproximadamente 1% de SDS. La duración de hibridación generalmente es menos de aproximadamente 24 horas, a menudo cerca de 4 a aproximadamente 12 horas.

La especificidad normalmente es la función de los lavados pos-hibridación, siendo los factores críticos la fuerza iónica y temperatura de la solución final de lavado. Para los híbridos ADN-ADN, la T_m puede ser aproximada de la ecuación de Meinkoth and Wahl (1984) *Anal. Biochem.* 138:267-284: $T_m = 81.5^\circ\text{C} + 16.6 (\log M) + 0.41 (\% \text{ de GC}) - 0.61 (\% \text{ forma}) - 500/L$; donde M es la molaridad de cationes monovalentes, % de GC es el porcentaje de nucleótidos de guanosina y citosina en el ADN, % de forma es el porcentaje de formamida en la solución de hibridación, y L es la longitud del híbrido en par de bases. La T_m es la temperatura (bajo fuerza iónica y pH definidos) en la cual 50% de una secuencia diana complementaria hibridiza con una sonda coincidente perfectamente. T_m se reduce por aproximadamente 1°C por cada 1% de desequilibrio; de esta manera, las condiciones T_m , hibridación, y/o lavado se pueden ajustar para hibridizar con las secuencias de la identidad deseada. Por ejemplo, si se buscan

las secuencias con $\geq 90\%$ de identidad, la T_m se puede disminuir 10°C . Generalmente, las condiciones rigurosas se seleccionan para ser aproximadamente 5°C más bajo que el punto de fusión térmico (T_m) para la secuencia específica y su complemento a una fuerza iónica y pH definidos. Sin embargo, condiciones rigurosas de severidad se pueden utilizar una hibridación y/o lavado a $1, 2, 3$, o 4°C más bajo que el punto de fusión térmico (T_m); condiciones rigurosas moderadas se pueden utilizar una hibridación y/o lavado a $6, 7, 8, 9$, o 10°C por debajo del punto de fusión térmico (T_m); condiciones de severidad bajas se pueden utilizar una hibridación y/o lavado a $11, 12, 13, 14, 15$, o 20°C por debajo del punto de fusión térmico (T_m). Utilizando las composiciones de la ecuación, hibridación y lavado, y T_m deseada, aquellos de ordinaria habilidad entenderán que las variaciones en la severidad de hibridación y/o soluciones de lavado se describen intrínsecamente. Si el grado deseado de desequilibrio resulta en una T_m de menos de 45°C (solución acuosa) o 32°C (solución de formamida), se prefiere para incrementar la concentración de SSC de modo que se puede utilizar una temperatura superior. Una amplia guía con la hibridación de ácidos nucleicos se encuentra en Tijssen (1993) *Laboratory Techniques in Biochemistry and Molecular Biology-Hybridization with Nucleic Acid Probes*, Part I, Chapter 2 (Elsevier, New York); and Ausubel *et al.*, eds. (1995) *Current Protocols in Molecular Biology*, Chapter 2 (Greene Publishing and Wiley-Interscience, New York). Ver Sambrook *et al.* (1989) *Molecular Cloning: A Laboratory Manual* (2d ed., Cold Spring Harbor Laboratory Press, Plainview, New York).

Proteínas aisladas y Variantes y Fragmentos de estas

Las proteínas delta-endotoxina también se abarcan dentro de la presente invención. Por “proteína delta-endotoxina” se entiende una proteína que tiene la secuencia de aminoácido publicada en la SEQ ID No:3 o 5. Los fragmentos, porciones biológicamente activas, y variantes de esta también se proporcionan, y se pueden utilizar para practicar los métodos de la presente invención.

“Los fragmentos” o “porciones biológicamente activas” incluyen fragmentos de polipéptido que comprenden una porción de una secuencia de aminoácido que codifica una proteína delta-endotoxina como se publica en la SEQ ID No:3 o 5, y que retienen actividad delta-endotoxina. Una porción biológicamente activa de una proteína delta-endotoxina puede ser un polipéptido es decir, por ejemplo, $10, 25, 50, 100$ o más aminoácidos de longitud. Tales porciones biológicamente activas se pueden preparar por técnicas recombinantes y se evalúan por la actividad delta-endotoxina. Los métodos para medir la actividad de pesticida son bien conocidos en el oficio. Ver, por ejemplo, Czapla and Lang (1990) *J. Econ. Entomol.* 83(6): 2480-2485; Andrews *et al.* (1988) *Biochem. J.* 252:199-206; Marrone *et al.* (1985) *J. of Economic Entomology* 78:290-293; y Patente U.S. No. 5,743,477. Como se utiliza aquí, un fragmento comprende al menos 8 aminoácidos continuos de la SEQ ID No:3 o 5. La invención abarca otros fragmentos, sin embargo, tal como cualquier fragmento en la proteína más grande de aproximadamente $10, 20, 30, 50, 100, 150, 200, 250, 300, 350, 400, 450, 500, 550, 600$, y 650 de aminoácidos.

Por “variantes” se entiende proteínas o polipéptidos que tienen una secuencia de aminoácido es decir al menos aproximadamente $60\%, 65\%$, preferiblemente aproximadamente $70\%, 75\%$, más preferiblemente aproximadamente $80\%, 85\%$, más preferiblemente aproximadamente $90\%, 91\%, 92\%, 93\%, 94\%, 95\%, 96\%, 97\%, 98\%$ o 99% idéntica con la secuencia de aminoácido de la SEQ ID No:3 o 5. Las variantes también incluyen polipeptidasa codificada por una molécula de ácido nucleico que hibridiza a la molécula de ácido nucleico de la SEQ ID No: 1, 2 o 4, o un complemento de esta, bajo condiciones rigurosas. Tales variantes generalmente retienen la actividad delta-endotoxina. Las variantes incluyen polipéptidos que difieren en la secuencia de aminoácido debido a la mutagénesis. Las proteínas de la variante abarcadas por la presente invención son biológicamente activas, es decir siguen teniendo la deseada actividad biológica de la proteína nativa, es decir, que retienen la actividad de pesticida. Los métodos para medir la actividad de pesticida son bien conocidos en el oficio. Ver, por ejemplo, Czapla and Lang (1990) *J. Econ. Entomol.* 83 (6): 2480-2485; Andrews *et al.* (1988) *Biochem. J.* 252:199-206; Marrone *et al.* (1985) *J. of Economic Entomology* 78:290-293; y Patente U.S. No. 5,743,477.

Variantes Alteradas o Mejoradas

Se reconoce que las secuencias de ADN de una proteína delta-endotoxina pueden ser alteradas por diversos métodos, y que estas alteraciones pueden resultar en proteínas que codifican secuencias de ADN con secuencias de aminoácido diferentes de aquellas codificadas por la proteína delta-endotoxina de la presente invención. Esta proteína se puede alterar de varias formas, incluyendo sustituciones de aminoácido, delecciones, truncamientos, e inserciones. Los métodos para tales manipulaciones generalmente se conocen en el oficio. Por ejemplo, las variantes de la secuencia de aminoácido de la proteína delta-endotoxina se pueden preparar por mutaciones en el ADN. Esto también se puede lograr por una de varias formas de mutagénesis y/o en evolución dirigida. En algunos aspectos, los cambios codificados en la secuencia de aminoácido no afectaran sustancialmente la función de la proteína. Tales variantes poseerán la deseada actividad de pesticida. Sin embargo, se entiende que la capacidad de una proteína delta-endotoxina para conferir actividad de pesticida, se puede mejorar por el uso de tales técnicas en las composiciones de esta invención. Por ejemplo, se puede expresar la proteína delta-endotoxina en células huésped que muestran índices altos de base misincorporación durante la replicación de ADN, tal como XL-1 Red (Stratagene). Después de la propagación en tales cepas, se puede aislar el ADN de delta-endotoxina (por ejemplo preparando ADN del plásmido, o por amplificación por PCR y clonación del fragmento de PCR resultante en un vector), cultivo de las mutaciones de delta-endotoxina en una cepa no-mutagénica, e identificar los genes delta-endotoxina mutados con actividad de pesticida, por ejemplo realizando un ensayo para examinar la actividad de pesticida. Generalmente, la proteína se mezcla y utiliza en pruebas de alimentación. Ver, por ejemplo Marrone *et al.* (1985) *J. of Economic Entomology* 78:290-293. Tales pruebas pueden incluir el contacto de las plantas con una o más plagas y la determinación de la capacidad de la planta para

sobrevivir y/o causar la muerte de las plagas. Ejemplos de mutaciones que resultan en el incremento de la toxicidad se encontraron en Schnepf *et al.* (1998) Microbiol. Mol. Biol. Rev. 62:775-806.

De manera alterna, las alteraciones se pueden hacer con la secuencia de la proteína de muchas proteínas en el terminal amino o carboxi sin afectar sustancialmente la actividad. Esta puede incluir inserciones, delecciones, o alteraciones introducidas por métodos moleculares modernos, tales como PCR, que incluyen amplificaciones de PCR que alteran o extienden la secuencia de la proteína codificante en virtud de la inclusión del aminoácido que codifica las secuencias en los oligonucleótidos utilizados en la amplificación de PCR. De manera alterna, la secuencia de las proteínas adicionadas puede incluir secuencias de proteínas-codificantes totales, tales como aquellas utilizadas comúnmente en el arte de generar fusiones de proteínas. Tales fusiones de proteínas son con frecuencia utilizadas en (1) incremento de la expresión de una proteína de interés (2) introducción de un dominio enlace, actividad enzimática, o un epítipo para facilitar tanto la purificación de la proteína, detección de la proteína, como otro uso experimental conocido en el oficio (3) secreción dirigida o traducción de una proteína a un organelo subcelular, tal como el espacio periplásmico de las bacterias Gram-negativas, o el retículo endoplasmático de células eucarióticas, el último de los cuales con frecuencia resulta en la glicosilación de la proteína.

La variante del nucleótido y las secuencias de aminoácido de la presente invención también abarca secuencias derivadas de procedimientos mutagénicos y recombinantes tales como transposición de ADN. Con dicho procedimiento, una o más diferentes proteínas delta-endotoxina que codifican regiones se pueden utilizar para crear una nueva proteína delta-endotoxina que posee las propiedades deseadas. De esta manera, las bibliotecas de polinucleótidos recombinantes se generan a partir de una población de polinucleótidos de secuencias relacionadas, que comprenden regiones de secuencias que tienen identidad sustancial de la secuencia y pueden ser recombinadas homológamente *in vitro* o *in vivo*. Por ejemplo, utilizando esta estrategia, las fracciones de secuencia que codifican un dominio de interés se pueden desordenar entre el gen delta-endotoxina de la invención y otros conocidos genes delta-endotoxina para obtener un nuevo gen codificante para una proteína con una propiedad mejorada de interés, tales como una actividad insecticida incrementada. Las estrategias para tal transposición de ADN son conocidas en el oficio. Ver, por ejemplo, Stemmer (1994) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 91:10747-10751; Stemmer (1994) Nature 370:389-391; Cramer *et al.* (1997) Nature Biotech. 15:436-438; Moore *et al.* (1997) J. Mol. Biol. 272:336-347; Zhang *et al.* (1997) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 94:4504-4509; Cramer *et al.* (1998) Nature 391:288-291; y Patente U.S. Nos. 5,605,793 y 5,837,458.

El intercambio o transposición del dominio es otro mecanismo para generar proteínas delta-endotoxina o delta-endotoxinas asociadas alteradas. Los dominios II y III se pueden intercambiar entre las proteínas delta-endotoxina, resultando en toxinas híbridas o quiméricas con actividad mejorada de pesticida o espectro diana. Los métodos para generar proteínas recombinantes y sus pruebas para la actividad de pesticida son bien conocidos en el oficio (ver, por ejemplo, Naimov *et al.* (2001) Appl. Environ. Microbiol. 67: 5328-5330; de Maagd *et al.* (1996) Appl. Environ. Microbiol. 62:1537-1543; Ge *et al.* (1991) J. Biol. Chem. 266: 17954-17958; Schnepf *et al.* (1990) J. Biol. Chem. 265:20923-20930; Rang *et al.* 1999) Appl. Environ. Microbiol. 65: 2918-2925).

Transformación de la Planta

La transformación de las células vegetales se puede lograr, mediante una de varias técnicas conocidas en el oficio. En primer lugar, se diseña el gen delta-endotoxina de una manera que permita su expresión en células vegetales. Usualmente un constructor que expresa dicha proteína podría contener un promotor para conducir la transcripción del gen, así como una región 3' sin traducir para permitir la terminación de la transcripción y poliadenilación. La organización de tales construcciones es bien conocida en el oficio. En algunos casos, puede ser útil diseñar el gen de tal manera que el péptido resultante se secrete, o de otra manera se dirija dentro de la célula vegetal. Por ejemplo, el gen puede ser diseñado para contener un péptido señal para facilitar la transferencia del péptido al retículo endoplasmático. También puede ser preferible diseñar el cassette de expresión de la planta para contener un intrón, de tal manera que el proceso del ARNm del intrón se necesite para la expresión.

Usualmente este "cassette de expresión de la planta" será insertado en un "vector de transformación de plantas". Este vector de transformación de plantas se puede comprender de uno o más vectores de ADN necesarios para lograr la transformación de la planta. Por ejemplo, es una práctica común en el oficio utilizar vectores de transformación de plantas que se comprenden de más de un segmento de ADN continuo. Estos vectores son con frecuencia referidos en el oficio como "vectores binarios". Los vectores binarios así como vectores con plásmidos auxiliares son más utilizados con frecuencia para la transformación *Agrobacterium*-mediada, donde el tamaño y complejidad de los segmentos de ADN necesarios para lograr que la transformación eficiente sea más grande, y es ventajoso separar las funciones sobre las moléculas de ADN separadas. Los vectores binarios normalmente contienen un plásmido vector que contiene las secuencias cis-que actúan necesarias para la transferencia de T-ADN (tales como borde izquierdo y borde derecho), un marcador genético es decir diseñado para ser capaz de expresar en una célula vegetal, y un "gen de interés" (un gen diseñado para ser capaz de expresar en una célula vegetal para la cual se desea la generación de plantas transgénicas). También están presentes en este plásmido vector las secuencias necesarias para la replicación bacteriana. Las secuencias cis-que actúan son organizadas de una manera para permitir la transferencia eficiente en células vegetales y la expresión en estas. Por ejemplo, el del marcador genético y el gen de interés se localizan entre los bordee izquierdo y derecho. Con frecuencia un segundo plásmido vector contiene los factores trans-que actúan que media la transferencia del T-ADN del *Agrobacterium* a las células vegetales. Este plásmido con frecuencia contiene las funciones de virulencia (genes Vir) que permitan la infección de células vegetales por *Agrobacterium*, y transferencia de ADN por división en las secuencias de bordes y transferencia de ADN mediada vir, como en el sobreentendido en el oficio (Hellens

and Mullineaux (2000) Trends in Plant Science, 5:446-451). Varios tipos de cepas de *Agrobacterium* (por ejemplo, LBA4404, GV3101, EHA101, EHA105, etc.) se pueden utilizar para la transformación de la planta. El segundo plásmido vector no es necesario para la transformación de las plantas por otros métodos tales como microproyección, microinyección, electroporación, polietilenglicol, etc.

En general, los métodos de transformación de la planta involucran la transferencia de ADN heterólogo en las células vegetales diana (por ejemplo, embriones inmaduros o maduros, cultivos en suspensión, callos no diferenciados, protoplastos, etc.), seguido por la aplicación un nivel umbral máximo de selección apropiada (dependiendo del gen marcador genético) para recuperar las células vegetales transformadas a partir de un grupo de masa celular no-transformada. Los explantes normalmente se transfieren a un suministro fresco del mismo medio y se cultivan rutinariamente. Posteriormente, las células transformadas se diferencian en brotes después se colocan en medio de regeneración suplementado con un nivel umbral máximo de agente de selección. Los brotes luego se transfieren a un medio de enraizamiento selectivo para recuperar brote enraizado o plántula. La plántula transgénica luego crece en una planta madura y produce semillas fértiles (por ejemplo, Hiei *et al.* (1994) The Plant Journal 6: 271-282; Ishida *et al.* (1996) Nature Biotechnology 14: 745-750). Los explantes normalmente se transfieren a un suministro fresco del mismo medio y se cultivan rutinariamente. Una descripción general de las técnicas y métodos para generar plántulas transgénicas se encuentra en Ayres and Park, 1994 (Critical Reviews in Plant Science 13: 219-239) y Bommineni and Jauhar, 1997 (Maydica 42: 107-120). Dado que el material transformado contiene muchas células; tanto las células transformadas como las no transformadas están presentes en cualquier segmento de callos diana o tejido o grupo de células sometidos. La capacidad para matar células no transformadas y permitir que las células transformadas proliferen resulta en cultivos de plantas transformadas. Con frecuencia, la capacidad para remover células no transformadas es una limitación para la recuperación rápida de las células vegetales transformadas y generación exitosa de plantas transgénicas.

La generación de plantas transgénicas se pueden desarrollar por uno de varios métodos, que incluyen pero no limitan a la introducción de ADN heterólogo por *Agrobacterium* en las células vegetales (transformación mediada del *Agrobacterium*), el bombardeo de células vegetales con ADN foráneo heterólogo, adheridas a las partículas, y diversos otros métodos directo-mediado sin partícula (por ejemplo, Hiei *et al.* (1994) The Plant Journal 6: 271-282; Ishida *et al.* (1996) Nature Biotechnology 14: 745-750; Ayres y Park (1994) Critical Reviews in Plant Science 13: 219-239; Bommineni and Jauhar (1997) Maydica 42: 107-120) para la transferencia de ADN.

Los protocolos de transformación así como los protocolos para introducir las secuencias del nucleótido en las plantas pueden variar dependiendo del tipo de planta o célula vegetal, i.e., monocotiledónea o dicotiledónea, dirigida para la transformación. Los métodos apropiados para introducir las secuencias del nucleótido en células vegetales y posterior inserción en el genoma de la planta incluyen microinyección (Crossway *et al.* (1986) Biotechniques 4:320-334), electroporación (Riggs *et al.* (1986) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 83:5602-5606, transformación mediada del *Agrobacterium*- (Patente U.S. No. 5,563,055; Patente U.S. No. 5,981,840), transferencia de gen directa (Paszkowski *et al.* (1984) EMBO J. 3:2717-2722), y aceleración de partículas balísticas (ver, por ejemplo, Patente U.S. No. 4,945,050; Patente U.S. No. 5,879,918; Patente U.S. No. 5,886,244; Patente U.S. No. 5,932,782; Tomes *et al.* (1995) "Direct ADN Transfer into Intact Plant Cells via Microprojectile Bombardment", in Plant Cell, Tissue, and Organ Culture: Fundamental Methods, ed. Gamborg and Phillips (Springer-Verlag, Berlin); McCabe *et al.* (1988) Biotechnology 6:923-926); aerosol beam transformation (U.S. Published Application No. 20010026941; Patente U.S. No. 4,945,050; International Publication No. WO 91/00915; U.S. Published Application No. 2002015066); and Lec1 transformation (WO 00/28058). También ver Weissinger *et al.* (1988) Ann. Rev. Genet. 22:421-477; Sanford *et al.* (1987) Particulate Science and Technology 5:27-37; Christou *et al.* (1988) Plant Physiol. 87:671-674; McCabe *et al.* (1988) Bio/Technology 6:923-926; Finer and McMullen (1991) In Vitro Cell Dev. Biol. 27P:175-182; Singh *et al.* (1998) Theor. Appl. Genet. 96:319-324 (soja); Datta *et al.* (1990) Biotechnology 8:736-740; Klein *et al.* (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85:4305-4309; Patente U.S. No. 5,240,855; Patente U.S. Nos. 5,322,783 y 5,324,646; Tomes *et al.* (1995) "Direct ADN Transfer into Intact Plant Cells via Microprojectile Bombardment," in Plant Cell, Tissue, and Organ Culture: Fundamental Methods, ed. Gamborg (Springer-Verlag, Berlin); Klein *et al.* (1988) Plant Physiol. 91:440-444; Hooykaas-Van Slogteren *et al.* (1984) Nature (London) 311:763-764; Patente U.S. No. 5,736,369; Bytebier *et al.* (1987) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 84:5345-5349 (Liliaceae); De Wet *et al.* (1985) in The Experimental Manipulation of Ovule Tissues, ed. Chapman *et al.* (Longman, New York), pp. 197-209; Kaeppler *et al.* (1990) Plant Cell Reports 9:415-418 y Kaeppler *et al.* (1992) Theor. Appl. Genet. 84:560-566; D'Halluin *et al.* (1992) Plant Cell 4:1495-1505; Li *et al.* (1993) Plant Cell Reports 12:250-255 y Christou and Ford (1995) Annals of Botany 75:407-413; Osjoda *et al.* (1996) Nature Biotechnology 14:745-750.

Después de la integración de ADN foráneo heterólogo en células vegetales, entonces se aplica un nivel umbral máximo de selección apropiada en el medio para matar las células no-transformadas y separar y proliferar las células transformadas putativamente que sobreviven a partir de este tratamiento de selección por transferencia regularmente a un medio fresco. Mediante pasaje y desafío continuo con selección apropiada, se identifican y proliferan las células que se transforman con el plásmido vector. A continuación los métodos moleculares y bioquímicos serán utilizados para confirmar la presencia del gen de interés heterólogo integrado en el genoma de la planta transgénica.

Las células que han sido transformadas, se pueden cultivar en plantas de acuerdo con modos convencionales. Ver, por ejemplo, McCormick *et al.* (1986) Plant Cell Reports 5:81-84. Estos plantas luego se pueden cultivar, y la polinización con la misma cepa transformada o diferentes cepas, y el híbrido resultante que tiene expresión constitutiva de las identificadas características fenotípicas deseadas. Dos o más generaciones se pueden cultivar para asegurar que

la expresión de las características fenotípicas deseadas se mantiene establemente y se heredan y luego las semillas se cosechan para asegurar que la expresión de las características fenotípicas deseadas se ha logrado. De esta manera, la presente invención proporciona semillas transformadas (también referidas como “semilla transgénica”) que tiene un constructor nucleotídico de la invención, por ejemplo, un cassette de expresión de la invención, establemente incorporada en su genoma.

Las secuencias delta-endotoxina de la invención se pueden incorporar en cassettes de expresión para la expresión en la planta de interés. El cassette incluirá secuencias reguladoras 5' y 3' ligadas operablemente a una secuencia de la invención. Por “ligado operablemente” se entiende un enlace funcional entre un promotor y una segunda secuencia, en donde la secuencia promotor inicia y media la transcripción de la secuencia del ADN correspondiente a la segunda secuencia. Generalmente, ligado operablemente significa que las secuencias del ácido nucleico que se unen están continuas y, donde se necesita unir dos proteínas que codifican las regiones, continuas y en el mismo marco de lectura. El cassette adicionalmente puede contener al menos un gen adicional para ser cotransformados en el organismo. De manera alterna, el gen adicional(s) puede ser proporcionado sobre múltiples cassettes de expresión.

Tal cassette de expresión se proporciona con una pluralidad de sitios de restricción para la inserción de la secuencia delta-endotoxina para estar bajo la regulación transcripcional de las regiones reguladoras.

El cassette de expresión incluirá en la dirección 5'-3' de la transcripción, una región de iniciación transcripcional y traduccional (i.e., un promotor), una secuencia del ADN de la invención, y una región de terminación transcripcional y traduccional (i.e., región de terminación) funcional en las plantas. El promotor puede ser nativo o análogo, o foráneo o heterólogo, a la planta huésped y/o a la secuencia del ADN de la invención. Adicionalmente, el promotor puede ser la secuencia natural o alternativamente una secuencia sintética. Dónde el promotor es “nativo” u “homólogo” a la planta huésped, se entiende que el promotor se encuentra en la planta nativa en la cual el promotor se introduce. Dónde el promotor es “foráneo” o “heterólogo” a la secuencia del ADN de la invención, se entiende que el promotor no es el promotor nativo o que ocurre naturalmente para la secuencia del ADN, ligada operablemente, de la invención.

La región de terminación puede ser nativa con la región de iniciación transcripcional, puede ser nativa con la secuencia ligada operablemente del ADN de interés, puede ser nativa con la planta huésped, o puede ser derivada a partir de otra fuente (i.e., foráneo o heterólogo al promotor, la secuencia del ADN de interés, la planta huésped, o cualquier combinación de esta). Las regiones de terminación convenientes son disponibles del Ti-plásmido de *A. tumefaciens*, tales como las regiones de terminación octopina sintasa y nopalina sintasa. Ver también Guerineau *et al.* (1991) Mol. Gen. Genet. 262:141-144; Proudfoot (1991) Cell 64:671-674; Sanfacon *et al.* (1991) Genes Dev. 5:141-149; Mogen *et al.* (1990) Plant Cell 2:1261-1272; Munroe *et al.* (1990) Gene 91:151-158; Ballas *et al.* (1989) Nucleic Acids Res. 17:7891-7903; y Joshi *et al.* (1987) Nucleic Acid Res. 15:9627-9639.

Cuando sea apropiado, el gen(s) se puede optimizar para incrementar la expresión en la célula huésped transformada. Es decir, los genes se pueden sintetizar utilizando codones preferidos de célula huésped, para mejorar la expresión, o se pueden sintetizar utilizando codones en un codón preferido huésped usado con frecuencia. Ver, por ejemplo, Campbell and Gowri (1990) Plant Physiol. 92: 1-11 para una discusión del uso del codón huésped preferido. Los métodos son conocidos en el oficio para la síntesis de los genes preferidos de la planta. Ver, por ejemplo, Patente U.S. Nos. 6,320,100; 6,075,185; 5,380,831; y 5,436,391, U.S. Published Application Nos. 20040005600 y 20010003849, y Murray *et al.* (1989) Nucleic Acids Res. 17:477-498.

En una modalidad, los ácidos nucleicos de interés se dirigen al cloroplasto para la expresión. De esta manera, donde el ácido nucleico de interés no se inserta directamente en el cloroplasto, el cassette de expresión adicionalmente contendrá un ácido nucleico que codifica un péptido de transito para dirigir el producto génico de interés a los cloroplastos. Tales péptidos de transito son conocidos en el oficio. Ver, por ejemplo, Von Heijne *et al.* (1991) Plant Mol. Biol. Rep. 9:104-126; Clark *et al.* (1989) J. Biol. Chem. 264:17544-17550; Della-Cioppa *et al.* (1987) Plant Physiol. 84:965-968; Romer *et al.* (1993) Biochem. Biophys. Res. Commun. 196:1414-1421; y Shah *et al.* (1986) Science 233:478-481.

Los métodos para la transformación de cloroplastos son conocidos en el oficio. Ver, por ejemplo, Svab *et al.* (1990) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 87:8526-8530; Svab and Maliga (1993) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 90:913-917; Svab and Maliga (1993) EMBO J. 12:601-606. El método se basa en la entrega de la pistola genética del ADN que contiene un marcador genético y la orientación del ADN con el genoma del plastidio a través de recombinación homóloga. Adicionalmente, la transformación del plastidio se puede lograr por la trans-activación de un transgen plastidio-transmitido silencioso por la expresión preferida del tejido de una polimerasa codificada nuclear y de ARN plastidio-dirigido. Tal sistema ha sido reportado en McBride *et al.* (1994) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 91:7301-7305.

Los ácidos nucleicos de interés para ser dirigidos al cloroplasto, se pueden optimizar para la expresión en el cloroplasto para tener en cuenta las diferencias en el uso del codón entre el núcleo de la planta y este organelo. De esta manera, los ácidos nucleicos de interés se pueden sintetizar utilizando cloroplasto-codones preferidos. Ver, por ejemplo, Patente U.S. No. 5,380,831.

Evaluación de la Transformación de la Planta

Después de la introducción del ADN foráneo heterólogo en las células vegetales, la transformación o integración del gen heterólogo en el genoma de la planta se confirma por diversos métodos tales como análisis de ácidos nucleicos, proteínas y metabolitos asociados con el gen integrado.

Análisis de PCR: Análisis de PCR es un método rápido para seleccionar células transformadas, tejido o brotes para la presencia del gen incorporado en la etapa más primaria antes del trasplante en el suelo (Sambrook and Russell, 2001). PCR se realiza utilizando cebadores de oligonucleótidos específicos al gen de interés o fondo del vector *Agrobacterium*, etc.

Análisis Southern: La transformación de la planta se confirma por análisis Southern blot de ADN genómico (Sambrook and Russell, 2001). En general, el ADN total se extrae a partir del transformante, digerido con enzimas de restricción apropiadas, fraccionadas en un gel de agarosa y transferida a una membrana de nitrocelulosa o de nylon. La membrana o "transferencia" luego se prueba con, por ejemplo, fragmento de ADN diana radiomarcado ³²P para confirmar la integración del gen introducido en el genoma de la planta de acuerdo con técnicas estándar (Sambrook and Russell, 2001. Molecular Cloning: A Laboratory Manual. Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY).

Análisis Northern: ARN se aísla a partir de tejidos específicos de transformante, fraccionados en un gel de agarosa formaldehído, transferido sobre un filtro de nylon de acuerdo con procedimientos estándar que rutinariamente se utilizan en el oficio (Sambrook, J., and Russell, D.W. 2001. Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY). La expresión del ARN codificado por la delta-endotoxina luego se prueba por hibridación del filtro con una sonda radioactiva derivada a partir de una proteína delta-endotoxina, por métodos conocidos en el oficio (Sambrook and Russell, 2001).

Western blot y Pruebas bioquímicas: Western blot y Pruebas bioquímicas y similares se pueden llevar a cabo sobre las plantas transgénicas para confirmar la presencia de la proteína codificada por el gen delta-endotoxina, mediante procedimientos estándar (Sambrook, J., and Russell, D.W. 2001. Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY) utilizando anticuerpos que se unen a uno o más epítopes presentes sobre la proteína delta-endotoxina.

Actividad de pesticida en plantas

En otro aspecto de la invención, se pueden generar plantas transgénicas que expresan proteínas delta-endotoxina, que tienen actividad de pesticida. Los métodos descritos anteriormente a modo de ejemplo se pueden emplear para generar plantas transgénicas, pero la manera en la cual, las células de la planta transgénica se generan no es crítica para esta invención. Los métodos conocidos o descritos en el oficio, tales como transformación mediada del *Agrobacterium*, haz de aerosol, transformación biolística, y métodos mediados sin partícula, se pueden utilizar en la discreción del investigador. Las plantas que expresan proteínas delta-endotoxina se pueden aislar por métodos comunes descritos en el oficio, por ejemplo por transformación de callos, selección de callos transformados, y regeneración de plantas fértiles a partir de tales callos transgénicos. En dicho proceso, se puede utilizar cualquier gen como un marcador genético con la condición que su expresión en células vegetales confiera capacidad para identificar o seleccionar las células transformadas.

Un número de marcadores han sido desarrollados para utilizar con células vegetales, tales como resistencia al cloranfenicol, el aminoglucósido G418, higromicina, o similares. Otros genes que codifican un producto involucrado en el metabolismo del cloroplasto, también se pueden utilizar como marcadores genéticos. Por ejemplo, genes que proporcionan resistencia a herbicidas de la planta tales como glifosato, bromoxinil, o imidazolinona pueden encontrar un uso particular. Tales genes se han reportado (Stalker *et al.* (1985) J. Biol. Chem. 263:6310-6314 (bromoxinil resistance nitrilase gene); y Sathasivan *et al.* (1990) Nucl. Acids Res. 18: 2188 (AHAS imidazolinone resistance gene).

Las plantas fértiles que expresan una proteína delta-endotoxina, se pueden probar para la actividad de pesticida, y las plantas que muestran actividad óptima seleccionada para otros cultivos. Los métodos son disponibles en el oficio para probar la actividad de la plaga. Generalmente, la proteína se mezcla y utiliza en pruebas de alimentación. Ver, por ejemplo Marrone *et al.* (1985) J. of Economic Entomology 8: 290-293.

Uso en Control Pesticida

Los métodos generales, para emplear las cepas de la invención en el control pesticida o en el diseño de otros organismos como agentes pesticidas son conocidos en el oficio. Ver, por ejemplo Patente U.S. No. 5,039,523 y EP 0480762A2.

Las cepas de *Bacillus* de la invención o los microorganismos que han sido alterados genéticamente para contener el gen y la proteína de pesticida, se pueden utilizar para proteger cosechas y productos agrícolas a partir de plagas. En un aspecto de la invención, en su totalidad, i.e., las células, no lisadas de una toxina (pesticida)-que producen un organismo se tratan con reactivos que prolongan la actividad de la toxina producida en la célula, cuando la célula se aplica al ambiente de la plaga(s) diana.

De manera alterna, el pesticida se produce introduciendo un gen heterólogo dentro de un huésped celular. La expresión del gen heterólogo resulta, directa o indirectamente, en la producción intracelular y mantenimiento del pesticida. En un aspecto de esta invención, estas células luego se tratan bajo condiciones que prolongan la actividad de la toxina producida en la célula, cuando la célula se aplica al ambiente de la plaga(s) diana. El producto resultante retiene la toxicidad de la toxina. Estos pesticidas encapsulados naturalmente luego se pueden formular de acuerdo con técnicas convencionales para la aplicación al ambiente que hospeda una plaga diana, por ejemplo, suelo, agua, y follaje de la plantas. Ver, por ejemplo EPA 0192319, y las referencias citadas en estas. De manera alterna, se pueden formular las células que expresan los genes de esta invención tales como para permitir la aplicación del material resultante como un pesticida.

Los ingredientes activos de la presente invención normalmente se aplican en la forma de composiciones y se pueden aplicar a la planta o área de la cosecha que se trata, simultáneamente o en sucesión, con otros compuestos. Estos compuestos pueden ser fertilizantes, exterminadores de maleza, crioprotectores, agentes tensoactivos, detergentes, jabones de pesticidas, aceites inactivos, polímeros, y/o excipiente de formulaciones de tiempo de liberación o biodegradable, que permiten una dosificación a largo plazo de un área objetivo, después de una sola aplicación de la formulación. También pueden ser herbicidas selectivos, insecticidas químicos, virucidas, microbicidas, amebicidas, pesticidas, fungicidas, bactericidas, nematocidas, molusocidas o mezclas de varias de estas preparaciones, si se desea, junto con otros excipientes agrícolamente aceptables, agentes tensoactivos o adyuvantes que promueven la aplicación habitualmente empleadas en el oficio de formulación. Los excipientes y adyuvantes apropiados pueden ser sólidos o líquidos y corresponder a las sustancias empleadas habitualmente en la tecnología de formulación, por ejemplo, sustancias minerales regeneradas o naturales, solventes, dispersantes, agentes humectantes, agentes de pegajosidad, aglutinantes o fertilizantes. Así mismo, las formulaciones se pueden preparar en “cebos” comestibles o en forma de “trampas” plaga, para permitir la alimentación o ingestión por una plaga diana de la formulación del pesticida.

Los métodos preferidos de aplicación de un ingrediente activo de la presente invención o una composición agroquímica de la presente invención que contiene al menos una de las proteínas de pesticidas producida por las cepas bacterianas de la presente invención son, la aplicación en hojas, recubrimiento de la semilla y aplicación en el suelo. El número de aplicaciones y la velocidad de aplicación dependen de la intensidad de la infestación por la plaga correspondiente.

La composición se puede formular como un polvo, pulverizado, pella, gránulo, aerosol, emulsión, coloide, solución, o similares, y se pueden preparar por medios convencionales como deshidratación, liofilización, homogenización, extracción, filtración, centrifugación, sedimentación, o concentración de un cultivo de células que comprende el polipéptido. En todas las composiciones que contienen al menos uno de estos citados polipéptidos pesticidas, el polipéptido puede estar presente en una concentración de aproximadamente 1% a aproximadamente 99% en peso.

Las plagas de lepidópteros o coleópteros se pueden matar o reducir en número, en un área determinada por los métodos de la invención, o se pueden aplicar profilácticamente a un área ambiental, para prevenir la infestación por una plaga susceptible. Preferiblemente la plaga ingiere, o se pone en contacto con, una cantidad efectiva como pesticida del polipéptido. Por “cantidad efectiva como pesticida” se entiende una cantidad del pesticida que es capaz de provocar la muerte a al menos una plaga, o reducir notablemente el crecimiento de la plaga, alimentación, o desarrollo fisiológico normal. Esta cantidad variará dependiendo de factores tales como, por ejemplo, las plagas diana específicas que se controlan, el ambiente específico, localización, planta, cosecha, o sitio agrícola que se trata, las condiciones ambientales, y el método, velocidad, concentración, estabilidad, y cantidad de aplicación de la composición del polipéptido, efectiva como pesticida. Las formulaciones también pueden variar con respecto a las condiciones climáticas, consideraciones ambientales, y/o frecuencia de aplicación y/o severidad de infestación de plagas.

Las composiciones de pesticidas descritas se pueden hacer por la formulación, ya sea la célula bacteriana, suspensión de cristal y/o espora, o componente de la proteína aislada con el deseado excipiente agrícolamente aceptable. Las composiciones se pueden formular antes de la administración en un medio apropiado tal como liofilizado, secado por congelación, deshidratado, o en un excipiente acuoso, medio o diluyente apropiado, tal como solución salina u otra solución reguladora. Las composiciones formuladas pueden ser en la forma de un polvo o material granular, o una suspensión en aceite (vegetal o mineral), o emulsiones agua o aceite/agua, o como un polvo mojabable, o en combinación con cualquier otro material portador apropiado para aplicación agrícola. Los portadores agrícolas apropiados pueden ser sólidos o líquidos y son bien conocidos en el oficio. El término “portador agrícolamente-aceptable” abarca todos los adyuvantes, componentes inertes, dispersantes, agentes tensoactivos, agentes de pegajosidad, aglutinantes, etc. que se utilizan habitualmente en la tecnología de formulación de pesticidas; estos son bien conocidos por aquellos de habilidad en la formulación de pesticidas. Las formulaciones se pueden mezclar con uno o más adyuvantes sólidos o líquidos y preparar por diversos medios, por ejemplo, por mezcla homogénea, homogenización y/o molienda de la composición de pesticidas con adyuvantes apropiados utilizando técnicas convencionales de formulación. Las formulaciones y métodos de aplicación apropiados, se describen en la Patente U.S. No. 6,468,523.

“Plaga” incluye pero no se limita a, insectos, hongos, bacterias, nemátodos, ácaros, garrapatas, y similares. Las plagas de insectos incluyen insectos seleccionados de las órdenes Coleoptera, Diptera, Hymenoptera, Lepidoptera, Mallophaga, Homoptera, Hemiptera, Orthoptera, Thysanoptera, Dermaptera, Isoptera, Anoplura, Siphonaptera, Trichoptera, etc., particularmente Coleoptera, Lepidoptera, y Diptera.

Las plagas de insectos incluyen insectos seleccionados de los órdenes Coleoptera, Diptera, Hymenoptera, Lepidoptera, Mallophaga, Homoptera, Hemiptera, Orthoptera, Thysanoptera, Dermaptera, Isoptera, Anoplura, Siphonaptera, Trichoptera, etc., particularmente Coleoptera y Lepidoptera. Las plagas de insectos de la invención para las principales cosechas incluyen: Maíz: *Ostrinia nubilalis*, gusano barrenador Europeo; *Agrotis ipsilon*, gusano negro; *Helicoverpa zea*, gusano del elote del maíz; *Spodoptera frugiperda*, gusano cogollero; *Diatraea grandiosella*, gusano barrenador del sudoeste; *Elasmopalpus lignosellus*, gusano picador de la hoja; *Diatraea saccharalis*, gusano minador de la caña de azúcar; *Diabrotica virgifera*, gusano de la raíz del maíz; *Diabrotica longicornis barberi*, tortuguilla de la raíz; *Diabrotica undecimpunctata howardi*, gusano de la raíz del maíz del sur; *Melanotus spp.*, gusanos de alambre; *Cyclocephala borealis*, raedor enmascarado del norte (gusano blanco); *Cyclocephala immaculata*, raedor enmascarado del sur (gusano blanco); *Popillia japonica*, escarabajo japonés; *Chaetocnema pulicaria*, pulguilla del maíz; *Sphenophorus maidis*, gorgojo del maíz; *Rhopalosiphum maidis*, pulgón verde del maíz; *Anuraphis maidiradicis*, pulgón de la raíz del maíz; *Blissus leucopterus leucopterus*, chinche de los cereales; *Melanoplus femurrubrum*, saltamontes rojo; *Melanoplus sanguinipes*, saltamontes migratorio; *Hylemya platura*, mosca de la semilla; *Agromyza parvicornis*, minador de las hojas del maíz; *Anaphothrips obscurus*, thrips de la hierba; *Solenopsis milesta*, hormiga ladrona; *Tetranychus urticae*, arañita bimaculada; Sorgo: *Chilo partellus*, barrenador del sorgo; *Spodoptera frugiperda*, gusano cogollero; *Helicoverpa zea*, gusano del elote del maíz; *Elasmopalpus lignosellus*, gusano picador de la hoja; *Feltia subterranea*, gusano trozador; *Phyllophaga crinita*, gusano blanco; *Eleodes*, *Conoderus*, y *Aeolus spp.*, gusanos de alambre; *Oulema melanopus*, criocero de los cereales; *Chaetocnema pulicaria*, pulguilla del maíz; *Sphenophorus maidis*, gorgojo del maíz; *Rhopalosiphum maidis*, pulgón verde del maíz; *Sipha flava*, pulgón de la caña de azúcar amarillo; *Blissus leucopterus leucopterus*, chinche de los cereales; *Contarinia sorghicola*, mosquito del sorgo; *Tetranychus cinnabarinus*, araña roja del clarel; *Tetranychus urticae*, arañita bimaculada; Trigo: *Pseudaletia unipunctata*, gusano cogollero; *Spodoptera frugiperda*, gusano cogollero; *Elasmopalpus lignosellus*, gusano picador de la hoja; *Agrotis orthogonia*, oruga podadera del oeste; *Elasmopalpus lignosellus*, gusano picador de la hoja; *Oulema melanopus*, criocero de los cereales; *Hypera punctata*, gorgojo del trebol; *Diabrotica undecimpunctata howardi*, gusano de la raíz del maíz del sur; Pulgón Ruso del trigo; *Schizaphis graminum*, greenbug; *Macrosiphum avenae*, pulgón de la espiga; *Melanoplus femurrubrum*, saltamontes rojo; *Melanoplus differentialis*, saltamontes diferencial; *Melanoplus sanguinipes*, saltamontes migratorio; *Mayetiola destructor*, Mosca de Hesse; *Sitodiplosis mosellana*, mosquito del trigo; *Meromyza americana*, mosca del tallo del trigo; *Hylemya coarctata*, mosca gris del trigo; *Frankliniella fusca*, piojillo del tabaco; *Cephus cinctus*, cefo del trigo; *Aceria tulipae*, ácaro blanco del bulbo; Girasol: *Suleima helianthana*, polilla de la yema del girasol; *Homoeosoma electellum*, polilla del girasol; *zygogramma exclamationis*, escarabajo del girasol; *Bothyrus gibbosus*, escarabajo de la zanahoria; *Neolasioptera murtfeldtiana*, mosquito de la semilla del girasol; Algodón: *Heliothis virescens*, gusano bellotero del algodón; *Helicoverpa zea*, oruga del algodón; *Spodoptera exigua*, gardama de la remolacha; *Pectinophora gossypiella*, oruga rosada del algodón; *Anthonomus grandis*, picudo del algodonerero; *Aphis gossypii*, piojo del algodón; *Pseudatomoscelis seriatus*, pulguilla del algodón; *Trialeurodes abutilonea*, mosquita blanca; *Lygus lineolaris*, chinche ligus; *Melanoplus femurrubrum*, saltamontes rojo; *Melanoplus differentialis*, saltamontes diferencial; *Thrips tabaci*, trips de la cebolla; *Frankliniella fusca*, piojillo del tabaco; *Tetranychus cinnabarinus*, araña roja del clarel; *Tetranychus urticae*, arañita bimaculada; Arroz: *Diatraea saccharalis*, barrenador de la caña de azúcar; *Spodoptera frugiperda*, gusano cogollero; *Helicoverpa zea*, gusano del elote del maíz; *Colaspis brunnea*, *colaspis de la uva*; *Lissorhoptrus oryzophilus*, gorgojo de agua del arroz; *Sitophilus oryzae*, gorgojo del arroz; *Nephotettix nigropictus*, salta hojas el arroz; *Blissus leucopterus leucopterus*, chinche de los cereales; *Acrosternum hilare*, chinche verde hedionda; Soja: *Pseudopiusia includens*, orugas medidoras de la soja; *Anticarsia gemmatilis*, langosta del maní; *Plathypena scabra*, gusano verde del trebol; *Ostrinia nubilalis*, gusano barrenador Europeo; *Agrotis ipsilon*, gusano negro; *Spodoptera exigua*, gardama de la remolacha; *Heliothis virescens*, gusano bellotero del algodón; *Helicoverpa zea*, oruga del algodón; *Epilachna varivestis*, conchuela del fríjol; *Myzus persicae*, pilgón verde del duraznero; *Empoasca fabae*, salta hojas de la patata; *Acrosternum hilare*, chinche verde hedionda; *Melanoplus femurrubrum*, saltamontes rojo; *Melanoplus differentialis*, saltamontes diferencial; *Hylemya platura*, mosca de la semilla; *Sericothrips variabilis*, soja thrips; *Thrips tabaci*, trips de la cebolla; *Tetranychus turkestanii*, arañueka roja de la fresa; *Tetranychus urticae*, arañita bimaculada; Cebada: *Ostrinia nubilalis*, gusano barrenador Europeo; *Agrotis ipsilon*, gusano negro; *Schizaphis graminum*, pulgón verde de los cereales; *Blissus leucopterus leucopterus*, chinche de los cereales; *Acrosternum hilare*, chinche verde hedionda; *Euschistus servus*, chinche marrón apestoso; *Delia platura*, mosca de la semilla; *Mayetiola destructor*, Mosca de Hesse; *Petrobia latens*, ácaro marrón del trigo; Aceite de colza: *Brevicoryne brassicae*, pulgón del repollo; *Phyllotreta cruciferae*, Pulguilla; *Mamestra configurata*, Gusano de las crucíferas; *Plutella xylostella*, palomilla de dorso de diamante; *Delia spp.*, Gusano de la semilla.

Los nemátodos incluyen nemátodos parásitos tales como root-knot, cyst, y nemátodos de la lesión, que incluyen *Heterodera spp.*, *Meloidogyne spp.*, y *Globodera spp.*; particularmente miembros de los nemátodos cyst, que incluyen, pero no limitan a, *Heterodera glycines* (heterodera de la soja); *Heterodera schachtii* (heterodera de la remolacha); *Heterodera avenae* (heterodera del cereal); y *Globodera rostochiensis* y *Globoderapailida* (nematodo del quiste de la patata). Los nemátodos de la lesión incluyen *Pratylenchus spp.*

Los siguientes ejemplos se ofrecen a modo de ilustración y no a modo de limitación.

Experimental

Ejemplo 1

5 *Extracción del ADN del plásmido*

El ADN del plásmido a partir de cepas ATX 13026 o ATX 13002 se prepararon de la siguiente manera. Un cultivo puro de la cepa ATX13026 o cepa ATX13002 se cultivó en grandes cantidades de medio rico. El cultivo se centrifugó para cosechar el pella celular. El pella celular a continuación se preparó, por el tratamiento con SDS por métodos conocidos en el oficio, resultando en el rompimiento de la pared celular y liberación del ADN. Las proteínas y ADN genómico extenso luego se precipitó, mediante una alta concentración de sal. El ADN del plásmido se precipitó por precipitación estándar con etanol. El ADN del plásmido se separó a partir de cualquier ADN cromosomal remanente, por centrifugación de alta velocidad a través de un gradiente de cloruro de cesio. El ADN se visualizó en el gradiente por luz UV y la banda de densidad inferior (i.e. la banda inferior) se extrajo utilizando una jeringa. Esta banda contenía el ADN del plásmido a partir de la cepa (tanto ATX 13026 como ATX 13002). La calidad del ADN se comprobó por visualización sobre un gel de agarosa por métodos conocidos en el oficio.

Ejemplo 2

20 *Clonación de Genes*

El ADN del plásmido purificado se cizalló en fragmentos del tamaño de 5-10 kb y la cadena sencilla 5' y 3' saliente reparada utilizando T4 ADN polimerasa y fragmento Klenow en la presencia de los cuatro dNTPs, según se conoce en el oficio. Luego los fosfatos se conectaron a los terminales 5' por tratamiento con T4 polinucleótido quinasa, según se conoce en el oficio. Los fragmentos reparados de ADN se ligaron durante la noche dentro de un vector de copia alta estándar (i.e. pBluescript SK+), convenientemente preparado para aceptar los insertos, según se conoce en el oficio (por ejemplo, por digestión con una enzima de restricción que produce terminales romos).

La calidad de la biblioteca se analizó por digestión de un subconjunto de clones con una enzima de restricción conocida que tiene un sitio de división que flanquea el sitio de clonación. Un alto porcentaje de clones se determinó para contener insertos, con un tamaño de inserto medio de 5-6 kb.

35 Ejemplo 3

Secuenciación de Alto rendimiento de Placas de Biblioteca

Las bibliotecas preparadas por los métodos anteriores se colocaron en placas sobre un medio rico que contiene el antibiótico apropiado para mantener los clones de plásmidos, y las colonias se escogieron individualmente en un bloque 96-pozos que contiene 2 mililitros de medio que contiene el antibiótico apropiado. Estos bloques se cosecharon durante la noche a 37°C a una velocidad de agitación de 350 rpm. Los bloques se centrifugaron para cosechar las células en el fondo del bloque. El ADN del plásmido se aisló a partir de estos cultivos por lisis alquilina estándar prep, en un formato de alto rendimiento.

Las secuencias terminales de los clones a partir de esta biblioteca se determinaron por un gran número de clones a partir de cada bloque de la siguiente manera: La secuencia del ADN de cada clon seleccionado para análisis, se determinó utilizando la técnica de secuenciación con terminador fluorescente (Applied Biosystems) y cebadores estándar que flanquean cada lado del sitio de clonación. Una vez las reacciones se han llevado a cabo en el termociclador, el ADN se precipitó utilizando precipitación con etanol estándar. El ADN se resuspendió en agua y se cargó en un equipo de secuenciación capilar. Cada placa de la biblioteca de ADN se secuenció a partir del terminal del sitio de clonación, produciendo dos lecturas por placa sobre cada inserto.

55 Ejemplo 4

Ensamble y Selección de los Datos de Secuenciación

Las secuencias de ADN obtenidas se recopilaron dentro de un proyecto de ensamblaje y alienación en conjunto, para formar clones solapados. Esto se puede hacer eficientemente utilizando un programa de ordenador, tal como Vector NTi, o alternativamente utilizando los programas Pred/Phrap suite de alineación de ADN y de análisis. Estos clones solapados, junto con cualquier lectura individual que no haya sido adicionada a un clon solapado, se compararon con una base de datos recopilada de todas las clases de genes de pesticidas conocidos. Los clones solapados o las lecturas individuales identificadas por tener la identidad con una endotoxina o gen de pesticida conocido, adicionalmente se analizaron. Entre las secuencias obtenidas, los clones pAX004, pAX006, pAX007, pAX008, pAX009, y pAX014 contenían ADN identificado por tener homología con los genes de endotoxina conocidos. Por consiguiente, estos clones se seleccionaron para una secuenciación posterior.

Ejemplo 5

Secuenciación e Identificación de Genes Delta-Endotoxina

5 Los cebadores se diseñaron para hibridizar a las secuencias con homología a los genes endotoxina, de tal manera que las secuencias de ADN generadas a partir de dichos cebadores deberían superponer la secuencia del ADN existente del o los clones. Este proceso, conocido como “oligo walking”, es bien conocido en el oficio. Este proceso se utilizó para determinar la secuencia del ADN total de la región que muestra homología con un gen endotoxina conocido. En el caso de los clones mencionados anteriormente, este proceso se utilizó para determinar la secuencia del ADN del clon total, resultando en una única secuencia del nucleótido por cada gen. La secuencia del ADN completa se coloca de nuevo dentro del ensamblaje original grande para otra validación. Esto permite la incorporación de más lecturas de la secuencia del ADN dentro del clon solapado, resultando en múltiples lecturas de alcance sobre la región total.

15 El análisis de la secuencia del ADN de cada región con homología a un gen endotoxina conocido identificó un marco de lectura abierto con homología a un gen delta-endotoxina conocido. El marco de lectura abierto identificado a partir de pAX004 se designa como AXMI-004. El marco de lectura abierto identificado a partir de pAX006 se designa como AXMI-006. El marco de lectura abierto identificado a partir de pAX007 se designa como AXMI-007. El marco de lectura abierto identificado a partir de pAX008 se designa como AXMI-008. El marco de lectura abierto identificado a partir de pAX009 se designa como AXMI-009. El marco de lectura abierto identificado a partir de pAX014 se designa como AXMI-014. La secuencia del ADN de AXMI-004 se proporciona como la SEQ ID NOS:1 y 2, y la secuencia de aminoácido de la proteína AMXI-004 pronosticada se proporciona como la SEQ ID No:3. Un sitio inicial alternativo para AXMI-004 en el nucleótido 385 de la SEQ ID No:1 genera la secuencia de aminoácido proporcionada como la SEQ ID No:5. La secuencia del ADN de AXMI-006 se proporciona como la SEQ ID No:6, y la secuencia de aminoácido de la proteína AMXI-006 pronosticada se proporciona en la SEQ ID No:7. La secuencia del ADN de AXMI-007 se proporciona como la SEQ ID No:8, y la secuencia de aminoácido de la proteína AMXI-007 pronosticada se proporciona en la SEQ ID No:9. Un sitio inicial alternativo para AXMI-007 en el nucleótido 151 de la SEQ ID No:8 genera la secuencia de aminoácido proporcionada como la SEQ ID No:11. La secuencia del ADN de AXMI-008 se proporciona como la SEQ ID NOS:12 y 13, y la secuencia de aminoácido de la proteína AMXI-008 pronosticada se proporciona en la SEQ ID No:14. Un sitio inicial alternativo para AXMI-008 en el nucleótido 177 de la SEQ ID No:12 genera la secuencia de aminoácido proporcionada como la SEQ ID No:16. Otro análisis identificó un marco de lectura abierto inmediatamente 3' en el terminal del marco de lectura abierto de AXMI-008. Esta secuencia de aminoácido pronosticada de este orf, se refiere aquí como AXMI-008orf2, se proporciona en la SEQ ID No:18. La secuencia del ADN de AXMI-009 se proporciona como la SEQ ID No:19, y la secuencia de aminoácido de la proteína AMXI-009 pronosticada se proporciona en la SEQ ID No:20. Un sitio inicial alternativo para AXMI-009 en el nucleótido 34 de la SEQ ID No: 19 genera la secuencia de aminoácido proporcionada como la SEQ ID No:22. Otro sitio inicial alternativo para AXMI-009 en el nucleótido 64 de la SEQ ID No:19 genera la secuencia de aminoácido proporcionada como la SEQ ID No:24. La secuencia del ADN de AXMI-014 se proporciona como la SEQ ID NOS:25 y 26, y la secuencia de aminoácido de la proteína AMXI-008 pronosticada se proporciona como la SEQ ID No:27. Un sitio inicial alternativo para AXMI-014 en el nucleótido 136 de la SEQ ID No:25 genera la secuencia de aminoácido proporcionada como la SEQ ID No:29.

Ejemplo 6

Homología de Genes Aislados con Genes Endotoxina Conocidos

Investigaciones de bases de datos de ADN y proteína con estas secuencias de ADN y secuencias de aminoácido, revelan que estas secuencias son homólogas con endotoxinas conocidas.

(Tabla pasa a página siguiente)

ES 2 316 963 T3

AXMI-004

La Figura 1 muestra una alineación de AXMI-004 con varias endotoxinas. Las investigaciones Blast identifican cry1Ca por tener el bloque más fuerte de homología, con una identidad de la secuencia completa en el dominio tóxico del 43% (ver Tabla 1).

TABLA 1

Identidad del Aminoácido de AXMI-004 con Ejemplares Clases de Endotoxinas

Endotoxina	Porcentaje de Identidad del Aminoácido con AXMI-004	Porcentaje de Identidad del Aminoácido en Dominios Tóxicos
cry1Ac*	17%	30%
cry1Ca*	24%	43%
cry2Aa	12%	12%
cry3Aa	33%	33%
cry1Ia	35%	37%
cry7Aa	19%	31%

AXMI-006

La Figura 2 muestra una alineación de AXMI-006 con varias endotoxinas. Las investigaciones Blast identifican cry4Aa por tener el más fuerte bloque de homología, aunque la alineación de proteína AMXI-006 (SEQ ID No:7) con un gran conjunto de proteínas endotoxina, muestra que la proteína más homóloga es cry10Aa. La identidad de aminoácido completa de cry10Aa con AXMI-006 es 25% (ver Tabla 2). La inspección de la secuencia de aminoácido de AXMI-006 sugiere que esta no contiene un dominio no-tóxico C-terminal según este presente en varias familias de endotoxina. Para extraer esta proteína C-terminal de las toxinas a partir de la alineación, la alineación refleja la identidad de aminoácido esta presente solamente en los dominios toxina (ver Tabla 2, columna tres). Esta alineación "recortada" se muestra en la Figura 2.

TABLA 2

Identidad del Aminoácido de AXMI-006 con Ejemplares Clases de Endotoxinas

Endotoxina	Porcentaje de Identidad del Aminoácido con AXMI-006	Porcentaje de Identidad del Aminoácido de Toxinas truncadas con AXMI-006
cry1Aa	11%	17%
cry1Ac	12%	19%
cry1Ia	20%	19%
cry3Aa	20%	19%
cry3Bb	22%	21%
cry4Aa	16%	26%
cry6Aa	5%	4%
cry7Aa	12%	19%
cry8Aa	13%	21%
cry10Aa	25%	25%
cry16Aa	23%	23%
cry19Ba	24%	24%
cry24Aa	19%	20%

AXMI-007

Las investigaciones Blast identifican *cry4Aa* por tener el más fuerte bloque de homología con AXMI-007, aunque la alineación de la proteína AMXI-007 (SEQ ID No:9) con un gran conjunto de proteínas endotoxina muestra que la proteína más homóloga es *cry10Aa*. La identidad de aminoácido completa de *cry10Aa* con AXMI-007 es 25% (ver Tabla 3). La inspección de la secuencia de aminoácido de AXMI-007 sugiere que esta no contiene un dominio no-tóxico C-terminal, según este presente en varias familias de endotoxina. Para extraer esta proteína C-terminal de las toxinas a partir de la alineación, la alineación refleja que la identidad del aminoácido esta presente solamente en los dominios toxina (ver Tabla 3, columna tres). Esta alineación “recortada” se muestra en la Figura 3.

TABLA 3

Identidad del Aminoácido de AXMI-007 con Ejemplares Clases de Endotoxinas

Endotoxina	Porcentaje de Identidad del Aminoácido con AXMI-007	Porcentaje de Identidad del Aminoácido de Toxinas truncadas con AXMI-007
<i>cry1Aa</i>	11%	17%
<i>cry1Ac</i>	12%	20%
<i>cry1Ia</i>	19%	18%
<i>cry3Aa</i>	19%	19%
<i>cry3Bb</i>	21%	21%
<i>cry4Aa</i>	17%	27%
<i>cry6Aa</i>	5%	4%
<i>cry7Aa</i>	13%	19%
<i>cry8Aa</i>	13%	20%
<i>cry10Aa</i>	25%	25%
<i>cry16Aa</i>	24%	24%
<i>cry19Ba</i>	25%	25%
<i>cry24Aa</i>	19%	19%

(Tabla pasa a página siguiente)

AXMI-008

Las investigaciones Blast identifican *cry40Aa* por tener el más fuerte bloque de homología con AXMI-008, y la alineación de la proteína AMXI-008 (SEQ ID No:14) con un gran conjunto de proteínas endotoxina muestra que la proteína más homóloga es *cry40Aa*. La identidad de aminoácido completa de *cry40Aa* con AXMI-008 es 66% (ver Tabla 4). La inspección de la secuencia de aminoácido de AXMI-008 sugiere que esta no contiene un dominio no-tóxico C-terminal según este presente en varias familias de endotoxina. Extrayendo esta proteína C-terminal de las toxinas a partir de la alineación, la alineación refleja que el aminoácido identificado esta presente solamente en los dominios toxina (ver Tabla 4, columna tres). Esta alineación “recortada” se muestra en la Figura 4.

TABLA 4

Identidad del Aminoácido de AXMI-008 con Ejemplares Clases de Endotoxinas

Endotoxina	Porcentaje de Identidad del Aminoácido con AXMI-008	Porcentaje de Identidad del Aminoácido de Toxinas truncadas con AXMI-008
<i>cry1Aa</i>	11%	20%
<i>cry1Ac</i>	11%	20%
<i>cry1Ia</i>	22%	22%
<i>cry2A</i>	10%	10%
<i>cry3Aa</i>	21%	21%
<i>cry3Bb</i>	21 %	21 %
<i>cry4Aa</i>	13%	21%
<i>cry4Ba</i>	13%	20%
<i>cry6Aa</i>	5%	5%
<i>cry7Aa</i>	12%	20%
<i>cry8Aa</i>	13%	22%
<i>cry10Aa</i>	20%	20%
<i>cry16Aa</i>	22%	22%
<i>cry19Ba</i>	21%	22%
<i>cry24Aa</i>	26%	26%
<i>cry25Aa</i>	23%	23%
<i>cry39Aa</i>	25%	25 %
<i>cry40Aa</i>	66%	66%

El marco de lectura abierto inmediatamente en dirección 3' (3') con la región codificante AXMI-008 tiene homología con las conocidas proteínas endotoxina-relacionadas. Las investigaciones Blast identifican *crybun3orf2* (la orf en dirección 3' de *cry40Aa*) por tener el más fuerte bloque de homología. Varios otros orf-2 como proteínas están presentes en bases de datos, y una alineación de la proteína AMXI-008-orf2 (SEQ ID No:18) con un conjunto de estas proteínas se muestra en la Figura 5. Estas proteínas también comparten la homología con el dominio no-tóxico C-terminal de *cry4Aa* y *cry4Ba*. La identidad de aminoácido completa de AXMI-8-orf2 a *cry40Aaorf2* es 86% (ver Tabla 5).

TABLA 5

Identidad del Aminoácido de AXMI-008-orf2 con las proteínas relacionadas

Proteína	Porcentaje de identidad del aminoácido con AXMI-008-orf2
<i>crybun3orf2 (cry40Aa orf2)</i>	86%
<i>crybun2orf2 (cry39Aa orf2)</i>	85%
<i>cry19Aorf2</i>	62%
<i>cry4Aa C-terminal</i>	53%
<i>cry4Ba C-terminal</i>	54%

ES 2 316 963 T3

AXMI-0 09

Las investigaciones Blast identifican *cryBAa* por tener el más fuerte bloque de homología con AXMI-009, y alineación de la proteína AMXI- 009 (SEQ ID No:20) con un gran conjunto de proteínas endotoxina muestra que la proteína más homólogas son *cry3Ba* y *cry16Aa*. La identidad de aminoácido completa de *cry3Ba* y *cry16Aa* con AXMI-009 es 26% (ver Tabla 6). La inspección de la secuencia de aminoácido de AXMI-009 sugiere que esta no contiene un dominio no-tóxico C-terminal según este presente en varias familias de endotoxina. Para extraer esta proteína C-terminal de las toxinas a partir de la alineación, la alineación refleja la identidad del aminoácido esta presente solamente en los dominios toxina (ver Tabla 6, columna tres). Esta alineación “recortada” se muestra en la Figura 6.

TABLA 6

Identidad del Aminoácido de AXMI-009 con Ejemplares Clases de Endotoxinas

Endotoxina	Porcentaje de Identidad del Aminoácido con AXMI-009	Porcentaje de Identidad del Aminoácido de Toxinas truncadas con AXMI-009
<i>cry1Aa</i>	12%	20%
<i>cry1Ac</i>	13%	23%
<i>cry1Ca</i>	13%	24%
<i>cry1Ia</i>	24%	26%
<i>cry3Aa</i>	24%	25%
<i>cry3Ba</i>	26%	27%
<i>cry3Bb</i>	25%	27%
<i>cry4Aa</i>	13%	24%
<i>cry6Aa</i>	7%	5%
<i>cry7Aa</i>	15%	25%
<i>cry8Aa</i>	17%	28%
<i>cry10Aa</i>	24%	24%
<i>cry16Aa</i>	26%	26%
<i>cry19Ba</i>	24%	25%
<i>cry24Aa</i>	25%	27%
<i>cry25Aa</i>	23%	23%
<i>cry40Aa</i>	19%	24%

(Tabla pasa a página siguiente)

AXMI-014

Las investigaciones Blast identifican *cry40Aa* por tener el bloque más fuerte de homología con AXMI-014, y la alineación de la proteína AMXI-0014 (SEQ ID No:27) con un gran conjunto de proteínas endotoxina muestra que la proteína más homóloga es *cry40Aa*. La identidad de aminoácido completa de *cry40Aa* con AXMI-014 es 55% (ver Tabla 7). La inspección de la secuencia de aminoácido de AXMI-014 sugiere que esta no contiene un dominio no-tóxico C-terminal según este presente en varias familias de endotoxina. Para extraer esta proteína C-terminal de las toxinas a partir de la alineación, la alineación refleja que la identidad del aminoácido esta presente solamente en los dominios toxina (ver Tabla 7, columna tres). Esta alineación “recortada” se muestra en la Figura 7.

TABLA 7

Identidad del Aminoácido de AXMI-014 con Ejemplares Clases de Endotoxinas

Endotoxina	Porcentaje de Identidad del Aminoácido con AXMI-014	Porcentaje de Identidad del Aminoácido de Toxinas truncadas con AXMI-014
<i>cry1Aa</i>	12%	21 %
<i>cry1Ac</i>	12%	22%
<i>cry1Ia</i>	20%	21%
<i>cry2A</i>	12%	12%
<i>cry3Aa</i>	20%	20%
<i>cry3Bb</i>	22%	22%
<i>cry4Aa</i>	12%	19%
<i>cry4Ba</i>	11 %	19%
<i>cry6Aa</i>	6%	6%
<i>cry7Aa</i>	13%	21%
<i>cry8Aa</i>	14%	22%
<i>cry10Aa</i>	22%	22%
<i>cry16Aa</i>	24%	24%
<i>cry19Ba</i>	24%	24%
<i>cry24Aa</i>	29%	29%
<i>cry25Aa</i>	23%	23%
<i>cry39Aa</i>	22%	22%
<i>cry40Aa</i>	55%	55%

Ejemplo 7

Homología entre AXMI-006 y AXMI-007

La comparación de las secuencias de aminoácido de AXMI-007 con AXMI-006 muestra que las dos toxinas comparten significativa homología de aminoácido. La alineación de la secuencia el aminoácido de AXMI-006 (SEQ ID No:7) y AXMI-007 (SEQ ID No: 9) muestra que las proteínas son 85% idénticas al nivel del aminoácido. De esta manera AXMI-006 y AXMI-007 constituyen una nueva clase de endotoxinas relacionadas.

Ejemplo 8

Ensayos para la Actividad como Pesticida

La capacidad de una proteína de pesticida, para actuar como un pesticida sobre una plaga con frecuencia se ensaya en un número de formas. Una forma bien conocida en el oficio es realizar un ensayo de alimentación. En tal ensayo de alimentación, se expone la plaga a una muestra que contiene ya sea compuestos para probarse como muestras control. Con frecuencia esto se desarrolla, colocando el material que se prueba, o una dilución apropiada de tal material, sobre

un material que la plaga ingerirá, tal como una dieta artificial. El material que se prueba puede estar compuesto de un líquido, sólido, o suspensión. El material que se prueba se puede colocar sobre la superficie y a continuación se deja secar. De manera alterna, el material que se prueba se puede mezclar con una dieta artificial derretida, luego se dispensa dentro de la cámara de ensayo. La cámara de ensayo puede ser, por ejemplo, una taza, un plato, o un pozo de una placa de microtitulación.

Ensayos para plagas chupadoras (por ejemplo, pulgones) pueden involucrar la separación del material de prueba a partir del insecto por una partición, idealmente una porción que puede ser perforada por la parte bucal de succión del insecto chupador, para permitir la ingestión del material de prueba. Con frecuencia, el material de prueba se mezcla con un estimulante de alimentación, tal como sacarosa, para promover la ingestión del compuesto de prueba.

Otros tipos de pruebas pueden incluir microinyección del material de prueba en la boca, o intestino de la plaga, así como el desarrollo de plantas transgénicas, seguido por pruebas de la capacidad de la plaga para alimentarse de la planta transgénica. La prueba de la planta, puede involucrar el aislamiento de las partes de la planta normalmente consumidas, por ejemplo, jaulas pequeñas unidas a una hoja, o aislamiento de las plantas totales en jaulas que contiene insectos.

Otros métodos y enfoques para probar las plagas son conocidas en el oficio, y se pueden encontrar, por ejemplo en Robertson, J. L. & H. K. Preisler. 1992. Pesticide bioassays with arthropods. CRC, Boca Raton, FL. De manera alterna, comúnmente se describen pruebas en las publicaciones "Arthropod Management Tests" y "Journal of Economic Entomology" o por medio de la discusión con miembros de Entomological Society of America (ESA).

Ejemplo 9

Clonación de AXMI-006 para la Expresión de la Proteína

AXMI-006 se clonó en un vector para la expresión de *E. coli* de la siguiente manera. pAX480 contiene el gen de resistencia de la kanamicina para la selección de transformantes, y el promotor tac el cual es inducible por IPTG para la expresión de la proteína regulada. pAX480 se modificó por la inserción de un segmento de ADN que codifica una región 6xHis-tag inmediatamente secuencia arriba del inserto de la región de clonación, de tal manera que los clones resultantes contienen una 6xHis-tag en el N-terminal de la proteína expresada. Los métodos para la expresión de proteínas con fusiones 6xHis-tag, y su uso para la purificación y análisis de la expresión de la proteína son bien conocidos en el oficio.

La secuencia codificante para AXMI-006 fue PCR-amplificada utilizando PfuUltra™ Polimerasa de ADN de Alta-Fidelidad (Stratagene). Los cebadores de oligonucleótidos se diseñaron de tal manera que el producto de PCR resultante contenía los deseados sitios de restricción cerca a cada terminal, para facilitar la clonación. El producto de PCR resultante (aproximadamente 2.2 kb) se digirió con la apropiada enzima de restricción, y se subclonó en el pAX480 modificado. Los clones que contienen el inserto, se identificaron por análisis de restricción. El clon resultante, pAX906, contenía el marco de lectura abierto AXMI-006 fundido al sexto de su etiqueta, de tal manera la transcripción y traducción resulta en la producción de una "proteína fusión" con un segmento de seis histidinas. La secuencia del ADN de pAX906 se confirmó por análisis de secuencia del ADN y posteriormente transformada en el componente químicamente *E. Coli* BL21, según lo descrito por el fabricante (Stratagene, La Jolla, CA).

Una colonia única de pAX906 en BL21 se inoculó dentro del medio LB suplementado con kanamicina y se cultivó por varias horas a 37°C con agitación vigorosa. Estos cultivos se cosecharon en un OD600 que oscila entre 0.6-0.8; luego la producción de la proteína se indujo por la adición de IPTG 0.1 mM. Los cultivos se cosecharon bajo condiciones de inducción por 3 horas, y luego las células se peletizaron por centrifugación y se resuspendieron en PBS. Las células se sometieron a ultrasonido utilizando un Misonix Sonicator 3000 por un total de 30 segundos utilizando intervalos de sonicación de 10-segundos e incubación sobre hielo por un minuto.

Ejemplo 10

Bioensayo de Actividad de AXMI-006 sobre *Heliothis virescens* y *Spodoptera frugiperda*

Los bioensayos de los cultivos pAX906 sonicados se realizaron utilizando dieta artificial (Multiple Species Diet, Southland Products, Lake Village, Arkansas). Los bioensayos se llevaron a cabo mediante la aplicación de células pAX906 sonicadas, o células de la cepa *E. coli* como un control, a la superficie de la dieta y permitiendo la superficie de la dieta para secar. Los bioensayos se realizaron en placas de cultivo de tejido de 24-pozos. Los bioensayos se mantuvieron en la oscuridad a 25°C y 65% de humedad relativa. Las bandejas se sellaron con Breathe Easy Sealing Tape (Diversified Biotech, Boston, MA). Los resultados se registraron a los 5 días.

ES 2 316 963 T3

TABLA 8

Bioensayo de AXMI-006 sobre Spodoptera frugiperda

Muestra	Resultado de Bioensayo
AXMI-006	Crecimiento reducido
Control negativo	Sin Crecimiento reducido

TABLA 9

Bioensayo de AXMI-006 sobre Heliothis virescens

Muestra	Resultado de Bioensayo
AXMI-006	Crecimiento reducido
Control negativo	Sin Crecimiento reducido

El crecimiento reducido se define como tamaño de insecto reducido, y respectivamente alimentación larval reducida. El crecimiento reducido de los insectos también poder demostrar la evasión de la dieta tratada comparada con la dieta sin tratar.

Ejemplo 11

Actividad como Pesticida de AXMI-008, AXMI-009, y AXMI-014 sobre Trichoplusia ni (Lagarta del Girasol)

Las cepas de *Escherichia coli* que contienen tanto pAX008, pAX009 o pAX-014, así como un cultivo de *Escherichia coli* sin transformar se cosecharon en 2 ml de Caldo LB (Luria-Bertani Broth, Becton Dickinson & Company, Sparks, Md.) por 24 horas a 37°C con agitación a 250 rpm. Las cepas que contienen plásmidos se cosecharon en el cultivo en LB que contiene el antibiótico apropiado para seleccionar el mantenimiento del plásmido en *E. coli*.

Los bioensayos se realizaron utilizando dieta artificial (Multiple Species Diet, Southland Products, Lake Village, Arkansas) en placas de cultivo de tejido de 24 pozos. Los bioensayos se llevaron a cabo, mediante la aplicación del cultivo de *Escherichia coli* que contiene pAX-014 en la superficie de la dieta y permitiendo que la superficie de la dieta se seque. Las cepas se aplicaron como cultivos completos a la dieta en una concentración de 40 µl de cultivo por pozo. Los bioensayos se mantuvieron en la oscuridad a 25°C y 65% de humedad relativa. Las bandejas se sellaron con Breathe Easy Sealing Tape (Diversified Biotech, Boston, MA). Los resultados se registraron a los 5 días.

TABLA 10

Actividad como Pesticida sobre T. ni

Muestra	# Muerte/ Total	% Mortalidad
AXMI-014	13/13	100%
AXMI-008	6/6	100%
AXMI-009	17/17	100%
Control Negativo	0/13	0%

Ejemplo 12

Expresión de Genes Delta-Endotoxina en Bacillus

AXMI-004, AXMI-006, AXMI-007, AXMI-008, y AXMI-009 se amplificaron por PCR a partir de los clones del Ejemplo 4, y se clonaron en el Vector de expresión del *Bacillus* pAX916, por métodos bien conocidos en el oficio. Para AXMI-004 el clon resultante se designó pAX920. Para AXMI-006 el clon resultante se designó pAX921. Para AXMI-007 el clon resultante se designó pAX919. Para AXMI-008 el clon resultante se designó pAX922. Para AXMI-009

ES 2 316 963 T3

el clon resultante se designó pAX917. Los clones resultantes expresaron la proteína relevante cuando se transforman en células de una cepa cry(-) *Bacillus thuringiensis*. Las cepas *Bacillus* que contienen genes delta-endotoxina y que expresan las proteínas delta-endotoxina se puedan cultivar sobre una variedad de medios de cultivo convencionales. Una cepa *Bacillus* que contiene el gen deseado se cultivó en medio CYS (10 g/l de Bacto-casitona; 3 g/l de extracto de levadura; 6 g/l de KH_2PO_4 ; 14 g/l de K_2HPO_4 ; 0.5 mM de MgSO_4 ; 0.05 mM de MnCl_2 ; 0.05 mM de FeSO_4), hasta que la esporulación fue evidente por análisis microscópico. Las muestras se prepararon, y las proteínas delta-endotoxina se examinaron para actividad insecticida en bioensayos contra importantes plagas de insectos.

Métodos

Para preparar el medio CYS: 10 g/l de Bacto-casitona; 3 g/l de extracto de levadura; 6 g/l de KH_2PO_4 ; 14 g/l de K_2HPO_4 ; 0.5 mM de MgSO_4 ; 0.05 mM de MnCl_2 ; 0.05 mM de FeSO_4 . La mezcla CYS tendría pH 7, si es necesario se ajusta. El NaOH o HCl se prefieren. El medio luego se somete a autoclave y se adicionan 100 ml de 10X glucosa filtrada después del autoclave. Si la solución resultante es turbia, se puede agitar a temperatura ambiente para aclarar.

Ejemplo 13

Secuencia de Aminoácido N-terminal de AXMI-004 Expresado en Bacillus

El análisis de AXMI-004 expresado en *Bacillus* sugirió que el producto de la proteína detectada en estos cultivos, se puede reducir en tamaño relativo a la proteína AXMI-004 de cuerpo entero. Dado que muchas proteínas endotoxina se dividen en el N-terminal después de la expresión en *Bacillus*, se determinó que el N-terminal de la proteína AXMI-004 resultante de la expresión del *Bacillus*. Las muestras de proteínas a partir de AXMI-004 se separaron sobre geles PAGE, y la proteína transferida a la membrana PVDF por métodos conocidos en el oficio. La banda de la proteína correspondiente con AXMI-004 se retiró por incisión. La secuencia de aminoácido N-terminal de esta proteína se determinó, mediante la degradación de Edman serial, según se conoce en el oficio. La secuencia obtenida fue de la siguiente manera:

ERFDKNDAL

La comparación de esta secuencia de aminoácido con la secuencia de AXMI-004 de cuerpo entero (SEQ ID No:3) demuestra que esta secuencia amino resulta de la división interna de la AXMI-004 después de la expresión en *Bacillus*, resultando en una proteína con un N-terminal correspondiente con el aminoácido 28 de la SEQ ID No:3 (revelada como SEQ ID No:5).

Ejemplo 14

Bioensayo de AXMI-004 sobre Plagas de Insectos

La actividad insecticida de AXMI-004 se estableció utilizando procedimientos de bioensayos aceptados, utilizando un cultivo celular de *Bacillus* esporulado lisado que expresa AXMI-004. El cultivo de *Bacillus* se cultivó en 50 ml de medio CYS para tanto el bioensayo estándar como bioensayos LC_{50} . Los cultivos luego se cultivaron por 2 a 3 días a 30°C, 250 rpm hasta que las células se esporularon. La esporulación se determinó examinando microscópicamente para la presencia de esporas. Las muestras de proteína AXMI-004 se prepararon por centrifugación de los cultivos esporulados a 12,000 x g por 10 min. El pella se recolectó y se resuspendió en 4 ml de Tris-HCl 20 mM, pH 8.0. La suspensión se sometió a ultrasonido por 20 segundos (en el poder superior utilizando una micro sonda) mientras se coloca el tubo sobre hielo. La concentración de la proteína de la muestra se determinó por electroforesis sobre un gradiente SDS 4-20% en gel acrilamida, junto con una cantidad conocida de albúmina de suero de bovino (BSA) (Figura 8). La concentración de AXMI-004 se determinó que era 0.4 $\mu\text{g}/\text{ul}$.

La actividad insecticida de AXMI-004 se probó utilizando un bioensayo de tratamiento de la superficie con dieta artificial (Multiple Species diet, Southland Products, Lake Village, Arkansas) preparado según se conoce en el oficio. Los bioensayos se llevaron a cabo, mediante la aplicación del cultivo de *Bacillus* que expresa AXMI-004 con la superficie de la dieta y permitiendo que la superficie se seque al ambiente. Los bioensayos estándar utilizaron cinco huevos por pozo y los bioensayos LC_{50} utilizaron diez larvas de insectos neonatos por pozo. Los huevos o larvas se aplicaron utilizando un pincel de punta fina. Los bioensayos de superficie estándar se llevaron a cabo en placas de cultivo de tejido de 24 pozos. 40 μl de cada muestra se aplicó a cada pozo. Dado que cada pozo tiene un área superficial de 2 cm^2 (placa fuente), una muestra de 40 μl de célula lisada contenía aproximadamente 0.4 $\mu\text{g}/\text{ul}$ de AXMI-004. Los bioensayos donde la LC_{50} se determinó se hicieron en placas de cultivo de tejido de 48 pozos, cada pozo representa un área superficial de 1 cm^2 (fuente) utilizando aproximadamente 20 μl de 0.4 $\mu\text{g}/\text{ul}$ de AXMI-004 por pozo. La cantidad final de la proteína AXMI-004 en cada bioensayo fue aproximadamente 8 $\mu\text{g}/\text{cm}^2$. Las bandejas del bioensayo se sellaron con Breathe Easy Sealing Tape (Diversified Biotech, Boston MA). Las muestras control incluyeron muestras de medio solo, y los pozos que no se trataron con muestras. Los bioensayos luego se mantuvieron por cinco días en la oscuridad a 25°C y 65% de humedad relativa y los resultados se registraron.

ES 2 316 963 T3

TABLA 11

Actividad Insecticida de AXMI-004

Insecto(Nombre en Latín)	Nombre Común	Actividad de AXMI-004
<i>Ostrinia nubilalis</i>	Gusano Barrenador Europeo	100% de mortalidad
<i>Agrotis ipsilon</i>	Gusano Negro	Crecimiento reducido
<i>Heliothis zea</i>	Gusano del elote del Maíz	Crecimiento reducido
<i>Spodoptera frugiperda</i>	Gusano Cogollero	Crecimiento reducido
<i>Heliothis virescens</i>	Gusano cogollero del tabaco	100% de mortalidad
<i>Pectinophora gossypiella</i>	gusano rosado del algodón	75% mortalidad
<i>Manduca sexta</i>	Gusano de Cuerno	100% de mortalidad
<i>Trichoplusia ni</i>	Lagarta del Girasol	100% de mortalidad

AXMI-004 mostró fuerte actividad insecticida (100% de mortalidad) contra *Ostrinia nubilalis* y *Heliothis virescens*. AXMI-004 también mostró una actividad insecticida de 50-75% de mortalidad contra *Pectinophora gossypiella*. Una concentración de 43 $\mu\text{g}/\text{cm}^2$ de AXMI-004 dio un 70% de mortalidad contra *Pectinophora gossypiella*. AXMI-004 crecimiento reducido severamente del cultivo de *Agrotis ipsilon*, *Heliothis zea*, y *Spodoptera frugiperda*.

Ejemplo 15

Cuantificación de la Actividad Insecticida de AXMI-004 contra *Heliothis virescens* y *Ostrinia nubilalis*

La LC_{50} de la proteína AXMI-004 sobre larvas *Ostrinia nubilalis* y *Heliothis virescens* se determinó por pruebas de un rango de concentraciones de la proteína AXMI-004 en bioensayos de insectos, y la aplicación de estas muestras de proteínas en la superficie de la dieta del insecto. La mortalidad se registro en cada concentración de la proteína y se analizó utilizando un programa de análisis Probit. Los resultados fueron significantes en el 95% de intervalo de seguridad. Dado que las pruebas se realizaron por contaminación de la superficie, Las LC_{50} s se determinaron asumiendo entonces que la muestra de proteína total permanece en la superficie durante el ensayo, con poca difusión debajo del nivel ingerido por los insectos. De esta manera, los valores determinados pueden subestimar un poco la toxicidad de la proteína AXMI-004 en los insectos de la prueba.

TABLA 12

LC_{50} de AXMI-004 sobre *Ostrinia nubilalis*

AXMI-004 ($\mu\text{g}/\text{ml}$)	# muerte/total	% de Mortalidad
1000	40/46	86.9
500	28/45	62.2
250	16/43	32.7
125	12/38	31.6
$\text{LC}_{50} = 297 \text{ ng}/\text{cm}^2$; 95% de CI = 218-384.		

ES 2 316 963 T3

TABLA 13

LC₅₀ de AXMI-004 sobre Heliothis virescens

AXMI-004 (µg/ml)	# muerte/total	% de Mortalidad
8000	35/47	74.5
4000	26/44	59.1
2000	18/42	42.9
1000	6/27	22.2
500	4/36	11.1
250	2/37	5.4
LC ₅₀ = 2874 ng/cm ² ; 95% de CI = 2189-3933		

20 Ejemplo 16

Cuantificación de la Actividad Insecticida de AXMI-004, AXMI-006, AXMI-007, y AXMI-009 contra Lygus lineolaris

Los lisados bacterianos se prepararon por cultivo del *Bacillus* en 50 ml de medio CYS por 60 horas. El cultivo de *Bacillus* luego se centrifugó a 12,000 rpm por diez minutos y el sobrenadante se descartó. El pella se resuspendió en 5 ml de Tris HCl 20 mM a pH 8.

Los bioensayos se realizaron por corte de ambos la punta y la tapa de un tubo Eppendorf para formar una cámara de alimentación. La proteína insecticida o control se presentó en el insecto en una solución que se vertió en la tapa y se cubre con parafilm (Pechiney Plastic Packaging, Chicago IL) que el insecto podría perforar para alimentarse. El tubo Eppendorf se coloca de nuevo en la tapa arriba y abajo y 1° o 2° instar *Lygus nymphs* se colocaron en la cámara del Eppendorf con un pincel de punta fina. El corte de la punta del tubo del Eppendorf se selló con parafilm creando una cámara de ensayo. La cámara de ensayo resultante se incubó a temperatura ambiente la tapa hacia abajo. Las proteínas insecticidas se probaron en una solución de 15% de glucosa en una concentración de 6.6 ug/ml.

TABLA 14

Actividad Insecticida sobre Lygus lineolaris

Proteína	No. Muerte/Total	% de Mortalidad
AXMI-004	2/4	50%
AXMI-006	1/6	16.7%
AXMI-007	3/6	50%
AXMI-009	2/4	50%
Control	0/9	0%

Ejemplo 17

Bioensayo de AXMI-008 sobre Tenebrio molitor

Las muestras de cultivos de *Bacillus* que expresan AXMI-008 se prepararon y se probaron para la actividad de pesticida sobre *Tenebrio molitor*. Cuando pAX 922 se prepara como una fracción insoluble a pH 4.0 mostró actividad contra el comúnmente llamado gusano de la harina.

Las muestras de AXMI-008 se prepararon a partir de un cultivo de una cepa de *Bacillus* que contiene pAX 922. La muestra del bioensayo se preparó por la siembra de un cultivo en medio CYS por 4 días, hasta la esporulación. La muestra se centrifugó a 10,000 rpm por 10 minutos y el sobrenadante se descartó. El pella se lavó en Tris 20 mM pH 8 y se centrifugó a 10,000 rpm por 10 minutos. El sobrenadante se descartó y el pella se resuspendió en 3 mls de Citrato de Sodio 50 mM y Cloruro de Sodio 25 mM con DTT 2 mM a pH 4. La muestra se incubó a 37°C por 1 hora. Después de incubar la muestra se centrifugó a 13,000 rpm por 10 minutos y el sobrenadante se descartó. El pella se resuspendió en Citrato de Sodio 50 mM y Cloruro de Sodio 25 mM a pH 4.

ES 2 316 963 T3

Los bioensayos de muestras sobre *Tenebrio molitor* se realizaron sobre una dieta artificial (Southern Corn Rootworm Diet, Bioserv, Frenchtown, NJ, #F9757B) en placas de cultivo de tejido de 24 pozos. La muestra se aplicó como un tratamiento de superficie con una concentración de Axmi008 a 8 ug/cm² y se deja secar al ambiente. Los insectos se aplicaron utilizando un pincel de punta fina. Las bandejas del bioensayo se sellaron con Breathe Easy Sealing Tape (Diversified Biotech, Boston, MA) y se incubaron sin luz a 65% de humedad relativa, 25°C. por siete días y los resultados se registraron.

TABLA 15

Muestra	# Muerte/ Total	% de Mortalidad
AXMI-008	3 de 4	75%*
* <i>Tenebrio molitor</i> remanente tuvo crecimiento reducido. El crecimiento reducido se observa como tamaño larval y crecimiento reducido, y alimentación mínima o severamente reducida. El insecto también puede demostrar la evasión de la dieta tratada comparada con la dieta sin tratar.		

Ejemplo 18

Bioensayo de AXMI-009 Proteína en Plagas de Coleópteros

Los bioensayos de las preparaciones de la proteína AXMI-009 se realizaron, pipeteando 40 µl de la fracción insoluble sobre una superficie de 2 cm² de la dieta para una concentración de la proteína total final de 8 µg/cm². *Diabrotica virgifera virgifera* y *Diabrotica undecimpunctata* se probaron utilizando Southern Corn Rootworm Diet (Bioserv, Frenchtown, NJ, #F9757B). Los bioensayos se llevaron a cabo, mediante la aplicación del cultivo *Bacillus* que expresa AXMI-009 en la superficie de la dieta y permitiendo que la superficie de la dieta se seque. Los bioensayos se realizaron en placas de cultivo de tejido de 24 pozos. Los bioensayos estándar utilizaron 25 huevos por pozo. Los huevos se aplicaron en una solución que contiene 0.1% de agar y 30 ug/ml nistatina. Las bandejas se sellaron con Breathe Easy Sealing Tape (Diversified Biotech, Boston, MA) y las tapas se colocaron otra vez sobre las bandejas. Los bioensayos se incubaron sin luz a 65% de Humedad Relativa (RH), 25°C por siete días. La actividad se vio con la fracción insoluble para ambos *Diabrotica virgifera virgifera* y *Diabrotica undecimpunctata*. Los controles fueron únicamente medio, solución reguladora de Tris 1 mM a pH 10.5, y el vector de expresión del *Bacillus* pAX916.

TABLA 16

Gusano de la Raíz del Maíz (*Diabrotica virgifera virgifera*)

Muestra	# Muerte/ Total	% de Mortalidad
fracción insoluble de AXMI-009	38/38	100%
Solo medio (CYS)	1/25	4%
Solución reguladora	2/24	8.3%
Vector (pAX916)	1/12	8.3%

TABLA 17

Gusano de la Raíz del Maíz del sur (*Diabrotica undecimpunctata*)

	# Muerte/ Total	% de Mortalidad
Fracción insoluble de AXMI-009	20/20	100%
Solo medio (CYS)	0/20	0%
Solución reguladora	0/23	0%
Vector (pAX916)	0/19	0%

Ejemplo 19

Vectorización de la Expresión de la Planta

5 El ADN de la región codificante delta-endotoxina se conecta operablemente con apropiadas secuencias promotor y de terminación para la expresión en plantas. Tales secuencias son bien conocidas en el oficio y pueden incluir el promotor actina del arroz o promotor de la ubiquitina del maíz para la expresión en monocotiledóneas, el promotor UBQ3 o promotor 35S CaMV de *Arabidopsis* para la expresión en dicotiledóneas, y las terminadoras nos o PinII. También las técnicas para producir y confirmar las construcciones promotor - gen -terminador son bien conocidas en el oficio.

10 Los cassettes de expresión de plantas descritos anteriormente se combinan con un marcador genético de la planta apropiado, para ayudar en la selección de células y tejidos transformados, y se ligan en vectores de transformación de plantas. Estos pueden incluir vectores binarios a partir de la transformación mediada del *Agrobacterium* o vectores plásmido simples para transformación aerosol o biolística.

Ejemplo 20

20 *Transformación de las Células del Maíz*

Las espigas del maíz se recolectaron 8-12 días después de la polinización. Los embriones se aislaron a partir de las espigas, y aquellos embriones 0.8-1.5 mm en tamaño se utilizaron para la transformación. Los embriones se colocaron en placas escutelo cara-arriba en un medio de incubación apropiado, tales como medio DN62A5S (3.98 g/L de Sales N6; 1 mL/L (de 1000x Stock) de Vitaminas N6; 800 mg/L de L-Asparagina; 100 mg/L de Mio-inositol; 1.4 g/L de L-Prolina; 100 mg/L Casaminoácidos; 50 g/L de sacarosa; 1 mL/L (de 1 mg/mL de Stock) 2,4-D), y se incubaron durante la noche a 25°C en la oscuridad.

30 Los explantes resultantes se transfieren a cuadrados de malla (30-40 por placa), se transfieren sobre medio osmótico por 30-45 minutos, luego se transfiere a una placa de irradiación (ver, por ejemplo, PCT Publication No. WO/0138514 y Patente U.S. No. 5,240,842).

Las construcciones de ADN diseñadas para expresar la delta-endotoxina en células vegetales se aceleran en tejidos de plantas empleando un acelerador de haz de aerosol, utilizando condiciones esencialmente como se describe en PCT Publication No. WO/0138514. Después de la radiación, los embriones se incubaron por 30 min sobre el medio osmótico, luego se colocaron en el medio de incubación durante la noche a 25°C en la oscuridad. Para evitar dañar excesivamente los explantes irradiados, se incubaron por al menos 24 horas antes de la transferencia a medios de recuperación. Los embriones luego se diseminaron sobre el medio de período de recuperación, por 5 días, 25°C en la oscuridad, luego se transfieren a un medio de selección. Los explantes se incubaron en medio de selección por hasta ocho semanas, dependiendo de la naturaleza y las características de la selección particular utilizada. Después del periodo de selección, el callo resultante se transfiere al medio de maduración del embrión, hasta que se observa, la formación de embriones somáticos maduros. Los embriones somáticos resultantes maduros, luego se colocan bajo una luz baja, y el proceso de regeneración se inicia por métodos conocidos en el oficio. Los brotes resultantes se dejan enraizar sobre medio de enraizamiento, y las plantas resultantes se transfieren a macetas de criadero y se propagan como plantas transgénicas.

*Materiales***Medio DN62A5S**

50

Componentes	por Litro	Fuente
Chu'S N6 Basal Salt Mixture (Prod. No. C 416)	3.98 g/L	Phytotechnology Labs
Chu's N6 Vitamin Solution (Prod. No. C 149)	1 mL/L (de 1000x Stock)	Phytotechnology Labs
L-Asparagina	800 mg/L	Phytotechnology Labs
Mio-inositol	100 mg/L	Sigma
L-Prolina	1.4 g/L	Phytotechnology Labs
Casaminoácidos	100 mg/L	Fisher Scientific
Sacarosa	50 g/L	Phytotechnology Labs
2,4-D (Prod. No. D-7299)	1 mL/L (de 1 mg/mL Stock)	Sigma

65

ES 2 316 963 T3

Ajustar el pH de la solución a pH 5.8 con KOH 1N/KCl 1N, adicionar Gelrite (Sigma) a 3 g/L, y autoclavar. Después se enfría a 50°C, adicionar 2 ml/L de una solución stock 5 mg/ml de Nitrato de Plata (Phytotechnology Labs). La fórmula produce aproximadamente 20 placas.

Ejemplo 21

Transformación en Células de la planta por Transformación Mediada del Agrobacterium

Las espigas se recolectaron 8-12 días después de la polinización. Los embriones se aislaron a partir de las espigas, y aquellos embriones con un tamaño 0.8-1.5 mm se utilizaron para la transformación. Los embriones se colocaron en placas escutelo cara-arriba en un medio de incubación apropiado, y se incubaron durante la noche a 25°C en la oscuridad. Sin embargo, no es necesario *per se* incubar los embriones durante la noche. Los embriones se ponen en contacto con una cepa de *Agrobacterium* que contiene los vectores apropiados para la transferencia mediada Ti plásmido por 5-10 min, y luego se plantan sobre medio de co-cultivación por 3 días (25°C en la oscuridad). Después de la co-cultivación, los explantes se transfieren al medio del periodo de recuperación por cinco días (a 25°C en la oscuridad). Los explantes se incubaron en medio de selección por hasta ocho semanas, dependiendo de la naturaleza y características de la selección particular utilizada. Después del periodo de selección, el callo resultante se transfiere al medio de maduración del embrión, hasta que se observa la formación de embriones somáticos maduros. Los embriones somáticos resultantes maduros luego se colocan bajo una luz baja, y el proceso de regeneración se inicia según se conoce en el oficio. Los brotes resultantes se dejan enraizar sobre el medio de enraizamiento, y las plantas resultantes se transfieren a macetas de criadero y se propagan como plantas transgénicas.

Conclusiones

Las proteínas delta-endotoxina de la presente invención tienen actividad contra numerosas plagas, como se muestra en los ejemplos anteriores. AXMI-004 tiene actividad de pesticida contra las plagas que incluyen *Ostrinia nubilalis*, *Agrotis ipsilon*, *Heliothis zea*, *Spodoptera frugiperda*, *Heliothis virescens*, *Pectinophora gossypiella*, *Manduca sexta*, *Trichoplusia ni*, y *Lygus lineolaris*.

Aunque la invención precedente ha sido descrita con detalle a modo de ilustración y ejemplo para propósitos de claridad de entendimiento, será evidente que ciertos cambios y modificaciones se pueden practicar dentro del alcance de las reivindicaciones anexas.

Referencias citadas en la descripción

Esta lista de referencias citadas por el aspirante es solamente para conveniencia del lector. No forma parte del documento de la patente Europea. Aún cuando se ha tenido gran cuidado en recopilar las referencias, los errores u omisiones no se pueden excluir y la EPO desconoce toda responsabilidad a este respecto.

Documentos de patentes citadas en la descripción

- US 6177615 B [0003]
- US 5743477 A [0027] [0032] [0047] [0048]
- US 5605793 A [0051]
- US 5837458 A [0051]
- US 5563055 A [0057]
- US 5981840 A [0057]
- US 4945050 A [0057] [0057]
- US 5879918 A [0057]
- US 5886244 A [0057]
- US 5932782 A [0057]
- US 20010026941 A [0057]
- WO 9100915 A [0057]
- US 2002015066 A [0057]

ES 2 316 963 T3

- WO 0028058 A [0057]
- US 5240855 A [0057]
- 5 • US 5322783 A [0057]
- US 5324646 A [0057]
- 10 • US 5736369 A [0057]
- US 6320100 B [0064]
- US 6075185 B [0064]
- 15 • US 5380831 B [0064]
- US 5436391 B [0064]
- US 20040005600 A [0064]
- 20 • US 20010003849 A [0064]
- US 5380831 A [0067]
- 25 • US 5039523 A [0072]
- EP 0480762 A2 [0072]
- EP 0192319 A [0074]
- 30 • US 6468523 B [0079]
- WO 0138514 A [0129] [0130]
- 35 • US 5240842 A [0129]

Literatura no-patente citada en la descripción

- 40 • The Bacillus Thuringiensis family tree. **FEITELSON**. Advanced Engineered Pesticides. *Marcel Dekker, Inc.*, 1993 [0003]
- **CRICKMORE** *et al. Microbiol. Mol. Biol. Rev.*, 1998, vol. 62, 807-813 [0004] [0014]
- 45 • **KALMAN** *et al. Appl Environ Microbial.*, 1993, vol. 59 (4), 1131-7 [0004]
- **HÖFTE; WHITELEY**. *Microbiol. Rev.*, 1989, vol. 53, 242-255 [0005]
- **DE MAAGD** *et al. Trends Genetics*, 2001, vol. 17, 193-199 [0006]
- 50 • **PARK** *et al. FEMS Microbiol. Lett.*, 1999, vol. 181, 319-327 [0016]
- **GE** *et al. FEMS Microbiol. Lett.*, 1998, vol. 165, 35-41 [0016]
- 55 • **ROSSO; DELECLUSE**. *Appl. Environ. Microbiol.*, 1997, vol. 63, 4449-4455 [0016]
- **HELLENS; MULLINEAUX**. *Trends in Plant Science*, 2000, vol. 5, 446-451 [0019] [0054]
- **CZAPLA; LANG**. *J. Econ. Entomol.*, 1990, vol. 83 (6), 2480-2485 [0027] [0032] [0047] [0048]
- 60 • **ANDREWS** *et al. Biochem. J.*, 1988, vol. 252, 199-206 [0027] [0048]
- **MARRONE** *et al. J. of Economic Entomology*, 1985, vol. 78, 290-293 [0027] [0032] [0047] [0048] [0049] [0071]
- 65 • **KARLIN; ALTSCHUL**. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 1990, vol. 87, 2264 [0031]
- **KARLIN; ALTSCHUL**. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 1993, vol. 90, 5873-5877 [0031]

ES 2 316 963 T3

- **ALTSCHUL** *et al.* *J. Mol. Biol.*, 1990, vol. 215, 403 [0031]
- **ALTSCHUL** *et al.* *Nucleic Acids Res.*, 1997, vol. 25, 3389 [0031]
- 5 • **HIGGINS** *et al.* *Nucleic Acids Res.*, 1994, vol. 22, 4673-4680 [0031]
- **MYERS; MILLER.** *CABIOS*, 1988, vol. 4, 11-17 [0031]
- **ANDREWS** *et al.* *Biochem. J.*, 1988, vol. 252, 199-206 [0032] [0047]
- 10 • **RAJAMOHAN** *et al.* *Prog. Nucleic Acid Res. Mol. Biol.*, 1998, vol. 60, 1-23 [0036]
- **SCHNEPF** *et al.* *Microbio. Mol. Biol. Rev.*, 1998, vol. 62, 775-806 [0036]
- 15 • Role, Structure, and Molecular Organization of the Genes Coding for the Parasporal d-endotoxins of *Bacillus thuringiensis*. **LERECLUS** *et al.* Regulation of Procaryotic Development. *American Society for Microbiology*, 1989 [0036]
- **LI** *et al.* *Nature*, 1991, vol. 353, 815-821 [0036]
- 20 • **BRAVO.** *J. Bacteriol.*, 1997, vol. 179, 2793-2801 [0036]
- **SAMBROOK J.; RUSSELL, D.W.** Molecular Cloning: A Laboratory Manual. *Cold Spring Harbor Laboratory Press*, 2001 [0039]
- 25 • **INNIS** *et al.* PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications. *Academic Press*, 1990 [0039]
- EP 1 594 966 B1 197
- 30 • **SAMBROOK** *et al.* Molecular Cloning: A Laboratory Manual. *Cold Spring Harbor Laboratory Press*, 1989 [0042] [0045]
- **MEINKOTH; WAHL.** *Anal. Biochem.*, 1984, vol. 138, 267-284 [0045]
- 35 • **TIJSEN.** Laboratory Techniques in Biochemistry and Molecular Biology-Hybridization with Nucleic Acid Probes. *Elsevier*, 1993 [0045]
- *Current Protocols in Molecular Biology.* Greene Publishing and Wiley-Interscience, 1995 [0045]
- 40 • **SCHNEPF** *et al.* *Microbiol. Mol. Biol. Rev.*, 1998, vol. 62, 775-806 [0049]
- **STEMMER.** *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 1994, vol. 91, 10747-10751 [0051]
- **STEMMER.** *Nature*, 1994, vol. 370, 389-391 [0051]
- 45 • **CRAMERI** *et al.* *Nature Biotech.*, 1997, vol. 15, 436-438 [0051]
- **MOORE** *et al.* *J. Mol. Biol.*, 1997, vol. 272, 336-347 [0051]
- 50 • **ZHANG** *et al.* *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 1997, vol. 94, 4504-4509 [0051]
- **CRAMERI** *et al.* *Nature*, 1998, vol. 391, 288-291 [0051]
- **NAIMOV** *et al.* *Appl. Environ. Microbiol.*, 2001, vol. 67, 5328-5330 [0052]
- 55 • **DE MAAGD** *et al.* *Appl. Environ. Microbiol.*, 1996, vol. 62, 1537-1543 [0052]
- **GE** *et al.* *J. Biol. Chem.*, 1991, vol. 266, 17954-17958 [0052]
- 60 • **SCHNEPF** *et al.* *J. Biol. Chem.*, 1990, vol. 265, 20923-20930 [0052]
- **RANG** *et al.* *Appl. Environ. Microbiol.*, vol. 65, 2918-2925 [0052]
- **HIEI** *et al.* *The Plant Journal*, 1994, vol. 6, 271-282 [0055] [0056]
- 65 • **ISHIDA** *et al.* *Nature Biotechnology*, 1996, vol. 14, 745-750 [0055] [0056]
- **PARK.** *Critical Reviews in Plant Science*, 1994, vol. 13, 219-239 [0055]

- **BOMMINENI; JAUHAR.** *Maydica*, 1997, vol. 42, 107-120 [0055] [0056]
- **AYRES; PARK.** *Critical Reviews in Plant Science*, 1994, vol. 13, 219-239 [0056]
- 5 • **CROSSWAY et al.** *Biotechniques*, 1986, vol. 4, 320-334 [0057]
- **RIGGS et al.** *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 1986, vol. 83, 5602-5606 [0057]
- 10 • **PASZKOWSKI et al.** *EMBO J*, 1984, vol. 3, 2717-2722 [0057]
- Direct DNA Transfer into Intact Plant Cells via Microprojectile Bombardment. **TOMES et al.** *Plant Cell, Tissue, and Organ Culture: Fundamental Methods*. *Springer-Verlag*, 1995 [0057] [0057]
- 15 • **MCCABE et al.** *Biotechnology*, 1988, vol. 6, 923-926 [0057]
- **WEISSINGER et al.** *Ann. Rev. Genet.*, 1988, vol. 22, 421-477 [0057]
- **SANFORD et al.** *Particulate Science and Technology*, 1987, vol. 5, 27-37 [0057]
- 20 • **CHRISTOU et al.** *Plant Physiol.*, 1988, vol. 87, 671-674 [0057]
- **MCCABE et al.** *Bio/Technology*, 1988, vol. 6, 923-926 [0057]
- **FINER; MCMULLEN.** *In Vitro Cell Dev. Biol.*, 1991, vol. 27P, 175-182 [0057]
- 25 • **SINGH et al.** *Theor. Appl. Genet.*, 1998, vol. 96, 319-324 [0057]
- **DATTA et al.** *Biotechnology*, 1990, vol. 8, 736-740 [0057]
- 30 • **KLEIN et al.** *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 1988, vol. 85, 4305-4309 [0057]
- **KLEIN et al.** *Plant Physiol.*, 1988, vol. 91, 440-444 [0057]
- **HOOYKAAS-VAN SLOGTEREN et al.** *Nature (London)*, 1984, vol. 311, 763-764 [0057]
- 35 • **BYTEBIER et al.** *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 1987, vol. 84, 5345-5349 [0057]
- **DE WET et al.** *The Experimental Manipulation of Ovule Tissues*. *Longman*, 1985, 197-209 [0057]
- 40 • **KAEPLER et al.** *Plant Cell Reports*, 1990, vol. 9, 415-418 [0057]
- **KAEPLER et al.** *Theor. Appl. Genet.*, 1992, vol. 84, 560-566 [0057]
- **D'HALLUIN et al.** *Plant Cell*, 1992, vol. 4, 1495-1505 [0057]
- 45 • **LI et al.** *Plant Cell Reports*, 1993, vol. 12, 250-255 [0057]
- **CHRISTOU; FORD.** *Annals of Botany*, 1995, vol. 75, 407-413 [0057]
- 50 • **OSJODA et al.** *Nature Biotechnology*, 1996, vol. 14, 745-750 [0057]
- **MCCORMICK et al.** *Plant Cell Reports*, 1986, vol. 5, 81-84 [0059]
- **GUERINEAU et al.** *Mol. Gen. Genet.*, 1991, vol. 262, 141-144 [0063]
- 55 • **PROUDFOOT.** *Cell*, 1991, vol. 64, 671-674 [0063]
- **SANFACON et al.** *Genes Dev.*, 1991, vol. 5, 141-149 [0063]
- 60 • **MOGEN et al.** *Plant Cell*, 1990, vol. 2, 1261-1272 [0063]
- **MUNROE et al.** *Gene*, 1990, vol. 91, 151-158 [0063]
- **BALLAS et al.** *Nucleic Acids Res*, 1989, vol. 17, 7891-7903 [0063]
- 65 • **JOSHI et al.** *Nucleic Acid Res*, 1987, vol. 15, 9627-9639 [0063]
- **CAMPBELL; GOWRI.** *Plant Physiol*, 1990, vol. 92, 1-11 [0064]

ES 2 316 963 T3

- **MURRAY** *et al. Nucleic Acids Res*, 1989, vol. 17, 477-498 [0064]
- **HEIJNE** *et al. Plant Mol. Biol. Rep.*, 1991, vol. 9, 104-126 [0065]
- 5 • **CLARK** *et al. J. Biol. Chem*, 1989, vol. 264, 17544-17550 [0065]
- **DELLA-CIOPPA** *et al. Plant Physiol.*, 1987, vol. 84, 965-968 [0065]
- **ROMER** *et al. Biochem. Biophys. Res. Commun.*, 1993, vol. 196, 1414-1421 [0065]
- 10 • **SHAH** *et al. Science*, 1986, vol. 233, 478-481 [0065]
- **SVAB** *et al. Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 1990, vol. 87, 8526-8530 [0066]
- 15 • **SVAB; MALIGA**. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 1993, vol. 90, 913-917 [0066]
- **SVAB; MALIGA**. *EMBO J*, 1993, vol. 12, 601-606 [0066]
- **MCBRIDE** *et al. Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 1994, vol. 91, 7301-7305 [0066]
- 20 • **SAMBROOK; RUSSELL**. *Molecular Cloning: A Laboratory Manual. Cold Spring Harbor Laboratory Press*, 2001 [0068]
- 25 • **SAMBROOK, J.; RUSSELL, D.W.** *Molecular Cloning: A Laboratory Manual. Cold Spring Harbor Laboratory Press*, 2001 [0068] [0068]
- **STALKER** *et al. J. Biol. Chem*, 1985, vol. 263, 6310-6314 [0070]
- **SATHASIVAN** *et al. Nucl. Acids Res.*, 1990, vol. 18, 2188 [0070]
- 30 • **ROBERTSON, J. L.; H. K. PREISLER**. *Pesticide bioassays with arthropods. CRC*, 1992 [0104]

REIVINDICACIONES

1. Una molécula de ácido nucleico aislado seleccionada del grupo que consiste de:

a) una molécula de ácido nucleico que comprende la secuencia del nucleótido de la SEQ ID No:1, 2 o 4;

b) una molécula de ácido nucleico que comprende una secuencia del nucleótido que tiene al menos 95% de identidad de la secuencia con la secuencia del nucleótido de la SEQ ID No: 1, 2 o 4, en donde dicha secuencia del nucleótido codifica un polipéptido que tiene actividad de pesticida;

c) una molécula de ácido nucleico que codifica un polipéptido que comprende la secuencia de aminoácido de la SEQ ID No:3 o 5;

d) una molécula de ácido nucleico que comprende una secuencia del nucleótido que codifica un polipéptido que tiene al menos 95% de identidad del aminoácido de la secuencia con la secuencia de aminoácido de la SEQ ID No:3 o 5 en donde dicho polipéptido tiene actividad de pesticida; y,

e) un complemento de cualquiera de a)-d).

2. Una molécula de ácido nucleico aislado de la reivindicación 1, en donde dicha secuencia del nucleótido es una secuencia sintética que ha sido diseñada para la expresión en una planta.

3. La molécula de ácido nucleico de la reivindicación 2, en donde dicha secuencia sintética tiene un contenido de GC aumentado, relativo al contenido de GC de la SEQ ID No: 1, 2 o 4.

4. Un vector que comprende la molécula de ácido nucleico de la reivindicación 1.

5. Una célula huésped que contiene el vector de la reivindicación 4.

6. La célula huésped de la reivindicación 5 es decir una célula huésped bacteriana.

7. La célula huésped de la reivindicación 5 es decir una célula vegetal.

8. Una planta transgénica que comprende la célula huésped de la reivindicación 7.

9. La planta transgénica de la reivindicación 8, en donde dicha planta se selecciona del grupo que consiste de maíz, sorgo, trigo, girasol, tomate, crucíferas, pimientos, patata, algodón, arroz, soja, remolacha azucarera, caña de azúcar, tabaco, cebada, y colza.

10. Semilla transgénica de una planta de la reivindicación 8.

11. Un polipéptido aislado seleccionado del grupo que consiste de:

a) un polipéptido que comprende la secuencia de aminoácido de la SEQ ID No: 3 o 5.

b) un polipéptido codificado por la secuencia del nucleótido de la SEQ ID No: 1, 2 o 4, en donde dicho polipéptido tiene actividad de pesticida;

c) un polipéptido que comprende una secuencia de aminoácido que tiene al menos 95% de identidad de la secuencia con la secuencia de aminoácido de la SEQ ID No:3 o 5, en donde dicho polipéptido tiene actividad de pesticida; y,

d) un polipéptido que se codifica por una secuencia del nucleótido es decir al menos 95% idéntica con la secuencia del nucleótido de la SEQ ID No: 1, 2 o 4, en donde dicho polipéptido tiene actividad de pesticida.

12. El polipéptido de la reivindicación 11, que además comprende una secuencia de aminoácidos heterólogos.

13. Un anticuerpo que se une selectivamente a un polipéptido de la reivindicación 11.

14. Una composición que comprende el polipéptido de la reivindicación 11.

15. La composición de la reivindicación 14, en donde dicha composición se selecciona del grupo que consiste de un polvo, pulverizado, pella, gránulo, aerosol, emulsión, coloide, y solución.

16. Un método para preparar la composición de la reivindicación 14 por deshidratación, liofilización, homogeneización, extracción, filtración, centrifugación, sedimentación, o concentración de un cultivo de células de *Bacillus thuringiensis*.

17. La composición de la reivindicación 14, en donde dicha composición se prepara por deshidratación, liofilización, homogenización, extracción, filtración, centrifugación, sedimentación, o concentración de un cultivo de células de *Bacillus thuringiensis*.

5 18. La composición de la reivindicación 14, que comprende de 1% a 99% en peso de dicho polipéptido.

19. Un método para producir un polipéptido con actividad de pesticida, que comprende el cultivo de la célula huésped de la reivindicación 5, bajo condiciones en las cuales, se expresa una molécula de ácido nucleico que codifica el polipéptido, dicho polipéptido que se selecciona del grupo que consiste de:

10

a) un polipéptido que comprende el aminoácido de la SEQ ID No:3 o 5;

b) un polipéptido codificado por la secuencia del nucleótido de la SEQ ID No: 1, 2 o 4, en donde dicho polipéptido tiene actividad de pesticida;

15

c) un polipéptido que comprende una secuencia de aminoácido que tiene al menos 95% de identidad de la secuencia con la secuencia de aminoácido de la SEQ ID No:3 o 5,

en donde dicho polipéptido tiene actividad de pesticida; y,

20

d) un polipéptido que se codifica por una secuencia del nucleótido es decir al menos 95% idéntica a una secuencia del nucleótido de la SEQ ID No: 1, 2 o 4, en donde dicho polipéptido tiene actividad de pesticida.

20. Un método para controlar una población de insectos lepidóptero o coleóptero que comprende el contacto de dicha población con una cantidad efectiva como pesticida de un polipéptido de la reivindicación 11.

21. Un método para matar un insecto lepidóptero o coleóptero, que comprende el contacto de dicha plaga con, o la alimentación con dicha plaga, una cantidad efectiva como pesticida de un polipéptido de la reivindicación 11.

22. Una planta que tiene incorporado establemente en su genoma un constructor de ADN que comprende una secuencia del nucleótido que codifica una proteína que tiene actividad de pesticida, en donde dicha secuencia del nucleótido se selecciona del grupo que consiste de:

a) una secuencia del nucleótido de la SEQ ID No: 1, 2 o 4;

35

b) una secuencia del nucleótido que tiene al menos 95% de identidad de la secuencia con una secuencia del nucleótido de la SEQ ID No: 1, 2 o 4, en donde dicha secuencia del nucleótido codifica un polipéptido que tiene actividad de pesticida;

c) una secuencia del nucleótido que codifica un polipéptido que comprende una secuencia de aminoácido de la SEQ ID No:3 o 5; y,

d) una secuencia del nucleótido que codifica un polipéptido que tiene al menos 95% de identidad de aminoácido de la secuencia con la secuencia de aminoácido de la SEQ ID No:3 o 5,

45

en donde dicho polipéptido tiene actividad de pesticida;

en donde dicha secuencia del nucleótido se liga operablemente a un promotor que conduce la expresión de una secuencia codificante en una célula vegetal.

50

23. La planta de la reivindicación 22, en donde dicha planta además comprende la secuencia del nucleótido de la SEQ ID No:17.

24. Una célula vegetal que tiene incorporado establemente en su genoma un constructor de ADN que comprende una secuencia del nucleótido que codifica una proteína que tiene actividad de pesticida, en donde dicha secuencia del nucleótido se selecciona del grupo que consiste de:

a) una secuencia del nucleótido de la SEQ ID No:1, 2 o 4;

b) una secuencia del nucleótido que tiene al menos 95% de identidad de la secuencia con una secuencia del nucleótido de la SEQ ID No: 1, 2 o 4, en donde dicha secuencia del nucleótido codifica un polipéptido que tiene actividad de pesticida;

c) una secuencia del nucleótido que codifica un polipéptido que comprende una secuencia de aminoácido de la SEQ ID No:3 o 5; y,

d) una secuencia del nucleótido que codifica un polipéptido que tiene al menos 95% de identidad de aminoácido de la secuencia con la secuencia de aminoácido de la SEQ ID No:3 o 5,

ES 2 316 963 T3

en donde dicho polipéptido tiene actividad de pesticida;

en donde dicha secuencia del nucleótido se liga operablemente a un promotor que conduce la expresión de una secuencia codificante en una célula vegetal.

5

25. La célula vegetal de la reivindicación 24, en donde dicha célula vegetal además comprende la secuencia del nucleótido de la SEQ ID No:17.

10

15

20

25

30

35

40

45

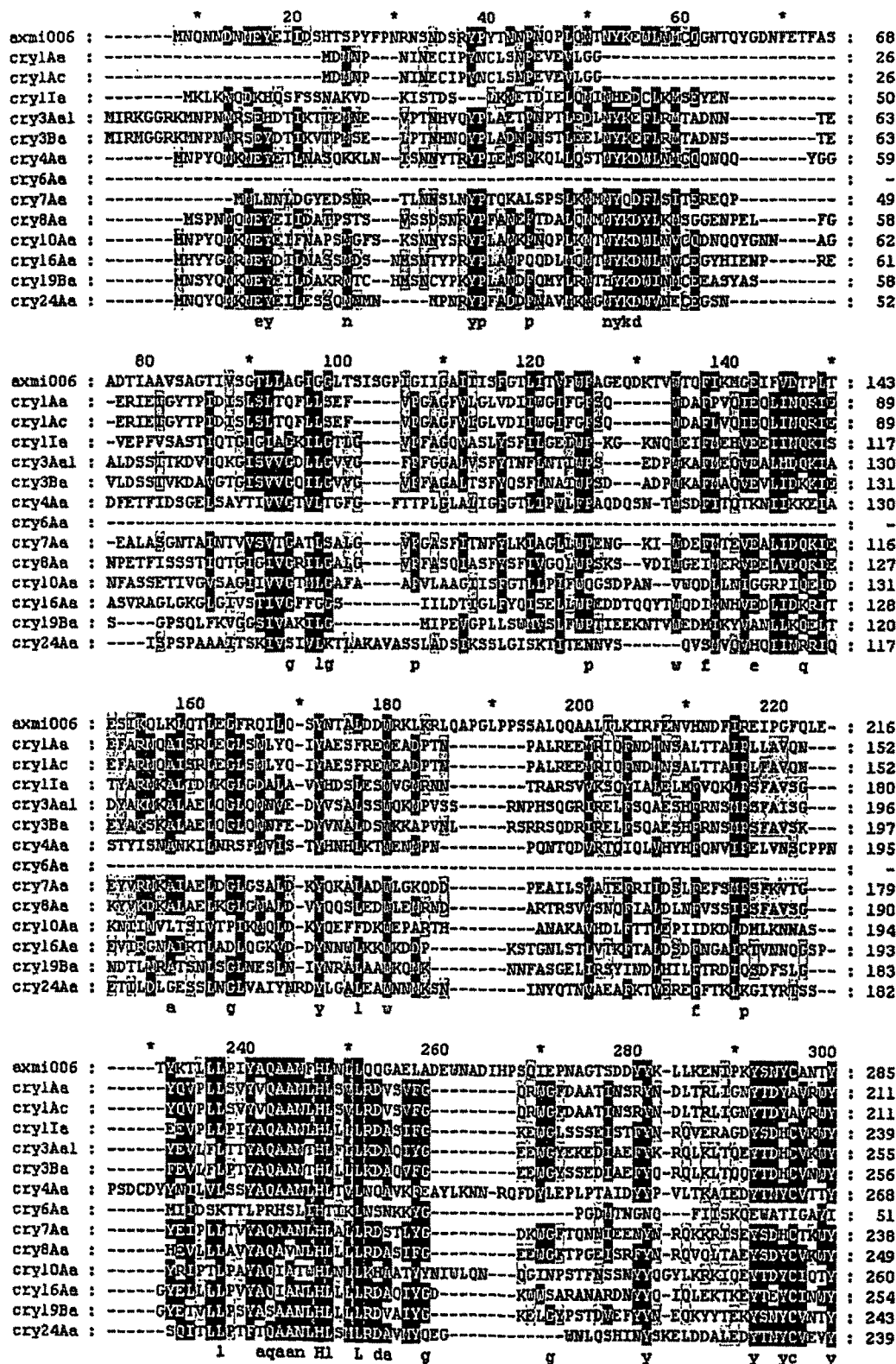
50

55

60

65

39



```

      *           320           *           340           *           360           *
axmi006 : RTGKNDDEPN-----HK-DSIFNDYRRYMTITVLDLISQSLNIRKRDSDIGGIEVKGLNMTRELYTTEL : 354
cry1Aa : NIGDERVWCPD-----SRDQVRYNQRRRELTITVLDLVALHSEYLSRKYD-----DRTVSQLTRELYTTPV : 272
cry1Ac : NIGDERVWCPD-----SRDQVRYNQRRRELTITVLDLVALHSEYLSRKYD-----DRTVSQLTRELYTTPV : 272
cry1Ia : SNGLNDRGTN-----AESQVRYNQRRRELTITVLDLVALHSEYLSRKYD-----DKITTAQLTRELYTDAI : 300
cry3Aa1 : NVGLDKDRCS-----YESQVRYNQRRRELTITVLDLIALHSEYLSRKYD-----KEVTELTRELYTTPV : 316
cry3Ba : NVGLNSLRGSI-----YDAQVRYNQRRRELTITVLDLVALHSEYLSRKYD-----KGVTELTRELYTTPV : 317
cry4Aa : KKGKLNLTTPD SNLDGNINONTYNTETRTHTTAVLDLVALHSEYLSRKYD-----HGVSSELTRELYTTPV : 335
cry6Aa : QUGLGLPVNEQ-----QURTHVNLSDISIPSDFSQYDVVCSQNTS-----A-EWGNPNLYPLIN : 106
cry7Aa : NSGLSRMGSI-----YEQVRYNQRRRELTITVLDLVALHSEYLSRKYD-----DRTVSQLTRELYTTPV : 299
cry8Aa : KIGDKLKGIT-----SKSLNRYHQRRRELTITVLDLVALHSEYLSRKYD-----DETTAQLTRELYTTPV : 310
cry10Aa : NAGLTHRTININ-----ATWNNRYNTRELTITVLDLIALHSEYLSRKYD-----HGVSSELTRELYTTPV : 321
cry16Aa : NKGLNDRTAG-----QGVNRYNQRRRELTITVLDLIALHSEYLSRKYD-----TEVTELTRELYTTPV : 313
cry19Ba : KSGLESKMGIG-----WSDFTNRYNQRRRELTITVLDLVALHSEYLSRKYD-----KHVKAELTRELYTTPV : 306
cry24Aa : TKGLNLRGSI-----ATDGLNRYNQRRRELTITVLDLVALHSEYLSRKYD-----LSTKLSLRKYTTPV : 300
      GL      g      w      n      r      x      t      v      l      d      a      5p      y      yp      l      4e6

      *           400           *           420           *           440           *
axmi006 : NFDRLPQLRVQPN-----LATMEYNLTNRPASFKLSSELOFTYNTENTNFCNRLVGISNRDAPTYSN---TI : 417
cry1Aa : LENFDGSRFG-----MAQRIEQNINQ-PHLDLILNHTITVTVHRCFTYUSGHOITASPVGFSPP---EF : 333
cry1Ac : LENFDGSRFG-----SAQGLERSRFS-PHLDLILNHTITVTVHRCFTYUSGHOITASPVGFSPP---EF : 333
cry1Ia : GTVPHPSFTTITWYNNAPS-SAIETAAVVEN-PHLDLILNHTITVTVHRCFTYUSGHOITASPVGFSPP---KL : 365
cry3Aa1 : VGVNLRGYS-----TTFNIEYVIRK-PHLDLILNHTITVTVHRCFTYUSGHOITASPVGFSPP---VST : 374
cry3Ba : PTLNALQYSG-----PTFSNIEYVIRK-PHLDLILNHTITVTVHRCFTYUSGHOITASPVGFSPP---VST : 375
cry4Aa : FEESPYKYD-----FOYQDSLRIRK-PHLDLILNHTITVTVHRCFTYUSGHOITASPVGFSPP---Q : 396
cry6Aa : KSANDIASYG-----EKVAGDPSLRIRK-PHLDLILNHTITVTVHRCFTYUSGHOITASPVGFSPP---F : 170
cry7Aa : SLISNPDIGP-----SSQMENTAIRT-PHLDLILNHTITVTVHRCFTYUSGHOITASPVGFSPP---F : 360
cry8Aa : AFNIVTSFGCPNPSHSGILYEVENNVIRP-PHLDLILNHTITVTVHRCFTYUSGHOITASPVGFSPP---TL : 377
cry10Aa : SDTPRTITELNG-----LIRN-----PHLDLILNHTITVTVHRCFTYUSGHOITASPVGFSPP---D : 374
cry16Aa : NGEIYGLMTPYFS-----FEKAEISLYTSA-PHLDLILNHTITVTVHRCFTYUSGHOITASPVGFSPP---IN : 376
cry19Ba : NDHYVGLMVPYIS-----FEHAEISLYTSA-PHLDLILNHTITVTVHRCFTYUSGHOITASPVGFSPP---IY : 370
cry24Aa : GRIDSPSPGDWNTG---RTLANFDLREYVDSSEYVKNIGDITITIGALDSTPSPDRIGVWYGNINAFYHT : 373
      phif      y      g

      *           460           *           480           *           500           *           520
axmi006 : TENLYGERTGPTTKTIRPFESYKVSIVTDROSPVPSPIQ-PHFIINQJELYLNGSSNNTLKYSAGGSLNRYQNT : 491
cry1Aa : AFPYFCHAGNAAPP-VLVSITGLGIFRTLSSPPTERRILGSGPNQOE-LFVLDGTEFSASTTNLPSTYTRQ-- : 404
cry1Ac : TFPYFCHAGNAAPPQORIVAQLGQGVYRTLSTTERRPFPN-IGINNQQ-LSVLDGTEFANG-TSNLPSAVYRK-- : 403
cry1Ia : EFRITGTLNISTQGSTNTSINPVTLPFTSRDARTESLAGLNFLT-QPVNCPVVDGSHKVFVTHPIASDNFFY : 439
cry3Aa1 : RPSLGSNDITLSPFFYGNKSEPVQNLDEFNGEKVCAVANTNLAYPS-AVYSGVTKVEISQYNDQTEASTYTD : 448
cry3Ba : RPSLGSNDITLSPFFYGNKSEPIQKLSFDGQKVEYVANTNDIAFPDGKIYFVYKVDLSQYDDQKNETSTOTYD : 450
cry4Aa : KSSYFCHAGNVDKLSLGLATNIYIFLLNVISDNKYLNDYNNISKNDFFITNGTRULEKEITAGSGQIDYDVK : 471
cry6Aa : QYEEAAKILYSLDQFLHGDQKLEGVINIQRLKEVOTALNOAHGE-SSPAHKELEKVKNLKTTLERITKAEQ : 244
cry7Aa : KKSQSNLYTHGIYKTSYVYSSGAYSFGHNDITLTAAPSVVYTPY-TONYVEQVEISQYNDQTEASTYTD : 433
cry8Aa : KYRRTADSTVDTTANYGRITSEKNSFALEDRLDIEINSTVANLANYY-QKAYCPGSGSHKVKRGTSSITAYLYS : 451
cry10Aa : THNDDRNITLUGAVHGNISQDTSKYFPFYRNKPIDKVEIVRHREYSDIYEMLFFSNSSSEVRYSSNSDIENN- : 448
cry16Aa : EGSFRGQDIDYGGTSSITINIPNSSYMYNLUTENDEYVYVPGDPNMITKNFVSVDNNSKEIYGAHRTNKPVR : 451
cry19Ba : NGPFLGQDTEYGGTSSYIDISNNSSYNLUTENDEYVYVPGDPNMITKNFVSVDNNSKEIYGAHRTNKPVR : 445
cry24Aa : GRDQVNHFRQNGDTAYEDPSTFISNLYDDIYKLDLRAAAVSTQGCANDTTFEYSSSRDPLRGRNQLYQSNKP- : 447

      *           540           *           560           *           580           *           600
axmi006 : -----TFFQFPRKKDCNVIDPGCSNFFNNSEILSHFSLTFTYSYVIGLQQLDTCVLGTHSSVDRYMAHSD : 560
cry1Aa : -----RGTVDSLDVITPPDONSVPFRAGTSERLSEVTHLSQAAG---AVYTLRAITPSOHRSAEYFNITPS : 467
cry1Ac : -----SGTVDSLDVITPPDONSVPFRAGTSERLSEVTHLSQAAG---AVYTLRAITPSOHRSAEYFNITPS : 468
cry1Ia : PGYAGIG---TQLQDSENELEPPATGQNYESYERLSEGLISAS---HVKALVYSOHRSAEYFNITPS : 504
cry3Aa1 : SKR---NVGAVSDDSIDOLPEPTIDELEKGYSEQLNYVMCFMGGSS---RGTLPVLTOTHKSVDFRMDIDS : 514
cry3Ba : SKRY---NGYLGAAQSIDOLPEPTIDELEKAYSEQLNYVMCFMGGSS---RGTLPVLTOTHKSVDFRMDIDS : 517
cry4Aa : N---IFGLPILKRRENQGNFLFTYDNYSHILSFIKLSIPAT---YKQVYTDATHSSVDPKNTIYT : 535
cry6Aa : DLEKKVEYSFLLGLPLGCVVYILENTAVQHIKQDIEKKOLDQAQHDLDKVDKILNLSINTDIDNLYSGQG : 319
cry7Aa : -----DLTYDSIDOLPPDG---EPIHEKYTHRLCHATAIFKSTP---DYDNATIPITPSOHRSAEYFNITPS : 494
cry8Aa : KHTALQGCTQVYESSELEPLDRT-VQVAESYERLSEUTSHSFSKNG---SAYYGSFPVVDTHSSADLNNTIYS : 523
cry10Aa : -----YKRIDSYMIKQTKNEEMGGLSYKTDNYIFSVVR---ERRRVATSTHTSVDFRMDIDS : 507
cry16Aa : -----TDFDFLT---KSGTELAKYNDYHILSYVLANGETFGQ---KRHCYSATHTSSVDPMITTHAA : 509
cry19Ba : -----TDFNFLN---RAGNGPTTYNDYHILSYVLANGETFGQ---KRHCYSATHTSSVDPMITTHAA : 503
cry24Aa : -----YPSLPITITTFGESESEGNANDYSLLCDVQKLDQSSNICE-GRSSLSHAHTHSSIDRNTIPL : 512
      p      p      h 6s      th s d n i

```

Fig.2B

```

      *           620           *           640           *           660           *
axmi006 : KILTIPIATKGNMNDINSKYIEGPGHTGGDLVYQSG-----RLEETCETPNSTOSVIRLRVADNGAGNTL : 628
cry1Aa : SQITQIPLTKSTNMGSGTSVVKGPCGTGGDLIRRTSPG-----QISTLRVMTAPLSQRYRVRIYASITNLDQH : 537
cry1Ac : DSITQIPAVKGNFDFNGSVLS-GPGFTGGDLVRNNSGNNIONRGYIEPIHFPSTSTRIVRVRYTASVPIHLN : 542
cry1Ia : NSITQIPLVKAFNLSGCAAVRGPGGTGGDLIRRTINTG-----TFGDIRVMTNPPFAQRYRVRIYASITDLDQH : 574
cry3Aa1 : KKITQIPLVKAYKQSGASVVGPRRTGGDLIQCTE-----NGSAATIIYVIPDVSYSQYVRARIEYASTSQITET : 584
cry3Ba : EKITQIPLVKAYALSSGASLIEGPGFTGGDLIRKES--NSIAKFKVTLNSAALLQRYRVRIYASTITNLRIF : 589
cry4Aa : HLTTQIPAVKANSIGTAKVVOGPGHTGGDLIDFKD-----HYKITCOHSNFQCSVFIRIRYASNGSANTR : 601
cry6Aa : EAKVVFQKIQGITWATIGAQENLRITSLQEVQDSDDADEIQIELEDASDAQVVAQEARDFTLNASQNSRONLP : 394
cry7Aa : MKITQIPAVRHYKDDPSTVVKGPCGTGGDLVARGSTG-----YIGDIKATNSPESQYRVRYTASVYSGQEN : 564
cry8Aa : DKITQIPAVKGMVYLGGSVVVGPGGTGGDLIRRTNPS-----ILGTFAVITNGSLSQRYRVRIYASITDPEET : 593
cry10Aa : DNTITQIEALKALKVSSDSEIVKGPCHTGGDLVIRKDS-----MDFRVRFLKNVSRQVQRYRYTADNAPKTTV : 574
cry16Aa : MKITQIPVWYASSNGSISIEKGPCTGGDLVIRADS-----GLTRFKAEIDKRYRVRIYAKCYSSKLI : 577
cry19Ba : DKIVQIPAVRTNLVGANIIGK--GPGHTGGDLIRKIEYER-----FLSLRIK-LIASITIRIRYASNISGQNH : 568
cry24Aa : DELTQIPAVTAYELRGNSSVVAGPGSTGGDLVIRSYHS-----VWSFKVYCSSELKNVRYVRIYASHGNCQRL : 579
      itq pa k           gpqf3gg 6           q r r rYa

      680           *           700           *           720           *           740           *
axmi006 : PNISLTIPGVIGTPPQRLNNDFSGTINYN-MLQGDGCHFOGPPSTVTLPLNR--NIPFIFNRADVSN-SITLIDKI : 699
cry1Aa : TSIDG-----RPINQGNFSADSSGGS--MLQSGSRTYGGTTPFNVISNG--SSVFTLSAHVFMAGNEVYIDRI : 601
cry1Ac : VNUGN-----SSIFSNITVPADATSLD--MLQSSDFGTFESANATSSLG--N--LVGVRFSGTAGVILDRF : 603
cry1Ia : TSIDG-----KALNQGNFSADNRGE--DLDKRTRTYGGTTPFNSLDV--QSTFTLGADNFFSGNEVYIDRI : 638
cry3Aa1 : TSIDG-----APFNQYYPDKIENKGD--TITPNSRNLASTSPPELGG--NNLQIGVTGLSAGDKVYIDKI : 646
cry3Ba : VQNSN-----NDFLVIYINKNNIDG--DLTQOIRDDATSNMNGGEGD--TNDFTLGAESFVSNKRYIDKI : 653
cry4Aa : AVINLSIPG--VAELGHALNPTFGTDYINLKQDQOMLESNEVKIAPNQ--NISLIFNRSDEYVITTLVLDKI : 672
cry6Aa : DWVISDSNCSTTNNTSNOYENPRTNMTSMQYHISHEVTSLPNNHLSRN-----SNLEYKCPENNFMIVYQNS : 464
cry7Aa : VYIND-----KITLQTKQUNYETIGEGKDLTNGSEGVENSITIQSPDE--HPKITLHLSQLSNNSFFVDSI : 631
cry8Aa : IYLG-----DTLEKNRPNKIDNGA--SLTYEDPKGASPIDDQDRET--QDKILLSHGDFSSGQEWYIDRI : 656
cry10Aa : FLTG-----IDTYSVELPSTISRONPNATDITMADEGVYIPRTVPNKTIFEGEDTLTLTYGTPNHSYNIYIDKI : 644
cry16Aa : BRKWKGE--GYIQQQIHNISPTYG--AFSYLESFTITFDENIDLTN--EVTYPYGRQFVEDIPSILIDKI : 642
cry19Ba : INHG-----YQNPTIFNIPPTISRD-YTELKPEDQLVDLSYIEGGP--SISNTLWLDNFGNGPVIIDKI : 632
cry24Aa : MKRUPS-----TGVAPROMARHNVOGTFSSNSRPEYADQYDIFITPEENN-----FAFTIDLESGGDIFIDKI : 643
      y f           1 1

      760           *           780           *           800
axmi006 : EFLPIPSSEMHQNR-----KQLETTIGTKNNFTTINHITL----- : 735
cry1Aa : EFLPFAEVFEAEYD-----LERADKAVMELFTSSNQIGKTDVTDVHLDQVS : 648
cry1Ac : EFLPVVATLEAEYN-----LERADKAVMALFTSTNQLGLKTNVTDVHLDQVS : 650
cry1Ia : EFLPVVEYVFEAEYD-----FEKADKKTALFTSTNPRGLKTDVVDVHLDQVS : 685
cry3Aa1 : EFLPVN----- : 652
cry3Ba : EFLPVQ----- : 659
cry4Aa : EFLPIPSIREDRKQKLETVDQIILFTFMANPIKNTIQSELTDVLDQAA : 722
cry6Aa : DQVNSSDUYN----- : 475
cry7Aa : EFLPVQVNYAEKEK-----LEKADKAVMELFTE-GRNATQKQVTDVYKVDQVS : 677
cry8Aa : EFLPVDEYFEAEQD-----LEAAKKAVMALFTNTKD-GLRPGVTDYEVNQAA : 702
cry10Aa : EFLPIQSVLDYTEKONTEKTKIVADLQVN----- : 675
cry16Aa : EFLPIN----- : 648
cry19Ba : EFLPLGLTLNQAG--YDTYDQNAVGVYHQYNSNGYNYNQENYTYQS : 679
cry24Aa : EFLVVSQSAFEYEGKONTEKTKAVADLQIN----- : 674
      e5 p           n

```

Fig.2C

ES 2 316 963 T3

```

*      320      *      340      *      360      *
axm1007 : REGLNKLENEPN---MR--SIFDQVRRPYMTITVLITLACSFVDLRKYSIG--RIGGKIKELTEPEIYTHL : 351
cry1Aa : NIGLERVQCPD-----SRDQVRRYNOFRRELTTLVLDLVALFSPNDSPRYD-----IRIVSQLTPEIYTHL : 272
cry1Ac : NIGLERVQCPD-----SRDQVRRYNOFRRELTTLVLDLVALFSPNDSPRYD-----IRIVSQLTPEIYTHL : 272
cry1Ia : SIGLNMLRGCTN-----AESQVRRYNOFRRELTTLVLDLVALFSPNDSPRYD-----IRIVSQLTPEIYTHL : 300
cry3Aa1 : NVGLDKLRGSS-----YESQVRRYNOFRRELTTLVLDLVALFSPNDSPRYD-----IRIVSQLTPEIYTHL : 316
cry3Ba : NVGLDKLRGSS-----YDAQVRRYNOFRRELTTLVLDLVALFSPNDSPRYD-----IRIVSQLTPEIYTHL : 317
cry4Aa : KKGMLLHETFPDNLGDNINMTYHTYTKTKITAVLDLVALFSPNDSPRYD-----IRIVSQLTPEIYTHL : 335
cry6Aa : QFGGLPVNEQ-----QRTHVNLSDISIPSPFQNLVDVCSQRTS-----A-EWGNINLYPLIT : 106
cry7Aa : NSGSLRLNGST-----YEQQLNRRYNOFRRELTTLVLDLVALFSPNDSPRYD-----IRIVSQLTPEIYTHL : 299
cry8Aa : KIGLMLKELCTI-----SKSULNRRYNOFRRELTTLVLDLVALFSPNDSPRYD-----IRIVSQLTPEIYTHL : 310
cry10Aa : NAGLIMIRTNIN-----ATMNHVRRYNOFRRELTTLVLDLVALFSPNDSPRYD-----IRIVSQLTPEIYTHL : 321
cry16Aa : KKGMLDPTAG-----QVNFRRYNOFRRELTTLVLDLVALFSPNDSPRYD-----IRIVSQLTPEIYTHL : 313
cry19Ba : KSGLESKQIG-----QSDFMRRYNOFRRELTTLVLDLVALFSPNDSPRYD-----IRIVSQLTPEIYTHL : 306
cry24Aa : TKGLMLALRGST-----AIDULERRYNOFRRELTTLVLDLVALFSPNDSPRYD-----IRIVSQLTPEIYTHL : 300
GL      g      w      n      rr      t      vld      a      Sp      y      yp      l      4e6

*      380      *      400      *      420      *      440      *
axm1007 : NFDRLTYLEIQPN-----LAINEYNLTSGLRNLSPLDELIPTKNETYGNRLVFIARNRSTYAN---TG : 414
cry1Aa : LENFDGSPFRG-----MAORIQONHQ--PHLMDILNSTITFDVHRCFYWSHQITASPVGYSGP--EF : 333
cry1Ac : LENFDGSPFRG-----SAQGIERSRS--PHLMDILNSTITFDVHRCFYWSHQITASPVGYSGP--EF : 333
cry1Ia : GIVHHPSPSTITUYNNAPS--SALAAVVRN--PHLDFLEQITITILLS--RWSTQYNNMGCH--KL : 365
cry3Aa1 : VGVNNLRGYG-----TTFNINRYHRK--PHLDFYHRNQHOFORFQ--DYGNDSPNYVSGNYST : 374
cry3Ba : FTLNALQEVG-----PTFSIENSIRK--PHLDFYHRNQHOFORFQ--DYGNDSPNYVSGNYST : 375
cry4Aa : FEESPYKYD-----FOYQDSLRPHLSTWDSLNPEKAQTPPNFTTSHYMHPHYTLDNIS--Q : 396
cry6Aa : KSANDPSTG-----SKVAGDPSHRKQGYKKLODE--DNIVDNNSDDAIAKAKDFKRCGILKEAK : 170
cry7Aa : SLSISMPDQIP-----SHSQMNTAIRT--PHLDFYHRNQHOFORFQ--DYGNDSPNYVSGNYST : 360
cry8Aa : AFNIVISTGFCNPWSTHSGILYEVENVIRP--PHLDFYHRNQHOFORFQ--DYGNDSPNYVSGNYST : 377
cry10Aa : SDTFRITTELENG-----LTRN-----PHLDFYHRNQHOFORFQ--DYGNDSPNYVSGNYST : 374
cry16Aa : NGEIYGLMTPYFS-----EKAESLYTEA--PHLDFYHRNQHOFORFQ--DYGNDSPNYVSGNYST : 376
cry19Ba : NDHVGVLHVPYIS-----EHAESLYTIR--PHLDFYHRNQHOFORFQ--DYGNDSPNYVSGNYST : 370
cry24Aa : GRIDSFSFGDWTNTG--RTLANPDLERENDSE--SHVKNLGDITVIGALDSRPTSPGDRIGVGYGNINAFYHT : 373
phlf      y      g

*      460      *      480      *      500      *      520
axm1007 : TEITVYERTGPPTTKTLPPFESYKVSIVDROVTPSPFPNIYFTINQELYLNNSPSKLTYSAGGNLNDKKT : 489
cry1Aa : AFPYFTHAGNAAPP-VLSLTGLGIFRTLSPLRRRLGSGPNQOE--FVLDGTEFSA--ITNLPSTTYRQ-- : 404
cry1Ac : TFPYFTHAGNAAPPQORIMAQLGQGVYRTLSSTLRPFN--IGINNQQ--LSVLDGTEFANG--TSNLPYSAVYRK-- : 403
cry1Ia : EFTITIGTLNISTGSTINTSINPVITPPTSRDVRITESLAGLNFLT--QPVNPPRPD--PHKVFVTHPIASDIFY : 439
cry3Aa1 : RPSIGSDINTSPFYGNKSEPVONLEFNGEKVRAVANTINLAYEFS--AVYSGVLYEFSQYNDQDEASTUTYD : 448
cry3Ba : RPSIGSDINTSPFYGDKSEPIEIOKLSFDGOKVYRTIANTDIAAFPDKKIYFVLYKQDPSQYDDOKNETSTQYD : 450
cry4Aa : KSSVFGNNVYDKLKSGLATNIYIFLNVISLONKLYNDYNNYSKNDFFITNGTRLEKEITAGSGQIYDVVNK : 471
cry6Aa : QVEEAANKNIVISLDQFLHGDOKKLEGVINIOKRLNE--QATLNQAHGE--SSPAHKELKVKNLKLTTLERQIAEQ : 244
cry7Aa : KKSEQSLYITIGIYGTSGYISSGAYSFHGNDYVSTLAAPSVVYYPY--TONYFVQVYFYGKGVHYHRCNRY : 433
cry8Aa : KYRRTALSTVITYTANYGRITSEKNSFALEDROBLEINSTVANLANYY--OKAYEYPGSUNHMYKRTSSTIAYLYS : 451
cry10Aa : THINDDRNIEGAVHGNMISODTSKVFYFYNKPIDKVEIVHREYSDDIYEHFFSNSSSEYFRYSNSNILEDN-- : 448
cry16Aa : EGFPGQIDYGGTSSTINIPNSYVNLNTEYETPUGDPNITKINFVTDNNSKE--IYGAHRTNKPVR : 451
cry19Ba : NGPFLQDTEYGGTSSTYD--ISNNSSTYNLTKNEDWYPTDPPVITKINFVTDNNSSE--IYGAERHMKPTVR : 445
cry24Aa : GRDQVVMFRQIGDTAYEDPSTFISNLLYDDIYKLDLRAAAVSTEGGANDTTFVYSSSRFD--GRGNQLYQSNKP : 447

*      540      *      560      *      580      *      600
axm1007 : -----TDFQFFVKCKCKPIINPNCLESYNSYSHLSQFSIFNYHYKIGLALNLYTGALGOTHSVNRNMAHSD : 558
cry1Aa : -----RGTVDSLDVIPPQDNVPPPRAGFSRHSMTLSQAAG--AVYTLRAITFSWHRSAETMDIIPS : 467
cry1Ac : -----SGTVDSLDVIPPQDNVPPPRAGFSRHSMTLSQAAG--AVYTLRAITFSWHRSAETMDIIPS : 468
cry1Ia : PGYAGIG--TQLODSENEIPPEAGQPNYSYSHLSHGLISAG-----HYKALVYSUTHRSADRTOTIEP : 504
cry3Aa1 : SKR---NVGAVSWDSIDQLPPEITDEPLEKGYSHOLNYMCFHQGS-----RGTLFVLTITHRKVDREMDIS : 514
cry3Ba : SKRY---NGVGAQDSIDQLPPEITDEPLEKAYSHOLNYAECFLHQDR-----RGTLFVLTITHRKVDREMDIS : 517
cry4Aa : N-----IFGLPILKRRNQGPNFLPFTYDNYSHLSFKLSIPAT-----YKTQVYIDATHTSVDPKNTYT : 535
cry6Aa : DLEKKVEYSFLLGLPGLGFVYVILENTAVCHIKNODERKKOLD--SAQHDLDKVDKIDGLNLSINMDINLYSOGQ : 319
cry7Aa : -----DLTYDSIDQLPPEITDEPLEKGYSHOLNYMCFHQGS-----RGTLFVLTITHRKVDREMDIS : 494
cry8Aa : KHTALQCGCTQVYESSDEIFLDRN--VVALESYSHLSHITSHSPKNG--SAYYGSFZYVVOHTHSADLMTIYS : 523
cry10Aa : -----YKRTDSYHLPKQTKNEEYGHNLSTYKTDNYFSVVR-----ERRRVAESUTHRSVDQNTIDL : 507
cry16Aa : -----TDFDFTLIT--KGGTELAKYNDYNNLSYLLNGE--FGQ-----KRHCYSFAHTHSVQPPNTIAA : 509
cry19Ba : -----TDFNPLLM--RAGNGPTTYADYNNLSYLLNGE--FGQ-----KRHCYSFAHTHSVQPPNTIYP : 503
cry24Aa : -----YPSIPITITITFGESESEGANDYSHLCTDQKLOEDSSNICE--GSSYLSHAUTHASLDRENTILP : 512
p      p      h 6s      th s      ni

```

Fig. 3B

```

      *           620           *           640           *           660           *
axm1007 : KLTITMIPATGNSLDNNSKVIGGFGHTGGNLVYQSQG-----RLEITCRTPNSFUSYVIRLRVATNGAGNTL : 626
cry1Aa : SQTQIPLTSTNLCGGTSYVACPGFTGGDILERTSPG-----QISTLRVMTAPLSQRYVRIRRYASTNLQPH : 537
cry1Ac : DSITQIPAVNGNLFNGSVIS--GFGHTGGDLVRNLSGGNNIQNRGYIEPPIHFPSTSTRYRVVRVRYASVPIHLN : 542
cry1Ia : QSITQIPLVRAFNLSSGAAVVRCPGFTGGDILERTNTG-----TFGDIRVMTNPPFAQRYVRIRRYASTNLQPH : 574
cry3Aa1 : KRITQIPLVRAFNLSSGAASVAGFRFTGGDIIQCTE-----NGSAATTIYVTPDVSYVQRYVRIRRYASTNLQPH : 584
cry3Ba : EKITQIPLVRAFNLSSGAASVAGFRFTGGDILERTNTG-----NSIAKFKYILNSAALQRYVRIRRYASTNLRL : 589
cry4Aa : HLTQIPLVRAFNLSSGAASVAGFRFTGGDILERTNTG-----HFKQITCQHSNFOQSYVIRRYASTNLQPH : 601
cry6Aa : EAKVFORLGGIWTATGAQENLRKTSLOEVQSDDADEIQIELEDASDAVVAQEAQFTLNAVSTNSRQNL : 394
cry7Aa : MKITQIPLVRAFNLSSGAASVAGFRFTGGDILERTNTG-----YIGDIKATVNSPIQRYVRIRRYASTNLQPH : 564
cry8Aa : DKITQIPLVRAFNLSSGAASVAGFRFTGGDILERTNTG-----ILGTFVAVNGSLQRYVRIRRYASTNLQPH : 593
cry10Aa : DMITQIPLVRAFNLSSGAASVAGFRFTGGDILERTNTG-----HDFRVFLKNYSRONQRYVRIRRYASTNLQPH : 574
cry16Aa : MKITQIPLVRAFNLSSGAASVAGFRFTGGDILERTNTG-----GLTRFKAEILDKRYVRIRRYASTNLQPH : 577
cry19Ba : DKITQIPLVRAFNLSSGAASVAGFRFTGGDILERTNTG-----FLSERIK-LIASTFTIRRYASTNLQPH : 568
cry24Aa : DMITQIPLVRAFNLSSGAASVAGFRFTGGDILERTNTG-----VGSFKVYCSLKNYSRONQRYVRIRRYASTNLQPH : 579

      itq pa k           qpgf3gg 6           q r r rYa

      *           680           *           700           *           720           *           740           *
axm1007 : PMISLTIPGVIGYPPORLNNPFSGINYN--RLQMGDGGYFOEPSTVTLPLNR--NIPFIFNRADVSN-SILHILKI : 697
cry1Aa : TSIDG-----RFINQGNESADSSGS--RLQSGSRTNGCTTPPNSNG--SSVFIYSAHVFSGNEVYHRI : 601
cry1Ac : VNGCN-----SSIFSNITVPADATELD--RLQSSDGGYFESANATSELG--N--LYGVRMPSGTACVILIRP : 603
cry1Ia : TSIDG-----KATNQGNSADNRRE--DLDKRTITGCTTPPNSLDV--QSTFTIGADMFSSGNEVYHRI : 638
cry3Aa1 : TSIDG-----APFNQYVYDKDQKGD--TLIYNSGLASISUPPELGG--NNLQIGVTGLSAGDKVYHRI : 646
cry3Ba : VQNSN-----NDFLVIYINKQMDIG--DLTIQIDGATSNNGSGD--TNDFIAGAESFVNEKOVYHRI : 653
cry4Aa : AVUNLSIPG--VAELGHALNPITSGIDYTNKQDGGYDLESNEVYHAPNQ--NISLIPNRSQYVNTVILHRI : 672
cry6Aa : INVISDSNCNSTTNTSNQYENPTNTMS--QYHLSHETSILPNNHLSRE--SMLEYKCPENNPHIYHRI : 464
cry7Aa : VYHND-----KITLQTKONTVEHIGEGDITGSGYVLYSHITIDPE--HPKITLHLSLNNSSFYVDSI : 631
cry8Aa : VYLG-----DTDEKMRNKKQDNDGA--SLITETETPASFIDQDQRET--QDKILHLSMGLFSSGQEVYHRI : 656
cry10Aa : FLTG-----IDTISVELPSTISRONPNATDITVADGGYTPRIVPNKTFEGEDTLITLYGTIPNHSYNYHRI : 644
cry16Aa : KRKKGE-----GYIQQIHNISPIYG--AFSYLESTITIDENIDLTN--EVTYPYGRQFVEDIPSHILKI : 642
cry19Ba : UNIG-----YQNPITFNIPTISRD--YTELKFEDGOLVDISYISGGP--SISSNTLWLDNFSNGPUIHRI : 632
cry24Aa : KRKWS-----TGVAPOQARHNVQGITFSNSRREARVLDIFITPEENN-----FAFTIDLESGGDIFHRI : 643

      y f           1 1

      *           760           *           780           *           800
axm1007 : EPIPIISSVRONRE--KQKLETIOTKINFFINHTKNTLNIEATNYDID : 744
cry1Aa : EFVPAEVIFAEYD--LEAQAQAVNLEFSSNOIGKTDVTDKHDQVS : 648
cry1Ac : EPIPIVADLEAEYN--LEAQAQAVNLEFSTNOLGKTNVTDYHLDQVS : 650
cry1Ia : EFVPAEVIFAEYD--FERAQEKVITAFSTNPRGKTDVTDKHDQVS : 685
cry3Aa1 : EPIPIV----- : 652
cry3Ba : EPIPIV----- : 659
cry4Aa : EPIPIPIRSIREDRKQKLETVQIIEITFANPIKNTLOSETDYDQAA : 722
cry6Aa : DQYNNSDQYNN----- : 475
cry7Aa : EPIPIVQVNYAEKEK--LEAQAQAVNLEFTE-GRNALQKDTDYKVDQVS : 677
cry8Aa : EPIPIVDEYAEQD--LEAQAQAVNLEFNTKD-GLRPGVTDYVNDQAA : 702
cry10Aa : EPIPIVQVLDYTEKQNTLEKTDVTDKHDQVS : 675
cry16Aa : EPIPIV----- : 648
cry19Ba : EPIPIVGIHLNQAQG--YDTYDQNAQGYHONYNSGYNYNQENNTYYQS : 679
cry24Aa : EPIPIVSGSAFEYEGKQNDKTDKAVNDLEIN----- : 674

      e5 p           n

```

Fig. 3C

Fig. 4A

excl1008	GGTGADT	320	340	360	380	400	420	440	389
crx1a	PPAGG	320	340	360	380	400	420	440	397
crx1ac	PPAGG	320	340	360	380	400	420	440	397
crx1a	PPAGG	320	340	360	380	400	420	440	397
crx2a	PPAGG	320	340	360	380	400	420	440	397
crx3a	PPAGG	320	340	360	380	400	420	440	397
crx3b	PPAGG	320	340	360	380	400	420	440	397
crx4a	PPAGG	320	340	360	380	400	420	440	397
crx4b	PPAGG	320	340	360	380	400	420	440	397
crx6a	PPAGG	320	340	360	380	400	420	440	397
crx7a	PPAGG	320	340	360	380	400	420	440	397
crx10a	PPAGG	320	340	360	380	400	420	440	397
crx19a	PPAGG	320	340	360	380	400	420	440	397
crx24a	PPAGG	320	340	360	380	400	420	440	397
crx25a	PPAGG	320	340	360	380	400	420	440	397
crx39a	PPAGG	320	340	360	380	400	420	440	397
crx40a	PPAGG	320	340	360	380	400	420	440	397
excl1008	PPAGG	460	480	500	520	540	560	580	521
crx1a	PPAGG	460	480	500	520	540	560	580	521
crx1ac	PPAGG	460	480	500	520	540	560	580	521
crx1a	PPAGG	460	480	500	520	540	560	580	521
crx2a	PPAGG	460	480	500	520	540	560	580	521
crx3a	PPAGG	460	480	500	520	540	560	580	521
crx3b	PPAGG	460	480	500	520	540	560	580	521
crx4a	PPAGG	460	480	500	520	540	560	580	521
crx4b	PPAGG	460	480	500	520	540	560	580	521
crx6a	PPAGG	460	480	500	520	540	560	580	521
crx7a	PPAGG	460	480	500	520	540	560	580	521
crx10a	PPAGG	460	480	500	520	540	560	580	521
crx19a	PPAGG	460	480	500	520	540	560	580	521
crx24a	PPAGG	460	480	500	520	540	560	580	521
crx25a	PPAGG	460	480	500	520	540	560	580	521
crx39a	PPAGG	460	480	500	520	540	560	580	521
crx40a	PPAGG	460	480	500	520	540	560	580	521

Fig. 4B

[illegible][illegible]

Fig. 4C

[illegible]

Fig. 5A

[illegible]

Fig. 5B

	240	260	280	300	
axm1009	PLLPVYQAQAAHLHLALDRDAVYFG	ALNGLGDDERDRNLTIR	LQGLRFRDQCTITGNGR	257	
cry1Aa	PLLPVYQAQAAHLHSLVLRDVSVEG	DRNGDAATINSRD	LTIRLGTGNTAVRNTATG	214	
cry1Ac	PLLPVYQAQAAHLHSLVLRDVSVEG	DRNGDAATINSRD	LTIRLGTGNTAVRNTATG	214	
cry1Ca	PLLPVYQAQAAHLHLALDRDVSVEG	DRNGLTITTEINENGR	LTIRLHDFADQCAITVGR	213	
cry1La	PLLPVYQAQAAHLHLALDRDAVFG	KQGLGSSSTSTIRGR	LTIRAGDTSRRCVGRSTG	242	
cry3Aa1	PLLPVYQAQAAHTHLPLIKDAQITG	DRNGYERKSHAYVGR	DLKNTITDTTDCVGRVGR	258	
cry3Ba	PLLPVYQAQAAHTHLPLIKDAQVFG	DRNGYSESDIAVFGGR	DLKNTITDTTDCVGRVGR	259	
cry3Bb	PLLPVYQAQAAHTHLPLIKDAQVFG	DRNGYSESDIAVFGGR	DLKNTITDTTDCVGRVGR	251	
cry4Aa	PLLPSSYQAQAHLHTVQNDVYFG	AYLKNRRDFTVYLEPLTAI	DYTPVLTIRLDRDITHTVGR	271	
cry6Aa	DLKAKVPEAKNVTLSLQVDFEG	DLKKLGLVTLQKRLKEVVT	ALNDRAGSSPAHKL	225	
cry7Aa	PLLPVYQAQAAHLHLALDRSTLVG	DRNGTGNLQVGR	DLKNTITDTTDCVGRVGR	241	
cry7Ba	PLLPVYQAQAAHLHLALDRSHFG	DRNGTGPGRSHVGR	DLKNTITDTTDCVGRVGR	262	
cry10Aa	PLLPVYQAQAAHTHLALDRATVILG	ATYHMLRQGTGTSYSSMY	YQG-YLKGQDITVCIQVHGR	253	
cry16Aa	PLLPVYQAQAAHLHLALDRDAVFG	KQGLSARANARDYVQI	DLKNTITDTTDCVGRVGR	257	
cry19Ba	PLLPVYQAQAAHLHLALDRVAIVG	KQGLSPSTDFVGR	DLKNTITDTTDCVGRVGR	246	
cry24Aa	TLPTTPQAQAAHLHSLDRDAVFG	QGGVGLGSHVYSKZLDD	ALDPTIRGCVYHTGR	242	
cry25Aa	PLLPVYQAQAAHTHLALDRATVILG	CDLGLTRVGR	PITTSALDP	YFSEYTLRKKVATVCIQVHGR	256
cry24a1	LLLYLVGASCCKKCLPLDRVAVHSLG	PLTSAIVRSLVYSGCDFTG	YQYERLKKGLGATVCIQVHGR	259	

Fig. 6B

52

```

          *          620          *          640          *          660          *
axm1009 : AVKCGCGN--LQFVH--PGFTGGNLRVYEDSHHS-----LKKOAP--QRQTSRRIRIRVACLVTHGDALFVEH : 596
cry1Aa : LTVSTNIG--SGTSMGCGPCITGGDILHRSFG-----QISTLRVMTAPLSQFVRVIRYASTTLQFHTSDG : 542
cry1Ac : AVKCGFLF--NGSVHS--GPGITGGDLVRNNSGNNIQNRGYIEPIHFPSIRIRVVRVKTASVPIHNVNUGN : 547
cry1Ca : LVRGFRVG--GTTSTVITGPGITGGDILHRSFTG-----DFVSLQVMNSPFTQFVRLFRYASERDARKHILTGA : 539
cry1Ia : LVRANLVS--SGAAVVRGPGITGGDILHRSFTG-----TFGDIRVMTNPPFAQRTVIRIRYASTTLQFHTSDG : 579
cry3Aa1 : LVRATKLC--SGASTVAGPRITGGDILHRSFTG-----NGSAATLYVTFDVSYSOKTEARIEYASTLTITFTSDG : 589
cry3Ba : VVRAYALS--SGASTLGGPGITGGDILHRSFTG-----NSIAKFKITLNSAAILQFVRVIRYASTTLRFPVNSN : 594
cry3Bb : VVRAYALS--SGASTLGGPGITGGDILHRSFTG-----NSIAKFKITLNSAAILQFVRVIRYASTTLRFPVNSN : 586
cry4Aa : AVKANSUG--LAKRVVGGPGITGGDILHRSFTG-----ITCOHSNFOSSPIRIRYASNGSANTRAVNL : 606
cry6Aa : ----- : -
cry7Aa : AVKAKKID--DPSVVRGPGITGGDILHRSFTG-----YIGDIKATNSPLSQFVRVIRYATNVSQTFVYND : 569
cry8Aa : AVKGDMLY--LNGSVVGGPGITGGDILHRSFTG-----ILGTFAVTNGSIRVVRVIRYASTTLQFHTSDG : 597
cry10Aa : AVKGLKVS--EDSKLVGPGITGGDILHRSFTG-----MDFRVRFKQVANOQFRIEYATNAPKITVFLTGI : 579
cry16Aa : VVRSSIN--GSISLHRCGPGITGGDILHRSFTG-----CLTRFKAEALDKFVRVIRYAKCYTSSKILRKWK : 582
cry19Ba : AVKINLIG--ANLIK--GPGITGGDILHRSFTG-----FLSKRIK-LIASRTIRIRYASNISGSHNIG : 572
cry24Aa : AVKTYEAR--GSSVHAGCGPGITGGDILHRSFTG-----VSTFKYCELEKQFVRVIRYASNGCOFTKRW : 584
cry25Aa : AVKTYREHP--HKKGPGITGGDILHRSFTG-----DILQYDLRSDYDRLTZDVPFIRIRYASIGVSTSDVNDG : 597
cry40Aa1 : AVKAYDSDTGPGCGITGGDILHRSFTG-----LKRILTPASTIRKMLIRVIRYASTSGRULVERUS : 584
          k          qps cys          z z cya

          680          *          700          *          720          *          740          *
axm1009 : S--GSSHIYSFFDCSESGRPSMTLLESDFRYDVPFGITPHEIN--PLIRYKTCFPE-----THANDRFQFIP : 660
cry1Aa : RFINQG-----NFSANSSGSELOSGSDRTGFTIPNFSNGSSVFIASHVYSE-----NEWIDRIEFIP : 605
cry1Ac : SSIFSN-----TTPATATSLDLOSSDCHVZSANATSELGN--HGCYRNTSGT-----AGVMDRIEFIP : 607
cry1Ca : ASTGVGGQVSVMNPQKKEIGEMLTSRDRKIDFSNPESFRANFDIIGSEQPLFGAGSISSGEIDKIEFIP : 614
cry1Ia : KAINQG-----NFSANMRGEDLDKIDRTNGFTIPESLDVOSTITGABNSES-----NEWIDRIEFIP : 642
cry3Aa1 : APFNQYY-----FDRKDKGDTIYNSNLAFTAPPELEG--NNLQCHGUGLAA-----DKRMIDKIEFIP : 650
cry3Ba : NDFLVII-----LKKDMNIDGDTIYNDFAINSNNGFTSGDINDFNGAESVSN-----EKRMIDKIEFIP : 657
cry3Bb : NDFLVII-----LKKDMNIDGDTIYNDFAINSNNGFTSGDINDFNGAESVSN-----EKRMIDKIEFIP : 649
cry4Aa : SIPGVAELG--HALNPTFGIDYITLKKDQOYLFENEVKAPQNISLAFNRSVYIN-----TIVLMDRIEFIP : 676
cry6Aa : ----- : -
cry7Aa : KITLQTKFON--TVETLGEGRDITGSGCYLXSTIIOQDEHKPTIDHESDLNS-----SSFVDSIEFIP : 635
cry8Aa : DTIEKN-----RFKQNDNGASITVZKCLASITDQFRETQKILSHGDTSES-----QEVMDRIEFIP : 660
cry10Aa : DTISVELP--S--TTSRONFNATLADCGXYTEPRIVPKTPEGEDTLTLTCTPH--HSYMDRIEFIP : 648
cry16Aa : GEGYIQQIEN--ISPTYG--AFSYLESITITINISOLDHEVTYPGRQFVEDIP-----SLMDRIEFIP : 646
cry19Ba : ---YONPTYN--IYPTISROYTEKTEDGULDTIYLSGQPSISSNTIADNVEF-----PVMIDKIEFIP : 636
cry24Aa : STGVAPQWAR--HVOGCTFSNSHRYEAKYDIDFITPRENN--PATTIDLEHCG-----DLMDKIEFIP : 647
cry25Aa : SSSPQVT--VASTAASLDITVYESQOYIIPGNVYDSAPRILDRQGR-----LVDRIEFIP : 655
cry40Aa1 : P---S-----SINISYFFLPSTGPGDSEGYNDLVTITNPGVEIIEQLDTP-----IMDKWEFIP : 639
          z          d ef p

          760          *
axm1009 : ENITFPNQSLE--KREGEVMDLFIN : 682
cry1Aa : AEVDFEAEY--GLEKAGAVYALIT : 628
cry1Ac : STATLEAEY--NLEKAGAVYALIT : 630
cry1Ca : ADATFEAES--GLEKAGAVYALIT : 637
cry1Ia : VEVDYAEY--HPEKAGKYTALIT : 665
cry3Aa1 : VE : 652
cry3Ba : VQ : 659
cry3Bb : VOL : 652
cry4Aa : HTPHIREDRKQKMLIVHUIQIDTFA : 702
cry6Aa : ----- : -
cry7Aa : VDVNYAEKE--GLEKAGAVYALIT : 658
cry8Aa : QDEHYEAEQ--GLEKAGAVYALIT : 683
cry10Aa : HICQVLDYTEKQNIERTQRTYDLEV : 674
cry16Aa : TH : 648
cry19Ba : HGITLNQAAQ--GYDTYDONANGGM : 659
cry24Aa : VSGAFEYEGKQNIERTQRTYDLEV : 673
cry25Aa : VIFFFLSEQ--H--EKSYESLGI : 674
cry40Aa1 : VASTALEYEGKQKLEKAGAVYALIT : 665

```

Fig. 6C

[illegible]

Fig. 7A

[illegible]

Fig. 7B

[illegible][illegible]

Fig. 7C

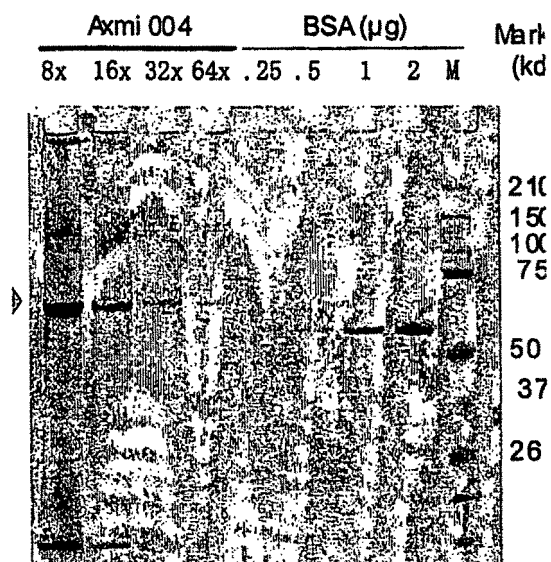


Fig. 8

ES 2 316 963 T3

LISTA DE SECUENCIAS

<110> Carozzi, Nadine
Hargiss, Tracy
5 Koziel, Michael G.
Duck, Nicholas B.
Carr, Brian

<120> Delta-Endotoxin Genes and Methods for Their Use
10

<130> 045600/274379

<150> 60/448,632
15 <151> 2003-02-20

<150> 60/448,633
20 <151> 2003-02-20

<150> 60/448,797
<151> 2003-02-20

25 <150> 60/448,806
<151> 2003-02-20

30 <150> 60/448,810
<151> 2003-02-20

35 <150> 60/448,812
<151> 2003-02-20

<160> 52

40 <170> FastSEQ for Windows Version 4.0

<210> 1
<211> 2190
<212> DNA
45 <213> *Bacillus thuringiensis*

50

55

60

65

ES 2 316 963 T3

<400> 1

```

5   tatgatgata actttgacaa cagccgcac cataacgtac tttttcaata ttaattgtat 60
    ccaagcttat tttgtacaaa ttacacttta ttgtatgcat aatagtttct tattgattga 120
    gcatataaga aaattttttc atataatagt gaaaatattt ttgcttttct tttttttatt 180
    taggataaac tttacttgta aacacaagta aatagtttat tagagataga gcctcatttt 240
    aaaatattta cgaatcctat ctataaaaaa ctaattttta aattattcct tttaaatgta 300
    atgagtgaat tgaaggggaa atttaagaaa agtactaatc gaacttggtg tttgctaaaa 360
10  ataataaata taggaggaag aggtatgaat tcaaaggaac atgattatct aaaagtttgt 420
    aatgatttaa gtgacgcaa tattaatatg gaacggtttg ataagaatga tgcactggaa 480
    attggtatgt ccattgtatc tgaacttatt ggtatgattc caggcggaac agctttgcaa 540
    tttgtgttta atcaattgtg gtctcgttta ggtgattctg gatggaatgc gttcatggaa 600
    catgtggagg aattaattga tactaaaata gaaggggatg caaaaaataa agccttatct 660
15  gaattagcag gtatacaaa aaaccttgaa acatatatac aattacgtaa tgaatgggaa 720
    aatgatattg aaaactcaaa ggctcaagg aaggtagcta attactatga aagtcttgag 780
    caggcggttg aaaggagtat gcctcaattt gcagtggaga attttgaagt accacttta 840
    actgtctatg tgcaagctgc taatcttcat ctattattat taagagatgt ttcagtttat 900
    ggaaagtgtt ggggatggtc ggagcagaaa attaaaattt attatgataa acagattaa 960
20  tatacccatg aatacacaaa tcattgtgta aattgggata ataaaggact tgagagatta 1020
    aaaaataaag gttcttctta tcaagattgg tacaattata atcgtttccg tagagaaatg 1080
    actcttactg ttttagatat cgttgcttta ttccgcact atgatgtaca aacttatcca 1140
    ataacaaccg ttgctcagct aacaagggaa gtttatacgg atcctttact taattttaat 1200
    cctaaattac attctgtgtc tcaattacct agtttttagt acatggaaaa tgcaacaatt 1260
25  agaactccac atctgatgga atttttaaga atgctaacia tttatacaga ttggtatagt 1320
    gtgggaagaa actattattg gggaggacat cgcgtgacgt cttaccatgt agggaggag 1380
    aatataagat cacctctata tggtagagag gcaaatcaag aggttcctag agatttttat 1440
    ttttatggac ccgtttttaa gacgttatca aagccgactc taagaccatt acagcagcct 1500

30  gcaccagctc ctctttttaa tttacgtagc ttagagggag tagaattcca cactcctaca 1560
    ggtagtttta tgtatcgtga aagaggatcg gtagattctt ttaatgagtt gccgcctttt 1620
    aatccagttg ggttacctca taaggatata agtcaccgtt tatgtcatgc aacgttttgt 1680
    cgtaaatctg ggacccctta ttaacaaca ggtgccatct tttcttggac acatcgtagt 1740
    gctgaagaaa ccaatacaat tgaatcaaat attattacgc aaatcccgtt agtaaaagca 1800
35  tatcaaatg ggtcaggcac tactgtaagg aaaggaccag gattcacagg aggggatata 1860
    ctctgaagaa caggtcctgg aacatttgga gatatgagaa taaatattaa tgcaccatta 1920
    tctcaaagat atcgtgtaag gattcgttat gcttctacga cagatttaca atttgtcacg 1980
    agtattaatg ggaccacat taatattggt aacttccoga aaactattaa taatctaaat 2040
    actttagggt ctgagggcta tagaacagta tcgttttagta ctccatttag tttctcaaat 2100
40  gcacaaagca tatttagatt aggtatacaa gcattttctg gagttcaaga agtttatgtg 2160
    gataaaattg aatttattcc tgttgaatag 2190

```

<210> 2

<211> 1890

<212> DNA

<213> *Bacillus thuringiensis*

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(1890)

ES 2 316 963 T3

<400> 2

5	atg agt gaa ttg aag ggg aaa ttt aag aaa agt act aat cga act tgt	48
	Met Ser Glu Leu Lys Gly Lys Phe Lys Lys Ser Thr Asn Arg Thr Cys	
	1 5 10 15	
10	tgt ttg cta aaa ata ata aat ata gga gga aga ggt atg aat tca aag	96
	Cys Leu Leu Lys Ile Ile Asn Ile Gly Gly Arg Gly Met Asn Ser Lys	
	20 25 30	
15	gaa cat gat tat cta aaa gtt tgt aat gat tta agt gac gcc aat att	144
	Glu His Asp Tyr Leu Lys Val Cys Asn Asp Leu Ser Asp Ala Asn Ile	
	35 40 45	
20	aat atg gaa cgg ttt gat aag aat gat gca ctg gaa att ggt atg tcc	192
	Asn Met Glu Arg Phe Asp Lys Asn Asp Ala Leu Glu Ile Gly Met Ser	
	50 55 60	
25	att gta tct gaa ctt att ggt atg att cca ggc gga aca gct ttg caa	240
	Ile Val Ser Glu Leu Ile Gly Met Ile Pro Gly Gly Thr Ala Leu Gln	
	65 70 75 80	
30	ttt gtg ttt aat caa ttg tgg tct cgt tta ggt gat tct gga tgg aat	288
	Phe Val Phe Asn Gln Leu Trp Ser Arg Leu Gly Asp Ser Gly Trp Asn	
	85 90 95	
35	gcg ttc atg gaa cat gtg gag gaa tta att gat act aaa ata gaa ggg	336
	Ala Phe Met Glu His Val Glu Glu Leu Ile Asp Thr Lys Ile Glu Gly	
	100 105 110	
40	tat gca aaa aat aaa gcc tta tct gaa tta gca ggt ata caa aga aac	384
	Tyr Ala Lys Asn Lys Ala Leu Ser Glu Leu Ala Gly Ile Gln Arg Asn	
	115 120 125	
45	ctt gaa aca tat ata caa tta cgt aat gaa tgg gaa aat gat att gaa	432
	Leu Glu Thr Tyr Ile Gln Leu Arg Asn Glu Trp Glu Asn Asp Ile Glu	
	130 135 140	
50	aac tca aag gct caa ggt aag gta gct aat tac tat gaa agt ctt gag	480
	Asn Ser Lys Ala Gln Gly Lys Val Ala Asn Tyr Tyr Glu Ser Leu Glu	
	145 150 155 160	
55	cag gcg gtt gaa agg agt atg cct caa ttt gca gtg gag aat ttt gaa	528
	Gln Ala Val Glu Arg Ser Met Pro Gln Phe Ala Val Glu Asn Phe Glu	
	165 170 175	
60	gta cca ctt tta act gtc tat gtg caa gct gct aat ctt cat tta tta	576
65		

ES 2 316 963 T3

	Val	Pro	Leu	Leu	Thr	Val	Tyr	Val	Gln	Ala	Ala	Asn	Leu	His	Leu	Leu	
				180					185					190			
5	tta	tta	aga	gat	gtt	tca	gtt	tat	gga	aag	tgt	tgg	gga	tgg	tog	gag	624
	Leu	Leu	Arg	Asp	Val	Ser	Val	Tyr	Gly	Lys	Cys	Trp	Gly	Trp	Ser	Glu	
			195					200					205				
	cag	aaa	att	aaa	att	tat	tat	gat	aaa	cag	att	aag	tat	acc	cat	gaa	672
	Gln	Lys	Ile	Lys	Ile	Tyr	Tyr	Asp	Lys	Gln	Ile	Lys	Tyr	Thr	His	Glu	
			210				215					220					
10	tac	aca	aat	cat	tgt	gta	aat	tgg	tat	aat	aaa	gga	ctt	gag	aga	tta	720
	Tyr	Thr	Asn	His	Cys	Val	Asn	Trp	Tyr	Asn	Lys	Gly	Leu	Glu	Arg	Leu	
						230					235					240	
	aaa	aat	aaa	ggt	tct	tct	tat	caa	gat	tgg	tac	aat	tat	aat	cgt	ttc	768
15	Lys	Asn	Lys	Gly	Ser	Ser	Tyr	Gln	Asp	Trp	Tyr	Asn	Tyr	Asn	Arg	Phe	
						245				250					255		
	cgt	aga	gaa	atg	act	ctt	act	ggt	tta	gat	atc	ggt	gct	tta	ttc	cag	816
	Arg	Arg	Glu	Met	Thr	Leu	Thr	Val	Leu	Asp	Ile	Val	Ala	Leu	Phe	Pro	
						260			265					270			
20	cac	tat	gat	gta	caa	act	tat	cca	ata	aca	acc	ggt	gct	cag	cta	aca	864
	His	Tyr	Asp	Val	Gln	Thr	Tyr	Pro	Ile	Thr	Thr	Val	Ala	Gln	Leu	Thr	
								280					285				
	agg	gaa	gtt	tat	acg	gat	cct	tta	ctt	aat	ttt	aat	cct	aaa	tta	cat	912
25	Arg	Glu	Val	Tyr	Thr	Asp	Pro	Leu	Leu	Asn	Phe	Asn	Pro	Lys	Leu	His	
							295					300					
	tct	gtg	tct	caa	tta	cct	agt	ttt	agt	gac	atg	gaa	aat	gca	aca	att	960
	Ser	Val	Ser	Gln	Leu	Pro	Ser	Phe	Ser	Asp	Met	Glu	Asn	Ala	Thr	Ile	
						310				315						320	
30	aga	act	cca	cat	ctg	atg	gaa	ttt	tta	aga	atg	cta	aca	att	tat	aca	1008
	Arg	Thr	Pro	His	Met	Glu	Phe	Leu	Arg	Met	Leu	Thr	Ile	Tyr	Thr		
						325				330					335		
	gat	tgg	tat	agt	gtg	gga	aga	aac	tat	tat	tgg	gga	gga	cat	cgc	gtg	1056
35	Asp	Trp	Tyr	Ser	Val	Gly	Arg	Asn	Tyr	Tyr	Trp	Gly	Gly	His	Arg	Val	
						340				345				350			
	acg	tct	tac	cat	gta	gga	gga	gag	aat	ata	aga	tca	cct	cta	tat	ggt	1104
	Thr	Ser	Tyr	His	Val	Gly	Gly	Glu	Asn	Ile	Arg	Ser	Pro	Leu	Tyr	Gly	
						355			360				365				
40	aga	gag	gca	aat	caa	gag	ggt	cct	aga	gat	ttt	tat	ttt	tat	gga	ccc	1152
	Arg	Glu	Ala	Asn	Gln	Glu	Val	Pro	Arg	Asp	Phe	Tyr	Phe	Tyr	Gly	Pro	
							375					380					
	gtt	ttt	aag	acg	tta	tca	aag	cag	act	cta	aga	cca	tta	cag	cag	cct	1200
45	Val	Phe	Lys	Thr	Leu	Ser	Lys	Pro	Thr	Leu	Arg	Pro	Leu	Gln	Gln	Pro	
							390				395					400	
	gca	cca	gct	cct	cct	ttt	aat	tta	cgt	agc	tta	gag	gga	gta	gaa	ttc	1248
	Ala	Pro	Ala	Pro	Pro	Phe	Asn	Leu	Arg	Ser	Leu	Glu	Gly	Val	Glu	Phe	
						405				410					415		
50	cac	act	cct	aca	ggt	agt	ttt	atg	tat	cgt	gaa	aga	gga	tog	gta	gat	1296
	His	Thr	Pro	Thr	Gly	Ser	Phe	Met	Tyr	Arg	Glu	Arg	Gly	Ser	Val	Asp	
						420				425				430			
	tct	ttt	aat	gag	ttg	cag	cct	ttt	aat	cca	ggt	ggg	tta	cct	cat	aag	1344
55	Ser	Phe	Asn	Glu	Leu	Pro	Pro	Phe	Asn	Pro	Val	Gly	Leu	Pro	His	Lys	
						435			440				445				
	gta	tac	agt	cac	cgt	tta	tgt	cat	gca	acg	ttt	ggt	cgt	aaa	tct	ggg	1392

ES 2 316 963 T3

```

Val Tyr Ser His Arg Leu Cys His Ala Thr Phe Val Arg Lys Ser Gly
450          455          460

acc cct tat tta aca aca ggt gcc atc ttt tct tgg aca cat cgt agt 1440
Thr Pro Tyr Leu Thr Thr Gly Ala Ile Phe Ser Trp Thr His Arg Ser
465          470          475          480

gct gaa gaa acc aat aca att gaa tca aat att att acg caa atc ccg 1488
Ala Glu Glu Thr Asn Thr Ile Glu Ser Asn Ile Ile Thr Gln Ile Pro
          485          490          495

tta gta aaa gca tat caa att ggg tca ggc act act gta agg aaa gga 1536
Leu Val Lys Ala Tyr Gln Ile Gly Ser Gly Thr Thr Val Arg Lys Gly
          500          505          510

cca gga ttc aca gga ggg gat ata ctt cga aga aca ggt cct gga aca 1584
Pro Gly Phe Thr Gly Gly Asp Ile Leu Arg Arg Thr Gly Pro Gly Thr
          515          520          525

ttt gga gat atg aga ata aat att aat gca cca tta tct caa aga tat 1632
Phe Gly Asp Met Arg Ile Asn Ile Asn Ala Pro Leu Ser Gln Arg Tyr
          530          535          540

cgt gta agg att cgt tat gct tct acg aca gat tta caa ttt gtc acg 1680
Arg Val Arg Ile Arg Tyr Ala Ser Thr Thr Asp Leu Gln Phe Val Thr
545          550          555          560

agt att aat ggg acc acc att aat att ggt aac ttc ccg aaa act att 1728
Ser Ile Asn Gly Thr Thr Ile Asn Ile Gly Asn Phe Pro Lys Thr Ile
          565          570          575

aat aat cta aat act tta ggt tct gag ggc tat aga aca gta tgg ttt 1776
Asn Asn Leu Asn Thr Leu Gly Ser Glu Gly Tyr Arg Thr Val Ser Phe
          580          585          590

agt act cca ttt agt ttc tca aat gca caa agc ata ttt aga tta ggt 1824
Ser Thr Pro Phe Ser Phe Ser Asn Ala Gln Ser Ile Phe Arg Leu Gly
          595          600          605

ata caa gca ttt tct gga gtt caa gaa gtt tat gtg gat aas att gaa 1872
Ile Gln Ala Phe Ser Gly Val Gln Glu Val Tyr Val Asp Lys Ile Glu
610          615          620

ttt att cct gtt gaa tag 1890
Phe Ile Pro Val Glu
625

```

<210> 3

45 <211> 629

<212> PRT

<213> *Bacillus thuringiensis*

50 <400> 3

```

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

```

ES 2 316 963 T3

Tyr Ala Lys Asn Lys Ala Leu Ser Glu Leu Ala Gly Ile Gln Arg Asn
 115 120 125
 Leu Glu Thr Tyr Ile Gln Leu Arg Asn Glu Trp Glu Asn Asp Ile Glu
 130 135 140
 Asn Ser Lys Ala Gln Gly Lys Val Ala Asn Tyr Glu Ser Leu Glu
 145 150 155 160
 Gln Ala Val Glu Arg Ser Met Pro Gln Phe Ala Val Glu Asn Phe Glu
 165 170 175
 Val Pro Leu Leu Thr Val Tyr Val Gln Ala Ala Asn Leu His Leu Leu
 180 185 190
 Leu Leu Arg Asp Val Ser Val Tyr Gly Lys Cys Trp Gly Trp Ser Glu
 195 200 205
 Gln Lys Ile Lys Ile Tyr Tyr Asp Lys Gln Ile Lys Tyr Thr His Glu
 210 215 220
 Tyr Thr Asn His Cys Val Asn Trp Tyr Asn Lys Gly Leu Glu Arg Leu
 225 230 235 240
 Lys Asn Lys Gly Ser Ser Tyr Gln Asp Trp Tyr Asn Tyr Asn Arg Phe
 245 250 255
 Arg Arg Glu Met Thr Leu Thr Val Leu Asp Ile Val Ala Leu Phe Pro
 260 265 270
 His Tyr Asp Val Gln Thr Tyr Pro Ile Thr Thr Val Ala Gln Leu Thr
 275 280 285
 Arg Glu Val Tyr Thr Asp Pro Leu Leu Asn Phe Asn Pro Lys Leu His
 290 295 300
 Ser Val Ser Gln Leu Pro Ser Phe Ser Asp Met Glu Asn Ala Thr Ile
 305 310 315 320
 Arg Thr Pro His Leu Met Glu Phe Leu Arg Met Leu Thr Ile Tyr Thr
 325 330 335
 Asp Trp Tyr Ser Val Gly Arg Asn Tyr Tyr Trp Gly Gly His Arg Val
 340 345 350
 Thr Ser Tyr His Val Gly Gly Glu Asn Ile Arg Ser Pro Leu Tyr Gly
 355 360 365
 Arg Glu Ala Asn Gln Glu Val Pro Arg Asp Phe Tyr Phe Tyr Gly Pro
 370 375 380
 Val Phe Lys Thr Leu Ser Lys Pro Thr Leu Arg Pro Leu Gln Gln Pro
 385 390 395 400
 Ala Pro Ala Pro Pro Phe Asn Leu Arg Ser Leu Glu Gly Val Glu Phe
 405 410 415
 His Thr Pro Thr Gly Ser Phe Met Tyr Arg Glu Arg Gly Ser Val Asp
 420 425 430
 Ser Phe Asn Glu Leu Pro Pro Phe Asn Pro Val Gly Leu Pro His Lys
 435 440 445
 Val Tyr Ser His Arg Leu Cys His Ala Thr Phe Val Arg Lys Ser Gly
 450 455 460
 Thr Pro Tyr Leu Thr Thr Gly Ala Ile Phe Ser Trp Thr His Arg Ser
 465 470 475 480
 Ala Glu Glu Thr Asn Thr Ile Glu Ser Asn Ile Ile Thr Gln Ile Pro
 485 490 495
 Leu Val Lys Ala Tyr Gln Ile Gly Ser Gly Thr Thr Val Arg Lys Gly
 500 505 510
 Pro Gly Phe Thr Gly Gly Asp Ile Leu Arg Arg Thr Gly Pro Gly Thr
 515 520 525
 Phe Gly Asp Met Arg Ile Asn Ile Asn Ala Pro Leu Ser Gln Arg Tyr
 530 535 540
 Arg Val Arg Ile Arg Tyr Ala Ser Thr Thr Asp Leu Gln Phe Val Thr
 545 550 555 560
 Ser Ile Asn Gly Thr Thr Ile Asn Ile Gly Asn Phe Pro Lys Thr Ile
 565 570 575
 Asn Asn Leu Asn Thr Leu Gly Ser Glu Gly Tyr Arg Thr Val Ser Phe
 580 585 590
 Ser Thr Pro Phe Ser Phe Ser Asn Ala Gln Ser Ile Phe Arg Leu Gly
 595 600 605
 Ile Gln Ala Phe Ser Gly Val Gln Glu Val Tyr Val Asp Lys Ile Glu
 610 615 620
 Phe Ile Pro Val Glu
 625

<210> 4

<211> 1806

<212> DNA

<213> *Bacillus thuringiensis*

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(1806)

ES 2 316 963 T3

<400> 4

5	atg aat tca aag gaa cat gat tat cta aaa gtt tgt aat gat tta agt 48 Met Asn Ser Lys Glu His Asp Tyr Leu Lys Val Cys Asn Asp Leu Ser 1 5 10 15
10	gac gcc aat att aat atg gaa cgg ttt gat aag aat gat gca ctg gaa 96 Asp Ala Asn Ile Asn Met Glu Arg Phe Asp Lys Asn Asp Ala Leu Glu 20 25 30
15	att ggt atg tcc att gta tct gaa ctt att ggt atg att cca ggc gga 144 Ile Gly Met Ser Ile Val Ser Glu Leu Ile Gly Met Ile Pro Gly Gly 35 40 45
20	aca gct ttg caa ttt gtg ttt aat caa ttg tgg tct cgt tta ggt gat 192 Thr Ala Leu Gln Phe Val Phe Asn Gln Leu Trp Ser Arg Leu Gly Asp 50 55 60
25	tct gga tgg aat gcg ttc atg gaa cat gtg gag gaa tta att gat act 240 Ser Gly Trp Asn Ala Phe Met Glu His Val Glu Glu Leu Ile Asp Thr 65 70 75 80
30	aaa ata gaa ggg tat gca aaa aat aaa gcc tta tct gaa tta gca ggt 288 Lys Ile Glu Gly Tyr Ala Lys Asn Lys Ala Leu Ser Glu Leu Ala Gly 85 90 95
35	ata caa aga aac ctt gaa aca tat ata caa tta cgt aat gaa tgg gaa 336 Ile Gln Arg Asn Leu Glu Thr Tyr Ile Gln Leu Arg Asn Glu Trp Glu 100 105 110
40	aat gat att gaa aac tca aag gct caa ggt aag gta gct aat tac tat 384 Asn Asp Ile Glu Asn Ser Lys Ala Gln Gly Lys Val Ala Asn Tyr Tyr 115 120 125
45	gaa agt ctt gag cag gcg gtt gaa agg agt atg cct caa ttt gca gtg 432 Glu Ser Leu Glu Gln Ala Val Glu Arg Ser Met Pro Gln Phe Ala Val 130 135 140
50	gag aat ttt gaa gta cca ctt tta act gtc tat gtg caa gct gct aat 480 Glu Asn Phe Glu Val Pro Leu Leu Thr Val Tyr Val Gln Ala Ala Asn 145 150 155 160
55	ctt cat tta tta tta tta aga gat gtt tca gtt tat gga aag tgt tgg 528 Leu His Leu Leu Leu Leu Arg Asp Val Ser Val Tyr Gly Lys Cys Trp 165 170 175
60	gga tgg tgg gag cag aaa att aaa att tat tat gat aaa cag att aag 576 Gly Trp Ser Glu Gln Lys Ile Lys Ile Tyr Tyr Asp Lys Gln Ile Lys 180 185 190
65	tat acc cat gaa tac aca aat cat tgt gta aat tgg tat aat aaa gga 624 Tyr Thr His Glu Tyr Thr Asn His Cys Val Asn Trp Tyr Asn Lys Gly 195 200 205
	ctt gag aga tta aaa aat aaa ggt tct tct tat caa gat tgg tac aat 672 Leu Glu Arg Leu Lys Asn Lys Gly Ser Ser Tyr Gln Asp Trp Tyr Asn 210 215 220
	tat aat cgt ttc cgt aga gaa atg act ctt act gtt tta gat atc gtt 720 Tyr Asn Arg Phe Arg Arg Glu Met Thr Leu Thr Val Leu Asp Ile Val

ES 2 316 963 T3

	225	230	235	240	
	gct tta ttc ccg cac tat gat gta caa act tat cca ata aca acc gtt				768
5	Ala Leu Phe Pro His Tyr Asp Val Gln Thr Tyr Pro Ile Thr Thr Val	245	250	255	
	gct cag cta aca egg gaa gtt tat acg gat cct tta ctt aat ttt aat				816
	Ala Gln Leu Thr Arg Glu Val Tyr Thr Asp Pro Leu Leu Asn Phe Asn	260	265	270	
10	cct aaa tta cat tct gtg tct caa tta cct agt ttt agt gac atg gaa				864
	Pro Lys Leu His Ser Val Ser Gln Leu Pro Ser Phe Ser Asp Met Glu	275	280	285	
	aat gca aca att aga act cca cat ctg atg gaa ttt tta aga atg cta				912
15	Asn Ala Thr Ile Arg Thr Pro His Leu Met Glu Phe Leu Arg Met Leu	290	295	300	
	aca att tat aca gat tgg tat agt gtg gga aga aac tat tat tgg gga				960
	Thr Ile Tyr Thr Asp Trp Tyr Ser Val Gly Arg Asn Tyr Tyr Trp Gly	305	310	315	320
20	gga cat cgc gtg acg tct tac cat gta gga gga gag aat ata aga tca				1008
	Gly His Arg Val Thr Ser Tyr His Val Gly Gly Glu Asn Ile Arg Ser	325	330	335	
	cct cta tat ggt aga gag gca aat caa gag gtt cct aga gat ttt tat				1056
25	Pro Leu Tyr Gly Arg Glu Ala Asn Gln Glu Val Pro Arg Asp Phe Tyr	340	345	350	
	ttt tat gga ccc gtt ttt aag acg tta tca aag ccg act cta aga cca				1104
	Phe Tyr Gly Pro Val Phe Lys Thr Leu Ser Lys Pro Thr Leu Arg Pro	355	360	365	
30	tta cag cag cct gca cca gct cct cct ttt aat tta cgt agc tta gag				1152
	Leu Gln Gln Pro Ala Pro Ala Pro Pro Phe Asn Leu Arg Ser Leu Glu	370	375	380	
	gga gta gaa ttc cac act cct aca ggt agt ttt atg tat cgt gaa aga				1200
35	Gly Val Glu Phe His Thr Pro Thr Gly Ser Phe Met Tyr Arg Glu Arg	385	390	395	400
	gga tog gta gat tct ttt aat gag ttg ccg cct ttt aat cca gtt ggg				1248
	Gly Ser Val Asp Ser Phe Asn Glu Leu Pro Pro Phe Asn Pro Val Gly	405	410	415	
40	tta cct cat aag gta tac agt cac cgt tta tgt cat gca acg ttt gtt				1296
	Leu Pro His Lys Val Tyr Ser His Arg Leu Cys His Ala Thr Phe Val	420	425	430	
	cgt aaa tct ggg acc cct tat tta aca aca ggt gcc atc ttt tct tgg				1344
45	Arg Lys Ser Gly Thr Pro Tyr Leu Thr Thr Gly Ala Ile Phe Ser Trp	435	440	445	
	aca cat cgt agt gct gaa gaa acc aat aca att gaa tca aat att att				1392
	Thr His Arg Ser Ala Glu Glu Thr Asn Thr Ile Glu Ser Asn Ile Ile	450	455	460	
50	acg caa atc ccg tta gta aaa gca tat caa att ggg tca ggc act act				1440
	Thr Gln Ile Pro Leu Val Lys Ala Tyr Gln Ile Gly Ser Gly Thr Thr	465	470	475	480
	gta agg aaa gga cca gga ttc aca gga ggg gat ata ctt cga aga aca				1488
	Val Arg Lys Gly Pro Gly Phe Thr Gly Gly Asp Ile Leu Arg Arg Thr	485	490	495	
55	ggg cct gga aca ttt gga gat atg aga ata aat att aat gca cca tta				1536
	Gly Pro Gly Thr Phe Gly Asp Met Arg Ile Asn Ile Asn Ala Pro Leu				

ES 2 316 963 T3

	500	505	510	
	tct caa aga tat cgt gta agg att cgt tat gct tct acg aca gat tta			1584
5	Ser Gln Arg Tyr Arg Val Arg Ile Arg Tyr Ala Ser Thr Thr Asp Leu			
	515	520	525	
	caa ttt gtc acg agt att aat ggg acc acc att aat att ggt aac ttc			1632
	Gln Phe Val Thr Ser Ile Asn Gly Thr Thr Ile Asn Ile Gly Asn Phe			
	530	535	540	
10	ccg aaa act att aat aat cta aat act tta ggt tct gag ggc tat aga			1680
	Pro Lys Thr Ile Asn Asn Leu Asn Thr Leu Gly Ser Glu Gly Tyr Arg			
	545	550	555	560
	aca gta tcg ttt agt act cca ttt agt ttc tca aat gca caa agc ata			1728
15	Thr Val Ser Phe Ser Thr Pro Phe Ser Phe Ser Asn Ala Gln Ser Ile			
	565	570	575	
	ttt aga tta ggt ata caa gca ttt tct gga gtt caa gaa gtt tat gtg			1776
	Phe Arg Leu Gly Ile Gln Ala Phe Ser Gly Val Gln Glu Val Tyr Val			
	580	585	590	
20	gat aaa att gaa ttt att cct gtt gaa tag			1806
	Asp Lys Ile Glu Phe Ile Pro Val Glu *			
	595	600		

25 <210> 5
 <211> 601
 <212> PRT
 <213> *Bacillus thuringiensis*
 30
 <400> 5

35	Met Asn Ser Lys Glu His Asp Tyr Leu Lys Val Cys Asn Asp Leu Ser
	1 5 10 15
	Asp Ala Asn Ile Asn Met Glu Arg Phe Asp Lys Asn Asp Ala Leu Glu
	20 25 30
	Ile Gly Met Ser Ile Val Ser Glu Leu Ile Gly Met Ile Pro Gly Gly
	35 40 45
40	Thr Ala Leu Gln Phe Val Phe Asn Gln Leu Trp Ser Arg Leu Gly Asp
	50 55 60
	Ser Gly Trp Asn Ala Phe Met Glu His Val Glu Glu Leu Ile Asp Thr
	65 70 75 80
	Lys Ile Glu Gly Tyr Ala Lys Asn Lys Ala Leu Ser Glu Leu Ala Gly
	85 90 95
45	Ile Gln Arg Asn Leu Glu Thr Tyr Ile Gln Leu Arg Asn Glu Trp Glu
	100 105 110
	Asn Asp Ile Glu Asn Ser Lys Ala Gln Gly Lys Val Ala Asn Tyr Tyr
	115 120 125
	Glu Ser Leu Glu Gln Ala Val Glu Arg Ser Met Pro Gln Phe Ala Val
	130 135 140
50	Glu Asn Phe Glu Val Pro Leu Leu Thr Val Tyr Val Gln Ala Ala Asn
	145 150 155 160
	Leu His Leu Leu Leu Leu Arg Asp Val Ser Val Tyr Gly Lys Cys Trp
	165 170 175
	Gly Trp Ser Glu Gln Lys Ile Lys Ile Tyr Tyr Asp Lys Gln Ile Lys
	180 185 190
55	Tyr Thr His Glu Tyr Thr Asn His Cys Val Asn Trp Tyr Asn Lys Gly
	195 200 205
	Leu Glu Arg Leu Lys Asn Lys Gly Ser Ser Tyr Gln Asp Trp Tyr Asn
	210 215 220
60	Tyr Asn Arg Phe Arg Arg Glu Met Thr Leu Thr Val Leu Asp Ile Val
	225 230 235 240
	Ala Leu Phe Pro His Tyr Asp Val Gln Thr Tyr Pro Ile Thr Thr Val
	245 250 255
	Ala Gln Leu Thr Arg Glu Val Tyr Thr Asp Pro Leu Leu Asn Phe Asn
	260 265 270
65	Pro Lys Leu His Ser Val Ser Gln Leu Pro Ser Phe Ser Asp Met Glu

ES 2 316 963 T3

275 280 285
 Asn Ala Thr Ile Arg Thr Pro His Leu Met Glu Phe Leu Arg Met Leu
 290 295 300
 Thr Ile Tyr Thr Asp Trp Tyr Ser Val Gly Arg Asn Tyr Tyr Trp Gly
 305 310 315 320
 Gly His Arg Val Thr Ser Tyr His Val Gly Glu Asn Ile Arg Ser
 325 330 335
 Pro Leu Tyr Gly Arg Glu Ala Asn Gln Glu Val Pro Arg Asp Phe Tyr
 340 345 350
 Phe Tyr Gly Pro Val Phe Lys Thr Leu Ser Lys Pro Thr Leu Arg Pro
 355 360 365
 Leu Gln Gln Pro Ala Pro Ala Pro Pro Phe Asn Leu Arg Ser Leu Glu
 370 375 380
 Gly Val Glu Phe His Thr Pro Thr Gly Ser Phe Met Tyr Arg Glu Arg
 385 390 395 400
 Gly Ser Val Asp Ser Phe Asn Glu Leu Pro Pro Phe Asn Pro Val Gly
 405 410 415
 Leu Pro His Lys Val Tyr Ser His Arg Leu Cys His Ala Thr Phe Val
 420 425 430
 Arg Lys Ser Gly Thr Pro Tyr Leu Thr Thr Gly Ala Ile Phe Ser Trp
 435 440 445
 Thr His Arg Ser Ala Glu Glu Thr Asn Thr Ile Glu Ser Asn Ile Ile
 450 455 460
 Thr Gln Ile Pro Leu Val Lys Ala Tyr Gln Ile Gly Ser Gly Thr Thr
 465 470 475 480
 Val Arg Lys Gly Pro Gly Phe Thr Gly Gly Asp Ile Leu Arg Arg Thr
 485 490 495
 Gly Pro Gly Thr Phe Gly Asp Met Arg Ile Asn Ile Asn Ala Pro Leu
 500 505 510
 Ser Gln Arg Tyr Arg Val Arg Ile Arg Tyr Ala Ser Thr Thr Asp Leu
 515 520 525
 Gln Phe Val Thr Ser Ile Asn Gly Thr Thr Ile Asn Ile Gly Asn Phe
 530 535 540
 Pro Lys Thr Ile Asn Asn Leu Asn Thr Leu Gly Ser Glu Gly Tyr Arg
 545 550 555 560
 Thr Val Ser Phe Ser Thr Pro Phe Ser Phe Ser Asn Ala Gln Ser Ile
 565 570 575
 Phe Arg Leu Gly Ile Gln Ala Phe Ser Gly Val Gln Glu Val Tyr Val
 580 585 590
 Asp Lys Ile Glu Phe Ile Pro Val Glu
 595 600

<210> 6

<211> 2208

<212> DNA

<213> *Bacillus thuringiensis*

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(2208)

<400> 6

atg aat caa aat aac gat aat aac gaa tat gaa att att gat tcg cat 48
 Met Asn Gln Asn Asn Asp Asn Asn Glu Tyr Glu Ile Ile Asp Ser His
 1 5 10 15
 acc tca cct tat ttt ccg aac aga aac agt aat gat tct aga tac cct 96
 Thr Ser Pro Tyr Phe Pro Asn Arg Asn Ser Asn Asp Ser Arg Tyr Pro
 20 25 30
 tac aca aat aat cca aat caa cca tta caa aac aca aat tac aaa gag 144
 Tyr Thr Asn Asn Pro Asn Gln Pro Leu Gln Asn Thr Asn Tyr Lys Glu
 35 40 45
 tgg ctc aat atg tgt caa ggg aat aca caa tat ggt gat aat ttc gag 192
 Trp Leu Asn Met Cys Gln Gly Asn Thr Gln Tyr Gly Asp Asn Phe Glu
 50 55 60

ES 2 316 963 T3

5
 10
 15
 20
 25
 30
 35
 40
 45
 50
 55
 60
 65

```

aca ttt gct agt gct gat aca att gct gca gtt agt gca ggt act att 240
Thr Phe Ala Ser Ala Asp Thr Ile Ala Ala Val Ser Ala Gly Thr Ile
65 70 75 80

gta tcc ggt act ctg tta gcc ggt ata ggt ggg ctc act tct ata tcc 288
Val Ser Gly Thr Leu Leu Ala Gly Ile Gly Gly Leu Thr Ser Ile Ser
85 90 95

gga ccg ata gga ata ata ggt gct ata ata ata tct ttt ggt acc cta 336
Gly Pro Ile Gly Ile Ile Gly Ala Ile Ile Ile Ser Phe Gly Thr Leu
100 105 110

atc act gtc ttt tgg ccc gcg gga gaa caa gac aaa aca gta tgg aca 384
Ile Thr Val Phe Trp Pro Ala Gly Glu Gln Asp Lys Thr Val Trp Thr
115 120 125

caa ttt att aaa atg gga gaa att ttt gtt gat aca ccg tta aca gaa 432
Gln Phe Ile Lys Met Gly Glu Ile Phe Val Asp Thr Pro Leu Thr Glu
130 135 140

agc ata aaa cag cta aag tta caa act tta gaa gga ttt aga caa ata 480
Ser Ile Lys Gln Leu Lys Leu Gln Thr Leu Glu Gly Phe Arg Gln Ile
145 150 155 160

tta caa agc tat aat aca gca tta gat gat tgg aga aaa tta aaa aga 528
Leu Gln Ser Tyr Asn Thr Ala Leu Asp Asp Trp Arg Lys Leu Lys Arg
165 170 175

cta caa gct cct gga tta cca cca tca tca gca tta caa caa gct gcc 576
Leu Gln Ala Pro Gly Leu Pro Pro Ser Ser Ala Leu Gln Gln Ala Ala
180 185 190

ttg act ctt aaa ata cga ttt gag aat gtt cac aat gat ttt att cga 624
Leu Thr Leu Lys Ile Arg Phe Glu Asn Val His Asn Asp Phe Ile Arg
195 200 205

gaa ata cct ggt ttc caa ctt gaa act tat aaa acg cta tta cta cct 672
Glu Ile Pro Gly Phe Gln Leu Glu Thr Tyr Lys Thr Leu Leu Leu Pro
210 215 220

att tat gcg caa gct gct aat ttt car tta aat tta tta caa caa ggt 720
Ile Tyr Ala Gln Ala Ala Asn Phe His Leu Asn Leu Leu Gln Gln Gly
225 230 235 240

gct gaa ttg gct gat gaa tgg aat gca gat ata cat cct tca caa att 768
Ala Glu Leu Ala Asp Glu Trp Asn Ala Asp Ile His Pro Ser Gln Ile
245 250 255

gaa cct aat gct gga aca tca gat gac tat tat aaa ctt tta aaa gaa 816
Glu Pro Asn Ala Gly Thr Ser Asp Asp Tyr Tyr Lys Leu Leu Lys Glu
260 265 270

aat ata cct aaa tat agt aac tat tgt gca aat acc tat aga aca gga 864
Asn Ile Pro Lys Tyr Ser Asn Tyr Cys Ala Asn Thr Tyr Arg Thr Gly
275 280 285

cta aaa aat ctt aga gac gaa cca aat atg aaa tgg agt ata ttt aat 912
Leu Lys Asn Leu Arg Asp Glu Pro Asn Met Lys Trp Ser Ile Phe Asn
290 295 300

gac tat cga aga tat atg acc att act gta tta gat acc atc tct caa 960
Asp Tyr Arg Arg Tyr Met Thr Ile Thr Val Leu Asp Thr Ile Ser Gln
305 310 315 320

ttt tct tta tat gat ata aaa aga tat aga gat tca ata gga gga ata 1008
Phe Ser Leu Tyr Asp Ile Lys Arg Tyr Arg Asp Ser Ile Gly Gly Ile
325 330 335
  
```

ES 2 316 963 T3

		gaa gta aaa ggc att aag aat gaa ctc aca aga gaa att tat aca act	1056
		Glu Val Lys Gly Ile Lys Asn Glu Leu Thr Arg Glu Ile Tyr Thr Thr	
		340 345 350	
5		gaa ata aat ttt gat cgt ctt cct caa ctt aga gtt caa ccc aat cta	1104
		Glu Ile Asn Phe Asp Arg Leu Pro Gln Leu Arg Val Gln Pro Asn Leu	
		355 360 365	
10		gct acg atg gaa tat aat tta aca cgt gca agt ttt aaa tta ttt tca	1152
		Ala Thr Met Glu Tyr Asn Leu Thr Arg Ala Ser Phe Lys Leu Phe Ser	
		370 375 380	
		tct tta gaa caa ttt att ttt tat aca gaa aat aca aat ttc ggg aat	1200
		Phe Leu Glu Gln Phe Ile Phe Tyr Thr Glu Asn Thr Asn Phe Gly Asn	
		385 390 395 400	
15		cgt tta gtt ggt att tct aat cgt gat gca cct act tat agc aat act	1248
		Arg Leu Val Gly Ile Ser Asn Arg Asp Ala Pro Thr Tyr Ser Asn Thr	
		405 410 415	
20		ata act gaa act tta tat gga gaa aga aca ggt tca ccc aca aca aaa	1296
		Ile Thr Glu Thr Leu Tyr Gly Glu Arg Thr Gly Ser Pro Thr Thr Lys	
		420 425 430	
		aca ata aga cca ttt gaa tct tat aaa gtt tca att gta act gat aga	1344
		Thr Ile Arg Pro Phe Glu Ser Tyr Lys Val Ser Ile Val Thr Asp Arg	
		435 440 445	
25		caa tca cct cct gtt tcc cct att caa cca cac ttt ata att aat caa	1392
		Gln Ser Pro Pro Val Ser Pro Ile Gln Pro His Phe Ile Ile Asn Gln	
		450 455 460	
30		att gaa ctt tat tta aat ggc tca tct aac aac aca ctc aaa tat tca	1440
		Ile Glu Leu Tyr Leu Asn Gly Ser Ser Asn Asn Thr Leu Lys Tyr Ser	
		465 470 475 480	
		gca gga ggg tct tta tct aat tat caa aac aca act ttt ttt caa ttt	1488
		Ala Gly Gly Ser Leu Ser Asn Tyr Gln Asn Thr Thr Phe Phe Gln Phe	
		485 490 495	
35		cct aga aaa aaa gac tgc aat cta gtt att gat cca ggt tgt tca cca	1536
		Pro Arg Lys Lys Asp Cys Asn Leu Val Ile Asp Pro Gly Cys Ser Pro	
		500 505 510	
40		aac ttt aat aac tat agt cat att tta tcc cat ttt tca tta ttt act	1584
		Asn Phe Asn Asn Tyr Ser His Ile Leu Ser His Phe Ser Leu Phe Thr	
		515 520 525	
		tat tcc tat gtg att gga tta cag cta caa ata tta gat aca ggt gta	1632
		Tyr Ser Tyr Val Ile Gly Leu Gln Leu Gln Ile Leu Asp Thr Gly Val	
		530 535 540	
45		tta gga tgg aca cac agt agt gtt gat aga tat aat gca ata tca gat	1680
		Leu Gly Trp Thr His Ser Ser Val Asp Arg Tyr Asn Ala Ile Ser Asp	
		545 550 555 560	
		aaa ata att aca atg atc cca gca atc aaa ggt aac aat ctt gat aca	1728
		Lys Ile Ile Thr Met Ile Pro Ala Ile Lys Gly Asn Asn Leu Asp Thr	
		565 570 575	
50		aac tct aag gta att gaa gga cct ggt cat aca gga gga aac ttg gtt	1776
		Asn Ser Lys Val Ile Glu Gly Pro Gly His Thr Gly Gly Asn Leu Val	
		580 585 590	
55		tat tta caa agt caa ggg cgt tta gaa att aca tgt gaa act cct aat	1824
		Tyr Leu Gln Ser Gln Gly Arg Leu Glu Ile Thr Cys Glu Thr Pro Asn	
		595 600 605	

ES 2 316 963 T3

tct aca caa tct tat ttc att aga ctt cga tat gct aca aat ggt gct 1872
 Ser Thr Gln Ser Tyr Phe Ile Arg Leu Arg Tyr Ala Thr Asn Gly Ala
 610 615 620
 5 gga aat act ctt cct aat ata tct ctt aca ata cca gga gta ata gga 1920
 Gly Asn Thr Leu Pro Asn Ile Ser Leu Thr Ile Pro Gly Val Ile Gly
 625 630 635 640
 10 ata cca cct caa cga ctc aac aac act ttt tct ggt aca aat tat aat 1968
 Ile Pro Pro Gln Arg Leu Asn Asn Thr Phe Ser Gly Thr Asn Tyr Asn
 645 650 655
 aat tta caa tac gga gat ttt ggg tat ttc caa ttt cca agt aca gta 2016
 Asn Leu Gln Tyr Gly Asp Phe Gly Tyr Phe Gln Phe Pro Ser Thr Val
 660 665 670
 15 aca tta cct tta aat cga aac ata cca ttt ata ttt aat cgt gca gat 2064
 Thr Leu Pro Leu Asn Arg Asn Ile Pro Phe Ile Phe Asn Arg Ala Asp
 675 680 685
 20 gta tca aat tca att tta atc att gat aaa att gaa ttt ata cca att 2112
 Val Ser Asn Ser Ile Leu Ile Ile Asp Lys Ile Glu Phe Ile Pro Ile
 690 695 700
 act tcc tct atg cac caa aat aga gaa aaa caa aaa tta gaa act atc 2160
 Thr Ser Ser Met His Gln Asn Arg Glu Lys Gln Lys Leu Glu Thr Ile
 705 710 715 720
 25 caa aca aaa ata aat aca ttt ttc aca aat cat aca aaa aca ctt tga 2208
 Gln Thr Lys Ile Asn Thr Phe Phe Thr Asn His Thr Lys Thr Leu *
 725 730 735

30 <210> 7
 <211> 735
 <212> PRT
 35 <213> *Bacillus thuringiensis*
 <400> 7

40 Met Asn Gln Asn Asn Asp Asn Asn Glu Tyr Glu Ile Ile Asp Ser His
 1 5 10 15
 Thr Ser Pro Tyr Phe Pro Asn Arg Asn Ser Asn Asp Ser Arg Tyr Pro
 20 25 30
 Tyr Thr Asn Asn Pro Asn Gln Pro Leu Gln Asn Thr Asn Tyr Lys Glu
 35 40 45
 45 Trp Leu Asn Met Cys Gln Gly Asn Thr Gln Tyr Gly Asp Asn Phe Glu
 50 55 60
 Thr Phe Ala Ser Ala Asp Thr Ile Ala Ala Val Ser Ala Gly Thr Ile
 65 70 75 80
 Val Ser Gly Thr Leu Leu Ala Gly Ile Gly Gly Leu Thr Ser Ile Ser
 85 90 95
 50 Gly Pro Ile Gly Ile Ile Gly Ala Ile Ile Ile Ser Phe Gly Thr Leu
 100 105 110
 Ile Thr Val Phe Trp Pro Ala Gly Glu Gln Asp Lys Thr Val Trp Thr
 115 120 125
 Gln Phe Ile Lys Met Gly Glu Ile Phe Val Asp Thr Pro Leu Thr Glu
 130 135 140
 55 Ser Ile Lys Gln Leu Lys Leu Gln Thr Leu Glu Gly Phe Arg Gln Ile
 145 150 155 160
 Leu Gln Ser Tyr Asn Thr Ala Leu Asp Asp Trp Arg Lys Leu Lys Arg
 165 170 175
 60 Leu Gln Ala Pro Gly Leu Pro Pro Ser Ser Ala Leu Gln Gln Ala Ala
 180 185 190
 Leu Thr Leu Lys Ile Arg Phe Glu Asn Val His Asn Asp Phe Ile Arg
 195 200 205
 Glu Ile Pro Gly Phe Gln Leu Glu Thr Tyr Lys Thr Leu Leu Leu Pro

ES 2 316 963 T3

210 215 220
 Ile Tyr Ala Gln Ala Ala Asn Phe His Leu Asn Leu Leu Gln Gln Gly
 225 230 235 240
 Ala Glu Leu Ala Asp Glu Trp Asn Ala Asp Ile His Pro Ser Gln Ile
 245 250 255
 Glu Pro Asn Ala Gly Thr Ser Asp Asp Tyr Tyr Lys Leu Leu Lys Glu
 260 265 270
 Asn Ile Pro Lys Tyr Ser Asn Tyr Cys Ala Asn Thr Tyr Arg Thr Gly
 275 280 285
 Leu Lys Asn Leu Arg Asp Glu Pro Asn Met Lys Trp Ser Ile Phe Asn
 290 295 300
 Asp Tyr Arg Arg Tyr Met Thr Ile Thr Val Leu Asp Thr Ile Ser Gln
 305 310 315 320
 Phe Ser Leu Tyr Asp Ile Lys Arg Tyr Arg Asp Ser Ile Gly Gly Ile
 325 330 335
 Glu Val Lys Gly Ile Lys Asn Glu Leu Thr Arg Glu Ile Tyr Thr Thr
 340 345 350
 Glu Ile Asn Phe Asp Arg Leu Pro Gln Leu Arg Val Gln Pro Asn Leu
 355 360 365
 Ala Thr Met Glu Tyr Asn Leu Thr Arg Ala Ser Phe Lys Leu Phe Ser
 370 375 380
 Phe Leu Glu Gln Phe Ile Phe Tyr Thr Glu Asn Thr Asn Phe Gly Asn
 385 390 395 400
 Arg Leu Val Gly Ile Ser Asn Arg Asp Ala Pro Thr Tyr Ser Asn Thr
 405 410 415
 Ile Thr Glu Thr Leu Tyr Gly Glu Arg Thr Gly Ser Pro Thr Thr Lys
 420 425 430
 Thr Ile Arg Pro Phe Glu Ser Tyr Lys Val Ser Ile Val Thr Asp Arg
 435 440 445
 Gln Ser Pro Pro Val Ser Pro Ile Gln Pro His Phe Ile Ile Asn Gln
 450 455 460
 Ile Glu Leu Tyr Leu Asn Gly Ser Ser Asn Asn Thr Leu Lys Tyr Ser
 465 470 475 480
 Ala Gly Gly Ser Leu Ser Asn Tyr Gln Asn Thr Thr Phe Phe Gln Phe
 485 490 495
 Pro Arg Lys Lys Asp Cys Asn Leu Val Ile Asp Pro Gly Cys Ser Pro
 500 505 510
 Asn Phe Asn Asn Tyr Ser His Ile Leu Ser His Phe Ser Leu Phe Thr
 515 520 525
 Tyr Ser Tyr Val Ile Gly Leu Gln Leu Gln Ile Leu Asp Thr Gly Val
 530 535 540
 Leu Gly Trp Thr His Ser Ser Val Asp Arg Tyr Asn Ala Ile Ser Asp
 545 550 555 560
 Lys Ile Ile Thr Met Ile Pro Ala Ile Lys Gly Asn Asn Leu Asp Thr
 565 570 575
 Asn Ser Lys Val Ile Glu Gly Pro Gly His Thr Gly Gly Asn Leu Val
 580 585 590
 Tyr Leu Gln Ser Gln Gly Arg Leu Glu Ile Thr Cys Glu Thr Pro Asn
 595 600 605
 Ser Thr Gln Ser Tyr Phe Ile Arg Leu Arg Tyr Ala Thr Asn Gly Ala
 610 615 620
 Gly Asn Thr Leu Pro Asn Ile Ser Leu Thr Ile Pro Gly Val Ile Gly
 625 630 635 640
 Ile Pro Pro Gln Arg Leu Asn Asn Thr Phe Ser Gly Thr Asn Tyr Asn
 645 650 655
 Asn Leu Gln Tyr Gly Asp Phe Gly Tyr Phe Gln Phe Pro Ser Thr Val
 660 665 670
 Thr Leu Pro Leu Asn Arg Asn Ile Pro Phe Ile Phe Asn Arg Ala Asp
 675 680 685
 Val Ser Asn Ser Ile Leu Ile Ile Asp Lys Ile Glu Phe Ile Pro Ile
 690 695 700
 Thr Ser Ser Met His Gln Asn Arg Glu Lys Gln Lys Leu Glu Thr Ile
 705 710 715 720
 Gln Thr Lys Ile Asn Thr Phe Phe Thr Asn His Thr Lys Thr Leu
 725 730 735

<210> 8

<211> 2235

<212> DNA

<213> *Bacillus thuringiensis*

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(2235)

ES 2 316 963 T3

<400> 8

5	gtg aat caa aat aat aat aat gaa tat gag att atc gat tca aag aat 48 Met Asn Gln Asn Asn Asn Glu Tyr Glu Ile Ile Asp Ser Lys Asn 1 5 10 15
10	tta tct tat cct tct aac aga aat att gat cat tct aga tac cct tac 96 Leu Ser Tyr Pro Ser Asn Arg Asn Ile Asp His Ser Arg Tyr Pro Tyr 20 25 30
15	aca aat aat cca aat caa cca tta caa aac aca aat tac aaa gag tgg 144 Thr Asn Asn Pro Asn Gln Pro Leu Gln Asn Thr Asn Tyr Lys Glu Trp 35 40 45
20	ctc aat atg tgt caa ggg aat aca caa tat ggt gat aat ttc gag aca 192 Leu Asn Met Cys Gln Gly Asn Thr Gln Tyr Gly Asp Asn Phe Glu Thr 50 55 60
25	ttt gct agt gct gat aca att gct gca gtt agt gca ggt act att gta 240 Phe Ala Ser Ala Asp Thr Ile Ala Ala Val Ser Ala Gly Thr Ile Val 65 70 75 80
30	tcc ggt act ctg tta gcc ggt ata ggt ggg ctc act tct ata tcc gga 288 Ser Gly Thr Leu Leu Ala Gly Ile Gly Gly Leu Thr Ser Ile Ser Gly 85 90 95
35	ccg ata gga ata ata ggt gct ata ata ata tct ttt ggt acc cta atc 336 Pro Ile Gly Ile Ile Gly Ala Ile Ile Ile Ser Phe Gly Thr Leu Ile 100 105 110
40	act gtc ttt tgg ccc gcg gga gaa caa gac aaa aca gta tgg aca caa 384 Thr Val Phe Trp Pro Ala Gly Glu Gln Asp Lys Thr Val Trp Thr Gln 115 120 125
45	ttt att aaa atg gga gaa att ttt gtt gat aca cgg tta aca gaa agc 432 Phe Ile Lys Met Gly Glu Ile Phe Val Asp Thr Pro Leu Thr Glu Ser 130 135 140
50	ata aaa cag cta aag tta caa act tta gaa gga ttt aga caa ata tta 480 Ile Lys Gln Leu Lys Leu Gln Thr Leu Glu Gly Phe Arg Gln Ile Leu 145 150 155 160
55	caa agc tat aat aca gca tta gat gat tgg aga aaa tta aaa aga cta 528 Gln Ser Tyr Asn Thr Ala Leu Asp Asp Trp Arg Lys Leu Lys Arg Leu 165 170 175
60	caa gct cct gga tta cca cca tca tca gca tta caa caa gct gcc ttg 576 Gln Ala Pro Gly Leu Pro Pro Ser Ser Ala Leu Gln Gln Ala Ala Leu 180 185 190
65	act ctt aaa ata cga ttt gag aat gtt cac aat gat ttt att cga gaa 624 Thr Leu Lys Ile Arg Phe Glu Asn Val His Asn Asp Phe Ile Arg Glu 195 200 205
70	ata cct ggt ttc caa ctt gaa act tat aaa acg cta tta cta cct att 672 Ile Pro Gly Phe Gln Leu Glu Thr Tyr Lys Thr Leu Leu Leu Pro Ile 210 215 220
75	tat gcg caa gct gct aat ttt cat tta aat tta tta caa caa ggt gct 720 Tyr Ala Gln Ala Ala Asn Phe His Leu Asn Leu Leu Gln Gln Gly Ala 225 230 235 240

ES 2 316 963 T3

		gaa ttg gct gat gaa tgg aat gca gat ata cat cct tca caa att gaa	768
		Glu Leu Ala Asp Glu Trp Asn Ala Asp Ile His Pro Ser Gln Ile Glu	
		245 250 255	
5		cct aat gct gga aca tca gat gac tat tat aaa ctt tta aaa gaa aat	816
		Pro Asn Ala Gly Thr Ser Asp Asp Tyr Tyr Lys Leu Leu Lys Glu Asn	
		260 265 270	
10		ata cct aaa tat agt aac tat tgt gca aat acc tat aga gaa gga cta	864
		Ile Pro Lys Tyr Ser Asn Tyr Cys Ala Asn Thr Tyr Arg Glu Gly Leu	
		275 280 285	
		aat aaa ctt cga aac gaa cct aat atg aga tgg agt ata ttt aat gat	912
		Asn Lys Leu Arg Asn Glu Pro Asn Met Arg Trp Ser Ile Phe Asn Asp	
		290 295 300	
15		tat cga aga tat atg act att act gta tta gat act atc gct caa ttt	960
		Tyr Arg Arg Tyr Met Thr Ile Thr Val Leu Asp Thr Ile Ala Gln Phe	
		305 310 315 320	
20		tct ttt tat gat ata aag aga tac aaa gat tca ata gga aga ata ggt	1008
		Ser Phe Tyr Asp Ile Lys Arg Tyr Lys Asp Ser Ile Gly Arg Ile Gly	
		325 330 335	
		ggc att aaa act gaa ctt aca aga gaa att tat aca act gaa ata aat	1056
		Gly Ile Lys Thr Glu Leu Thr Arg Glu Ile Tyr Thr Thr Glu Ile Asn	
		340 345 350	
25		ttt gac cgt ctt act tac ctt gaa att caa ccc aat ctc gct ata atg	1104
		Phe Asp Arg Leu Thr Tyr Leu Glu Ile Gln Pro Asn Leu Ala Ile Met	
		355 360 365	
		gaa tat aat tta aca cgt tca ggg ctt aga tta ttt tca ttt tta gat	1152
		Glu Tyr Asn Leu Thr Arg Ser Gly Leu Arg Leu Phe Ser Phe Leu Asp	
		370 375 380	
30		gaa ctt ata ttt tat aca aaa aat gaa acg tac ggg aat cgt tta gtt	1200
		Glu Leu Ile Phe Tyr Thr Lys Asn Glu Thr Tyr Gly Asn Arg Leu Val	
		385 390 395 400	
35		ggc att ggc aat cgt aat aga tct act tat gct acg aca gga act gaa	1248
		Gly Ile Ala Asn Arg Asn Arg Ser Thr Tyr Ala Thr Thr Gly Thr Glu	
		405 410 415	
		att ata tat gga gaa aga aca ggt cca ccc aca aca aaa act tta ata	1296
		Ile Ile Tyr Gly Glu Arg Thr Gly Pro Pro Thr Thr Lys Thr Leu Ile	
		420 425 430	
40		cca ttt gaa tcc tat aaa gtt tca att gta act gat aga caa gta act	1344
		Pro Phe Glu Ser Tyr Lys Val Ser Ile Val Thr Asp Arg Gln Val Thr	
		435 440 445	
45		cct act tcc cct ttt cct aac ata tac ttt aca att aat caa att gaa	1392
		Pro Thr Ser Pro Phe Pro Asn Ile Tyr Phe Thr Ile Asn Gln Ile Glu	
		450 455 460	
		ctt tat tta aat aat tca cct agt aat aaa tta aca tat tca gct ggg	1440
		Leu Tyr Leu Asn Asn Ser Pro Ser Asn Lys Leu Thr Tyr Ser Ala Gly	
		465 470 475 480	
50		ggg aat tta tct aat gat aaa aaa aca act gat ttt caa ttt cct gta	1488
		Gly Asn Leu Ser Asn Asp Lys Lys Thr Thr Asp Phe Gln Phe Pro Val	
		485 490 495	
55		aaa aaa gac tgt aaa cca att att aat cca aat tgt tta cca agc tat	1536
		Lys Lys Asp Cys Lys Pro Ile Ile Asn Pro Asn Cys Leu Pro Ser Tyr	
		500 505 510	

ES 2 316 963 T3

	aat agt tat agt cat att tta tcc cag ttt tct tta ttt aat tat tcc	1584
	Asn Ser Tyr Ser His Ile Leu Ser Gln Phe Ser Leu Phe Asn Tyr Ser	
	515 520 525	
5	tat aaa att gga tta gcg cta aat ata tta tat aca ggt gca tta gga	1632
	Tyr Lys Ile Gly Leu Ala Leu Asn Ile Leu Tyr Thr Gly Ala Leu Gly	
	530 535 540	
10	tgg aca cac agt agt gtt aat aga aat aat gca ata tca gat aaa ata	1680
	Trp Thr His Ser Ser Val Asn Arg Asn Asn Ala Ile Ser Asp Lys Ile	
	545 550 555 560	
	att aca atg atc cca gca atc aaa ggt aac agt ctt gat aca aac tct	1728
	Ile Thr Met Ile Pro Ala Ile Lys Gly Asn Ser Leu Asp Thr Asn Ser	
	565 570 575	
15	aag gta att gaa gga cct ggt cat aca gga gga aac ttg gtt tat tta	1776
	Lys Val Ile Glu Gly Pro Gly His Thr Gly Gly Asn Leu Val Tyr Leu	
	580 585 590	
20	caa agt caa ggg cgt tta gag att aca tgt aga act cct aat tct aca	1824
	Gln Ser Gln Gly Arg Leu Glu Ile Thr Cys Arg Thr Pro Asn Ser Thr	
	595 600 605	
	caa tct tat tac att aga ctt cga tac gct aca aat ggt gct gga aat	1872
	Gln Ser Tyr Tyr Ile Arg Leu Arg Tyr Ala Thr Asn Gly Ala Gly Asn	
	610 615 620	
25	act ctt cct aat ata tct ctt aca ata cca gga gta ata gga ata cca	1920
	Thr Leu Pro Asn Ile Ser Leu Thr Ile Pro Gly Val Ile Gly Ile Pro	
	625 630 635 640	
30	cct caa cga ctc aac aac act ttt tct ggt aca aat tat aat aat tta	1968
	Pro Gln Arg Leu Asn Asn Thr Phe Ser Gly Thr Asn Tyr Asn Asn Leu	
	645 650 655	
	caa tac gga gat ttt ggg tat ttc caa ttt cca agt aca gta aca tta	2016
	Gln Tyr Gly Asp Phe Gly Tyr Phe Gln Phe Pro Ser Thr Val Thr Leu	
	660 665 670	
35	cct tta aat cga aac ata cca ttt ata ttt aat cgt gca gat gta tca	2064
	Pro Leu Asn Arg Asn Ile Pro Phe Ile Phe Asn Arg Ala Asp Val Ser	
	675 680 685	
40	aat tca att tta atc att gat aaa att gaa ttt ata cca att act tcc	2112
	Asn Ser Ile Leu Ile Ile Asp Lys Ile Glu Phe Ile Pro Ile Thr Ser	
	690 695 700	
	tct gta cgc caa aat aga gaa aaa caa aaa tta gaa act atc caa aca	2160
	Ser Val Arg Gln Asn Arg Glu Lys Gln Lys Leu Glu Thr Ile Gln Thr	
	705 710 715 720	
45	aaa ata aat aca ttt ttc aca aat cat aca aaa aat act tta aat ata	2208
	Lys Ile Asn Thr Phe Phe Thr Asn His Thr Lys Asn Thr Leu Asn Ile	
	725 730 735	
50	gaa gcc aca aac tat gat att gat taa	2235
	Glu Ala Thr Asn Tyr Asp Ile Asp *	
	740	

<210> 9

<211> 774

55 <212> PRT

<213> *Bacillus thuringiensis*

60

65

ES 2 316 963 T3

<400> 9

	Met	Asn	Gln	Asn	Asn	Asn	Asn	Glu	Tyr	Glu	Ile	Ile	Asp	Ser	Lys	Asn
	1			5						10					15	
5	Leu	Ser	Tyr	Pro	Ser	Asn	Arg	Asn	Ile	Asp	His	Ser	Arg	Tyr	Pro	Tyr
				20					25					30		
	Thr	Asn	Asn	Pro	Asn	Gln	Pro	Leu	Gln	Asn	Thr	Asn	Tyr	Lys	Glu	Trp
				35				40					45			
	Leu	Asn	Met	Cys	Gln	Gly	Asn	Thr	Gln	Tyr	Gly	Asp	Asn	Phe	Glu	Thr
	50					55						60				
10	Phe	Ala	Ser	Ala	Asp	Thr	Ile	Ala	Ala	Val	Ser	Ala	Gly	Thr	Ile	Val
	65					70					75				80	
	Ser	Gly	Thr	Leu	Leu	Ala	Gly	Ile	Gly	Gly	Leu	Thr	Ser	Ile	Ser	Gly
				85					90					95		
	Pro	Ile	Gly	Ile	Ile	Gly	Ala	Ile	Ile	Ile	Ser	Phe	Gly	Thr	Leu	Ile
				100					105					110		
15	Thr	Val	Phe	Trp	Pro	Ala	Gly	Glu	Gln	Asp	Lys	Thr	Val	Trp	Thr	Gln
				115					120				125			
	Phe	Ile	Lys	Met	Gly	Glu	Ile	Phe	Val	Asp	Thr	Pro	Leu	Thr	Glu	Ser
	130					135						140				
	Ile	Lys	Gln	Leu	Lys	Leu	Gln	Thr	Leu	Glu	Gly	Phe	Arg	Gln	Ile	Leu
	145				150					155					160	
20	Gln	Ser	Tyr	Asn	Thr	Ala	Leu	Asp	Asp	Trp	Arg	Lys	Leu	Lys	Arg	Leu
				165					170					175		
	Gln	Ala	Pro	Gly	Leu	Pro	Pro	Ser	Ser	Ala	Leu	Gln	Gln	Ala	Ala	Leu
				180					185					190		
	Thr	Leu	Lys	Ile	Arg	Phe	Glu	Asn	Val	His	Asn	Asp	Phe	Ile	Arg	Glu
				195				200					205			
25	Ile	Pro	Gly	Phe	Gln	Leu	Glu	Thr	Tyr	Lys	Thr	Leu	Leu	Leu	Pro	Ile
				210			215					220				
	Tyr	Ala	Gln	Ala	Ala	Asn	Phe	His	Leu	Asn	Leu	Gln	Gln	Gly	Ala	
	225				230					235					240	
	Glu	Leu	Ala	Asp	Glu	Trp	Asn	Ala	Asp	Ile	His	Pro	Ser	Gln	Ile	Glu
				245						250					255	
30	Pro	Asn	Ala	Gly	Thr	Ser	Asp	Asp	Tyr	Tyr	Lys	Leu	Leu	Lys	Glu	Asn
				260				265						270		
	Ile	Pro	Lys	Tyr	Ser	Asn	Tyr	Cys	Ala	Asn	Thr	Tyr	Arg	Glu	Gly	Leu
				275				280					285			
	Asn	Lys	Leu	Arg	Asn	Glu	Pro	Asn	Met	Arg	Trp	Ser	Ile	Phe	Asn	Asp
				290			295					300				
35	Tyr	Arg	Arg	Tyr	Met	Thr	Ile	Thr	Val	Leu	Asp	Thr	Ile	Ala	Gln	Phe
					310						315				320	
	Ser	Phe	Tyr	Asp	Ile	Lys	Arg	Tyr	Lys	Asp	Ser	Ile	Gly	Arg	Ile	Gly
				325						330					335	
	Gly	Ile	Lys	Thr	Glu	Leu	Thr	Arg	Glu	Ile	Tyr	Thr	Thr	Glu	Ile	Asn
				340					345					350		
40	Phe	Asp	Arg	Leu	Thr	Tyr	Leu	Glu	Ile	Gln	Pro	Asn	Leu	Ala	Ile	Met
				355				360					365			
	Glu	Tyr	Asn	Leu	Thr	Arg	Ser	Gly	Leu	Arg	Leu	Phe	Ser	Phe	Leu	Asp
				370			375					380				
	Glu	Leu	Ile	Phe	Tyr	Thr	Lys	Asn	Glu	Thr	Tyr	Gly	Asn	Arg	Leu	Val
				385			390			395					400	
	Gly	Ile	Ala	Asn	Arg	Asn	Arg	Ser	Thr	Tyr	Ala	Thr	Thr	Gly	Thr	Glu
				405						410				415		
45	Ile	Ile	Tyr	Gly	Glu	Arg	Thr	Gly	Pro	Pro	Thr	Thr	Lys	Thr	Leu	Ile
				420				425						430		
	Pro	Phe	Glu	Ser	Tyr	Lys	Val	Ser	Ile	Val	Thr	Asp	Arg	Gln	Val	Thr
				435				440				445				
	Pro	Thr	Ser	Pro	Phe	Pro	Asn	Ile	Tyr	Phe	Thr	Ile	Asn	Gln	Ile	Glu
				450			455					460				
50	Leu	Tyr	Leu	Asn	Asn	Ser	Pro	Ser	Asn	Lys	Leu	Thr	Tyr	Ser	Ala	Gly
				465			470				475				480	
	Gly	Asn	Leu	Ser	Asn	Asp	Lys	Lys	Thr	Thr	Asp	Phe	Gln	Phe	Pro	Val
				485						490				495		
	Lys	Lys	Asp	Cys	Lys	Pro	Ile	Ile	Asn	Pro	Asn	Cys	Leu	Pro	Ser	Tyr
				500					505				510			
55	Asn	Ser	Tyr	Ser	His	Ile	Leu	Ser	Gln	Phe	Ser	Leu	Phe	Asn	Tyr	Ser
				515				520					525			
	Tyr	Lys	Ile	Gly	Leu	Ala	Leu	Asn	Ile	Leu	Tyr	Thr	Gly	Ala	Leu	Gly
				530			535					540				

ES 2 316 963 T3

Trp Thr His Ser Ser Val Asn Arg Asn Asn Ala Ile Ser Asp Lys Ile
 545 550 555 560
 Ile Thr Met Ile Pro Ala Ile Lys Gly Asn Ser Leu Asp Thr Asn Ser
 565 570 575
 Lys Val Ile Glu Gly Pro Gly His Thr Gly Gly Asn Leu Val Tyr Leu
 580 585 590
 Gln Ser Gln Gly Arg Leu Glu Ile Thr Cys Arg Thr Pro Asn Ser Thr
 595 600 605
 Gln Ser Tyr Tyr Ile Arg Leu Arg Tyr Ala Thr Asn Gly Ala Gly Asn
 610 615 620
 Thr Leu Pro Asn Ile Ser Leu Thr Ile Pro Gly Val Ile Gly Ile Pro
 625 630 635 640
 Pro Gln Arg Leu Asn Asn Thr Phe Ser Gly Thr Asn Tyr Asn Asn Leu
 645 650 655
 Gln Tyr Gly Asp Phe Gly Tyr Phe Gln Phe Pro Ser Thr Val Thr Leu
 660 665 670
 Pro Leu Asn Arg Asn Ile Pro Phe Ile Phe Asn Arg Ala Asp Val Ser
 675 680 685
 Asn Ser Ile Leu Ile Ile Asp Lys Ile Glu Phe Ile Pro Ile Thr Ser
 690 695 700
 Ser Val Arg Gln Asn Arg Glu Lys Gln Lys Leu Glu Thr Ile Gln Thr
 705 710 715 720
 Lys Ile Asn Thr Phe Phe Thr Asn His Thr Lys Asn Thr Leu Asn Ile
 725 730 735
 Glu Ala Thr Asn Tyr Asp Ile Asp
 740

<210> 10

<211> 2085

<212> DNA

<213> *Bacillus thuringiensis*

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(2085)

<400> 10

atg tgt caa ggg aat aca caa tat ggt gat aat ttc gag aca ttt gct 48
 Met Cys Gln Gly Asn Thr Gln Tyr Gly Asp Asn Phe Glu Thr Phe Ala
 1 5 10 15
 agt gct gat aca att gct gca gtt agt gca ggt act att gta tcc ggt 96
 Ser Ala Asp Thr Ile Ala Ala Val Ser Ala Gly Thr Ile Val Ser Gly
 20 25 30
 act ctg tta gcc ggt ata ggt ggg ctg act tct ata tcc gga cgg ata 144
 Thr Leu Leu Ala Gly Ile Gly Glu Leu Thr Ser Ile Ser Gly Pro Ile
 35 40 45
 gga ata ata ggt gct ata ata ata tct ttt ggt acc cta atc act gtc 192
 Gly Ile Ile Gly Ala Ile Ile Ile Ser Phe Gly Thr Leu Ile Thr Val
 50 55 60
 ttt tgg ccc gcg gga gaa caa gac aaa aca gta tgg aca caa ttt att 240
 Phe Trp Pro Ala Gly Glu Gln Asp Lys Thr Val Trp Thr Gln Phe Ile
 65 70 75 80
 aaa atg gga gaa att ttt gtt gat aca cgg tta aca gaa agc ata aaa 288
 Lys Met Gly Glu Ile Phe Val Asp Thr Pro Leu Thr Glu Ser Ile Lys
 85 90 95
 cag cta aag tta caa act tta gaa gga ttt aga caa ata tta caa agc 336
 Gln Leu Lys Leu Gln Thr Leu Glu Gly Phe Arg Gln Ile Leu Gln Ser
 100 105 110
 tat aat aca gca tta gat gat tgg aga aaa tta aaa aga cta caa gct 384
 Tyr Asn Thr Ala Leu Asp Asp Trp Arg Lys Leu Lys Arg Leu Gln Ala

ES 2 316 963 T3

	115	120	125	
	cct gga tta cca cca tca tca gca tta caa caa gct gcc ttg act ctt	432		
	Pro Gly Leu Pro Pro Ser Ser Ala Leu Gln Gln Ala Ala Leu Thr Leu			
5	130	135	140	
	aaa ata cga ttt gag aat gtt cac aat gat ttt att cga gaa ata cct	480		
	Lys Ile Arg Phe Glu Asn Val His Asn Asp Phe Ile Arg Glu Ile Pro			
	145	150	155	160
	ggt ttc caa ctt gaa act tat aaa acg cta tta cta cct att tat gcg	528		
10	Gly Phe Gln Leu Glu Thr Tyr Lys Thr Leu Leu Leu Pro Ile Tyr Ala			
	165	170	175	
	caa gct gct aat ttt cat tta aat tta tta caa caa ggt gct gaa ttg	576		
	Gln Ala Ala Asn Phe His Leu Asn Leu Leu Gln Gln Gly Ala Glu Leu			
15	180	185	190	
	gct gat gaa tgg aat gca gat ata cat cct tca caa att gaa cct aat	624		
	Ala Asp Glu Thr Trp Asn Ala Asp Ile His Pro Ser Gln Ile Glu Pro Asn			
	195	200	205	
	gct gga aca tca gat gac tat tat aaa ctt tta aaa gaa aat ata cct	672		
20	Ala Gly Thr Ser Asp Asp Tyr Tyr Lys Leu Leu Lys Glu Asn Ile Pro			
	210	215	220	
	aaa tat agt aac tat tgt gca aat acc tat aga gaa gga cta aat aaa	720		
	Lys Tyr Ser Asn Tyr Cys Ala Asn Thr Tyr Arg Glu Gly Leu Asn Lys			
	225	230	235	240
25				
	ctt cga aac gaa cct aat atg aga tgg agt ata ttt aat gat tat cga	768		
	Leu Arg Asn Glu Pro Asn Met Arg Trp Ser Ile Phe Asn Asp Tyr Arg			
	245	250	255	
	aga tat atg act att act gta tta gat act atc gct caa ttt tct ttt	816		
30	Arg Tyr Met Thr Ile Thr Val Leu Asp Thr Ile Ala Gln Phe Ser Phe			
	260	265	270	
	tat gat ata aag aga tac aaa gat tca ata gga aga ata ggt ggc att	864		
	Tyr Asp Ile Lys Arg Tyr Lys Asp Ser Ile Gly Arg Ile Gly Gly Ile			
	275	280	285	
35				
	aaa act gaa ctt aca aga gaa att tat aca act gaa ata aat ttt gac	912		
	Lys Thr Glu Leu Thr Arg Glu Ile Tyr Thr Thr Glu Ile Asn Phe Asp			
	290	295	300	
	cgt ctt act tac ctt gaa att caa ccc aat ctc gct ata atg gaa tat	960		
40	Arg Leu Thr Tyr Leu Glu Ile Gln Pro Asn Leu Ala Ile Met Glu Tyr			
	305	310	315	320
	aat tta aca cgt tca ggg ctt aga tta ttt tca ttt tta gat gaa ctt	1008		
	Asn Leu Thr Arg Ser Gly Leu Arg Leu Phe Ser Phe Leu Asp Glu Leu			
	325	330	335	
45				
	ata ttt tat aca aaa aat gaa acg tac ggg aat cgt tta gtt ggt att	1056		
	Ile Phe Tyr Thr Lys Asn Glu Thr Tyr Gly Asn Arg Leu Val Gly Ile			
	340	345	350	
	gcg aat cgt aat aga tct act tat gct acg aca gga act gaa att ata	1104		
50	Ala Asn Arg Asn Arg Ser Thr Tyr Ala Thr Thr Gly Thr Glu Ile Ile			
	355	360	365	
	tat gga gaa aga aca ggt cca ccc aca aca aaa act tta ata cca ttt	1152		
	Tyr Gly Glu Arg Thr Gly Pro Pro Thr Thr Lys Thr Leu Ile Pro Phe			
	370	375	380	
55				
	gaa tcc tat aaa gtt tca att gta act gat aga caa gta act cct act	1200		
	Glu Ser Tyr Lys Val Ser Ile Val Thr Asp Arg Gln Val Thr Pro Thr			

ES 2 316 963 T3

	385	390	395	400	
5	tcc cct ttt cct aac ata tac ttt acc att aat caa att gaa ctt tat	1248			
	Ser Pro Phe Pro Asn Ile Tyr Phe Thr Ile Asn Gln Ile Glu Leu Tyr				
	405 410 415				
10	tta aat aat tca cct agt aat aaa tta acc tat tca gct ggg ggg aat	1296			
	Leu Asn Asn Ser Pro Ser Asn Lys Leu Thr Tyr Ser Ala Gly Gly Asn				
	420 425 430				
15	tta tct aat gat aas aaa acc act gat ttt caa ttt cct gta aaa aas	1344			
	Leu Ser Asn Asp Lys Lys Thr Thr Asp Phe Gln Phe Pro Val Lys Lys				
	435 440 445				
20	gac tgt aas cca att att aat cca aat tgt tta cca agc tat aat agt	1392			
	Asp Cys Lys Pro Ile Ile Asn Pro Asn Cys Leu Pro Ser Tyr Asn Ser				
	450 455 460				
25	tat agt cat att tta tcc cag ttt tct tta ttt aat tat tcc tat aaa	1440			
	Tyr Ser His Ile Leu Ser Gln Phe Ser Leu Phe Asn Tyr Ser Tyr Lys				
	465 470 475 480				
30	att gga tta gcg cta aat ata tta tat acc ggt gca tta gga tgg acc	1488			
	Ile Gly Leu Ala Leu Asn Ile Leu Tyr Thr Gly Ala Leu Gly Trp Thr				
	485 490 495				
35	cac agt agt gtt aat aga aat aat gca ata tca gat aas ata att acc	1536			
	His Ser Ser Val Asn Arg Asn Asn Ala Ile Ser Asp Lys Ile Ile Thr				
	500 505 510				
40	atg atc cca gca atc aas ggt aac agt ctt gat acc aac tct aag gta	1584			
	Met Ile Pro Ala Ile Lys Gly Asn Ser Leu Asp Thr Asn Ser Lys Val				
	515 520 525				
45	att gaa gga cct ggt cat acc gga gga aac ttg gtt tat tta caa agt	1632			
	Ile Glu Gly Pro Gly His Thr Gly Gly Asn Leu Val Tyr Leu Gln Ser				
	530 535 540				
50	caa ggg cgt tta gag att acc tgt aga act cct aat tct acc caa tct	1680			
	Gln Gly Arg Leu Glu Ile Thr Cys Arg Thr Pro Asn Ser Thr Gln Ser				
	545 550 555 560				
55	tat tac att aga ctt cga tac gct acc aat ggt gct gga aat act ctt	1728			
	Tyr Tyr Ile Arg Leu Arg Tyr Ala Thr Asn Gly Ala Gly Asn Thr Leu				
	565 570 575				
60	cct aat ata tct ctt acc ata cca gga gta ata gga ata cca cct caa	1776			
	Pro Asn Ile Ser Leu Thr Ile Pro Gly Val Ile Gly Ile Pro Pro Gln				
	580 585 590				
65	aga ctc aac aac act ttt tct ggt acc aat tat aat aat tta caa tac	1824			
	Arg Leu Asn Asn Thr Phe Ser Gly Thr Asn Tyr Asn Asn Leu Gln Tyr				
	595 600 605				
70	gga gat ttt ggg tat ttc caa ttt cca agt acc gta acc tta cct tta	1872			
	Gly Asp Phe Gly Tyr Phe Gln Phe Pro Ser Thr Val Thr Leu Pro Leu				
	610 615 620				
75	aat cga aac ata cca ttt ata ttt aat cgt gca gat gta tca aat tca	1920			
	Asn Arg Asn Ile Pro Phe Ile Phe Asn Arg Ala Asp Val Ser Asn Ser				
	625 630 635 640				
80	att tta atc att gat aas att gaa ttt ata cca att act tcc tct gta	1968			
	Ile Leu Ile Ile Asp Lys Ile Glu Phe Ile Pro Ile Thr Ser Ser Val				
	645 650 655				
85	cgc caa aat aga gaa aas caa aas tta gaa act atc caa acc aas ata	2016			
	Arg Gln Asn Arg Glu Lys Gln Lys Leu Glu Thr Ile Gln Thr Lys Ile				
	660 665 670				
90	aat acc ttt ttc acc aat cat acc aas aat act tta aat ata gaa gcc	2064			
	Asn Thr Phe Phe Thr Asn His Thr Lys Asn Thr Leu Asn Ile Glu Ala				
	675 680 685				
95	acc aac tat gat att gat taa	2085			
	Thr Asn Tyr Asp Ile Asp *				
	690				

ES 2 316 963 T3

<210> 11

<211> 694

<212> PRT

5 <213> *Bacillus thuringiensis*

<400> 11

10	Met	Cys	Gln	Gly	Asn	Thr	Gln	Tyr	Gly	Asp	Asn	Phe	Glu	Thr	Phe	Ala
	1				5					10					15	
	Ser	Ala	Asp	Thr	Ile	Ala	Ala	Val	Ser	Ala	Gly	Thr	Ile	Val	Ser	Gly
			20						25					30		
	Thr	Leu	Leu	Ala	Gly	Ile	Gly	Gly	Leu	Thr	Ser	Ile	Ser	Gly	Pro	Ile
			35					40					45			
15	Gly	Ile	Ile	Gly	Ala	Ile	Ile	Ile	Ser	Phe	Gly	Thr	Leu	Ile	Thr	Val
		50					55					60				
	Phe	Trp	Pro	Ala	Gly	Glu	Gln	Asp	Lys	Thr	Val	Trp	Thr	Gln	Phe	Ile
	65					70					75				80	
	Lys	Met	Gly	Glu	Ile	Phe	Val	Asp	Thr	Pro	Leu	Thr	Glu	Ser	Ile	Lys
					85					90					95	
20	Gln	Leu	Lys	Leu	Gln	Thr	Leu	Glu	Gly	Phe	Arg	Gln	Ile	Leu	Gln	Ser
				100					105				110			
	Tyr	Asn	Thr	Ala	Leu	Asp	Asp	Trp	Arg	Lys	Leu	Lys	Arg	Leu	Gln	Ala
				115				120					125			
	Pro	Gly	Leu	Pro	Pro	Ser	Ser	Ala	Leu	Gln	Gln	Ala	Ala	Leu	Thr	Leu
				130			135						140			
25	Lys	Ile	Arg	Phe	Glu	Asn	Val	His	Asn	Asp	Phe	Ile	Arg	Glu	Ile	Pro
	145					150					155					160
	Gly	Phe	Gln	Leu	Glu	Thr	Tyr	Lys	Thr	Leu	Leu	Leu	Pro	Ile	Tyr	Ala
					165					170					175	
	Gln	Ala	Ala	Asn	Phe	His	Leu	Asn	Leu	Leu	Gln	Gln	Gly	Ala	Glu	Leu
				180					185					190		
30	Ala	Asp	Glu	Trp	Asn	Ala	Asp	Ile	His	Pro	Ser	Gln	Ile	Glu	Pro	Asn
				195					200				205			
	Ala	Gly	Thr	Ser	Asp	Asp	Tyr	Tyr	Lys	Leu	Leu	Lys	Glu	Asn	Ile	Pro
		210					215					220				
35	Lys	Tyr	Ser	Asn	Tyr	Cys	Ala	Asn	Thr	Tyr	Arg	Glu	Gly	Leu	Asn	Lys
	225					230					235				240	
	Leu	Arg	Asn	Glu	Pro	Asn	Met	Arg	Trp	Ser	Ile	Phe	Asn	Asp	Tyr	Arg
					245					250					255	
	Arg	Tyr	Met	Thr	Ile	Thr	Val	Leu	Asp	Thr	Ile	Ala	Gln	Phe	Ser	Phe
			260						265					270		
40	Tyr	Asp	Ile	Lys	Arg	Tyr	Lys	Asp	Ser	Ile	Gly	Arg	Ile	Gly	Gly	Ile
		275						280					285			
	Lys	Thr	Glu	Leu	Thr	Arg	Glu	Ile	Tyr	Thr	Thr	Glu	Ile	Asn	Phe	Asp
		290					295					300				
	Arg	Leu	Thr	Tyr	Leu	Glu	Ile	Gln	Pro	Asn	Leu	Ala	Ile	Met	Glu	Tyr
	305					310					315				320	
45	Asn	Leu	Thr	Arg	Ser	Gly	Leu	Arg	Leu	Phe	Ser	Phe	Leu	Asp	Glu	Leu
					325					330				335		
	Ile	Phe	Tyr	Thr	Lys	Asn	Glu	Thr	Tyr	Gly	Asn	Arg	Leu	Val	Gly	Ile
				340					345					350		
	Ala	Asn	Arg	Asn	Arg	Ser	Thr	Tyr	Ala	Thr	Thr	Gly	Thr	Glu	Ile	Ile
		355						360					365			
50	Tyr	Gly	Glu	Arg	Thr	Gly	Pro	Pro	Thr	Thr	Lys	Thr	Leu	Ile	Pro	Phe
		370					375					380				
	Glu	Ser	Tyr	Lys	Val	Ser	Ile	Val	Thr	Asp	Arg	Gln	Val	Thr	Pro	Thr
	385					390					395				400	
55	Ser	Pro	Phe	Pro	Asn	Ile	Tyr	Phe	Thr	Ile	Asn	Gln	Ile	Glu	Leu	Tyr

ES 2 316 963 T3

405 410 415
 Leu Asn Asn Ser Pro Ser Asn Lys Leu Thr Tyr Ser Ala Gly Gly Asn
 420 425 430
 Leu Ser Asn Asp Lys Lys Thr Thr Asp Phe Gln Phe Pro Val Lys Lys
 435 440 445
 Asp Cys Lys Pro Ile Ile Asn Pro Asn Cys Leu Pro Ser Tyr Asn Ser
 450 455 460
 Tyr Ser His Ile Leu Ser Gln Phe Ser Leu Phe Asn Tyr Ser Tyr Lys
 465 470 475 480
 Ile Gly Leu Ala Leu Asn Ile Leu Tyr Thr Gly Ala Leu Gly Trp Thr
 485 490 495
 His Ser Ser Val Asn Arg Asn Asn Ala Ile Ser Asp Lys Ile Ile Thr
 500 505 510
 Met Ile Pro Ala Ile Lys Gly Asn Ser Leu Asp Thr Asn Ser Lys Val
 515 520 525
 Ile Glu Gly Pro Gly His Thr Gly Gly Asn Leu Val Tyr Leu Gln Ser
 530 535 540
 Gln Gly Arg Leu Glu Ile Thr Cys Arg Thr Pro Asn Ser Thr Gln Ser
 545 550 555 560
 Tyr Tyr Ile Arg Leu Arg Tyr Ala Thr Asn Gly Ala Gly Asn Thr Leu
 565 570 575
 Pro Asn Ile Ser Leu Thr Ile Pro Gly Val Ile Gly Ile Pro Pro Gln
 580 585 590
 Arg Leu Asn Asn Thr Phe Ser Gly Thr Asn Tyr Asn Asn Leu Gln Tyr
 595 600 605
 Gly Asp Phe Gly Tyr Phe Gln Phe Pro Ser Thr Val Thr Leu Pro Leu
 610 615 620
 Asn Arg Asn Ile Pro Phe Ile Phe Asn Arg Ala Asp Val Ser Asn Ser
 625 630 635 640
 Ile Leu Ile Ile Asp Lys Ile Glu Phe Ile Pro Ile Thr Ser Ser Val
 645 650 655
 Arg Gln Asn Arg Glu Lys Gln Lys Leu Glu Thr Ile Gln Thr Lys Ile
 660 665 670
 Asn Thr Phe Phe Thr Asn His Thr Lys Asn Thr Leu Asn Ile Glu Ala
 675 680 685
 Thr Asn Tyr Asp Ile Asp
 690

35 <210> 12
 <211> 5980
 <212> DNA
 40 <213> *Bacillus thuringiensis*
 <400> 12

45 tacatgcaat acataaagag aagggtttaa aaatcaatac ctcaocaaaa ataattgggtt 60
 tattttgtaga aacattggtt cagggaatata ttgggggtact acgaatatat agaaagacac 120
 ctaacatata tttattaggt gtcttaaaaa taaggactat ataaggagtg aaaaagatga 180
 gtccatatac aaataaaant gaatatgaaa tattggaatc ctcatcgaat aacacaaata 240
 cgccaaacag atatactttt gcaataatc gggatatgtc tactatgtct tggaatgatt 300
 50 gtcagggaat ctcatgggtt gaattttggg aatcagtcga aacgataaca agtattggga 360
 taatctttat agagttttgt atagaacctt gtttgggtgg aattaataca ctattatcaa 420
 taataggaaa actaattccg actaatcgtc aaactgtgtc agcactttct atatgtgatt 480
 tattatctat aattcgtaaa gaggtagccg atagtgtttt aagtgtgctg attgcagatt 540
 ttgaocgtaa attgaaaaat tatagagagt attatctttc ttatcttggg gcttggctta 600
 aagacggtaa accacttcaa aagacaaata attctgatat cggacaatta gtttattatt 660
 55 ttaaaactttc agaaagagat ttcaatgaaa ttctaggagg gtcattgtca agaaacaatg 720
 ctcaagtatt gttattacct acttttgcac aagctgcata tgtgcagtta ttactattaa 780
 gggatgcagt tcaatataaa gcacaatggt tccattttt gagtgcagag aatgtaagat 840
 cggaaattaat atcacctaac agtggttgtg attttaccgg tgattactat gagcgattaa 900
 aatgcataaac ggcagagtat accaattatt gtttatattg gtatcaggta ggtttaaatc 960
 60 agatasaaca ggggggggaca ggtgctgaca cttgggtcgaa atttaataaa tttcgtagag 1020
 aatgacgtt ggcggtattg gatattatcg ctatattttc aacttatgat tttgagaaat 1080
 atccattgcc aacacatgta gatttgacta gggaaattta tacagatgca gtgggatatt 1140
 catcgggaac ttatagttgg ttacggaatt ggcctaatac ttttaattggg tttagaggct 1200
 atgggaacag gggacctggg ttagttaact ggcttagcaa aataggtata tataatgagt 1260
 atgttttcgag atattttgcc ggctgggtag gaactcgtca ttatgaagac tacacaaagg 1320
 65 gtaacggtat ttttcaacgt atgtctggaa ctacgagtaa tgatctacgt aatattgatt 1380

ES 2 316 963 T3

	ttcagaatgc	cgatgtatat	aaaattactt	cattagctat	catgaacctt	gtaggagaga	1440
	ctacocgtag	accagagtat	cgtgtttcaa	aggcagattt	tcgtagggtt	gggggacctg	1500
	atttaaatte	tgatgcaggt	aataatgggc	taagcaggat	gacattgaa	tctaogttoc	1560
	cacttgtatt	gcactctaat	ggtgttagag	gacctctcca	tagattatca	aatgogycat	1620
5	ggttgtata	tggaaactcc	agagtttaac	tatatggttg	gacacataca	agtttaaaac	1680
	gtgaaatat	aattgaagcc	aalcaaatla	cacaaatacc	ggcggtagag	agttattacc	1740
	ttcaaatla	tcttgctaat	gcctataoct	atgtaataaa	aggcactcat	acaggtgggg	1800
	atttaaatccg	ttttttaaga	acaaatcag	agtataacgc	agtttatgca	ggtggcgga	1860
	ttagattgat	tattaataac	aaaactgcag	gacaaagtta	cogtattcgt	tttcgttatg	1920
	ctgcagataa	agctgctttc	tttagtgat	atctttatcc	aggagggttg	ggttcaaatc	1980
10	gttttgcac	gcttgaaaaa	tcttactctg	gaaattatga	cgatttaaaa	tatatgtatt	2040
	ttaaattcgc	tgaaattatc	acacctccat	tacctagttc	aaacattcag	atggatgtgg	2100
	agatgcagcg	gaatagtttt	caatcagatg	taaacgtggg	tctcgacaaa	attgaattcc	2160
	tcccaagtaa	tacaacaact	ttagaatatg	aggggagaacg	ggacctagaa	aaaacaaaag	2220
	acgcggtaga	ogactctgtt	acaaatttaa	acaaataaat	ttactagaat	aggtgggtatt	2280
	gctgttttaac	aaataagcga	aaaagggtgt	gagtcctatg	tttacaagta	gtacgaaana	2340
15	taogttaaaa	atagaaacga	cagattatga	aatagatcaa	gcggccattt	ctatagaatg	2400
	tatgtcagat	gaacaaaatc	ctcaggaana	aataatgtta	tgggatgaan	taaaactggc	2460
	aaaacaaact	agtcagcttc	gtaactctac	ccaaatggga	gacttttctg	ggaatgattc	2520
	gacattcggg	aatgatatta	tcataggatc	caataatcct	atttttaaa	gaaaatttct	2580
	acagatgcgt	ggagcacgag	acataatagg	aaactctatt	ccaaactata	tctgtcamaa	2640
	aataagtgag	tctaaattaa	aaccatatcc	acgttatoga	gtaagagggg	ttgtgggaag	2700
20	tagtaagat	tgaatttaa	tggtaaacac	tlacgggaaa	gaatttgatg	ctatcatgaa	2760
	tgttccaaat	gatttggcct	atatgcagcc	taactcctca	tgtggagatt	atcgctgtga	2820
	atcatcgtct	cagtatgtga	gccaaagggt	tccataacca	acagatggat	atgctccoga	2880
	tatgtatgca	tgcccgcaaa	atatagatag	aaagcatgtg	aagtgtcacg	atcgctatcc	2940
	atttgatttt	catattgaca	cgggagaggt	agatacaaat	acaaatgtag	gtattgatgt	3000
	cttattaaaa	atttctaact	cagatggata	cgctacagta	gggaatctag	aagtcatlga	3060
25	agaaggacca	ctaacagggtg	aagcattggc	acatgtgaan	caaaagggaan	agaaatggaa	3120
	acacacacatg	gagaaaaaac	ggttgggaac	acaacaaagg	tatgatccag	caaaacaggc	3180
	tgtagatgca	ttattttcaa	atgaaacaga	gttacaactat	catatractt	tagatcatat	3240
	tcaaaaogct	gatogactgg	tacagtcgat	tccctatgta	taocataatt	ggttaccgaa	3300
	tgttccaggt	atgaactatg	atgtatatca	agagtttaac	gcacgtatca	tgcaagggtta	3360
	taatttatat	gatgcacgaa	atgtcetaac	aaatgggtgac	tttacaacag	gattacaggg	3420
	atgcacogca	acaggaatatg	cgcgggtaca	acaaatggat	ggagcttcag	tattagttct	3480
30	atcaaatggg	agcgcggggg	tatctcaaaa	cttgcatgct	caagatcatc	atggatattg	3540
	gttacgtgtg	attgccaaaa	agaaggagcc	tggaaaaagg	tatgtaacga	tgatggattg	3600
	taatggaaag	caggaaacac	tttaagttcac	ttcttgcgaa	gaaggatata	tgacaaaana	3660
	agtagaggta	ttcccagaaa	gtgatcgtgt	acggattgaa	ataggagaaa	ccgaagggtac	3720
	attttatata	gatagcatcg	agttgtcttg	tatgcagaga	tatgataaca	ataataacct	3780
	gcacacgggt	aatatgtatg	agcaaaagta	taatggaaat	tataatcaaa	atactagcga	3840
35	tgtgtattac	caagggtata	caaacaacta	taaccaagac	tctagtaata	tgtataatca	3900
	aaatttatct	aacaaatgat	acctgcattc	cggttgacaa	tgtaaaccaa	ggcataaact	3960
	tggctgtaca	tgtaatcaag	gataataaoc	ttaaogattc	taaatgaaga	tcaacatcat	4020
	tgcgaaaaat	aaaaacctac	tcacaaatc	tattgcatat	cataacataa	gctttacaaa	4080
	taacggacat	attctagaa	aggtctcctt	aaattctaaa	taaggagatt	tttttcgttt	4140
	cccactatt	gattaatgaa	aatactcctt	tacagaagaa	tttaggttga	ttgggtgttt	4200
40	gtgcaagcag	caattctctga	aaaatgcaga	aaaaattcca	gaggcatgca	gctacttttt	4260
	taaatgttaa	ttttgggtatt	tccagaaagat	aaagcatttc	gtaaacgata	actttcacct	4320
	gtgaatgcac	tgatatgagc	atgatggacc	aaacggtcca	ccaatgcaga	agtaagcogg	4380
	ttatccacaa	atatacccaa	ccattgacca	aattctaaat	ttgaagttaac	tatgacactt	4440
	tttggttcgt	aacagtcggc	aataatatga	aataggagct	ccgctccttg	cttttgaaat	4500
	ggatcacatac	ctagttcatc	taaaatttaac	aaatcacagg	cttcaatttg	cttcttgatg	4560
45	oggtttaa	tcccttggtt	taaaagcctc	tctaatagac	ctactaaatc	tgctactcgg	4620
	aaaaacttca	cttgatctcc	ctgttcacaa	gccttcaaac	ctaagtctgt	agctaaatgt	4680
	gttttcccg	ttccaggaga	tccaagtaat	aaaagatttt	gtttcccttc	aaaaaatcgc	4740
	aattcacaaa	tgtgttcttg	attcgttgtt	gatggcagat	gaattttgtc	actccattca	4800
	taattcttga	gccattttta	ctctogaaat	ttcgttttct	tgattaaagt	tgctactttt	4860
	ttcgtttgac	gagattcaat	ctctatattg	aaaatatcac	gcagaatttg	ttcttttggt	4920
50	tcaaaaggta	tttcatcata	atggtctata	atatagctta	aatgcagtga	ttkacaggcg	4980
	tcttgcaagg	ttcgttgtat	cataatgaga	atgaacccct	ttctaaagtt	ggacaaaagt	5040
	ttcgatcata	tlgctgaaga	tctgtttcgt	aatctattaa	aacaggtggc	gtatggtttt	5100
	cttgccattt	ttgtggatcc	gtcacttggt	gagtcctgaa	tatgatatac	agttcgtgag	5160
	gagctttttt	caaccattct	tcatctctca	acagtaagtg	tagctgctgt	aatgagtttt	5220
	tttgaattaa	atatttgnaat	cctgttaaac	aagcttttct	ttcatcctta	tgaagagaca	5280
	gataatcttg	aaccgcgtga	ggttaaatatt	tgaanaatct	agaataacga	acaaacgcgtg	5340
55	gtttctcttc	ccaatcttca	aaaatctctt	cccatagaat	cggcctactc	gtgtgcatac	5400
	acggtctgta	ttctgtaaaa	atgtttctgc	cttctgcggg	ataacatgta	aattgatccc	5460
	attctttttt	aatgataatc	acttgttttt	cgtaaaacaa	aaagttcttg	atccactgtg	5520
	atttctccat	atttattttac	ogttgttgtg	tccattgaga	agaccgttag	gtcttccaaa	5580
60	ggtaatgggt	tcaatgcagc	cttatcatca	ttccaaagg	cttcaatcat	gacttccctc	5640
	tcataatgta	ggcgtttctg	atcttctatt	gcttgtactt	ctaaccattg	tgcgagttga	5700
	gaaaaactct	ccataatcgg	agcgggtgtg	aaccaattgt	ttcgtgtata	actgactttc	5760
	ogttcaacgt	tccccttttc	atgcccgcta	taaggattac	aagggtgcac	ttcaaaagta	5820
	taatgcattt	gaaattgtaa	aaatgcaccc	gtataagttc	gattatcacc	ttttcctact	5880
	gtgactacag	oggcagataa	gttatcaatt	cgaagatgcy	ttggtacacc	accagcttga	5940
65	tgaataatc	gttttaagcc	ttctaaaaag	ccttctgtat			5980

ES 2 316 963 T3

<210> 13

<211> 2082

<212> DNA

5 <213> *Bacillus thuringiensis*

<220>

<221> CDS

10 <222> (1)...(2082)

<400> 13

15	gtg aaa aag atg agt cca tat caa aat aaa aat gaa tat gaa ata ttg 48
	Met Lys Lys Met Ser Pro Tyr Gln Asn Lys Asn Glu Tyr Glu Ile Leu
	1 5 10 15
20	gaa tcc tca tcc aat aac aca aat acg cca aac aga tat cct ttt gca 96
	Glu Ser Ser Ser Asn Asn Thr Asn Thr Pro Asn Arg Tyr Pro Phe Ala
	20 25 30
25	aat aat cgg gat atg tct act atg tct tgg aat gat tgt cag gga atc 144
	Asn Asn Arg Asp Met Ser Thr Met Ser Trp Asn Asp Cys Gln Gly Ile
	35 40 45
30	tca tgg gat gaa att tgg gaa tca gtc gaa acg ata aca agt att ggg 192
	Ser Trp Asp Glu Ile Trp Glu Ser Val Glu Thr Ile Thr Ser Ile Gly
	50 55 60
35	ata aat ctt ata gag ttt gtg ata gaa cct agt ttg ggt gga att aat 240
	Ile Asn Leu Ile Glu Phe Val Ile Glu Pro Ser Leu Gly Gly Ile Asn
	65 70 75 80
40	aca cta tta tca ata ata gga aaa cta att cag act aat cgt caa act 288
	Thr Leu Leu Ser Ile Ile Gly Lys Leu Ile Pro Thr Asn Arg Gln Thr
	85 90 95
45	gtg tca gca ctt tct ata tgt gat tta tta tct ata att cgt aaa gag 336
	Val Ser Ala Asp Ser Ile Cys Asp Leu Leu Ser Ile Ile Arg Lys Glu
	100 105 110
50	gta gcc gat agt gtt tta agt gat gog att gca gat ttt gac ggt aaa 384
	Val Ala Asp Ser Val Leu Ser Asp Ala Ile Ala Asp Phe Asp Gly Lys
	115 120 125
55	ttg aaa aat tat aga gag tat tat ctt tct tat ctt ggg gct tgg ctt 432
	Leu Lys Asn Tyr Arg Glu Tyr Tyr Leu Ser Tyr Leu Gly Ala Trp Leu
	130 135 140
60	aaa gac ggt aaa cca ctt caa aag aca aat aat tct gat atc gga caa 480
	Lys Asp Gly Lys Pro Leu Gln Lys Thr Asn Asn Ser Asp Ile Gly Gln
	145 150 155 160
65	tta gtt tat tat ttt aaa ctt tca gaa aga gat ttc aat gaa att cta 528
	Leu Val Tyr Tyr Phe Lys Leu Ser Glu Arg Asp Phe Asn Glu Ile Leu
	165 170 175
70	gga ggg tca ttg tca aga aac aat gct caa gta ttg tta tta cct act 576
	Gly Gly Ser Leu Ser Arg Asn Asn Ala Gln Val Leu Leu Leu Pro Thr

ES 2 316 963 T3

	180	185	190	
5	ttt gca caa gct gca aat gtg cag tta tta cta tta aag gat gca gtt Phe Ala Gln Ala Ala Asn Val Gln Leu Leu Leu Arg Asp Ala Val 195 200 205	624		
10	caa tat aaa gca caa tgg ttc cca ttt ttg agt gca gag aat gta aga Gln Tyr Lys Ala Gln Trp Phe Pro Phe Leu Ser Ala Glu Asn Val Arg 210 215 220	672		
15	tcg gaa tta ata tca cct aac agt ggt tgt gat ttt acc ggt gat tac Ser Glu Leu Ile Ser Pro Asn Ser Gly Cys Asp Phe Thr Gly Asp Tyr 225 230 235 240	720		
20	tat gag cga tta aaa tgc aaa acg gca gag tat acc aat tat cgt tta Tyr Glu Arg Leu Lys Cys Lys Thr Ala Glu Tyr Thr Asn Tyr Cys Leu 245 250 255	768		
25	tat tgg tat cag gta ggt tta aat cag ata aaa cag ggg ggg aca ggt Tyr Trp Tyr Gln Val Gly Leu Asn Gln Ile Lys Gln Gly Gly Thr Gly 260 265 270	816		
30	gct gac act tgg tgg aaa ttt aat aaa ttt cgt aga gaa atg acg ttg Ala Asp Thr Trp Ser Lys Phe Asn Lys Phe Arg Arg Glu Met Thr Leu 275 280 285	864		
35	ggc gta ttg gat att atc gct ata ttt cca act tat gat ttt gag aaa Ala Val Leu Asp Ile Ile Ala Ile Phe Pro Thr Tyr Asp Phe Glu Lys 290 295 300	912		
40	tat cca ttg cca aca cat gta gag ttg act agg gaa att tat aca gat Tyr Pro Leu Pro Thr His Val Glu Leu Thr Arg Glu Ile Tyr Thr Asp 305 310 315 320	960		
45	gca gtg gga tat tca tgg gga act tat agt tgg tta cgg aat tgg cct Ala Val Gly Tyr Ser Ser Gly Thr Tyr Ser Trp Leu Arg Asn Trp Pro 325 330 335	1008		
50	aat act ttt aat ggg tta gag gct aat gga aca cgg gga cct ggt tta Asn Thr Phe Asn Gly Leu Glu Ala Asn Gly Thr Arg Gly Pro Gly Leu 340 345 350	1056		
55	gct act tgg ctt agc aaa ata ggt ata tat aat gag tat gtt tgg aga Val Thr Trp Leu Ser Lys Ile Gly Ile Tyr Asn Glu Tyr Val Ser Arg 355 360 365	1104		
60	tat ttt gcc ggc tgg gta gga act cgt cat tat gas gac tac aca aag Tyr Phe Ala Gly Trp Val Gly Thr Arg His Tyr Glu Asp Tyr Thr Lys 370 375 380	1152		
65	ggt aac ggt att ttt caa cgt atg tct gga act acg agt aat gat cta Gly Asn Gly Ile Phe Gln Arg Met Ser Gly Thr Thr Ser Asn Asp Leu 385 390 395 400	1200		
70	cgt aat att gat ttt cag aat gcc gat gta tat aaa att act tca tta Arg Asn Ile Asp Phe Gln Asn Ala Asp Val Tyr Lys Ile Thr Ser Leu 405 410 415	1248		
75	gct atc atg aac cta gta gga gag act acc gct aga cca gag tat cgt Ala Ile Met Asn Leu Val Gly Glu Thr Thr Ala Arg Pro Glu Tyr Arg 420 425 430	1296		
80	ggt tca aag gca gat ttt cgt agg gta ggg gga cct gat tta aat tat Val Ser Lys Ala Asp Phe Arg Arg Val Gly Gly Pro Asp Leu Asn Tyr 435 440 445	1344		
85	gat gca ggt aat aat ggg cta agc agg atg aca att gaa tct acg ttc Asp Ala Gly Asn Asn Gly Leu Ser Arg Met Thr Ile Glu Ser Thr Phe 450 455 460	1392		

ES 2 316 963 T3

	450	455	460	
5	cca ctt gta ttg cac tct aat ggt gtt aga gga ccc tct cat aga tta Pro Leu Val Leu His Ser Asn Gly Val Arg Gly Pro Ser His Arg Leu 465 470 475 480	1440		
	tca aat gcg gca tgt gtt gta tat gga aac tcc aga gtt aac gta tat Ser Asn Ala Ala Cys Val Val Tyr Gly Asn Ser Arg Val Asn Val Tyr 485 490 495	1488		
10	ggg tgg aca cat aca agt tta aaa cgt gaa aat ata att gaa gcc aat Gly Trp Thr His Thr Ser Leu Lys Arg Glu Asn Ile Ile Glu Ala Asn 500 505 510	1536		
15	caa att aca caa ata ccg gcg gtg aag agt tat tac ctt caa aat tat Gln Ile Thr Gln Ile Pro Ala Val Lys Ser Tyr Tyr Leu Gln Asn Tyr 515 520 525	1584		
20	ctt gct aat gcc tat acc tat gta ata aaa ggc act cat aca ggt ggg Leu Ala Asn Ala Tyr Thr Tyr Val Ile Lys Gly Thr His Thr Gly Gly 530 535 540	1632		
25	gat tta atc cgt ttt tta aga aca aaa tca gag tat aac gca gtt tat Asp Leu Ile Arg Phe Leu Arg Thr Lys Ser Glu Tyr Asn Ala Val Tyr 545 550 555 560	1680		
30	gca ggt ggc gga att aga ttg att att aat aac aaa act gca gga caa Ala Gly Gly Gly Ile Arg Leu Ile Ile Asn Asn Lys Thr Ala Gly Gln 565 570 575	1728		
	agt tac cgt att cgt ttt cgt tat gct gca gat aaa gct gct ttc ttt Ser Tyr Arg Ile Arg Phe Arg Tyr Ala Ala Asp Lys Ala Ala Phe Phe 580 585 590	1776		
35	agt gta tat ctt tat cca gga ggt tgg ggt tca aat cgt ttt gta tcg Ser Val Tyr Leu Tyr Pro Gly Gly Trp Gly Ser Asn Arg Phe Val Ser 595 600 605	1824		
40	ctt gaa aaa tct tac tct gga aat tat gac gat tta aaa tat agt gat Leu Glu Lys Ser Tyr Ser Gly Asn Tyr Asp Asp Leu Lys Tyr Ser Asp 610 615 620	1872		
	ttt aaa ttc gct gaa att atc aca cct cca tta cct agt tca aac att Phe Lys Phe Ala Glu Ile Ile Thr Pro Pro Leu Pro Ser Ser Asn Ile 625 630 635 640	1920		
45	cag atg gat gtg gag atg caa gcg aat agt ttt caa tca gat gta aac Gln Met Asp Val Glu Met Gln Ala Asn Ser Phe Gln Ser Asp Val Asn 645 650 655	1968		
50	gtg gtt ctc gac aaa att gaa ttc ctc cca agt aat aca aca act tta Val Val Leu Asp Lys Ile Glu Phe Leu Pro Ser Asn Thr Thr Thr Leu 660 665 670	2016		
	gaa tat gag gga gaa cgg gac cta gaa aaa aca aag aac gcg gtg aac Glu Tyr Glu Gly Glu Arg Asp Leu Glu Lys Thr Lys Asn Ala Val Asn 675 680 685	2064		
55	gat ctg ttt acc aat taa Asp Leu Phe Thr Asn *	2082		
	690			

<210> 14

<211> 693

60 <212> PRT

<213> *Bacillus thuringiensis*

65

ES 2 316 963 T3

<400> 14

5 Met Lys Lys Met Ser Pro Tyr Gln Asn Lys Asn Glu Tyr Glu Ile Leu
 1 5 10 15
 Glu Ser Ser Ser Asn Asn Thr Asn Thr Pro Asn Arg Tyr Pro Phe Ala
 20 25 30
 Asn Asn Arg Asp Met Ser Thr Met Ser Trp Asn Asp Cys Gln Gly Ile
 35 40 45
 Ser Trp Asp Glu Ile Trp Glu Ser Val Glu Thr Ile Thr Ser Ile Gly
 50 55 60
 10 Ile Asn Leu Ile Glu Phe Val Ile Glu Pro Ser Leu Gly Gly Ile Asn
 65 70 75 80
 Thr Leu Leu Ser Ile Ile Gly Lys Leu Ile Pro Thr Asn Arg Gln Thr
 85 90 95
 Val Ser Ala Leu Ser Ile Cys Asp Leu Leu Ser Ile Ile Arg Lys Glu
 100 105 110
 15 Val Ala Asp Ser Val Leu Ser Asp Ala Ile Ala Asp Phe Asp Gly Lys
 115 120 125
 Leu Lys Asn Tyr Arg Glu Tyr Tyr Leu Ser Tyr Leu Gly Ala Trp Leu
 130 135 140
 Lys Asp Gly Lys Pro Leu Gln Lys Thr Asn Asn Ser Asp Ile Gly Gln
 145 150 155 160
 20 Leu Val Tyr Tyr Phe Lys Leu Ser Glu Arg Asp Phe Asn Glu Ile Leu
 165 170 175
 Gly Gly Ser Leu Ser Arg Asn Asn Ala Gln Val Leu Leu Leu Pro Thr
 180 185 190
 Phe Ala Gln Ala Ala Asn Val Gln Leu Leu Leu Leu Arg Asp Ala Val
 195 200 205
 25 Gln Tyr Lys Ala Gln Trp Phe Pro Phe Leu Ser Ala Glu Asn Val Arg
 210 215 220
 Ser Glu Leu Ile Ser Pro Asn Ser Gly Cys Asp Phe Thr Gly Asp Tyr
 225 230 235 240
 Tyr Glu Arg Leu Lys Cys Lys Thr Ala Glu Tyr Thr Asn Tyr Cys Leu
 245 250 255
 30 Tyr Trp Tyr Gln Val Gly Leu Asn Gln Ile Lys Gln Gly Gly Thr Gly
 260 265 270
 Ala Asp Thr Trp Ser Lys Phe Asn Lys Phe Arg Arg Glu Met Thr Leu
 275 280 285
 Ala Val Leu Asp Ile Ile Ala Ile Phe Pro Thr Tyr Asp Phe Glu Lys
 290 295 300
 35 Tyr Pro Leu Pro Thr His Val Glu Leu Thr Arg Glu Ile Tyr Thr Asp
 305 310 315 320
 Ala Val Gly Tyr Ser Ser Gly Thr Tyr Ser Trp Leu Arg Asn Trp Pro
 325 330 335
 Asn Thr Phe Asn Gly Leu Glu Ala Asn Gly Thr Arg Gly Pro Gly Leu
 340 345 350
 40 Val Thr Trp Leu Ser Lys Ile Gly Ile Tyr Asn Glu Tyr Val Ser Arg
 355 360 365
 Tyr Phe Ala Gly Trp Val Gly Thr Arg His Tyr Glu Asp Tyr Thr Lys
 370 375 380
 Gly Asn Gly Ile Phe Gln Arg Met Ser Gly Thr Thr Ser Asn Asp Leu
 385 390 395 400
 45 Arg Asn Ile Asp Phe Gln Asn Ala Asp Val Tyr Lys Ile Thr Ser Leu
 405 410 415
 Ala Ile Met Asn Leu Val Gly Glu Thr Thr Ala Arg Pro Glu Tyr Arg
 420 425 430
 Val Ser Lys Ala Asp Phe Arg Arg Val Gly Gly Pro Asp Leu Asn Tyr
 435 440 445
 50 Asp Ala Gly Asn Asn Gly Leu Ser Arg Met Thr Ile Glu Ser Thr Phe
 450 455 460
 Pro Leu Val Leu His Ser Asn Gly Val Arg Gly Pro Ser His Arg Leu
 465 470 475 480
 Ser Asn Ala Ala Cys Val Val Tyr Gly Asn Ser Arg Val Asn Val Tyr
 485 490 495
 55 Gly Trp Thr His Thr Ser Leu Lys Arg Glu Asn Ile Ile Glu Ala Asn
 500 505 510
 Gln Ile Thr Gln Ile Pro Ala Val Lys Ser Tyr Tyr Leu Gln Asn Tyr
 515 520 525
 Leu Ala Asn Ala Tyr Thr Tyr Val Ile Lys Gly Thr His Thr Gly Gly

ES 2 316 963 T3

530 535 540
 Asp Leu Ile Arg Phe Leu Arg Thr Lys Ser Glu Tyr Asn Ala Val Tyr
 545 550 555 560
 Ala Gly Gly Gly Ile Arg Leu Ile Ile Asn Asn Lys Thr Ala Gly Gln
 565 570 575
 Ser Tyr Arg Ile Arg Phe Arg Tyr Ala Ala Asp Lys Ala Ala Phe Phe
 580 585 590
 Ser Val Tyr Leu Tyr Pro Gly Gly Trp Gly Ser Asn Arg Phe Val Ser
 595 600 605
 Leu Glu Lys Ser Tyr Ser Gly Asn Tyr Asp Asp Leu Lys Tyr Ser Asp
 610 615 620
 Phe Lys Phe Ala Glu Ile Ile Thr Pro Pro Leu Pro Ser Ser Asn Ile
 625 630 635 640
 Gln Met Asp Val Glu Met Gln Ala Asn Ser Phe Gln Ser Asp Val Asn
 645 650 655
 Val Val Leu Asp Lys Ile Glu Phe Leu Pro Ser Asn Thr Thr Thr Leu
 660 665 670
 Glu Tyr Glu Gly Glu Arg Asp Leu Glu Lys Thr Lys Asn Ala Val Asn
 675 680 685
 Asp Leu Phe Thr Asn
 690
 <210> 15
 <211> 2073
 <212> DNA
 25 <213> *Bacillus thuringiensis*
 <220>
 <221> CDS
 30 <222> (1)...(2073)
 <400> 15
 35 atg agt cca tat caa aat aaa aat gaa tat gaa ata ttg gaa tcc tca 48
 Met Ser Pro Tyr Gln Asn Lys Asn Glu Tyr Glu Ile Leu Glu Ser Ser
 1 5 10 15
 40 tcg aat aac aca aat acg cca aac aga tat cct ttt gca aat aat cgg 96
 Ser Asn Asn Thr Asn Thr Pro Asn Arg Tyr Pro Phe Ala Asn Asn Arg
 20 25 30
 gat atg tct act atg tct tgg aat gat tgt cag gga atc tca tgg gat 144
 Asp Met Ser Thr Met Ser Trp Asn Asp Cys Gln Gly Ile Ser Trp Asp
 35 40 45
 45 gaa att tgg gaa tca gtc gaa acg ata aca agt att ggg ata aat ctt 192
 Glu Ile Trp Glu Ser Val Glu Thr Ile Thr Ser Ile Gly Ile Asn Leu
 50 55 60
 ata gag ttt gtg ata gaa cct agt ttg ggt gga att aat aca cta tta 240
 Ile Glu Phe Val Ile Glu Pro Ser Leu Gly Gly Ile Asn Thr Leu Leu
 65 70 75 80
 50 tca ata ata gga aaa cta att ccg act aat cgt caa act gtg tca gca 288
 Ser Ile Ile Gly Lys Leu Ile Pro Thr Asn Arg Gln Thr Val Ser Ala
 85 90 95
 55 ctt tct ata tgt gat tta tta tct ata att cgt aaa gag gta gcc gat 336
 Leu Ser Ile Cys Asp Leu Leu Ser Ile Ile Arg Lys Glu Val Ala Asp
 100 105 110
 60 agt gtt tta agt gat gcg att gca gat ttt gac ggt aaa ttg aaa aat 384
 Ser Val Leu Ser Asp Ala Ile Ala Asp Phe Asp Gly Lys Leu Lys Asn
 115 120 125
 65 tat aga gag tat tat ctt tct tat ctt ggg gct tgg ctt aaa gac ggt 432
 Tyr Arg Glu Tyr Tyr Leu Ser Tyr Leu Gly Ala Trp Leu Lys Asp Gly
 130 135 140

ES 2 316 963 T3

	aaa cca ctt caa aag aca aat aat tct gat atc gga caa tta gtt tat	480
	Lys Pro Leu Gln Lys Thr Asn Asn Ser Asp Ile Gly Gln Leu Val Tyr	
	145 150 155 160	
5	tat ttt aaa ctt tca gaa aga gat ttc aat gaa att cta gga ggg tca	528
	Tyr Phe Lys Leu Ser Glu Arg Asp Phe Asn Glu Ile Leu Gly Gly Ser	
	165 170 175	
10	ttg tca aga aac aat gct caa gta ttg tta tta cct act ttt gca caa	576
	Leu Ser Arg Asn Asn Ala Gln Val Leu Leu Leu Pro Thr Phe Ala Gln	
	180 185 190	
	gct gca aat gtg cag tta tta cta tta agg gat gca gtt caa tat aaa	624
	Ala Ala Asn Val Gln Leu Leu Leu Leu Arg Asp Ala Val Gln Tyr Lys	
	195 200 205	
15	gca caa tgg ttc cca ttt ttg agt gca gag aat gta aga tcg gaa tta	672
	Ala Gln Trp Phe Pro Phe Leu Ser Ala Glu Asn Val Arg Ser Glu Leu	
	210 215 220	
20	ata tca cct aac agt ggt tgt gat ttt acc ggt gat tac tat gag cga	720
	Ile Ser Pro Asn Ser Gly Cys Asp Phe Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Arg	
	225 230 235 240	
	tta aaa tgc aaa acg gca gag tat acc aat tat tgt tta tat tgg tat	768
	Leu Lys Cys Lys Thr Ala Glu Tyr Thr Asn Tyr Cys Leu Tyr Trp Tyr	
	245 250 255	
25	cag gta ggt tta aat cag ata aaa cag ggg ggg aca ggt gct gac act	816
	Gln Val Gly Leu Asn Gln Ile Lys Gln Gly Gly Thr Gly Ala Asp Thr	
	260 265 270	
30	tgg tcg aaa ttt aat aaa ttt cgt aga gaa atg acg ttg gog gta ttg	864
	Trp Ser Lys Phe Asn Lys Phe Arg Arg Glu Met Thr Leu Ala Val Leu	
	275 280 285	
	gat att atc gct ata ttt cca act tat gat ttt gag aaa tat cca ttg	912
	Asp Ile Ile Ala Ile Phe Pro Thr Tyr Asp Phe Glu Lys Tyr Pro Leu	
	290 295 300	
35	cca aca cat gta gag ttg act agg gaa att tat aca gat gca gtg gga	960
	Pro Thr His Val Glu Leu Thr Arg Glu Ile Tyr Thr Asp Ala Val Gly	
	305 310 315 320	
40	tat tca tcg gga act tat agt tgg tta cgg aat tgg cct aat act ttt	1008
	Tyr Ser Ser Gly Thr Tyr Ser Trp Leu Arg Asn Trp Pro Asn Thr Phe	
	325 330 335	
	aat ggg tta gag gct aat gga aca cgg gga cct ggt tta gtt act tgg	1056
	Asn Gly Leu Glu Ala Asn Gly Thr Arg Gly Pro Gly Leu Val Thr Trp	
	340 345 350	
45	ctt agc aaa ata ggt ata tat aat gag tat gtt tcg aga tat ttt gcc	1104
	Leu Ser Lys Ile Gly Ile Tyr Asn Glu Tyr Val Ser Arg Tyr Phe Ala	
	355 360 365	
50	ggc tgg gta gga act cgt cat tat gaa gac tac aca aag ggt aac ggt	1152
	Gly Trp Val Gly Thr Arg His Tyr Glu Asp Tyr Thr Lys Gly Asn Gly	
	370 375 380	
	att ttt caa cgt atg tct gga act acg agt aat gat cta cgt aat att	1200
	Ile Phe Gln Arg Met Ser Gly Thr Thr Ser Asn Asp Leu Arg Asn Ile	
	385 390 395 400	
55	gat ttt cag aat gcc gat gta tat aaa att act tca tta gct atc atg	1248
	Asp Phe Gln Asn Ala Asp Val Tyr Lys Ile Thr Ser Leu Ala Ile Met	
	405 410 415	

ES 2 316 963 T3

	sac cta gta gga gag act acc gct aga cca gag tat cgt gtt tca aag	1296
	Asn Leu Val Gly Glu Thr Thr Ala Arg Pro Glu Tyr Arg Val Ser Lys	
	420 425 430	
5	gca gat ttt cgt agg gta ggg gga cct gat tta aat tat gat gca ggt	1344
	Ala Asp Phe Arg Arg Val Gly Gly Pro Asp Leu Asn Tyr Asp Ala Gly	
	435 440 445	
10	aat aat ggg cta agc agg atg aca att gaa tct acg ttc cca ctt gta	1392
	Asn Asn Gly Leu Ser Arg Met Thr Ile Glu Ser Thr Phe Pro Leu Val	
	450 455 460	
	ttg cac tct aat ggt gtt aga gga ccc tct cat aga tta tca aat gcg	1440
	Leu His Ser Asn Gly Val Arg Gly Pro Ser His Arg Leu Ser Asn Ala	
	465 470 475 480	
15	gca tgt gtt gta tat gga aac tcc aga gtt aac gta tat ggt tgg aca	1488
	Ala Cys Val Val Tyr Gly Asn Ser Arg Val Asn Val Tyr Gly Trp Thr	
	485 490 495	
20	cat aca agt tta aaa cgt gaa aat ata att gaa gcc aat caa att aca	1536
	His Thr Ser Leu Lys Arg Glu Asn Ile Ile Glu Ala Asn Gln Ile Thr	
	500 505 510	
	caa ata ccg gcg gtg aag agt tat tac ctt caa aat tat ctt gct aat	1584
	Gln Ile Pro Ala Val Lys Ser Tyr Tyr Leu Gln Asn Tyr Leu Ala Asn	
	515 520 525	
25	gcc tat acc tat gta ata aaa ggc act cat aca ggt ggg gat tta atc	1632
	Ala Tyr Thr Tyr Val Ile Lys Gly Thr His Thr Gly Gly Asp Leu Ile	
	530 535 540	
30	cgt ttt tta aga aca aaa tca gag tat aac gca gtt tat gca ggt ggc	1680
	Arg Phe Leu Arg Thr Lys Ser Glu Tyr Asn Ala Val Tyr Ala Gly Gly	
	545 550 555 560	
	gga att aga ttg att att aat aac aaa act gca gga caa agt tac cgt	1728
	Gly Ile Arg Leu Ile Ile Asn Asn Lys Thr Ala Gly Gln Ser Tyr Arg	
	565 570 575	
35	att cgt ttt cgt tat gct gca gat aaa gct gct ttc ttt agt gta tat	1776
	Ile Arg Phe Arg Tyr Ala Ala Asp Lys Ala Ala Phe Phe Ser Val Tyr	
	580 585 590	
40	ctt tat cca gga ggt tgg ggt tca aat cgt ttt gta tcg ctt gaa aaa	1824
	Leu Tyr Pro Gly Gly Trp Gly Ser Asn Arg Phe Val Ser Leu Glu Lys	
	595 600 605	
	tct tac tct gga aat tat gac gat tta aaa tat agt gat ttt aaa ttc	1872
	Ser Tyr Ser Gly Asn Tyr Asp Asp Leu Lys Tyr Ser Asp Phe Lys Phe	
	610 615 620	
45	gct gaa att atc aca cct cca tta cct agt tca aac att cag atg gat	1920
	Ala Glu Ile Ile Thr Pro Pro Leu Pro Ser Ser Asn Ile Gln Met Asp	
	625 630 635 640	
	gtg gag atg caa gcg aat agt ttt caa tca gat gta aac gtg gtt ctc	1968
	Val Glu Met Gln Ala Asn Ser Phe Gln Ser Asp Val Asn Val Val Leu	
	645 650 655	
50	gac aaa att gaa ttc ctc cca agt aat aca aca act tta gaa tat gag	2016
	Asp Lys Ile Glu Phe Leu Pro Ser Asn Thr Thr Leu Glu Tyr Glu	
	660 665 670	
55	gga gaa cgg gac cta gaa aaa aca aag aac gcg gtg aac gat ctg ttt	2064
	Gly Glu Arg Asp Leu Glu Lys Thr Lys Asn Ala Val Asn Asp Leu Phe	
	675 680 685	
	acc aat taa	2073
	Thr Asn *	
	690	

60

<210> 16

<211> 690

65 <212> PRT

<213> *Bacillus thuringiensis*

ES 2 316 963 T3

<400> 16

	Met	Ser	Pro	Tyr	Gln	Asn	Lys	Asn	Glu	Tyr	Glu	Ile	Leu	Glu	Ser	Ser
	1				5				10					15		
5	Ser	Asn	Asn	Thr	Asn	Thr	Pro	Asn	Arg	Tyr	Pro	Phe	Ala	Asn	Asn	Arg
				20					25					30		
	Asp	Met	Ser	Thr	Met	Ser	Trp	Asn	Asp	Cys	Gln	Gly	Ile	Ser	Trp	Asp
			35					40					45			
	Glu	Ile	Trp	Glu	Ser	Val	Glu	Thr	Ile	Thr	Ser	Ile	Gly	Ile	Asn	Leu
		50					55					60				
10	Ile	Glu	Phe	Val	Ile	Glu	Pro	Ser	Leu	Gly	Gly	Ile	Asn	Thr	Leu	Leu
	65					70					75				80	
	Ser	Ile	Ile	Gly	Lys	Leu	Ile	Pro	Thr	Asn	Arg	Gln	Thr	Val	Ser	Ala
					85					90					95	
	Leu	Ser	Ile	Cys	Asp	Leu	Leu	Ser	Ile	Ile	Arg	Lys	Glu	Val	Ala	Asp
					100				105					110		
15	Ser	Val	Leu	Ser	Asp	Ala	Ile	Ala	Asp	Phe	Asp	Gly	Lys	Leu	Lys	Asn
			115					120					125			
	Tyr	Arg	Glu	Tyr	Tyr	Leu	Ser	Tyr	Leu	Gly	Ala	Trp	Leu	Lys	Asp	Gly
		130				135						140				
	Lys	Pro	Leu	Gln	Lys	Thr	Asn	Asn	Ser	Asp	Ile	Gly	Gln	Leu	Val	Tyr
20		145				150					155				160	
	Tyr	Phe	Lys	Leu	Ser	Glu	Arg	Asp	Phe	Asn	Glu	Ile	Leu	Gly	Gly	Ser
				165					170					175		
	Leu	Ser	Arg	Asn	Asn	Ala	Gln	Val	Leu	Leu	Leu	Pro	Thr	Phe	Ala	Gln
				180					185					190		
25	Ala	Ala	Asn	Val	Gln	Leu	Leu	Leu	Leu	Arg	Asp	Ala	Val	Gln	Tyr	Lys
			195						200				205			
	Ala	Gln	Trp	Phe	Pro	Phe	Leu	Ser	Ala	Glu	Asn	Val	Arg	Ser	Glu	Leu
			210				215					220				
	Ile	Ser	Pro	Asn	Ser	Gly	Cys	Asp	Phe	Thr	Gly	Asp	Tyr	Tyr	Glu	Arg
		225				230					235				240	
30	Leu	Lys	Cys	Lys	Thr	Ala	Glu	Tyr	Thr	Asn	Tyr	Cys	Leu	Tyr	Trp	Tyr
				245					250					255		
	Gln	Val	Gly	Leu	Asn	Gln	Ile	Lys	Gln	Gly	Gly	Thr	Gly	Ala	Asp	Thr
			260						265					270		
	Trp	Ser	Lys	Phe	Asn	Lys	Phe	Arg	Arg	Glu	Met	Thr	Leu	Ala	Val	Leu
			275					280					285			
35	Asp	Ile	Ile	Ala	Ile	Phe	Pro	Thr	Tyr	Asp	Phe	Glu	Lys	Tyr	Pro	Leu
		290					295					300				
	Pro	Thr	His	Val	Glu	Leu	Thr	Arg	Glu	Ile	Tyr	Thr	Asp	Ala	Val	Gly
						310					315				320	
	Tyr	Ser	Ser	Gly	Thr	Tyr	Ser	Trp	Leu	Arg	Asn	Trp	Pro	Asn	Thr	Phe
				325					330					335		
40	Asn	Gly	Leu	Glu	Ala	Asn	Gly	Thr	Arg	Gly	Pro	Gly	Leu	Val	Thr	Trp
				340					345					350		
	Leu	Ser	Lys	Ile	Gly	Ile	Tyr	Asn	Glu	Tyr	Val	Ser	Arg	Tyr	Phe	Ala
			355					360					365			
	Gly	Trp	Val	Gly	Thr	Arg	His	Tyr	Glu	Asp	Tyr	Thr	Lys	Gly	Asn	Gly
		370					375					380				
45	Ile	Phe	Gln	Arg	Met	Ser	Gly	Thr	Thr	Ser	Asn	Asp	Leu	Arg	Asn	Ile
		385					390					395			400	
	Asp	Phe	Gln	Asn	Ala	Asp	Val	Tyr	Lys	Ile	Thr	Ser	Leu	Ala	Ile	Met
				405						410				415		
	Asn	Leu	Val	Gly	Glu	Thr	Thr	Ala	Arg	Pro	Glu	Tyr	Arg	Val	Ser	Lys
				420					425					430		
50	Ala	Asp	Phe	Arg	Arg	Val	Gly	Gly	Pro	Asp	Leu	Asn	Tyr	Asp	Ala	Gly
				435				440						445		

ES 2 316 963 T3

Asn Asn Gly Leu Ser Arg Met Thr Ile Glu Ser Thr Phe Pro Leu Val
 450 455 460
 Leu His Ser Asn Gly Val Arg Gly Pro Ser His Arg Leu Ser Asn Ala
 465 470 475 480
 Ala Cys Val Val Tyr Gly Asn Ser Arg Val Asn Val Tyr Gly Trp Thr
 485 490 495
 His Thr Ser Leu Lys Arg Glu Asn Ile Ile Glu Ala Asn Gln Ile Thr
 500 505 510
 Gln Ile Pro Ala Val Lys Ser Tyr Tyr Leu Gln Asn Tyr Leu Ala Asn
 515 520 525
 Ala Tyr Thr Tyr Val Ile Lys Gly Thr His Thr Gly Gly Asp Leu Ile
 530 535 540
 Arg Phe Leu Arg Thr Lys Ser Glu Tyr Asn Ala Val Tyr Ala Gly Gly
 545 550 555 560
 Gly Ile Arg Leu Ile Ile Asn Asn Lys Thr Ala Gly Gln Ser Tyr Arg
 565 570 575
 Ile Arg Phe Arg Tyr Ala Ala Asp Lys Ala Ala Phe Phe Ser Val Tyr
 580 585 590
 Leu Tyr Pro Gly Gly Trp Gly Ser Asn Arg Phe Val Ser Leu Glu Lys
 595 600 605
 Ser Tyr Ser Gly Asn Tyr Asp Asp Leu Lys Tyr Ser Asp Phe Lys Phe
 610 615 620
 Ala Glu Ile Ile Thr Pro Pro Leu Pro Ser Ser Asn Ile Gln Met Asp
 625 630 635 640
 Val Glu Met Gln Ala Asn Ser Phe Gln Ser Asp Val Asn Val Val Leu
 645 650 655
 Asp Lys Ile Glu Phe Leu Pro Ser Asn Thr Thr Thr Leu Glu Tyr Glu
 660 665 670
 Gly Glu Arg Asp Leu Glu Lys Thr Lys Asn Ala Val Asn Asp Leu Phe
 675 680 685
 Thr Asn
 690

30
 <210> 17
 <211> 1686
 <212> DNA
 35 <213> *Bacillus thuringiensis*
 <220>
 <221> CDS
 40 <222> (1)...(1686)
 <400> 17

45
 gtg agt cct atg ttt aca agt agt acg aaa aat acg tta aaa ata gaa 48
 Met Ser Pro Met Phe Thr Ser Ser Thr Lys Asn Thr Leu Lys Ile Glu
 1 5 10 15
 50
 acg aca gat tat gaa ata gat caa gcg gcc att tct ata gaa tgt atg 96
 Thr Thr Asp Tyr Glu Ile Asp Gln Ala Ala Ile Ser Ile Glu Cys Met
 20 25 30
 55
 tca gat gaa caa aat cct cag gaa aaa ata atg tta tgg gat gaa ata 144
 Ser Asp Glu Gln Asn Pro Gln Glu Lys Ile Met Leu Trp Asp Glu Ile
 35 40 45
 60
 aaa ctg gca aaa caa ctt agt cag tct cgt aat cta ctc caa aat gga 192
 Lys Leu Ala Lys Gln Leu Ser Gln Ser Arg Asn Leu Leu Gln Asn Gly
 50 55 60
 65
 gac ttt tct ggg aat gat tgg aca ttc ggt aat gat att atc ata gga 240
 Asp Phe Ser Gly Asn Asp Trp Thr Phe Gly Asn Asp Ile Ile Ile Gly
 65 70 75 80
 65
 tcc aat aat cct att ttt aaa gga aaa ttt cta cag atg cgt gga gca 288
 Ser Asn Asn Pro Ile Phe Lys Gly Lys Phe Leu Gln Met Arg Gly Ala
 85 90 95

ES 2 316 963 T3

		cga gac ata tat gga act cta ttt cca acc tat atc tgt caa aaa ata	336
		Arg Asp Ile Tyr Gly Thr Leu Phe Pro Thr Tyr Ile Cys Gln Lys Ile	
		100 105 110	
5		gat gag tct aaa tta aaa cca tat aca cgt tat cga gta aga ggg ttt	384
		Asp Glu Ser Lys Leu Lys Pro Tyr Thr Arg Tyr Arg Val Arg Gly Phe	
		115 120 125	
		gtg gga agt agt aaa gat ttg aaa tta atg gta aca cgt tac ggg aaa	432
		Val Gly Ser Ser Lys Asp Leu Lys Leu Met Val Thr Arg Tyr Gly Lys	
10		130 135 140	
		gaa att gat gct atc atg aat gtt cca aat gat ttg gcc tat atg cag	480
		Glu Ile Asp Ala Ile Met Asn Val Pro Asn Asp Leu Ala Tyr Met Gln	
		145 150 155 160	
15		cct aat cct tca tgt gga gat tat cgc tgt gaa tca tgg tct cag tat	528
		Pro Asn Pro Ser Cys Gly Asp Tyr Arg Cys Glu Ser Ser Ser Gln Tyr	
		165 170 175	
		gtg agc caa ggg tat cct aca cca aca gat gga tat gct ccc gat atg	576
		Val Ser Gln Gly Tyr Pro Thr Pro Thr Asp Gly Tyr Ala Pro Asp Met	
20		180 185 190	
		tat gca tgc ccg caa aat ata gat aga aag cat gtg aag tgt cac gat	624
		Tyr Ala Cys Pro Gln Asn Ile Asp Arg Lys His Val Lys Cys His Asp	
		195 200 205	
25		cgt cat cca ttt gat ttt cat att gac acc gga gaa gta gat aca aat	672
		Arg His Pro Phe Asp Phe His Ile Asp Thr Gly Glu Val Asp Thr Asn	
		210 215 220	
		aca aat gta ggt att gat gtc tta tta aaa att tct aat cca gat gga	720
		Thr Asn Val Gly Ile Asp Val Leu Leu Lys Ile Ser Asn Pro Asp Gly	
30		225 230 235 240	
		tac gct aca gta ggg aat cta gaa gtc att gaa gaa gga cca cta aca	768
		Tyr Ala Thr Val Gly Asn Leu Glu Val Ile Glu Glu Gly Pro Leu Thr	
		245 250 255	
35		ggg gaa gca ttg gca cat gtg aca caa aag gaa aag aaa tgg aaa caa	816
		Gly Glu Ala Leu Ala His Val Lys Gln Lys Glu Lys Lys Trp Lys Gln	
		260 265 270	
		cac atg gag aaa aaa cgt tgg gaa aca caa caa gcc tat gat cca gca	864
		His Met Glu Lys Lys Arg Trp Glu Thr Gln Gln Ala Tyr Asp Pro Ala	
40		275 280 285	
		aaa cag gct gta gat gca tta ttt aca aat gaa caa gag tta cac tat	912
		Lys Gln Ala Val Asp Ala Leu Phe Thr Asn Glu Gln Glu Leu His Tyr	
		290 295 300	
45		cat att act tta gat cat att caa aac gct gat cga ctg gta cag tgg	960
		His Ile Thr Leu Asp His Ile Gln Asn Ala Asp Arg Leu Val Gln Ser	
		305 310 315 320	
		att ccc tat gta tac cat aat tgg tta cgg aat gct cca ggt atg aac	1008
		Ile Pro Tyr Val Tyr His Asn Trp Leu Pro Asn Ala Pro Gly Met Asn	
50		325 330 335	
		tat gat gta tat caa gag tta aac gca cgt atc atg caa ggt tat aat	1056
		Tyr Asp Val Tyr Gln Glu Leu Asn Ala Arg Ile Met Gln Gly Tyr Asn	
		340 345 350	
55		tta tat gat gca cga aat gtc ata aca aat ggt gac ttt aca caa gga	1104
		Leu Tyr Asp Ala Arg Asn Val Ile Thr Asn Gly Asp Phe Thr Gln Gly	
		355 360 365	

ES 2 316 963 T3

tta cag gga tgg cac gca aca gga aat gcc gcg gta caa caa atg gat 1152
 Leu Gln Gly Trp His Ala Thr Gly Asn Ala Ala Val Gln Gln Met Asp
 370 375 380
 5 gga gct tca gta tta gtt cta tca aat tgg agc gcg ggg gta tct caa 1200
 Gly Ala Ser Val Leu Val Leu Ser Asn Trp Ser Ala Gly Val Ser Gln
 385 390 395 400
 10 aac ttg cat gct caa gat cat cat gga tat gtg tta cgt gtg att gcc 1248
 Asn Leu His Ala Gln Asp His His Gly Tyr Val Leu Arg Val Ile Ala
 405 410 415
 15 aaa aaa gaa gga cct gga aaa ggg tat gta acg atg atg gat tgt aat 1296
 Lys Lys Glu Gln Pro Gly Lys Gly Tyr Val Thr Met Met Asp Cys Asn
 420 425 430
 20 gga aag cag gaa aca ctt aag ttc act tct tgc gaa gaa gga tat atg 1344
 Gly Lys Gln Thr Leu Lys Phe Thr Ser Cys Glu Glu Gly Tyr Met
 435 440 445
 25 aca aaa aca gta gag gta ttc cca gaa agt gat cgt gta cgg att gaa 1392
 Thr Lys Thr Val Glu Val Phe Pro Glu Ser Asp Arg Val Arg Ile Glu
 450 455 460
 30 ata gga gaa acc gaa ggt aca ttt tat ata gat agc atc gag ttg ctt 1440
 Ile Gly Glu Thr Glu Gly Thr Phe Tyr Ile Asp Ser Ile Glu Leu Leu
 465 470 475 480
 35 tgt atg caa gga tat gat aac aat aat aac ctg cac acg ggt aat atg 1488
 Cys Met Gln Gly Tyr Asp Asn Asn Asn Asn Leu His Thr Gly Asn Met
 485 490 495
 40 tat gag caa agt tat aat gga aat tat aat caa aat act agc gat gtg 1536
 Tyr Glu Gln Ser Tyr Asn Gly Asn Tyr Asn Gln Asn Thr Ser Asp Val
 500 505 510
 45 tat tac caa ggg tat aca aac aac tat aac caa gac tct agt aat atg 1584
 Tyr Tyr Gln Gly Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Gln Asp Ser Ser Asn Met
 515 520 525
 50 tat aat caa aat tat act aac aat gat gac ctg cat tcc ggt tgc aca 1632
 Tyr Asn Gln Asn Tyr Thr Asn Asn Asp Asp Leu His Ser Gly Cys Thr
 530 535 540
 55 tgt aac caa ggg cat aac tct ggc tgt aca tgt aat caa gga tat aac 1680
 Cys Asn Gln Gly His Asn Ser Gly Cys Thr Cys Asn Gln Gly Tyr Asn
 545 550 555 560
 60 cgt taa 1686
 Arg *

<210> 18

<211> 561

50 <212> PRT

<213> *Bacillus thuringiensis*

<400> 18

55 Met Ser Pro Met Phe Thr Ser Ser Thr Lys Asn Thr Leu Lys Ile Glu
 1 5 10 15
 Thr Thr Asp Tyr Glu Ile Asp Gln Ala Ala Ile Ser Ile Glu Cys Met
 20 25 30
 60 Ser Asp Glu Gln Asn Pro Gln Glu Lys Ile Met Leu Trp Asp Glu Ile
 35 40 45
 Lys Leu Ala Lys Gln Leu Ser Gln Ser Arg Asn Leu Leu Gln Asn Gly
 50 55 60
 Asp Phe Ser Gly Asn Asp Trp Thr Phe Gly Asn Asp Ile Ile Ile Gly

65

ES 2 316 963 T3

65 Ser Asn Asn Pro Ile 70 Phe Lys Gly Lys Phe 75 Leu Gln Met Arg Gly Ala 80
 Arg Asp Ile Tyr Gly Thr Leu Phe Pro Thr Tyr Ile Cys Gln Lys Ile 85
 Asp Glu Ser Lys Leu Lys Pro Tyr Thr Arg Tyr Arg Val Arg Gly Phe 90
 Val Gly Ser Ser Lys Asp Leu Lys Leu Met Val Thr Arg Tyr Gly Lys 95
 Glu Ile Asp Ala Ile Met Asn Val Pro Asn Asp Leu Ala Tyr Met Gln 100
 Pro Asn Pro Ser Cys Gly Asp Tyr Arg Cys Glu Ser Ser Ser Gln Tyr 105
 Val Ser Gln Gly Tyr Pro Thr Pro Thr Asp Gly Tyr Ala Pro Asp Met 110
 Tyr Ala Cys Pro Gln Asn Ile Asp Arg Lys His Val Lys Cys His Asp 115
 Arg His Pro Phe Asp Phe His Ile Asp Thr Gly Glu Val Asp Thr Asn 120
 Thr Asn Val Gly Ile Asp Val Leu Leu Lys Ile Ser Asn Pro Asp Gly 125
 Tyr Ala Thr Val Gly Asn Leu Glu Val Ile Glu Glu Gly Pro Leu Thr 130
 Gly Glu Ala Leu Ala His Val Lys Gln Lys Glu Lys Lys Trp Lys Gln 135
 His Met Glu Lys Lys Arg Trp Glu Thr Gln Gln Ala Tyr Asp Pro Ala 140
 Lys Gln Ala Val Asp Ala Leu Phe Thr Asn Glu Gln Glu Leu His Tyr 145
 His Ile Thr Leu Asp His Ile Gln Asn Ala Asp Arg Leu Val Gln Ser 150
 Ile Pro Tyr Val Tyr His Asn Trp Leu Pro Asn Ala Pro Gly Met Asn 155
 Tyr Asp Val Tyr Gln Glu Leu Asn Ala Arg Ile Met Gln Gly Tyr Asn 160
 Leu Tyr Asp Ala Arg Asn Val Ile Thr Asn Gly Asp Phe Thr Gln Gly 165
 Leu Gln Gly Trp His Ala Thr Gly Asn Ala Ala Val Gln Gln Met Asp 170
 Gly Ala Ser Val Leu Val Leu Ser Asn Trp Ser Ala Gly Val Ser Gln 175
 Asn Leu His Ala Gln Asp His His Gly Tyr Val Leu Arg Val Ile Ala 180
 Lys Lys Glu Gly Pro Gly Lys Gly Tyr Val Thr Met Met Asp Cys Asn 185
 Gly Lys Gln Glu Thr Leu Lys Phe Thr Ser Cys Glu Glu Gly Tyr Met 190
 Thr Lys Thr Val Glu Val Phe Pro Glu Ser Asp Arg Val Arg Ile Glu 195
 Ile Gly Glu Thr Glu Gly Thr Phe Tyr Ile Asp Ser Ile Glu Leu Leu 200
 Cys Met Gln Gly Tyr Asp Asn Asn Asn Asn Leu His Thr Gly Asn Met 205
 Tyr Glu Gln Ser Tyr Asn Gly Asn Tyr Asn Gln Asn Thr Ser Asp Val 210
 Tyr Tyr Gln Gly Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Gln Asp Ser Ser Asn Met 215
 Tyr Asn Gln Asn Tyr Thr Asn Asn Asp Asp Leu His Ser Gly Cys Thr 220
 Cys Asn Gln Gly His Asn Ser Gly Cys Thr Cys Asn Gln Gly Tyr Asn 225
 Arg 230

<210> 19

<211> 2049

<212> DNA

<213> *Bacillus thuringiensis*

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(2049)

ES 2 316 963 T3

<400> 19

5	atg aat tca tat aaa aat aaa aat gaa tat gaa atg ttg gat gct tta Met Asn Ser Tyr Lys Asn Lys Asn Glu Tyr Glu Met Leu Asp Ala Leu 1 5 10 15	48
10	cga atc aac tct aat atg tct aat tgt tat cca agg tat cca cta gca Arg Ile Asn Ser Asn Met Ser Asn Cys Tyr Pro Arg Tyr Pro Leu Ala 20 25 30	96
15	aaa gat cca caa atg act atg cga aac acg aac tat aaa gaa tgg cta Lys Asp Pro Gln Met Thr Met Arg Asn Thr Asn Tyr Lys Glu Trp Leu 35 40 45	144
20	aat atg tgt gat tca aat aca caa ttt att ggt gat ata agc acg tat Asn Met Cys Asp Ser Asn Thr Gln Phe Ile Gly Asp Ile Ser Thr Tyr 50 55 60	192
25	tct agc cct gaa gct gct tta agt gta cga gat gct gtt tta acg ggt Ser Ser Pro Glu Ala Ala Leu Ser Val Arg Asp Ala Val Leu Thr Gly 65 70 75 80	240
30	att aac agt gta ggg act ata ctt tcg aat tta ggg gtc cct ttg gca Ile Asn Ser Val Gln Thr Ile Leu Ser Asn Leu Gly Val Pro Leu Ala 85 90 95	288
35	agt caa tca ttt gga ata att agt agg cta ata ggt att tta tgg gca Ser Gln Ser Phe Gly Ile Ile Ser Arg Leu Ile Gly Ile Leu Trp Ala 100 105 110	336
40	ggg cct gat cca ttt gaa gca ctt atg gtt ctt gtt gaa gag ctt att Gly Pro Asp Pro Phe Glu Ala Leu Met Val Leu Val Glu Glu Leu Ile 115 120 125	384
45	aag aaa agt ata gat cag cgt gta aga gaa aat gct ctt aga gag cta Lys Lys Ser Ile Asp Gln Arg Val Arg Glu Asn Ala Leu Arg Glu Leu 130 135 140	432
50	gaa ggt tta cag gga att atg aga cta tat caa act aga ctg caa gca Glu Gly Leu Gln Gly Ile Met Arg Leu Tyr Gln Thr Arg Leu Gln Ala 145 150 155 160	480
55	tgg cta gtt aac aag aat gat gac aat cgg agg gca cta gta acg cag Trp Leu Val Asn Lys Asn Asp Asp Asn Arg Arg Ala Leu Val Thr Gln 165 170 175	528
60	tat gca att gtt gat aac ttt ttc gaa aag aat atg cca aaa ttc aag Tyr Ala Ile Val Asp Asn Phe Phe Glu Lys Asn Met Pro Lys Phe Lys 180 185 190	576
65	gaa aga aac ttt gaa att tta ttg tta cca gta tat gca caa gcc gcg Glu Arg Asn Phe Glu Ile Leu Leu Leu Pro Val Tyr Ala Gln Ala Ala 195 200 205	624
70	aat ttg cat tta att tta tta aga gat gct gat tat ttt gga gca cag Asn Leu His Leu Ile Leu Leu Arg Asp Ala Asp Tyr Phe Gly Ala Gln 210 215 220	672
75	tgg caa tta ggt gat gat gaa att cgt gat aat tat atc aga cta caa Trp Gln Leu Gly Asp Asp Glu Ile Arg Asp Asn Tyr Ile Arg Leu Gln 225 230 235 240	720
80	gga ctg att aga gaa tat aaa gat cat tgt ata aca ttc tat aac cag	768

ES 2 316 963 T3

	Gly	Leu	Ile	Arg	Glu	Tyr	Lys	Asp	His	Cys	Ile	Thr	Phe	Tyr	Asn	Gln	
					245					250					255		
5	ggg	tta	aat	caa	ttt	aat	cgt	tca	aat	gct	caa	gat	tgg	gtg	agc	ttt	816
	Gly	Leu	Asn	Gln	Phe	Asn	Arg	Ser	Asn	Ala	Gln	Asp	Trp	Val	Ser	Phe	
				260				265					270				
	aat	agg	ttt	cgt	aca	gat	atg	aca	tta	aca	gta	tta	gat	ctc	gca	ata	864
	Asn	Arg	Phe	Arg	Thr	Asp	Met	Thr	Leu	Thr	Val	Leu	Asp	Leu	Ala	Ile	
			275					280					285				
10	tta	ttt	cca	aac	tat	gat	cca	cgt	agg	tat	cca	tta	gca	gta	aaa	acg	912
	Leu	Phe	Pro	Asn	Tyr	Asp	Pro	Arg	Arg	Tyr	Pro	Leu	Ala	Val	Lys	Thr	
			290				295					300					
15	gaa	ttg	act	agg	gaa	gtt	tat	aca	gat	cca	gta	ggg	ttt	act	ggg	gta	960
	Glu	Leu	Thr	Arg	Glu	Val	Tyr	Thr	Asp	Pro	Val	Gly	Phe	Thr	Gly	Val	
	305				310						315				320		
	tta	gaa	agt	gga	ggg	agg	act	tac	cct	tgg	tat	aat	cct	aat	aat	aca	1008
	Leu	Glu	Ser	Gly	Gly	Arg	Thr	Tyr	Pro	Trp	Tyr	Asn	Pro	Asn	Asn	Thr	
				325						330				335			
20	acc	ttt	act	gct	atg	gaa	aat	aac	gca	aga	cga	cgt	cct	tct	tat	acc	1056
	Thr	Phe	Thr	Ala	Met	Glu	Asn	Asn	Ala	Arg	Arg	Arg	Pro	Ser	Tyr	Thr	
				340					345					350			
25	act	tgg	ctt	aat	cgt	att	ttt	gta	tat	aca	agg	act	cta	ggg	aat	atg	1104
	Thr	Trp	Leu	Asn	Arg	Ile	Phe	Val	Tyr	Thr	Arg	Thr	Leu	Gly	Asn	Met	
			355				360						365				
	tct	gat	gtg	aga	aat	att	tgg	gga	ggg	cat	aca	tta	gtt	gaa	aat	gga	1152
	Ser	Asp	Val	Arg	Asn	Ile	Trp	Gly	Gly	His	Thr	Leu	Val	Glu	Asn	Gly	
		370				375						380					
30	aat	gat	ggg	tct	gaa	ata	acc	cat	aac	ttt	ggg	aaa	act	gat	tct	att	1200
	Asn	Asp	Gly	Ser	Glu	Ile	Thr	His	Asn	Phe	Gly	Lys	Thr	Asp	Ser	Ile	
	385				390					395					400		
	act	cct	att	caa	tat	ttt	aat	ttc	gcg	aac	ctt	tct	gtt	ttc	agt	att	1248
	Thr	Pro	Ile	Gln	Tyr	Phe	Asn	Phe	Ala	Asn	Leu	Ser	Val	Phe	Ser	Ile	
35				405						410				415			
	gag	tca	ctt	gct	cgt	ata	tat	tta	gga	gga	aca	gag	gct	aat	aat	tat	1296
	Glu	Ser	Leu	Ala	Arg	Ile	Tyr	Leu	Gly	Gly	Thr	Glu	Ala	Asn	Asn	Tyr	
			420					425					430				
40	att	act	agt	cag	tat	gga	gtc	tcg	aga	gtt	att	ttt	aat	aca	tca	aat	1344
	Ile	Thr	Ser	Gln	Tyr	Gly	Val	Ser	Arg	Val	Ile	Phe	Asn	Thr	Ser	Asn	
			435				440						445				
	ata	aat	aat	gta	cct	gga	tct	tta	aga	tac	gaa	gtg	cct	gct	aat	ctt	1392
	Ile	Asn	Asn	Val	Pro	Gly	Ser	Leu	Arg	Tyr	Glu	Val	Pro	Ala	Asn	Leu	
45		450				455						460					
	cca	tcc	caa	act	ata	tta	tca	gaa	tta	cca	gga	aag	gat	aag	cca	aga	1440
	Pro	Ser	Gln	Thr	Ile	Leu	Ser	Glu	Leu	Pro	Gly	Lys	Asp	Lys	Pro	Arg	
	465				470					475					480		
50	cca	aac	gca	gga	gat	ttc	agc	cat	aga	tta	tct	tat	ata	tca	aat	ttt	1488
	Pro	Asn	Ala	Gly	Asp	Phe	Ser	His	Arg	Leu	Ser	Tyr	Ile	Ser	Asn	Phe	
				485						490				495			
	gat	gca	cgg	cga	agt	agt	tca	ggc	ggg	att	gtt	agt	ctt	tta	acg	ttt	1536
	Asp	Ala	Arg	Arg	Ser	Ser	Ser	Gly	Gly	Ile	Val	Ser	Leu	Leu	Thr	Phe	
55				500				505					510				
	ggg	tgg	gca	cat	acc	agt	atg	gat	cgt	aat	aat	cgt	ctt	gaa	cca	gat	1584

ES 2 316 963 T3

	Gly Trp Ala His Thr Ser Met Asp Arg Asn Asn Arg Leu Glu Pro Asp	
	515 520 525	
5	aaa att act caa ata gat gca gtt aaa ggt tgg ggg ggg aat atc ggg Lys Ile Thr Gln Ile Asp Ala Val Lys Gly Trp Gly Gly Asn Ile Gly	1632
	530 535 540	
10	ttt gtc atc cca gga cct act ggg ggg aat ttg gta aaa gtc agt gat Phe Val Ile Pro Gly Pro Thr Gly Gly Asn Leu Val Lys Val Ser Asp	1680
	545 550 555 560	
	agt tgg cat tca ctt aaa gtt caa gca cca caa aga caa aca agt tat Ser Trp His Ser Leu Lys Val Gln Ala Pro Gln Arg Gln Thr Ser Tyr	1728
	565 570 575	
15	cgt att cgt ttg cgt tat gct tgt tta gtt acc cat ggg gat gct att Arg Ile Arg Leu Arg Tyr Ala Cys Leu Val Thr His Gly Asp Ala Ile	1776
	580 585 590	
20	ttt gta gaa cac agc ggc agt agt cat ata gtt tca ttt ttt gat tgc Phe Val Glu His Ser Gly Ser Ser His Ile Val Ser Phe Phe Asp Cys	1824
	595 600 605	
	tca aat tca tca ggt cgt cca tca aac act ctt cta gag agt gat ttt Ser Asn Ser Ser Gly Arg Pro Ser Asn Thr Leu Leu Glu Ser Asp Phe	1872
	610 615 620	
25	cgc tat att gat gtt cca ggt att ttt aca cca tca ata aat ccc tta Arg Tyr Ile Asp Val Pro Gly Ile Phe Thr Pro Ser Ile Asn Pro Leu	1920
	625 630 635 640	
30	ata aga tat aga aca caa agc ttt ggt acc cac gcg ata gac aaa ttt Ile Arg Tyr Arg Thr Gln Ser Phe Gly Thr His Ala Ile Asp Lys Phe	1968
	645 650 655	
	gaa ttt att cca ctt aac act ttt ccg aat caa tca tta gaa aaa aga Glu Phe Ile Pro Leu Asn Thr Phe Pro Asn Gln Ser Leu Glu Lys Arg	2016
	660 665 670	
35	gaa cag gaa gta aat gat cta ttt atc aat taa Glu Gln Glu Val Asn Asp Leu Phe Ile Asn *	2049
	675 680	
40	<210> 20	
	<211> 682	
	<212> PRT	
45	<213> <i>Bacillus thuringiensis</i>	
	<400> 20	
50	Met Asn Ser Tyr Lys Asn Lys Asn Glu Tyr Glu Met Leu Asp Ala Leu 1 5 10 15	
	Arg Ile Asn Ser Asn Met Ser Asn Cys Tyr Pro Arg Tyr Pro Leu Ala 20 25 30	
	Lys Asp Pro Gln Met Thr Met Arg Asn Thr Asn Tyr Lys Glu Trp Leu 35 40 45	
55	Asn Met Cys Asp Ser Asn Thr Gln Phe Ile Gly Asp Ile Ser Thr Tyr 50 55 60	
	Ser Ser Pro Glu Ala Ala Leu Ser Val Arg Asp Ala Val Leu Thr Gly 65 70 75 80	
	Ile Asn Ser Val Gly Thr Ile Leu Ser Asn Leu Gly Val Pro Leu Ala 85 90 95	
60	Ser Gln Ser Phe Gly Ile Ile Ser Arg Leu Ile Gly Ile Leu Trp Ala 100 105 110	
	Gly Pro Asp Pro Phe Glu Ala Leu Met Val Leu Val Glu Glu Leu Ile 115 120 125	
65	Lys Lys Ser Ile Asp Gln Arg Val Arg Glu Asn Ala Leu Arg Glu Leu 130 135 140	

ES 2 316 963 T3

Glu Gly Leu Gln Gly Ile Met Arg Leu Tyr Gln Thr Arg Leu Gln Ala
 145 150 155 160
 Trp Leu Val Asn Lys Asn Asp Asp Asn Arg Arg Ala Leu Val Thr Gln
 165 170 175
 Tyr Ala Ile Val Asp Asn Phe Phe Glu Lys Asn Met Pro Lys Phe Lys
 180 185 190
 Glu Arg Asn Phe Glu Ile Leu Leu Leu Pro Val Tyr Ala Gln Ala Ala
 195 200 205
 Asn Leu His Leu Ile Leu Leu Arg Asp Ala Asp Tyr Phe Gly Ala Gln
 210 215 220
 Trp Gln Leu Gly Asp Asp Glu Ile Arg Asp Asn Tyr Ile Arg Leu Gln
 225 230 235 240
 Gly Leu Ile Arg Glu Tyr Lys Asp His Cys Ile Thr Phe Tyr Asn Gln
 245 250 255
 Gly Leu Asn Gln Phe Asn Arg Ser Asn Ala Gln Asp Trp Val Ser Phe
 260 265 270
 Asn Arg Phe Arg Thr Asp Met Thr Leu Thr Val Leu Asp Leu Ala Ile
 275 280 285
 Leu Phe Pro Asn Tyr Asp Pro Arg Arg Tyr Pro Leu Ala Val Lys Thr
 290 295 300
 Glu Leu Thr Arg Glu Val Tyr Thr Asp Pro Val Gly Phe Thr Gly Val
 305 310 315 320
 Leu Glu Ser Gly Gly Arg Thr Tyr Pro Trp Tyr Asn Pro Asn Asn Thr
 325 330 335
 Thr Phe Thr Ala Met Glu Asn Asn Ala Arg Arg Arg Pro Ser Tyr Thr
 340 345 350
 Thr Trp Leu Asn Arg Ile Phe Val Tyr Thr Arg Thr Leu Gly Asn Met
 355 360 365
 Ser Asp Val Arg Asn Ile Trp Gly Gly His Thr Leu Val Glu Asn Gly
 370 375 380
 Asn Asp Gly Ser Glu Ile Thr His Asn Phe Gly Lys Thr Asp Ser Ile
 385 390 395 400
 Thr Pro Ile Gln Tyr Phe Asn Phe Ala Asn Leu Ser Val Phe Ser Ile
 405 410 415
 Glu Ser Leu Ala Arg Ile Tyr Leu Gly Gly Thr Glu Ala Asn Asn Tyr
 420 425 430
 Ile Thr Ser Gln Tyr Gly Val Ser Arg Val Ile Phe Asn Thr Ser Asn
 435 440 445
 Ile Asn Asn Val Pro Gly Ser Leu Arg Tyr Glu Val Pro Ala Asn Leu
 450 455 460
 Pro Ser Gln Thr Ile Leu Ser Glu Leu Pro Gly Lys Asp Lys Pro Arg
 465 470 475 480
 Pro Asn Ala Gly Asp Phe Ser His Arg Leu Ser Tyr Ile Ser Asn Phe
 485 490 495
 Asp Ala Arg Arg Ser Ser Ser Gly Gly Ile Val Ser Leu Leu Thr Phe
 500 505 510
 Gly Trp Ala His Thr Ser Met Asp Arg Asn Asn Arg Leu Glu Pro Asp
 515 520 525
 Lys Ile Thr Gln Ile Asp Ala Val Lys Gly Trp Gly Gly Asn Ile Gly
 530 535 540
 Phe Val Ile Pro Gly Pro Thr Gly Gly Asn Leu Val Lys Val Ser Asp
 545 550 555 560
 Ser Trp His Ser Leu Lys Val Gln Ala Pro Gln Arg Gln Thr Ser Tyr
 565 570 575
 Arg Ile Arg Leu Arg Tyr Ala Cys Leu Val Thr His Gly Asp Ala Ile
 580 585 590
 Phe Val Glu His Ser Gly Ser Ser His Ile Val Ser Phe Phe Asp Cys
 595 600 605
 Ser Asn Ser Ser Gly Arg Pro Ser Asn Thr Leu Leu Glu Ser Asp Phe
 610 615 620
 Arg Tyr Ile Asp Val Pro Gly Ile Phe Thr Pro Ser Ile Asn Pro Leu
 625 630 635 640
 Ile Arg Tyr Arg Thr Gln Ser Phe Gly Thr His Ala Ile Asp Lys Phe
 645 650 655
 Glu Phe Ile Pro Leu Asn Thr Phe Pro Asn Gln Ser Leu Glu Lys Arg
 660 665 670
 Glu Gln Glu Val Asn Asp Leu Phe Ile Asn
 675 680

<210> 21

60 <211> 2016

<212> DNA

<213> *Bacillus thuringiensis*

65 <220>

<221> CDS

<222> (1)...(2016)

ES 2 316 963 T3

<400> 21

5	atg ttg gat gct tta cga atc aac tct aat atg tct aat tgt tat cca Met Leu Asp Ala Leu Arg Ile Asn Ser Asn Met Ser Asn Cys Tyr Pro	48
	1 5 10 15	
	agg tat cca cta gca aaa gat cca caa atg act atg cga aac acg aac Arg Tyr Pro Leu Ala Lys Asp Pro Gln Met Thr Met Arg Asn Thr Asn	96
	20 25 30	
10	tat aaa gaa tgg cta aat atg tgt gat tca aat aca caa ttt att ggt Tyr Lys Glu Trp Leu Asn Met Cys Asp Ser Asn Thr Gln Phe Ile Gly	144
	35 40 45	
15	gat ata agc acg tat tct agc cct gaa gct gct tta agt gta cga gat Asp Ile Ser Thr Tyr Ser Ser Pro Glu Ala Ala Leu Ser Val Arg Asp	192
	50 55 60	
	gct gtt tta acg ggt att aac agt gta ggg act ata ctt tgg aat tta Ala Val Leu Thr Gly Ile Asn Ser Val Gly Thr Ile Leu Ser Asn Leu	240
	65 70 75 80	
20	ggg gtc cct ttg gca agt caa tca ttt gga ata att agt agg cta ata Gly Val Pro Leu Ala Ser Gln Ser Phe Gly Ile Ile Ser Arg Leu Ile	288
	85 90 95	
25	ggc att tta tgg gca ggg cct gat cca ttt gaa gca ctt atg gtt ctt Gly Ile Leu Trp Ala Gly Pro Asp Pro Phe Glu Ala Leu Met Val Leu	336
	100 105 110	
	gtt gaa gag ctt att aag aaa agt ata gat cag cgt gta aga gaa aat Val Glu Glu Leu Ile Lys Lys Ser Ile Asp Gln Arg Val Arg Glu Asn	384
	115 120 125	
30	gct ctt aga gag cta gaa ggt tta cag gga att atg aga cta tat caa Ala Leu Arg Glu Leu Glu Gly Leu Gln Gly Ile Met Arg Leu Tyr Gln	432
	130 135 140	
35	act aga ctg caa gca tgg cta gtt aac aag aat gat gac aat cgg agg Thr Arg Leu Gln Ala Trp Leu Val Asn Lys Asn Asp Asp Asn Arg Arg	480
	145 150 155 160	
	gca cta gta acg cag tat gca att gtt gat aac ttt ttc gaa aag aat Ala Leu Val Thr Gln Tyr Ala Ile Val Asp Asn Phe Phe Glu Lys Asn	528
	165 170 175	
40	atg cca aaa ttc aag gaa aga aac ttt gaa att tta ttg tta cca gta Met Pro Lys Phe Lys Glu Arg Asn Phe Glu Ile Leu Leu Leu Pro Val	576
	180 185 190	
45	tat gca caa gcc gcg aat ttg cat tta att tta tta aga gat gct gat Tyr Ala Gln Ala Ala Asn Leu His Leu Ile Leu Leu Arg Asp Ala Asp	624
	195 200 205	
50	tat ttt gga gca cag tgg caa tta ggt gat gat gaa att cgt gat aat Tyr Phe Gly Ala Gln Trp Gln Leu Gly Asp Asp Glu Ile Arg Asp Asn	672
	210 215 220	

ES 2 316 963 T3

	tat atc aga cta caa gga ctg att aga gaa tat aaa gat cat tgt ata Tyr Ile Arg Leu Gln Gly Leu Ile Arg Glu Tyr Lys Asp His Cys Ile 225 230 235 240	720
5	aca ttc tat aac cag ggt tta aat caa ttt aat cgc tca aat gct caa Thr Phe Tyr Asn Gln Gly Leu Asn Gln Phe Asn Arg Ser Asn Ala Gln 245 250 255	768
10	gat tgg gtg agc ttt aat agg ttt cgt aca gat atg aca tta aca gta Asp Trp Val Ser Phe Asn Arg Phe Arg Thr Asp Met Thr Leu Thr Val 260 265 270	816
	tta gat ctc gca ata tta ttt cca aac tat gat cca cgt agg tat cca Leu Asp Leu Ala Ile Leu Phe Pro Asn Tyr Asp Pro Arg Arg Tyr Pro 275 280 285	864
15	tta gca gta aaa acg gaa ttg act agg gaa gtt tat aca gat cca gta Leu Ala Val Lys Thr Glu Leu Thr Arg Glu Val Tyr Thr Asp Pro Val 290 295 300	912
20	ggg ttt act ggg gta tta gaa agt gga ggt agg act tac cct tgg tat Gly Phe Thr Gly Val Leu Glu Ser Gly Gly Arg Thr Tyr Pro Trp Tyr 305 310 315 320	960
	aat cct aat aat aca acc ttt act gct atg gaa aat aac gca aga cga Asn Pro Asn Asn Thr Thr Phe Thr Ala Met Glu Asn Asn Ala Arg Arg 325 330 335	1008
25	cgt cct tct tat acc act tgg ctt aat cgt att ttt gta tat aca agg Arg Pro Ser Tyr Thr Thr Trp Leu Asn Arg Ile Phe Val Tyr Thr Arg 340 345 350	1056
30	act cta ggt aat atg tct gat gtg aga aat att tgg gga ggg cat aca Thr Leu Gly Asn Met Ser Asp Val Arg Asn Ile Trp Gly Gly His Thr 355 360 365	1104
	tta gtt gaa aat gga aat gat ggt tct gaa ata acc cat aac ttt ggt Leu Val Glu Asn Gly Asn Asp Gly Ser Glu Ile Thr His Asn Phe Gly 370 375 380	1152
35	aaa act gat tct att act cct att caa tat ttt aat ttc gcg aac ctt Lys Thr Asp Ser Ile Thr Pro Ile Gln Tyr Phe Asn Phe Ala Asn Leu 385 390 395 400	1200
40	tct gtt tcc agt att gag tca ctt gct cgt ata tat tta gga gga aca Ser Val Phe Ser Ile Glu Ser Leu Ala Arg Ile Tyr Leu Gly Gly Thr 405 410 415	1248
	gag gct aat aat tat att act agt cag tat gga gtc tcc aga gtt att Glu Ala Asn Asn Tyr Ile Thr Ser Gln Tyr Gly Val Ser Arg Val Ile 420 425 430	1296
45	ttc aat aca tca aat ata aat aat gta cct gga tct tta aga tac gaa Phe Asn Thr Ser Asn Ile Asn Asn Val Pro Gly Ser Leu Arg Tyr Glu 435 440 445	1344
50	gtg cct gct aat ctt cca tcc caa act ata tta tca gaa tta cca gga Val Pro Ala Asn Leu Pro Ser Gln Thr Ile Leu Ser Glu Leu Pro Gly 450 455 460	1392
	aag gat aag cca aga cca aac gca gga gat ttc agc cat aga tta tct Lys Asp Lys Pro Arg Pro Asn Ala Gly Asp Phe Ser His Arg Leu Ser 465 470 475 480	1440
55	tat ata tca aat ttt gat gca cgg cga agt agt tca ggc ggt att gtt Tyr Ile Ser Asn Phe Asp Ala Arg Arg Ser Ser Ser Gly Gly Ile Val 485 490 495	1488

ES 2 316 963 T3

agt ctt tta acg ttt ggt tgg gca cat acc agt atg gat cgt aat aat 1536
 Ser Leu Leu Thr Phe Gly Trp Ala His Thr Ser Met Asp Arg Asn Asn
 500 505 510
 5 cgt ctt gaa cca gat aaa att act caa ata gat gca gtt aaa ggt tgg 1584
 Arg Leu Glu Pro Asp Lys Ile Thr Gln Ile Asp Ala Val Lys Gly Trp
 515 520 525
 10 ggg ggg aat atc ggg ttt gtc atc cca gga cct act ggg ggg aat ttg 1632
 Gly Gly Asn Ile Gly Phe Val Ile Pro Gly Pro Thr Gly Gly Asn Leu
 530 535 540
 gta aaa gtc agt gat agt tgg cat tca ctt aaa gtt caa gca cca caa 1680
 Val Lys Val Ser Asp Ser Trp His Ser Leu Lys Val Gln Ala Pro Gln
 545 550 555 560
 15 aga caa aca agt tat cgt att cgt ttg cgt tat gct tgt tta gtt acc 1728
 Arg Gln Thr Ser Tyr Arg Ile Arg Leu Arg Tyr Ala Cys Leu Val Thr
 565 570 575
 20 cat ggg gat gct att ttt gta gaa cac agc ggc agt agt cat ata gtt 1776
 His Gly Asp Ala Ile Phe Val Glu His Ser Gly Ser Ser His Ile Val
 580 585 590
 tca ttt ttt gat tgc tca aat tca tca ggt cgt cca tca aac act ctt 1824
 Ser Phe Phe Asp Cys Ser Asn Ser Ser Gly Arg Pro Ser Asn Thr Leu
 595 600 605
 25 cta gag agt gat ttt cgc tat att gat gtt cca ggt att ttt aca cca 1872
 Leu Glu Ser Asp Phe Arg Tyr Ile Asp Val Pro Gly Ile Phe Thr Pro
 610 615 620
 30 tca ata aat ccc tta ata aga tat aga aca caa agc ttt ggt acc cac 1920
 Ser Ile Asn Pro Leu Ile Arg Tyr Arg Thr Gln Ser Phe Gly Thr His
 625 630 635 640
 gcg ata gac aaa ttt gaa ttt att cca ctt aac act ttt ccg aat caa 1968
 Ala Ile Asp Lys Phe Glu Phe Ile Pro Leu Asn Thr Phe Pro Asn Gln
 645 650 655
 35 tca tta gaa aaa aga gaa cag gaa gta aat gat cta ttt atc aat taa 2016
 Ser Leu Glu Lys Arg Glu Gln Glu Val Asn Asp Leu Phe Ile Asn *
 660 665 670

<210> 22

<211> 671

<212> PRT

45 <213> *Bacillus thuringiensis*

<400> 22

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

ES 2 316 963 T3

5 Ala Leu Arg Glu Leu Glu Gly Leu Gln Gly Ile Met Arg Leu Tyr Gln
 130 135 140
 Thr Arg Leu Gln Ala Trp Leu Val Asn Lys Asn Asp Asp Asn Arg Arg
 145 150 155 160
 Ala Leu Val Thr Gln Tyr Ala Ile Val Asp Asn Phe Phe Glu Lys Asn
 165 170 175
 Met Pro Lys Phe Lys Glu Arg Asn Phe Glu Ile Leu Leu Leu Pro Val
 180 185 190
 Tyr Ala Gln Ala Ala Asn Leu His Leu Ile Leu Leu Arg Asp Ala Asp
 195 200 205
 10 Tyr Phe Gly Ala Gln Trp Gln Leu Gly Asp Asp Glu Ile Arg Asp Asn
 210 215 220
 Tyr Ile Arg Leu Gln Gly Leu Ile Arg Glu Tyr Lys Asp His Cys Ile
 225 230 235 240
 Thr Phe Tyr Asn Gln Gly Leu Asn Gln Phe Asn Arg Ser Asn Ala Gln
 245 250 255
 15 Asp Trp Val Ser Phe Asn Arg Phe Arg Thr Asp Met Thr Leu Thr Val
 260 265 270
 Leu Asp Leu Ala Ile Leu Phe Pro Asn Tyr Asp Pro Arg Arg Tyr Pro
 275 280 285
 Leu Ala Val Lys Thr Glu Leu Thr Arg Glu Val Tyr Thr Asp Pro Val
 290 295 300
 20 Gly Phe Thr Gly Val Leu Glu Ser Gly Gly Arg Thr Tyr Pro Trp Tyr
 305 310 315 320
 Asn Pro Asn Asn Thr Thr Phe Thr Ala Met Glu Asn Asn Ala Arg Arg
 325 330 335
 Arg Pro Ser Tyr Thr Thr Trp Leu Asn Arg Ile Phe Val Tyr Thr Arg
 340 345 350
 25 Thr Leu Gly Asn Met Ser Asp Val Arg Asn Ile Trp Gly Gly His Thr
 355 360 365
 Leu Val Glu Asn Gly Asn Asp Gly Ser Glu Ile Thr His Asn Phe Gly
 370 375 380
 Lys Thr Asp Ser Ile Thr Pro Ile Gln Tyr Phe Asn Phe Ala Asn Leu
 385 390 395 400
 Ser Val Phe Ser Ile Glu Ser Leu Ala Arg Ile Tyr Leu Gly Gly Thr
 405 410 415
 30 Glu Ala Asn Asn Tyr Ile Thr Ser Gln Tyr Gly Val Ser Arg Val Ile
 420 425 430
 Phe Asn Thr Ser Asn Ile Asn Asn Val Pro Gly Ser Leu Arg Tyr Glu
 435 440 445
 Val Pro Ala Asn Leu Pro Ser Gln Thr Ile Leu Ser Glu Leu Pro Gly
 450 455 460
 35 Lys Asp Lys Pro Arg Pro Asn Ala Gly Asp Phe Ser His Arg Leu Ser
 465 470 475 480
 Tyr Ile Ser Asn Phe Asp Ala Arg Arg Ser Ser Ser Gly Gly Ile Val
 485 490 495
 Ser Leu Leu Thr Phe Gly Trp Ala His Thr Ser Met Asp Arg Asn Asn
 500 505 510
 40 Arg Leu Glu Pro Asp Lys Ile Thr Gln Ile Asp Ala Val Lys Gly Trp
 515 520 525
 Gly Gly Asn Ile Gly Phe Val Ile Pro Gly Pro Thr Gly Gly Asn Leu
 530 535 540
 Val Lys Val Ser Asp Ser Trp His Ser Leu Lys Val Gln Ala Pro Gln
 545 550 555 560
 45 Arg Gln Thr Ser Tyr Arg Ile Arg Leu Arg Tyr Ala Cys Leu Val Thr
 565 570 575
 His Gly Asp Ala Ile Phe Val Glu His Ser Gly Ser Ser His Ile Val
 580 585 590
 Ser Phe Phe Asp Cys Ser Asn Ser Ser Gly Arg Pro Ser Asn Thr Leu
 595 600 605
 50 Leu Glu Ser Asp Phe Arg Tyr Ile Asp Val Pro Gly Ile Phe Thr Pro
 610 615 620
 Ser Ile Asn Pro Leu Ile Arg Tyr Arg Thr Gln Ser Phe Gly Thr His
 625 630 635 640
 Ala Ile Asp Lys Phe Glu Phe Ile Pro Leu Asn Thr Phe Pro Asn Gln
 645 650 655
 55 Ser Leu Glu Lys Arg Glu Gln Glu Val Asn Asp Leu Phe Ile Asn
 660 665 670

<210> 23

<211> 1986

<212> DNA

<213> *Bacillus thuringiensis*

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(1986)

ES 2 316 963 T3

<400> 23

5	atg tct aat tgt tat cca agg tat cca cta gca aaa gat cca caa atg 48 Met Ser Asn Cys Tyr Pro Arg Tyr Pro Leu Ala Lys Asp Pro Gln Met 1 5 10 15
10	act atg cga aac acg aac tat aaa gaa tgg cta aat atg tgt gat tca 96 Thr Met Arg Asn Thr Asn Tyr Lys Glu Trp Leu Asn Met Cys Asp Ser 20 25 30
15	aat aca caa ttt att ggt gat ata agc acg tat tct agc cct gaa gct 144 Asn Thr Gln Phe Ile Gly Asp Ile Ser Thr Tyr Ser Ser Pro Glu Ala 35 40 45
20	gct tta agt gta cga gat gct gtt tta acg ggt att aac agt gta ggg 192 Ala Leu Ser Val Arg Asp Ala Val Leu Thr Gly Ile Asn Ser Val Gly 50 55 60
25	act ata ctt tgg aat tta ggg gtc cct ttg gca agt caa tca ttt gga 240 Thr Ile Leu Ser Asn Leu Gly Val Pro Leu Ala Ser Gln Ser Phe Gly 65 70 75 80
30	ata att agt agg cta ata ggt att tta tgg gca ggg cct gat cca ttt 288 Ile Ile Ser Arg Leu Ile Gly Ile Leu Trp Ala Gly Pro Asp Pro Phe 85 90 95
35	gaa gca ctt atg gtt ctt gtt gaa gag ctt att aag aaa agt ata gat 336 Glu Ala Leu Met Val Leu Val Glu Glu Leu Ile Lys Lys Ser Ile Asp 100 105 110
40	cag cgt gta aga gaa aat gct ctt aga gag cta gaa ggt tta cag gga 384 Gln Arg Val Arg Glu Asn Ala Leu Arg Glu Leu Glu Gly Leu Gln Gly 115 120 125
45	att atg aga cta tat caa act aga ctg caa gca tgg cta gtt aac aag 432 Ile Met Arg Leu Tyr Gln Thr Arg Leu Gln Ala Trp Leu Val Asn Lys 130 135 140
50	aat gat gac aat cgg agg gca cta gta acg cag tat gca att gtt gat 480 Asn Asp Asp Asn Arg Arg Ala Leu Val Thr Gln Tyr Ala Ile Val Asp 145 150 155 160
55	aac ttt ttc gaa aag aat atg cca aaa ttc aag gaa aga aac ttt gaa 528 Asn Phe Phe Glu Lys Asn Met Pro Lys Phe Lys Glu Arg Asn Phe Glu 165 170 175
60	att tta ttg tta cca gta tat gca caa gcc gcg aat ttg cat tta att 576 Ile Leu Leu Leu Pro Val Tyr Ala Gln Ala Ala Asn Leu His Leu Ile 180 185 190
65	tta tta aga gat gct gat tat ttt gga gca cag tgg caa tta ggt gat 624 Leu Leu Arg Asp Ala Asp Tyr Phe Gly Ala Gln Trp Gln Leu Gly Asp 195 200 205
	gat gaa att cgt gat aat tat atc aga cta caa gga ctg att aga gaa 672 Asp Glu Ile Arg Asp Asn Tyr Ile Arg Leu Gln Gly Leu Ile Arg Glu 210 215 220

ES 2 316 963 T3

	tat aaa gat cat tgt ata sca ttc tat aac cag ggt tta aat caa ttt	720
	Tyr Lys Asp His Cys Ile Thr Phe Tyr Asn Gln Gly Leu Asn Gln Phe	
	225 230 235 240	
5	aat cgc tca aat gct caa gat tgg gtg agc ttt aat egg ttt cgt aca	768
	Asn Arg Ser Asn Ala Gln Asp Trp Val Ser Phe Asn Arg Phe Arg Thr	
	245 250 255	
10	gat atg aca tta aca gta tta gat ctc gca ata tta ttt cca aac tat	816
	Asp Met Thr Leu Thr Val Leu Asp Leu Ala Ile Leu Phe Pro Asn Tyr	
	260 265 270	
	gat cca cgt agg tat cca tta gca gta aaa acg gaa ttg act agg gaa	864
	Asp Pro Arg Arg Tyr Pro Leu Ala Val Lys Thr Glu Leu Thr Arg Glu	
	275 280 285	
15	gtt tat aca gat cca gta ggg ttt act ggg gta tta gaa agt gga ggt	912
	Val Tyr Thr Asp Pro Val Gly Phe Thr Gly Val Leu Glu Ser Gly Gly	
	290 295 300	
20	agg act tac cct tgg tat aat cct aat aat aca acc ttt act gct atg	960
	Arg Thr Tyr Pro Trp Tyr Asn Pro Asn Asn Thr Thr Phe Thr Ala Met	
	305 310 315 320	
	gaa aat aac gca aga cga cgt cct tct tat acc act tgg ctt aat cgt	1008
	Glu Asn Asn Ala Arg Arg Arg Pro Ser Tyr Thr Thr Trp Leu Asn Arg	
	325 330 335	
25	att ttt gta tat aca agg act cta ggt aat atg tct gat gtg aga aat	1056
	Ile Phe Val Tyr Thr Arg Thr Leu Gly Asn Met Ser Asp Val Arg Asn	
	340 345 350	
30	att tgg gga ggg cat aca tta gtt gaa aat gga aat gat ggt tct gaa	1104
	Ile Trp Gly Gly His Thr Leu Val Glu Asn Gly Asn Asp Gly Ser Glu	
	355 360 365	
	ata acc cat aac ttt ggt aaa act gat tct att act cct att caa tat	1152
	Ile Thr His Asn Phe Gly Lys Thr Asp Ser Ile Thr Pro Ile Gln Tyr	
	370 375 380	
35	ttt aat ttc gcg aac ctt tct gtt ttc agt att gag tca ctt gct cgt	1200
	Phe Asn Phe Ala Asn Leu Ser Val Phe Ser Ile Glu Ser Leu Ala Arg	
	385 390 395 400	
40	ata tat tta gga gga sca gag gct aat aat tat att act agt cag tat	1248
	Ile Tyr Leu Gly Gly Thr Glu Ala Asn Asn Tyr Ile Thr Ser Gln Tyr	
	405 410 415	
	gga gtc tcg aga gtt att ttt aat sca tca aat ata aat aat gta cct	1296
	Gly Val Ser Arg Val Ile Phe Asn Thr Ser Asn Ile Asn Asn Val Pro	
	420 425 430	
45	gga tct tta aga tac gaa gtg cct gct aat ctt cca tcc caa act ata	1344
	Gly Ser Leu Arg Tyr Glu Val Pro Ala Asn Leu Pro Ser Gln Thr Ile	
	435 440 445	
50	tta tca gaa tta cca gga aag gat aag cca aga cca aac gca gga gat	1392
	Leu Ser Glu Leu Pro Gly Lys Asp Lys Pro Arg Pro Asn Ala Gly Asp	
	450 455 460	
	ttc agc cat aga tta tct tat ata tca aat ttt gat gca cgg cga agt	1440
	Phe Ser His Arg Leu Ser Tyr Ile Ser Asn Phe Asp Ala Arg Arg Ser	
	465 470 475 480	
55	agt tca ggc ggt att gtt agt ctt tta acg ttt ggt tgg gca cat acc	1488
	Ser Ser Gly Gly Ile Val Ser Leu Leu Thr Phe Gly Trp Ala His Thr	
	485 490 495	

ES 2 316 963 T3

```

    agt atg gat cgt aat aat cgt ctt gaa cca gat aaa att act caa ata 1536
    Ser Met Asp Arg Asn Asn Arg Leu Glu Pro Asp Lys Ile Thr Gln Ile
          500          505          510

5    gat gca gtt aaa ggt tgg ggg ggg aat atc ggg ttt gtc atc cca gga 1584
    Asp Ala Val Lys Gly Trp Gly Gly Asn Ile Gly Phe Val Ile Pro Gly
          515          520          525

    cct act ggg ggg aat ttg gta aaa gtc agt gat agt tgg cat tca ctt 1632
    Pro Thr Gly Gly Asn Leu Val Lys Val Ser Asp Ser Trp His Ser Leu
          530          535          540

    aaa gtt caa gca cca caa aga caa aca agt tat cgt att cgt ttg cgt 1680
    Lys Val Gln Ala Pro Gln Arg Gln Thr Ser Tyr Arg Ile Arg Leu Arg
    545          550          555          560

15    tat gct tgt tta gtt acc cat ggg gat gct att ttt gta gaa cac agc 1728
    Tyr Ala Cys Leu Val Thr His Gly Asp Ala Ile Phe Val Glu His Ser
          565          570          575

    ggc agt agt cat ata gtt tca ttt ttt gat tgc tca aat tca tca ggt 1776
    Gly Ser Ser His Ile Val Ser Phe Phe Asp Cys Ser Asn Ser Ser Gly
          580          585          590

    cgt cca tca aac act ctt cta gag agt gat ttt cgc tat att gat gtt 1824
    Arg Pro Ser Asn Thr Leu Leu Glu Ser Asp Phe Arg Tyr Ile Asp Val
          595          600          605

25    cca ggt att ttt aca cca tca ata aat ccc tta ata aga tat aga aca 1872
    Pro Gly Ile Phe Thr Pro Ser Ile Asn Pro Leu Ile Arg Tyr Arg Thr
          610          615          620

    caa agc ttt ggt acc cac gcg ata gac aaa ttt gaa ttt att cca ctt 1920
    Gln Ser Phe Gly Thr His Ala Ile Asp Lys Phe Glu Phe Ile Pro Leu
    625          630          635          640

    aac act ttt cgg aat caa tca tta gaa aaa aga gaa cag gaa gta aat 1968
    Asn Thr Phe Pro Asn Gln Ser Leu Glu Lys Arg Glu Gln Glu Val Asn
          645          650          655

35    gat cta ttt atc aat taa 1986
    Asp Leu Phe Ile Asn *
          660

```

```

40    <210> 24
        <211> 661
        <212> PRT
45    <213> Bacillus thuringiensis

        <400> 24

```

```

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

```

ES 2 316 963 T3

130 135 140
 Asn Asp Asn Arg Arg Ala Leu Val Thr Gln Tyr Ala Ile Val Asp
 145 150 155 160
 Asn Phe Phe Glu Lys Asn Met Pro Lys Phe Lys Glu Arg Asn Phe Glu
 165 170 175
 Ile Leu Leu Leu Pro Val Tyr Ala Gln Ala Ala Asn Leu His Leu Ile
 180 185 190
 Leu Leu Arg Asp Ala Asp Tyr Phe Gly Ala Gln Trp Gln Leu Gly Asp
 195 200 205
 Asp Glu Ile Arg Asp Asn Tyr Ile Arg Leu Gln Gly Leu Ile Arg Glu
 210 215 220
 Tyr Lys Asp His Cys Ile Thr Phe Tyr Asn Gln Gly Leu Asn Gln Phe
 225 230 235 240
 Asn Arg Ser Asn Ala Gln Asp Trp Val Ser Phe Asn Arg Phe Arg Thr
 245 250 255
 Asp Met Thr Leu Thr Val Leu Asp Leu Ala Ile Leu Phe Pro Asn Tyr
 260 265 270
 Asp Pro Arg Arg Tyr Pro Leu Ala Val Lys Thr Glu Leu Thr Arg Glu
 275 280 285
 Val Tyr Thr Asp Pro Val Gly Phe Thr Gly Val Leu Glu Ser Gly Gly
 290 295 300
 Arg Thr Tyr Pro Trp Tyr Asn Pro Asn Asn Thr Thr Phe Thr Ala Met
 305 310 315 320
 Glu Asn Asn Ala Arg Arg Arg Pro Ser Tyr Thr Thr Trp Leu Asn Arg
 325 330 335
 Ile Phe Val Tyr Thr Arg Thr Leu Gly Asn Met Ser Asp Val Arg Asn
 340 345 350
 Ile Trp Gly Gly His Thr Leu Val Glu Asn Gly Asn Asp Gly Ser Glu
 355 360 365
 Ile Thr His Asn Phe Gly Lys Thr Asp Ser Ile Thr Pro Ile Gln Tyr
 370 375 380
 Phe Asn Phe Ala Asn Leu Ser Val Phe Ser Ile Glu Ser Leu Ala Arg
 385 390 395 400
 Ile Tyr Leu Gly Gly Thr Glu Ala Asn Asn Tyr Ile Thr Ser Gln Tyr
 405 410 415
 Gly Val Ser Arg Val Ile Phe Asn Thr Ser Asn Ile Asn Asn Val Pro
 420 425 430
 Gly Ser Leu Arg Tyr Glu Val Pro Ala Asn Leu Pro Ser Gln Thr Ile
 435 440 445
 Leu Ser Glu Leu Pro Gly Lys Asp Lys Pro Arg Pro Asn Ala Gly Asp
 450 455 460
 Phe Ser His Arg Leu Ser Tyr Ile Ser Asn Phe Asp Ala Arg Arg Ser
 465 470 475 480
 Ser Ser Gly Gly Ile Val Ser Leu Leu Thr Phe Gly Trp Ala His Thr
 485 490 495
 Ser Met Asp Arg Asn Asn Arg Leu Glu Pro Asp Lys Ile Thr Gln Ile
 500 505 510
 Asp Ala Val Lys Gly Trp Gly Gly Asn Ile Gly Phe Val Ile Pro Gly
 515 520 525
 Pro Thr Gly Gly Asn Leu Val Lys Val Ser Asp Ser Trp His Ser Leu
 530 535 540
 Lys Val Gln Ala Pro Gln Arg Gln Thr Ser Tyr Arg Ile Arg Leu Arg
 545 550 555 560
 Tyr Ala Cys Leu Val Thr His Gly Asp Ala Ile Phe Val Glu His Ser
 565 570 575
 Gly Ser Ser His Ile Val Ser Phe Phe Asp Cys Ser Asn Ser Ser Gly
 580 585 590
 Arg Pro Ser Asn Thr Leu Leu Glu Ser Asp Phe Arg Tyr Ile Asp Val
 595 600 605
 Pro Gly Ile Phe Thr Pro Ser Ile Asn Pro Leu Ile Arg Tyr Arg Thr
 610 615 620
 Gln Ser Phe Gly Thr His Ala Ile Asp Lys Phe Glu Phe Ile Pro Leu
 625 630 635 640
 Asn Thr Phe Pro Asn Gln Ser Leu Glu Lys Arg Glu Gln Glu Val Asn
 645 650 655
 Asp Leu Phe Ile Asn
 660

<210> 25

<211> 2145

<212> DNA

<213> *Bacillus thuringiensis*

ES 2 316 963 T3

<400> 25

```

5      tttcaccaaa tataatgttt ttttgtagaa acattgttac aggaatacat tgggggtacta 60
      cgaatatata gaagacacc tggcatatat ttattagggt tcttaaaaat aaggactata 120
      taaggagtga aaatatgaa ttcttatcaa aatacaaatg aatatgaaat tctggatggg 180
      tccccgaata acacaatat gtcaaacaga tatccttttg caaaggatcc aaatatattt 240
      cctattaaac tggacgcttg tcagggaagg ccatggcaag atacgtggga atcagtctcg 300
      gatatagtaa ctattgggac ataccctata caattcttgc tagaaccogg tataaggtgga 360
      attcctgtaa tattttcaat aataaacaaa ctcttccgt cttctgggtca atctgtggca 420
10     gcactttcta tatgtgattt agtatctata attogtaaa aggtagaoga gagcgtgtta 480
      agtgacgggg ttgcagattt tgagggtgaa atgactgctt atcaagetta ttatcttcat 540
      tatcttgagg attggcttac agataaatca aatcctaaaa aacttgctga cgtagttaaa 600
      cagttccaag cacgggaaga agatttctact aaacttttag cagggtcatt atcaagacag 660
      aaagctgaaa tattattatt gcctacgtat gtgcaagctg caaatgtgca tttattacta 720
      ttaagggacg cagttaaanta taaaaaagaa tggggactag tgtgtccacc gttgtatcca 780
15     gggtcagggg gaactgattg taacgagcgg ttaaaagcga aataaaaga gtatacta 840
      tattgtgtag ggtggtataa caaggggtta gatcagataa gacagggcgg tacaagtgtc 900
      gaagtttggg cgaattttta taaatttctg agagaaatga cgttggcggg attggatatt 960
      attgtctatat ttccaactta tgnttttgaa aatatccat tagcaacaag tgtagagtta 1020
      actagggaaa tttatacaga tccagtggga tattcagggg gaaattatgg ttgggaacgg 1080
20     ttttttagct ttaattoggt agaagcaaat ggaacacggg gacctgggtt agttacttgg 1140
      cttcaagcta tagatatata tagtcattct attaatcttc agcttgggta tcttagtggc 1200
      tgggggggaa ctgcgcatta tgaagacttc acaagggtta acggtgcttt tcaacgtatg 1260
      tctggaacta cgagtaataa tccacgtaat attatttttg gcaataccga tatattttaa 1320
      attatttcat tagctagata tgcaatgcga cgttttggtg ggtattcaat cccacggcat 1380
25     cttgtttcac gtgcagaatt tttccgaca acactaata ctttcctgta tgaggtaaac 1440
      agttctgggt actcacagac aattgaatct gtgttacag gtattaataa ggtactaaca 1500
      cctagtogta caaattactc tcatagatta tcaaatgcgg catgtgttca aatgaaacc 1560
      tccagagtta acgtatttgg ttggacacat acaagtatga aaaaagataa tcaattttat 1620
      ccagataaaa ttacgcnaat tctgcagta aaagcttttg cctaccagc aggtacagga 1680
      tatgcaggag gttacgtcac agctgggocct ggttatacag gaggagatgt agtaacgtta 1740
30     ccttatcaag caagttttaa aatacgttta acttctgcac ccaogaataa aaattaccgt 1800
      gttagacttc gtcacgogag tggaggacct ggtccgttcc gagtagaag atggtogcca 1860
      agttctgttt caaatgctaa ttttctcgt ccagctacag gtggctatag ttcatttgat 1920
      tatgtggaca ccttagttac tacatttaat caatcaggtg ttgaataat tatacaaat 1980
      ctatctgggt accaccttat tgtgacaaa gtcgaattta tcccaattga catccaaatt 2040
      gaaaatgta cgaatgtca attcgaagga gacatatgta gatgtgaagg agtacaatcc 2100
35     ttggaaacaa aaaaagagat tgaantagt ttatttatca attaa 2145

```

<210> 26

<211> 2019

<212> DNA

<213> *Bacillus thuringiensis*

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(2019)

<400> 26

```

      gtg aaa aat atg aat tct tat caa aat aca aat gaa tat gaa att ctg 48
      Met Lys Asn Met Asn Ser Tyr Gln Asn Thr Asn Glu Tyr Glu Ile Leu
      1 5 10 15
55     gat ggt tcc cgg aat aac aca aat atg tca aac aga tat cct ttt gca 96
      Asp Gly Ser Pro Asn Asn Thr Asn Met Ser Asn Arg Tyr Pro Phe Ala
      20 25 30
60     aag gat cca aat ata ttt cct att aac ctg gac gct tgt cag gga agg 144
      Lys Asp Pro Asn Ile Phe Pro Ile Asn Leu Asp Ala Cys Gln Gly Arg
      35 40 45
      cca tgg caa gat acg tgg gaa tca gtc tgg gat ata gta act att ggg 192
      Pro Trp Gln Asp Thr Trp Glu Ser Val Ser Asp Ile Val Thr Ile Gly

```

ES 2 316 963 T3

	50	55	60	
5	aca tac ctt ata caa ttc ttg cta gaa ccc ggt ata ggt gga att cct Thr Tyr Leu Ile Gln Phe Leu Leu Glu Pro Gly Ile Gly Gly Ile Pro 65 70 75 80	240		
10	gta ata ttt tca ata ata aac aaa ctc att ccg tct tct ggt caa tct Val Ile Phe Ser Ile Ile Asn Lys Leu Ile Pro Ser Ser Gly Gln Ser 85 90 95	288		
15	gtg gca gca ctt tct ata tgt gat tta gta tct ata att cgt aaa gag Val Ala Ala Leu Ser Ile Cys Asp Leu Val Ser Ile Ile Arg Lys Glu 100 105 110	336		
20	gta gac gag agc gtg tta agt gac ggg gtt gca gat ttt gag ggt gaa Val Asp Glu Ser Val Leu Ser Asp Gly Val Ala Asp Phe Glu Gly Glu 115 120 125	384		
25	atg act gct tat caa gat tat tat ctt cat tat ctt gag gat tgg ctt Met Thr Ala Tyr Gln Asp Tyr Tyr Leu His Tyr Leu Glu Asp Trp Leu 130 135 140	432		
30	aca gat aaa tca aat cct aaa aaa ctt gct gac gta gtt aaa cag ttc Thr Asp Lys Ser Asn Pro Lys Lys Leu Ala Asp Val Val Lys Gln Phe 145 150 155 160	480		
35	caa gca cgg gaa gaa gat ttc act aaa ctt tta gca ggg tca tta tca Gln Ala Arg Glu Glu Asp Phe Thr Lys Leu Leu Ala Gly Ser Leu Ser 165 170 175	528		
40	aga cag aaa gct gaa ata tta tta ttg cct acg tat gtg caa gct gca Arg Gln Lys Ala Glu Ile Leu Leu Leu Pro Thr Tyr Val Gln Ala Ala 180 185 190	576		
45	aat gtg cat tta tta cta tta agg gac gca gtt aat tat aaa aaa gaa Asn Val His Leu Leu Leu Leu Arg Asp Ala Val Lys Tyr Lys Lys Glu 195 200 205	624		
50	tgg gga cta gtg tgt cca ccg ttg tat cca ggg tca ggg aga act gat Trp Gly Leu Val Cys Pro Pro Leu Tyr Pro Gly Ser Gly Arg Thr Asp 210 215 220	672		
55	tgt aac gag cgg tta aaa gcg aaa ata aaa gag tat act aat tat tgt Cys Asn Glu Arg Leu Lys Ala Lys Ile Lys Glu Tyr Thr Asn Tyr Cys 225 230 235 240	720		
60	gta ggg tgg tat aac aag ggt tta gat cag ata aga cag gcg ggt aca Val Gly Trp Tyr Asn Lys Gly Leu Asp Gln Ile Arg Gln Ala Gly Thr 245 250 255	768		
65	agt gct gaa gtt tgg tgg aaa ttt aat aaa ttt cgt aga gaa atg acg Ser Ala Glu Val Trp Ser Lys Phe Asn Lys Phe Arg Arg Glu Met Thr 260 265 270	816		
70	ttg gcg gta ttg gat att att gct ata ttt cca act tat gat ttt gaa Leu Ala Val Leu Asp Ile Ile Ala Ile Phe Pro Thr Tyr Asp Phe Glu 275 280 285	864		
75	aaa tat cca tta gca aca agt gta gag tta act agg gaa att tat aca Lys Tyr Pro Leu Ala Thr Ser Val Glu Leu Thr Arg Glu Ile Tyr Thr 290 295 300	912		
80	gat cca gtg gga tat tca ggg gga aat tat ggt tgg gaa cgg ttt ttt Asp Pro Val Gly Tyr Ser Gly Gly Asn Tyr Gly Trp Glu Arg Phe Phe 305 310 315 320	960		
85	agc ttt aat tgg gta gaa gca aat gga aca cgg gga cct ggt tta gtt Ser Phe Asn Ser Val Glu Ala Asn Gly Thr Arg Gly Pro Gly Leu Val 325 330 335 340	1008		

ES 2 316 963 T3

		325		330		335	
5		act tgg ctt caa gct ata gat ata tat agt cat tct att aat ctt cag	1056				
		Thr Trp Leu Gln Ala Ile Asp Ile Tyr Ser His Ser Ile Asn Leu Gln					
		340 345 350					
10		ctt ggt tat ctt agt ggc tgg ggg gga act cgt cat tat gaa gac ttc	1104				
		Leu Gly Tyr Leu Ser Gly Trp Gly Gly Thr Arg His Tyr Glu Asp Phe					
		355 360 365					
15		aca aag ggt aac ggt gct ttt caa cgt atg tct gga act acg agt aat	1152				
		Thr Lys Gly Asn Gly Ala Phe Gln Arg Met Ser Gly Thr Thr Ser Asn					
		370 375 380					
20		aat cca cgt aat att att ttt ggc aat acc gat ata ttt aaa att att	1200				
		Asn Pro Arg Asn Ile Ile Phe Gly Asn Thr Asp Ile Phe Lys Ile Ile					
		385 390 395 400					
25		tca tta gct aga tat gca atg caa ccg ttt gtt ggg tat tca atc cca	1248				
		Ser Leu Ala Arg Tyr Ala Met Gln Pro Phe Val Gly Tyr Ser Ile Pro					
		405 410 415					
30		cgg cat ctt gtt tca cgt gca gaa ttt ttt ccg aca aca cta aat act	1296				
		Arg His Leu Val Ser Arg Ala Glu Phe Phe Pro Thr Thr Leu Asn Thr					
		420 425 430					
35		ttc ctg tat gag gta aac agt tct ggg tac tca cag aca att gaa tct	1344				
		Phe Leu Tyr Glu Val Asn Ser Ser Gly Tyr Ser Gln Thr Ile Glu Ser					
		435 440 445					
40		gtg tta cca ggt att aat aag gat cta cca cct agt cgt aca aat tac	1392				
		Val Leu Pro Gly Ile Asn Lys Asp Leu Pro Pro Ser Arg Thr Asn Tyr					
		450 455 460					
45		tct cat aga tta tca aat gcg gca tgt gtt caa aat gaa acc tcc aga	1440				
		Ser His Arg Leu Ser Asn Ala Ala Cys Val Glu Asn Glu Thr Ser Arg					
		465 470 475 480					
50		gtt aac gta ttt ggt tgg aca cat aca agt atg aaa aaa gat aat cga	1488				
		Val Asn Val Phe Gly Trp Thr His Thr Ser Met Lys Lys Asp Asn Arg					
		485 490 495					
55		att tat cca gat aaa att acg caa att cct gca gta aaa gct ttt gcc	1536				
		Ile Tyr Pro Asp Lys Ile Thr Gln Ile Pro Ala Val Lys Ala Phe Ala					
		500 505 510					
60		cta cca gca ggt aca gga tat gca gga ggt tac gtc aca gct ggg cct	1584				
		Leu Pro Ala Gly Thr Gly Tyr Ala Gly Gly Tyr Val Thr Ala Gly Pro					
		515 520 525					
65		ggg tat aca gga gga gat gta gta acg tta cct tat caa gca agt tta	1632				
		Gly Tyr Thr Gly Gly Asp Val Val Thr Leu Pro Tyr Gln Ala Ser Leu					
		530 535 540					
70		aaa ata cgt tta act tct gca ccc acg aat aaa aat tac cgt gtt aga	1680				
		Lys Ile Arg Leu Thr Ser Ala Pro Thr Asn Lys Asn Tyr Arg Val Arg					
		545 550 555 560					
75		ctt cgc tac gcg agt gga gga cct ggt ccg ttc cga gta gaa aga tgg	1728				
		Leu Arg Tyr Ala Ser Gly Gly Pro Gly Pro Phe Arg Val Glu Arg Trp					
		565 570 575					
80		tcg cca agt tct gtt tca aat gct aat ttt tct cgt cca gct aca ggt	1776				
		Ser Pro Ser Ser Val Ser Asn Ala Asn Phe Ser Arg Pro Ala Thr Gly					
		580 585 590					
85		ggc tat agt tca ttt gat tat gtg gac acc tta gtt act aca ttt aat	1824				
		Gly Tyr Ser Ser Phe Asp Tyr Val Asp Thr Leu Val Thr Thr Phe Asn					

ES 2 316 963 T3

	595	600	605	
	caa tca ggt gtt gaa ata att ata caa aat cta tct ggt tac cac ctt			1872
5	Gln Ser Gly Val Glu Ile Ile Ile Gln Asn Leu Ser Gly Tyr His Leu			
	610	615	620	
	att gtt gac aaa gtc gaa ttt atc cca att gac atc caa att gaa aaa			1920
	Ile Val Asp Lys Val Glu Phe Ile Pro Ile Asp Ile Gln Ile Glu Lys			
	625	630	635	640
10	tgt acg aaa tgt caa ttc gaa gga gac ata tgt aga tgt gaa gga gta			1968
	Cys Thr Lys Cys Gln Phe Glu Gly Asp Ile Cys Arg Cys Glu Gly Val			
		645	650	655
15	caa tcc ttg gaa aca aaa aaa gag att gta aat agt tta ttt atc aat			2016
	Gln Ser Leu Glu Thr Lys Lys Glu Ile Val Asn Ser Leu Phe Ile Asn			
		660	665	670
	taa			2019
	*			

20 <210> 27
 <211> 672
 <212> PRT
 25 <213> *Bacillus thuringiensis*
 <400> 27

30	Met Lys Asn Met Asn Ser Tyr Gln Asn Thr Asn Glu Tyr Glu Ile Leu	
	1 5 10 15	
	Asp Gly Ser Pro Asn Asn Thr Asn Met Ser Asn Arg Tyr Pro Phe Ala	
	20 25 30	
	Lys Asp Pro Asn Ile Phe Pro Ile Asn Leu Asp Ala Cys Gln Gly Arg	
	35 40 45	
35	Pro Trp Gln Asp Thr Trp Glu Ser Val Ser Asp Ile Val Thr Ile Gly	
	50 55 60	
	Thr Tyr Leu Ile Gln Phe Leu Leu Glu Pro Gly Ile Gly Gly Ile Pro	
	65 70 75 80	
	Val Ile Phe Ser Ile Ile Asn Lys Leu Ile Pro Ser Ser Gly Gln Ser	
	85 90 95	
40	Val Ala Ala Leu Ser Ile Cys Asp Leu Val Ser Ile Ile Arg Lys Glu	
	100 105 110	
	Val Asp Glu Ser Val Leu Ser Asp Gly Val Ala Asp Phe Glu Gly Glu	
	115 120 125	
45	Met Thr Ala Tyr Gln Asp Tyr Tyr Leu His Tyr Leu Glu Asp Trp Leu	
	130 135 140	
	Thr Asp Lys Ser Asn Pro Lys Lys Leu Ala Asp Val Val Lys Gln Phe	
	145 150 155 160	
	Gln Ala Arg Glu Glu Asp Phe Thr Lys Leu Leu Ala Gly Ser Leu Ser	
	165 170 175	
50	Arg Gln Lys Ala Glu Ile Leu Leu Leu Pro Thr Tyr Val Gln Ala Ala	
	180 185 190	
	Asn Val His Leu Leu Leu Leu Arg Asp Ala Val Lys Tyr Lys Lys Glu	
	195 200 205	
	Trp Gly Leu Val Cys Pro Pro Leu Tyr Pro Gly Ser Gly Arg Thr Asp	
	210 215 220	
55	Cys Asn Glu Arg Leu Lys Ala Lys Ile Lys Glu Tyr Thr Asn Tyr Cys	
	225 230 235 240	
	Val Gly Trp Tyr Asn Lys Gly Leu Asp Gln Ile Arg Gln Ala Gly Thr	
	245 250 255	
	Ser Ala Glu Val Trp Ser Lys Phe Asn Lys Phe Arg Arg Glu Met Thr	
	260 265 270	
60	Leu Ala Val Leu Asp Ile Ile Ala Ile Phe Pro Thr Tyr Asp Phe Glu	
	275 280 285	
	Lys Tyr Pro Leu Ala Thr Ser Val Glu Leu Thr Arg Glu Ile Tyr Thr	
	290 295 300	
65	Asp Pro Val Gly Tyr Ser Gly Gly Asn Tyr Gly Trp Glu Arg Phe Phe	

ES 2 316 963 T3

		305				310				315					320
		Ser Phe Asn Ser Val Glu Ala Asn Gly Thr Arg Gly Pro Gly Leu Val													
				325				330					335		
5		Thr Trp Leu Gln Ala Ile Asp Ile Tyr Ser His Ser Ile Asn Leu Gln													
				340				345					350		
		Leu Gly Tyr Leu Ser Gly Trp Gly Gly Thr Arg His Tyr Glu Asp Phe													
				355				360					365		
		Thr Lys Gly Asn Gly Ala Phe Gln Arg Met Ser Gly Thr Thr Ser Asn													
				370				375					380		
10		Asn Pro Arg Asn Ile Ile Phe Gly Asn Thr Asp Ile Phe Lys Ile Ile													
				385				390					395		400
		Ser Leu Ala Arg Tyr Ala Met Gln Pro Phe Val Gly Tyr Ser Ile Pro													
				405				410					415		
		Arg His Leu Val Ser Arg Ala Glu Phe Phe Pro Thr Thr Leu Asn Thr													
				420				425					430		
15		Phe Leu Tyr Glu Val Asn Ser Ser Gly Tyr Ser Gln Thr Ile Glu Ser													
				435				440					445		
		Val Leu Pro Gly Ile Asn Lys Asp Leu Pro Pro Ser Arg Thr Asn Tyr													
				450				455					460		
		Ser His Arg Leu Ser Asn Ala Ala Cys Val Gln Asn Glu Thr Ser Arg													
				465				470					475		480
20		Val Asn Val Phe Gly Trp Thr His Thr Ser Met Lys Lys Asp Asn Arg													
				485				490					495		
		Ile Tyr Pro Asp Lys Ile Thr Gln Ile Pro Ala Val Lys Ala Phe Ala													
				500				505					510		
		Leu Pro Ala Gly Thr Gly Tyr Ala Gly Gly Tyr Val Thr Ala Gly Pro													
				515				520					525		
25		Gly Tyr Thr Gly Gly Asp Val Val Thr Leu Pro Tyr Gln Ala Ser Leu													
				530				535					540		
		Lys Ile Arg Leu Thr Ser Ala Pro Thr Asn Lys Asn Tyr Arg Val Arg													
				545				550					555		560
		Leu Arg Tyr Ala Ser Gly Gly Pro Gly Pro Phe Arg Val Glu Arg Trp													
				565				570					575		
30		Ser Pro Ser Ser Val Ser Asn Ala Asn Phe Ser Arg Pro Ala Thr Gly													
				580				585					590		
		Gly Tyr Ser Ser Phe Asp Tyr Val Asp Thr Leu Val Thr Thr Phe Asn													
				595				600					605		
		Gln Ser Gly Val Glu Ile Ile Ile Gln Asn Leu Ser Gly Tyr His Leu													
				610				615					620		
35		Ile Val Asp Lys Val Glu Phe Ile Pro Ile Asp Ile Gln Ile Glu Lys													
				625				630					635		640
		Cys Thr Lys Cys Gln Phe Glu Gly Asp Ile Cys Arg Cys Glu Gly Val													
				645				650					655		
40		Gln Ser Leu Glu Thr Lys Lys Glu Ile Val Asn Ser Leu Phe Ile Asn													
				660				665					670		

<210> 28

<211> 2019

45 <212> DNA

<213> *Bacillus thuringiensis* $\langle 220 \rangle$

50 <221> CDS

<222> (1)...(2010)

<400> 28

55	atg aat tct tat caa aat aca aat gaa tat gaa att ctg gat ggt tcc	48
	Met Asn Ser Tyr Gln Asn Thr Asn Glu Tyr Glu Ile Leu Asp Gly Ser	
	1 5 10 15	
60	ccg aat aac aca aat atg tca aac aga tat cct ttt gca aag gat cca	96
	Pro Asn Asn Thr Asn Met Ser Asn Arg Tyr Pro Phe Ala Lys Asp Pro	
	20 25 30	
	aat ata ttt cct att aac ctg gac gct tgt cag gga agg cca tgg caa	144
	Asn Ile Phe Pro Ile Asn Leu Asp Ala Cys Gln Gly Arg Pro Trp Gln	
65	35 40 45	

ES 2 316 963 T3

	gat acg tgg gaa tca gtc tgc gat ata gta act att ggg aca tac ctt	192
	Asp Thr Trp Glu Ser Val Ser Asp Ile Val Thr Ile Gly Thr Tyr Leu	
	50 55 60	
5	ata caa ttc ttg cta gaa ccc ggt ata ggt gga att cct gta ata ttt	240
	Ile Gln Phe Leu Leu Glu Pro Gly Ile Gly Gly Ile Pro Val Ile Phe	
	65 70 75 80	
	tca ata ata aac aaa ctc att ccg tct tct ggt caa tct gtg gca gca	288
10	Ser Ile Ile Asn Lys Leu Ile Pro Ser Ser Gly Gln Ser Val Ala Ala	
	85 90 95	
	ctt tct ata tgt gat tta gta tct ata att cgt aaa gag gta gac gag	336
	Leu Ser Ile Cys Asp Leu Val Ser Ile Ile Arg Lys Glu Val Asp Glu	
	100 105 110	
15	agc gtg tta agt gac ggg gtt gca gat ttt gag ggt gaa atg act gct	384
	Ser Val Leu Ser Asp Gly Val Ala Asp Phe Glu Gly Glu Met Thr Ala	
	115 120 125	
	tat caa gat tat tat ctt cat tat ctt gag gat tgg ctt aca gat aaa	432
20	Tyr Gln Asp Tyr Tyr Leu His Tyr Leu Glu Asp Trp Leu Thr Asp Lys	
	130 135 140	
	tca aat cct aaa aaa ctt gct gac gta gtt aaa cag ttc caa gca cgg	480
	Ser Asn Pro Lys Lys Leu Ala Asp Val Val Lys Gln Phe Gln Ala Arg	
	145 150 155 160	
25	gaa gaa gat ttc act aaa ctt tta gca ggg tca tta tca aga cag aaa	528
	Glu Glu Asp Phe Thr Lys Leu Leu Ala Gly Ser Leu Ser Arg Gln Lys	
	165 170 175	
	gct gaa ata tta tta ttg cct acg tat gtg caa gct gca aat gtg cat	576
30	Ala Glu Ile Leu Leu Leu Pro Thr Tyr Val Val Gln Ala Ala Asn Val His	
	180 185 190	
	tta tta cta tta agg gac gca gtt aaa tat aaa aaa gaa tgg gga cta	624
	Leu Leu Leu Arg Asp Ala Val Lys Tyr Lys Lys Glu Trp Gly Leu	
	195 200 205	
35	gtg tgt cca ccg ttg tat cca ggg tca ggg aga act gat tgt aac gag	672
	Val Cys Pro Pro Leu Tyr Pro Gly Ser Gly Arg Thr Asp Cys Asn Glu	
	210 215 220	
	cgg tta aaa gcg aaa ata aaa gag tat act aat tat tgt gta ggg tgg	720
40	Arg Leu Lys Ala Lys Ile Lys Glu Tyr Thr Asn Tyr Cys Val Gly Trp	
	225 230 235 240	
	tat aac aag ggt tta gat cag ata aga cag gcg ggt aca agt gct gaa	768
	Tyr Asn Lys Gly Leu Asp Gln Ile Arg Gln Ala Gly Thr Ser Ala Glu	
	245 250 255	
45	gtt tgg tgc aaa ttt aat aaa ttt cgt aga gaa atg acg ttg gcg gta	816
	Val Trp Ser Lys Phe Asn Lys Phe Arg Arg Glu Met Thr Leu Ala Val	
	260 265 270	
	ttg gat att att gct ata ttt cca act tat gat ttt gaa aaa tat cca	864
50	Leu Asp Ile Ile Ala Ile Phe Pro Thr Tyr Asp Phe Glu Lys Tyr Pro	
	275 280 285	
	tta gca aca agt gta gag tta act agg gaa att tat aca gat cca gtg	912
	Leu Ala Thr Ser Val Glu Leu Thr Arg Glu Ile Tyr Thr Asp Pro Val	
	290 295 300	
55	gga tat tca ggg gga aat tat ggt tgg gaa cgg ttt ttt agc ttt aat	960
	Gly Tyr Ser Gly Gly Asn Tyr Gly Trp Glu Arg Phe Phe Ser Phe Asn	
	305 310 315 320	

ES 2 316 963 T3

	tcc gta gaa gca aat gga aca cgg gga cct ggt tta gtt act tgg cct	1008
	Ser Val Glu Ala Asn Gly Thr Arg Gly Pro Gly Leu Val Thr Trp Leu	
	325 330 335	
5	caa gct aca gat ata tat agt cat tct att aat ctt cag ctt ggt tat	1056
	Gln Ala Ile Asp Ile Tyr Ser His Ser Ile Asn Leu Gln Leu Gly Tyr	
	340 345 350	
10	ctt agt ggc tgg ggg gga act cgt cat tat gaa gac ttc aca aag ggt	1104
	Leu Ser Gly Trp Gly Gly Thr Arg His Tyr Glu Asp Phe Thr Lys Gly	
	355 360 365	
	aac ggt gct ttt caa cgt atg tct gga act acg agt aat aat cca cgt	1152
	Asn Gly Ala Phe Gln Arg Met Ser Gly Thr Thr Ser Asn Asn Pro Arg	
	370 375 380	
15	aat att att ttt ggc aat acc gat ata ttt aaa att att tca tta gct	1200
	Asn Ile Ile Phe Gly Asn Thr Asp Ile Phe Lys Ile Ile Ser Leu Ala	
	385 390 395 400	
20	aga tat gca atg caa ccg ttt gtt ggg tat tca atc cca cgg cat ctt	1248
	Arg Tyr Ala Met Gln Pro Phe Val Gly Tyr Ser Ile Pro Arg His Leu	
	405 410 415	
	gtt tca cgt gca gaa ttt ttt ccg aca aca cta aat act ttc ctg tat	1296
	Val Ser Arg Ala Glu Phe Phe Pro Thr Thr Leu Asn Thr Phe Leu Tyr	
	420 425 430	
25	gag gta aac agt tct ggg tac tca cag aca att gaa tct gtg tta cca	1344
	Glu Val Asn Ser Ser Gly Tyr Ser Gln Thr Ile Glu Ser Val Leu Pro	
	435 440 445	
	ggc att aat aag gat cta cca cct agt cgt aca aat tac tct cat aga	1392
	Gly Ile Asn Lys Asp Leu Pro Pro Ser Arg Thr Asn Tyr Ser His Arg	
	450 455 460	
30	tta tca aat ggc gca tgt gtt caa aat gaa acc tcc aga gtt aac gta	1440
	Leu Ser Asn Ala Ala Cys Val Gln Asn Glu Thr Ser Arg Val Asn Val	
	465 470 475 480	
35	ttt ggt tgg aca cat aca agt atg aaa aaa gat aat cga att tat cca	1488
	Phe Gly Trp Thr His Thr Ser Met Lys Lys Asp Asn Arg Ile Tyr Pro	
	485 490 495	
	gat aaa att acg caa att cct gca gta aaa gct ttt gcc cta cca gca	1536
	Asp Lys Ile Thr Gln Ile Pro Ala Val Lys Ala Phe Ala Leu Pro Ala	
	500 505 510	
40	ggc aca gga tat gca gga ggt tac gtc aca gct ggg cct ggt tat aca	1584
	Gly Thr Gly Tyr Ala Gly Gly Tyr Val Thr Ala Gly Pro Gly Tyr Thr	
	515 520 525	
45	gga gga gat gta gta acg tta cct tat caa gca agt tta aaa ata cgt	1632
	Gly Gly Asp Val Val Thr Leu Pro Tyr Gln Ala Ser Leu Lys Ile Arg	
	530 535 540	
	tta act tct gca ccc acg aat aaa aat tac cgt gtt aga ctt cgc tac	1680
	Leu Thr Ser Ala Pro Thr Asn Lys Asn Tyr Arg Val Arg Leu Arg Tyr	
	545 550 555 560	
50	gag agt gga gga cct ggt ccg ttc cga gta gaa aga tgg tgg cca agt	1728
	Ala Ser Gly Gly Pro Gly Pro Phe Arg Val Glu Arg Trp Ser Pro Ser	
	565 570 575	
55	tct gtt tca aat gct aat ttt tct cgt cca gct aca ggt ggc tat agt	1776
	Ser Val Ser Asn Ala Asn Phe Ser Arg Pro Ala Thr Gly Gly Tyr Ser	
	580 585 590	

ES 2 316 963 T3

tca ttt gat tat gtg gac acc tta gtt act aca ttt aat caa tca ggt 1824
Ser Phe Asp Tyr Val Asp Thr Leu Val Thr Thr Phe Asn Gln Ser Gly
595 600 605

5 gtt gaa ata att ata caa aat cta tct ggt tac cac ctt att gtt gac 1872
Val Glu Ile Ile Ile Gln Asn Leu Ser Gly Tyr His Leu Ile Val Asp
610 615 620

10 aaa gtc gaa ttt atc cca att gac atc caa att gaa aaa tgt acg aaa 1920
Lys Val Glu Phe Ile Pro Ile Asp Ile Gln Ile Glu Lys Cys Thr Lys
625 630 635 640

tgt caa ttc gaa gga gac ata tgt aga tgt gaa gga gta caa tcc ttg 1968
Cys Gln Phe Glu Gly Asp Ile Cys Arg Cys Glu Gly Val Gln Ser Leu
645 650 655

15 gaa aca aaa aaa gag att gta aat agt tta ttt atc aat taa 2010
Glu Thr Lys Lys Glu Ile Val Asn Ser Leu Phe Ile Asn *
660 665

20 <210> 29

<211> 669

<212> PRT

<213> *Bacillus thuringiensis*

25

<400> 29

30 Met Asn Ser Tyr Gln Asn Thr Asn Glu Tyr Glu Ile Leu Asp Gly Ser
1 5 10 15
Pro Asn Asn Thr Asn Met Ser Asn Arg Tyr Pro Phe Ala Lys Asp Pro
20 25 30
Asn Ile Phe Pro Ile Asn Leu Asp Ala Cys Gln Gly Arg Pro Trp Gln
35 40 45
Asp Thr Trp Glu Ser Val Ser Asp Ile Val Thr Ile Gly Thr Tyr Leu
50 55 60
Ile Gln Phe Leu Leu Glu Pro Gly Ile Gly Gly Ile Pro Val Ile Phe
65 70 75 80
Ser Ile Ile Asn Lys Leu Ile Pro Ser Ser Gly Gln Ser Val Ala Ala
85 90 95
40 Leu Ser Ile Cys Asp Leu Val Ser Ile Ile Arg Lys Glu Val Asp Glu
100 105 110
Ser Val Leu Ser Asp Gly Val Ala Asp Phe Glu Gly Glu Met Thr Ala
115 120 125
Tyr Gln Asp Tyr Tyr Leu His Tyr Leu Glu Asp Trp Leu Thr Asp Lys
130 135 140
45 Ser Asn Pro Lys Lys Leu Ala Asp Val Val Lys Gln Phe Gln Ala Arg
145 150 155 160
Glu Glu Asp Phe Thr Lys Leu Leu Ala Gly Ser Leu Ser Arg Gln Lys
165 170 175
Ala Glu Ile Leu Leu Leu Pro Thr Tyr Val Gln Ala Ala Asn Val His
180 185 190
50 Leu Leu Leu Leu Arg Asp Ala Val Lys Tyr Lys Lys Glu Trp Gly Leu
195 200 205
Val Cys Pro Pro Leu Tyr Pro Gly Ser Gly Arg Thr Asp Cys Asn Glu
210 215 220
Arg Leu Lys Ala Lys Ile Lys Glu Tyr Thr Asn Tyr Cys Val Gly Trp
55 225 230 235 240
Tyr Asn Lys Gly Leu Asp Gln Ile Arg Gln Ala Gly Thr Ser Ala Glu
245 250 255
Val Trp Ser Lys Phe Asn Lys Phe Arg Arg Glu Met Thr Leu Ala Val
260 265 270
60 Leu Asp Ile Ile Ala Ile Phe Pro Thr Tyr Asp Phe Glu Lys Tyr Pro
275 280 285
Leu Ala Thr Ser Val Glu Leu Thr Arg Glu Ile Tyr Thr Asp Pro Val
290 295 300
Gly Tyr Ser Gly Gly Asn Tyr Gly Trp Glu Arg Phe Phe Ser Phe Asn

65

ES 2 316 963 T3

305 310 315 320
 Ser Val Glu Ala Asn Gly Thr Arg Gly Pro Gly Leu Val Thr Trp Leu
 325 330 335
 Gln Ala Ile Asp Ile Tyr Ser His Ser Ile Asn Leu Gln Leu Gly Tyr
 5 340 345 350
 Leu Ser Gly Trp Gly Gly Thr Arg His Tyr Glu Asp Phe Thr Lys Gly
 355 360 365
 Asn Gly Ala Phe Gln Arg Met Ser Gly Thr Thr Ser Asn Asn Pro Arg
 370 375 380
 Asn Ile Ile Phe Gly Asn Thr Asp Ile Phe Lys Ile Ile Ser Leu Ala
 10 385 390 395 400
 Arg Tyr Ala Met Gln Pro Phe Val Gly Tyr Ser Ile Pro Arg His Leu
 405 410 415
 Val Ser Arg Ala Glu Phe Phe Pro Thr Thr Leu Asn Thr Phe Leu Tyr
 420 425 430
 15 435 440 445
 Glu Val Asn Ser Ser Gly Tyr Ser Gln Thr Ile Glu Ser Val Leu Pro
 Gly Ile Asn Lys Asp Leu Pro Ser Arg Thr Asn Tyr Ser His Arg
 450 455 460
 Leu Ser Asn Ala Ala Cys Val Gln Asn Glu Thr Ser Arg Val Asn Val
 20 465 470 475 480
 Phe Gly Trp Thr His Thr Ser Met Lys Lys Asp Asn Arg Ile Tyr Pro
 485 490 495
 Asp Lys Ile Thr Gln Ile Pro Ala Val Lys Ala Phe Ala Leu Pro Ala
 500 505 510
 Gly Thr Gly Tyr Ala Gly Gly Tyr Val Thr Ala Gly Pro Gly Tyr Thr
 515 520 525
 25 530 535 540
 Gly Gly Asp Val Val Thr Leu Pro Tyr Gln Ala Ser Leu Lys Ile Arg
 Leu Thr Ser Ala Pro Thr Asn Lys Asn Tyr Arg Val Arg Leu Arg Tyr
 545 550 555
 Ala Ser Gly Gly Pro Gly Pro Phe Arg Val Glu Arg Trp Ser Pro Ser
 565 570 575
 30 580 585 590
 Ser Val Ser Asn Ala Asn Phe Ser Arg Pro Ala Thr Gly Gly Tyr Ser
 Ser Phe Asp Tyr Val Asp Thr Leu Val Thr Thr Phe Asn Gln Ser Gly
 595 600 605
 Val Glu Ile Ile Ile Gln Asn Leu Ser Gly Tyr His Leu Ile Val Asp
 35 610 615 620
 Lys Val Glu Phe Ile Pro Ile Asp Ile Gln Ile Glu Lys Cys Thr Lys
 625 630 635
 Cys Gln Phe Glu Gly Asp Ile Cys Arg Cys Glu Gly Val Gln Ser Leu
 645 650 655
 40 660 665
 Glu Thr Lys Lys Glu Ile Val Asn Ser Leu Phe Ile Asn

<210> 30

45 <211> 1176

<212> PRT

<213> *Bacillus thuringiensis*

50 <400> 30

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

ES 2 316 963 T3

[illegible]

ES 2 316 963 T3

560 665 670
 Ala Lys Arg Leu Ser Asp Glu Arg Asn Leu Leu Gln Asp Pro Asn Phe
 675 680 685
 Arg Gly Ile Asn Arg Gln Leu Asp Arg Gly Trp Arg Gly Ser Thr Asp
 690 695 700
 Ile Thr Ile Gln Gly Gly Asp Val Phe Lys Glu Asn Tyr Val Thr
 705 710 715 720
 Leu Leu Gly Thr Phe Asp Glu Cys Tyr Pro Thr Tyr Leu Tyr Gln Lys
 725 730 735
 Ile Asp Glu Ser Lys Leu Lys Ala Tyr Thr Arg Tyr Gln Leu Arg Gly
 740 745 750
 Tyr Ile Glu Asp Ser Gln Asp Leu Glu Ile Tyr Leu Ile Arg Tyr Asn
 755 760 765
 Ala Lys His Glu Thr Val Asn Val Pro Gly Thr Gly Ser Leu Trp Pro
 770 775 780
 Leu Ser Ala Gln Ser Pro Ile Gly Lys Cys Gly Glu Pro Asn Arg Cys
 785 790 795 800
 Ala Pro His Leu Glu Trp Asn Pro Asp Leu Asp Cys Ser Cys Arg Asp
 805 810 815
 Gly Glu Lys Cys Ala His His Ser His His Phe Ser Leu Asp Ile Asp
 820 825 830
 Val Gly Cys Thr Asp Leu Asn Glu Asp Leu Gly Val Trp Val Ile Phe
 835 840 845
 Lys Ile Lys Thr Gln Asp Gly His Ala Arg Leu Gly Asn Leu Glu Phe
 850 855 860
 Leu Glu Glu Lys Pro Leu Val Gly Glu Ala Leu Ala Arg Val Lys Arg
 865 870 875 880
 Ala Glu Lys Lys Trp Arg Asp Lys Arg Glu Lys Leu Glu Trp Glu Thr
 885 890 895
 Asn Ile Val Tyr Lys Glu Ala Lys Glu Ser Val Asp Ala Leu Phe Val
 900 905 910
 Asn Ser Gln Tyr Asp Gln Leu Gln Ala Asp Thr Asn Ile Ala Met Ile
 915 920 925
 His Ala Ala Asp Lys Arg Val His Ser Ile Arg Glu Ala Tyr Leu Pro
 930 935 940
 Glu Leu Ser Val Ile Pro Gly Val Asn Ala Ala Ile Phe Glu Glu Leu
 945 950 955 960
 Glu Gly Arg Ile Phe Thr Ala Phe Ser Leu Tyr Asp Ala Arg Asn Val
 965 970 975
 Ile Lys Asn Gly Asp Phe Asn Asn Gly Leu Ser Cys Trp Asn Val Lys
 980 985 990
 Gly His Val Asp Val Glu Glu Gln Asn Asn Gln Arg Ser Val Leu Val
 995 1000 1005
 Val Pro Glu Trp Glu Ala Glu Val Ser Gln Glu Val Arg Val Cys Pro
 1010 1015 1020
 Gly Arg Gly Tyr Ile Leu Arg Val Thr Ala Tyr Lys Glu Gly Tyr Gly
 1025 1030 1035 1040
 Glu Gly Cys Val Thr Ile His Glu Ile Glu Asn Asn Thr Asp Glu Leu
 1045 1050 1055
 Lys Phe Ser Asn Cys Val Glu Glu Glu Ile Tyr Pro Asn Asn Thr Val
 1060 1065 1070
 Thr Cys Asn Asp Tyr Thr Val Asn Gln Glu Glu Tyr Gly Gly Ala Tyr
 1075 1080 1085
 Thr Ser Arg Asn Arg Gly Tyr Asn Glu Ala Pro Ser Val Pro Ala Asp
 1090 1095 1100
 Tyr Ala Ser Val Tyr Glu Glu Lys Ser Tyr Thr Asp Gly Arg Arg Glu
 1105 1110 1115 1120
 Asn Pro Cys Glu Phe Asn Arg Gly Tyr Arg Asp Tyr Thr Pro Leu Pro
 1125 1130 1135
 Val Gly Tyr Val Thr Lys Glu Leu Glu Tyr Phe Pro Glu Thr Asp Lys
 1140 1145 1150
 Val Trp Ile Glu Ile Gly Glu Thr Glu Gly Thr Phe Ile Val Asp Ser
 1155 1160 1165
 Val Glu Leu Leu Leu Met Glu Glu
 1170 1175

<210> 31

<211> 1178

<212> PRT

<213> *Bacillus thuringiensis*

ES 2 316 963 T3

<400> 31

	Met	Asp	Asn	Asn	Pro	Asn	Ile	Asn	Glu	Cys	Ile	Pro	Tyr	Asn	Cys	Leu
	1				5					10					15	
5	Ser	Asn	Pro	Glu	Val	Glu	Val	Leu	Gly	Gly	Glu	Arg	Ile	Glu	Thr	Gly
			20						25					30		
	Tyr	Thr	Pro	Ile	Asp	Ile	Ser	Leu	Ser	Leu	Thr	Gln	Phe	Leu	Leu	Ser
			35					40					45			
	Glu	Phe	Val	Pro	Gly	Ala	Gly	Phe	Val	Leu	Gly	Leu	Val	Asp	Ile	Ile
		50					55				60					
10	Trp	Gly	Ile	Phe	Gly	Pro	Ser	Gln	Trp	Asp	Ala	Phe	Leu	Val	Gln	Ile
	65				70					75					80	
	Glu	Gln	Leu	Ile	Asn	Gln	Arg	Ile	Glu	Glu	Phe	Ala	Arg	Asn	Gln	Ala
				85						90				95		
	Ile	Ser	Arg	Leu	Glu	Gly	Leu	Ser	Asn	Leu	Tyr	Gln	Ile	Tyr	Ala	Glu
			100						105					110		
15	Ser	Phe	Arg	Glu	Trp	Glu	Ala	Asp	Pro	Thr	Asn	Pro	Ala	Leu	Arg	Glu
			115					120					125			
	Glu	Met	Arg	Ile	Gln	Phe	Asn	Asp	Met	Asn	Ser	Ala	Leu	Thr	Thr	Ala
		130					135					140				
	Ile	Pro	Leu	Phe	Ala	Val	Gln	Asn	Tyr	Gln	Val	Pro	Leu	Leu	Ser	Val
	145				150					155					160	
20	Tyr	Val	Gln	Ala	Ala	Asn	Leu	His	Leu	Ser	Val	Leu	Arg	Asp	Val	Ser
				165						170					175	
	Val	Phe	Gly	Gln	Arg	Trp	Gly	Phe	Asp	Ala	Ala	Thr	Ile	Asn	Ser	Arg
			180					185					190			
	Tyr	Asn	Asp	Leu	Thr	Arg	Leu	Ile	Gly	Asn	Tyr	Thr	Asp	Tyr	Ala	Val
			195					200					205			
25	Arg	Trp	Tyr	Asn	Thr	Gly	Leu	Glu	Arg	Val	Trp	Gly	Pro	Asp	Ser	Arg
		210				215						220				
	Asp	Trp	Val	Arg	Tyr	Asn	Gln	Phe	Arg	Arg	Glu	Leu	Thr	Leu	Thr	Val
	225				230						235				240	
	Leu	Asp	Ile	Val	Ala	Leu	Phe	Pro	Asn	Tyr	Asp	Ser	Arg	Arg	Tyr	Pro
				245						250					255	
	Ile	Arg	Thr	Val	Ser	Gln	Leu	Thr	Arg	Glu	Ile	Tyr	Thr	Asn	Pro	Val
			260					265						270		
	Leu	Glu	Asn	Phe	Asp	Gly	Ser	Phe	Arg	Gly	Ser	Ala	Gln	Gly	Ile	Glu
			275					280					285			
35	Arg	Ser	Ile	Arg	Ser	Pro	His	Leu	Met	Asp	Ile	Leu	Asn	Ser	Ile	Thr
		290				295						300				
	Ile	Tyr	Thr	Asp	Ala	His	Arg	Gly	Tyr	Tyr	Tyr	Trp	Ser	Gly	His	Gln
	305				310						315				320	
	Ile	Met	Ala	Ser	Pro	Val	Gly	Phe	Ser	Gly	Pro	Glu	Phe	Thr	Phe	Pro
				325						330					335	
40	Leu	Tyr	Gly	Thr	Met	Gly	Asn	Ala	Ala	Pro	Gln	Gln	Arg	Ile	Val	Ala
			340					345					350			
	Gln	Leu	Gly	Gln	Gly	Val	Tyr	Arg	Thr	Leu	Ser	Ser	Thr	Leu	Tyr	Arg
		355						360					365			
	Arg	Pro	Phe	Asn	Ile	Gly	Ile	Asn	Asn	Gln	Gln	Leu	Ser	Val	Leu	Asp
		370				375						380				
45	Gly	Thr	Glu	Phe	Ala	Tyr	Gly	Thr	Ser	Ser	Asn	Leu	Pro	Ser	Ala	Val
	385				390						395				400	
	Tyr	Arg	Lys	Ser	Gly	Thr	Val	Asp	Ser	Leu	Asp	Glu	Ile	Pro	Pro	Gln
				405						410				415		
	Asn	Asn	Asn	Val	Pro	Pro	Arg	Gln	Gly	Phe	Ser	His	Arg	Leu	Ser	His
			420						425				430			
50	Val	Ser	Met	Phe	Arg	Ser	Gly	Phe	Ser	Asn	Ser	Ser	Val	Ser	Ile	Ile
			435					440					445			
	Arg	Ala	Pro	Met	Phe	Ser	Trp	Ile	His	Arg	Ser	Ala	Glu	Phe	Asn	Asn
		450				455					460					
	Ile	Ile	Ala	Ser	Asp	Ser	Ile	Thr	Gln	Ile	Pro	Ala	Val	Lys	Gly	Asn
	465				470					475					480	
55	Phe	Leu	Phe	Asn	Gly	Ser	Val	Ile	Ser	Gly	Pro	Gly	Phe	Thr	Gly	Gly
				485						490				495		
	Asp	Leu	Val	Arg	Leu	Asn	Ser	Ser	Gly	Asn	Asn	Ile	Gln	Asn	Arg	Gly

ES 2 316 963 T3

500 505 510
 Tyr Ile Glu Val Pro Ile His Phe Pro Ser Thr Ser Thr Arg Tyr Arg
 515 520 525
 Val Arg Val Arg Tyr Ala Ser Val Thr Pro Ile His Leu Asn Val Asn
 530 535 540
 Trp Gly Asn Ser Ser Ile Phe Ser Asn Thr Val Pro Ala Thr Ala Thr
 545 550 555 560
 Ser Leu Asp Asn Leu Gln Ser Ser Asp Phe Gly Tyr Phe Glu Ser Ala
 565 570 575
 Asn Ala Phe Thr Ser Ser Leu Gly Asn Ile Val Gly Val Arg Asn Phe
 580 585 590
 Ser Gly Thr Ala Gly Val Ile Ile Asp Arg Phe Glu Phe Ile Pro Val
 595 600 605
 Thr Ala Thr Leu Glu Ala Glu Tyr Asn Leu Glu Arg Ala Gln Lys Ala
 610 615 620
 Val Asn Ala Leu Phe Thr Ser Thr Asn Gln Leu Gly Leu Lys Thr Asn
 625 630 635 640
 Val Thr Asp Tyr His Ile Asp Gln Val Ser Asn Leu Val Thr Tyr Leu
 645 650 655
 Ser Asp Glu Phe Cys Leu Asp Glu Lys Arg Glu Leu Ser Glu Lys Val
 660 665 670
 Lys His Ala Lys Arg Leu Ser Asp Glu Arg Asn Leu Leu Gln Asp Ser
 675 680 685
 Asn Phe Lys Asp Ile Asn Arg Gln Pro Glu Arg Gly Trp Gly Gly Ser
 690 695 700
 Thr Gly Ile Thr Ile Gln Gly Gly Asp Asp Val Phe Lys Glu Asn Tyr
 705 710 715 720
 Val Thr Leu Ser Gly Thr Phe Asp Glu Cys Tyr Pro Thr Tyr Leu Tyr
 725 730 735
 Gln Lys Ile Asp Glu Ser Lys Leu Lys Ala Phe Thr Arg Tyr Gln Leu
 740 745 750
 Arg Gly Tyr Ile Glu Asp Ser Gln Asp Leu Glu Ile Tyr Leu Ile Arg
 755 760 765
 Tyr Asn Ala Lys His Glu Thr Val Asn Val Pro Gly Thr Gly Ser Leu
 770 775 780
 Trp Pro Leu Ser Ala Gln Ser Pro Ile Gly Lys Cys Gly Glu Pro Asn
 785 790 795 800
 Arg Cys Ala Pro His Leu Glu Trp Asn Pro Asp Leu Asp Cys Ser Cys
 805 810 815
 Arg Asp Gly Glu Lys Cys Ala His His Ser His His Phe Ser Leu Asp
 820 825 830
 Ile Asp Val Gly Cys Thr Asp Leu Asn Glu Asp Leu Gly Val Trp Val
 835 840 845
 Ile Phe Lys Ile Lys Thr Gln Asp Gly His Ala Arg Leu Gly Asn Leu
 850 855 860
 Glu Phe Leu Glu Glu Lys Pro Leu Val Gly Glu Ala Leu Ala Arg Val
 865 870 875 880
 Lys Arg Ala Glu Lys Lys Trp Arg Asp Lys Arg Glu Lys Leu Glu Trp
 885 890 895
 Glu Thr Asn Ile Val Tyr Lys Glu Ala Lys Glu Ser Val Asp Ala Leu
 900 905 910
 Phe Val Asn Ser Gln Tyr Asp Gln Leu Gln Ala Asp Thr Asn Ile Ala
 915 920 925
 Met Ile His Ala Ala Asp Lys Arg Val His Ser Ile Arg Glu Ala Tyr
 930 935 940
 Leu Pro Glu Leu Ser Val Ile Pro Gly Val Asn Ala Ala Ile Phe Glu
 945 950 955 960
 Glu Leu Glu Gly Arg Ile Phe Thr Ala Phe Ser Leu Tyr Asp Ala Arg
 965 970 975
 Asn Val Ile Lys Asn Gly Asp Phe Asn Asn Gly Leu Ser Cys Trp Asn
 980 985 990
 Val Lys Gly His Val Asp Val Glu Glu Gln Asn Asn Gln Arg Ser Val
 995 1000 1005
 Leu Val Val Pro Glu Trp Glu Ala Glu Val Ser Gln Glu Val Arg Val
 1010 1015 1020
 Cys Pro Gly Arg Gly Tyr Ile Leu Arg Val Thr Ala Tyr Lys Glu Gly
 1025 1030 1035 1040
 Tyr Gly Glu Gly Cys Val Thr Ile His Glu Ile Glu Asn Asn Thr Asp

ES 2 316 963 T3

1045 1050 1055
 Glu Leu Lys Phe Ser Asn Cys Val Glu Glu Glu Ile Tyr Pro Asn Asn
 1060 1065 1070
 Thr Val Thr Cys Asn Asp Tyr Thr Val Asn Gln Glu Glu Tyr Gly Gly
 1075 1080 1085
 Ala Tyr Thr Ser Arg Asn Arg Gly Tyr Asn Glu Ala Pro Ser Val Pro
 1090 1095 1100
 Ala Asp Tyr Ala Ser Val Tyr Glu Glu Lys Ser Tyr Thr Asp Gly Arg
 1105 1110 1115 1120
 Arg Glu Asn Pro Cys Glu Phe Asn Arg Gly Tyr Arg Asp Tyr Thr Pro
 1125 1130 1135
 Leu Pro Val Gly Tyr Val Thr Lys Glu Leu Glu Tyr Phe Pro Glu Thr
 1140 1145 1150
 Asp Lys Val Trp Ile Glu Ile Gly Glu Thr Glu Gly Thr Phe Ile Val
 1155 1160 1165
 Asp Ser Val Glu Leu Leu Leu Met Glu Glu
 1170 1175

<210> 32

20 <211> 1189

<212> PRT

<213> *Bacillus thuringiensis*

25 <400> 32

Met Glu Glu Asn Asn Gln Asn Gln Cys Ile Pro Tyr Asn Cys Leu Ser
 1 5 10 15
 Asn Pro Glu Glu Val Leu Leu Asp Gly Glu Arg Ile Ser Thr Gly Asn
 20 25 30
 Ser Ser Ile Asp Ile Ser Leu Ser Leu Val Gln Phe Leu Val Ser Asn
 35 40 45
 Phe Val Pro Gly Gly Gly Phe Leu Val Gly Leu Ile Asp Phe Val Trp
 50 55 60
 Gly Ile Val Gly Pro Ser Gln Trp Asp Ala Phe Leu Val Gln Ile Glu
 65 70 75 80
 Gln Leu Ile Asn Glu Arg Ile Ala Glu Phe Ala Arg Asn Ala Ala Ile
 85 90 95
 Ala Asn Leu Glu Gly Leu Gly Asn Asn Phe Asn Ile Tyr Val Glu Ala
 100 105 110
 Phe Lys Glu Trp Glu Glu Asp Pro Asn Asn Pro Ala Thr Arg Thr Arg
 115 120 125
 Val Ile Asp Arg Phe Arg Ile Leu Asp Gly Leu Leu Glu Arg Asp Ile
 130 135 140
 Pro Ser Phe Arg Ile Ser Gly Phe Glu Val Pro Leu Leu Ser Val Tyr
 145 150 155 160
 Ala Gln Ala Ala Asn Leu His Leu Ala Ile Leu Arg Asp Ser Val Ile
 165 170 175
 Phe Gly Glu Arg Trp Gly Leu Thr Thr Ile Asn Val Asn Glu Asn Tyr
 180 185 190
 Asn Arg Leu Ile Arg His Ile Asp Glu Tyr Ala Asp His Cys Ala Asn
 195 200 205
 Thr Tyr Asn Arg Gly Leu Asn Asn Leu Pro Lys Ser Thr Tyr Gln Asp
 210 215 220
 Trp Ile Thr Tyr Asn Arg Leu Arg Arg Asp Leu Thr Leu Thr Val Leu
 225 230 235 240
 Asp Ile Ala Ala Phe Phe Pro Asn Tyr Asp Asn Arg Arg Tyr Pro Ile
 245 250 255
 Gln Pro Val Gly Gln Leu Thr Arg Glu Val Tyr Thr Asp Pro Leu Ile
 260 265 270
 Asn Phe Asn Pro Gln Leu Gln Ser Val Ala Gln Leu Pro Thr Phe Asn
 275 280 285
 Val Met Glu Ser Ser Ala Ile Arg Asn Pro His Leu Phe Asp Ile Leu
 290 295 300
 Asn Asn Leu Thr Ile Phe Thr Asp Trp Phe Ser Val Gly Arg Asn Phe
 305 310 315 320
 Tyr Trp Gly Gly His Arg Val Ile Ser Ser Leu Ile Gly Gly Gly Asn
 325 330 335
 Ile Thr Ser Pro Ile Tyr Gly Arg Glu Ala Asn Gln Glu Pro Pro Arg

ES 2 316 963 T3

340 345 350
 Ser Phe Thr Phe Asn Gly Pro Val Phe Arg Thr Leu Ser Asn Pro Thr
 355 360 365
 Leu Arg Leu Leu Gln Gln Pro Trp Pro Ala Pro Pro Phe Asn Leu Arg
 370 375 380
 Gly Val Glu Gly Val Glu Phe Ser Thr Pro Thr Asn Ser Phe Thr Tyr
 385 390 395 400
 Arg Gly Arg Gly Thr Val Asp Ser Leu Thr Glu Leu Pro Pro Glu Asp
 405 410 415
 Asn Ser Val Pro Pro Arg Glu Gly Tyr Ser His Arg Leu Cys His Ala
 420 425 430
 Thr Phe Val Gln Arg Ser Gly Thr Pro Phe Leu Thr Thr Gly Val Val
 435 440 445
 Phe Ser Trp Thr His Arg Ser Ala Thr Leu Thr Asn Thr Ile Asp Pro
 450 455 460
 Glu Arg Ile Asn Gln Ile Pro Leu Val Lys Gly Phe Arg Val Trp Gly
 465 470 475 480
 Gly Thr Ser Val Ile Thr Gly Pro Gly Phe Thr Gly Gly Asp Ile Leu
 485 490 495
 Arg Arg Asn Thr Phe Gly Asp Phe Val Ser Leu Gln Val Asn Ile Asn
 500 505 510
 Ser Pro Ile Thr Gln Arg Tyr Arg Leu Arg Phe Arg Tyr Ala Ser Ser
 515 520 525
 Arg Asp Ala Arg Val Ile Val Leu Thr Gly Ala Ala Ser Thr Gly Val
 530 535 540
 Gly Gly Gln Val Ser Val Asn Met Pro Leu Gln Lys Thr Met Glu Ile
 545 550 555 560
 Gly Glu Asn Leu Thr Ser Arg Thr Phe Arg Tyr Thr Asp Phe Ser Asn
 565 570 575
 Pro Phe Ser Phe Arg Ala Asn Pro Asp Ile Ile Gly Ile Ser Glu Gln
 580 585 590
 Pro Leu Phe Gly Ala Gly Ser Ile Ser Ser Gly Glu Leu Tyr Ile Asp
 595 600 605
 Lys Ile Glu Ile Ile Leu Ala Asp Ala Thr Phe Glu Ala Glu Ser Asp
 610 615 620
 Leu Glu Arg Ala Gln Lys Ala Val Asn Ala Leu Phe Thr Ser Ser Asn
 625 630 635 640
 Gln Ile Gly Leu Lys Thr Asp Val Thr Asp Tyr His Ile Asp Gln Val
 645 650 655
 Ser Asn Leu Val Asp Cys Leu Ser Asp Glu Phe Cys Leu Asp Glu Lys
 660 665 670
 Arg Glu Leu Ser Glu Lys Val Lys His Ala Lys Arg Leu Ser Asp Glu
 675 680 685
 Arg Asn Leu Leu Gln Asp Pro Asn Phe Arg Gly Ile Asn Arg Gln Pro
 690 695 700
 Asp Arg Gly Trp Arg Gly Ser Thr Asp Ile Thr Ile Gln Gly Gly Asp
 705 710 715 720
 Asp Val Phe Lys Glu Asn Tyr Val Thr Leu Pro Gly Thr Val Asp Glu
 725 730 735
 Cys Tyr Pro Thr Tyr Leu Tyr Gln Lys Ile Asp Glu Ser Lys Leu Lys
 740 745 750
 Ala Tyr Thr Arg Tyr Glu Leu Arg Gly Tyr Ile Glu Asp Ser Gln Asp
 755 760 765
 Leu Glu Ile Tyr Leu Ile Arg Tyr Asn Ala Lys His Glu Ile Val Asn
 770 775 780
 Val Pro Gly Thr Gly Ser Leu Trp Pro Leu Ser Ala Gln Ser Pro Ile
 785 790 795 800
 Gly Lys Cys Gly Glu Pro Asn Arg Cys Ala Pro His Leu Glu Trp Asn
 805 810 815
 Pro Asp Leu Asp Cys Ser Cys Arg Asp Gly Glu Lys Cys Ala His His
 820 825 830
 Ser His His Phe Thr Leu Asp Ile Asp Val Gly Cys Thr Asp Leu Asn
 835 840 845
 Glu Asp Leu Gly Val Trp Val Ile Phe Lys Ile Lys Thr Gln Asp Gly
 850 855 860
 His Ala Arg Leu Gly Asn Leu Glu Phe Leu Glu Glu Lys Pro Leu Leu
 865 870 875 880
 Gly Glu Ala Leu Ala Arg Val Lys Arg Ala Glu Lys Lys Trp Arg Asp

ES 2 316 963 T3

[illegible]

<210> 33

<211> 719

<212> PRT

<213> *Bacillus thuringiensis*

<400> 33

	Met	Lys	Leu	Lys	Asn	Gln	Asp	Lys	His	Gln	Ser	Phe	Ser	Ser	Asn	Ala
	1				5					10					15	
50	Lys	Val	Asp	Lys	Ile	Ser	Thr	Asp	Ser	Leu	Lys	Asn	Glu	Thr	Asp	Ile
			20						25				30			
	Glu	Leu	Gln	Asn	Ile	Asn	His	Glu	Asp	Cys	Leu	Lys	Met	Ser	Glu	Tyr
			35					40					45			
	Glu	Asn	Val	Glu	Pro	Phe	Val	Ser	Ala	Ser	Thr	Ile	Gln	Thr	Gly	Ile
		50					55					60				
55	Gly	Ile	Ala	Gly	Lys	Ile	Leu	Gly	Thr	Leu	Gly	Val	Pro	Phe	Ala	Gly
	65					70					75					80
	Gln	Val	Ala	Ser	Leu	Tyr	Ser	Phe	Ile	Leu	Gly	Glu	Leu	Trp	Pro	Lys
				85						90					95	
	Gly	Lys	Asn	Gln	Trp	Glu	Ile	Phe	Met	Glu	His	Val	Glu	Glu	Ile	Ile
			100						105					110		
60	Asn	Gln	Lys	Ile	Ser	Thr	Tyr	Ala	Arg	Asn	Lys	Ala	Leu	Thr	Asp	Leu
			115					120					125			
	Lys	Gly	Leu	Gly	Asp	Ala	Leu	Ala	Val	Tyr	His	Asp	Ser	Leu	Glu	Ser
		130					135					140				
	Trp	Val	Gly	Asn	Arg	Asn	Asn	Thr	Arg	Ala	Arg	Ser	Val	Val	Lys	Ser
		145				150					155				160	
65	Gln	Tyr	Ile	Ala	Leu	Glu	Leu	Met	Phe	Val	Gln	Lys	Leu	Pro	Ser	Phe

ES 2 316 963 T3

				165				170				175				
	Ala	Val	Ser	Gly	Glu	Glu	Val	Pro	Leu	Leu	Pro	Ile	Tyr	Ala	Gln	Ala
				180				185				190				
	Ala	Asn	Leu	His	Leu	Leu	Leu	Leu	Arg	Asp	Ala	Ser	Ile	Phe	Gly	Lys
5				195				200				205				
	Glu	Trp	Gly	Leu	Ser	Ser	Ser	Glu	Ile	Ser	Thr	Phe	Tyr	Asn	Arg	Gln
				210			215				220					
	Val	Glu	Arg	Ala	Gly	Asp	Tyr	Ser	Asp	His	Cys	Val	Lys	Trp	Tyr	Ser
	225					230				235					240	
	Thr	Gly	Leu	Asn	Asn	Leu	Arg	Gly	Thr	Asn	Ala	Glu	Ser	Trp	Val	Arg
				245						250					255	
10	Tyr	Asn	Gln	Phe	Arg	Arg	Asp	Met	Thr	Leu	Met	Val	Leu	Asp	Leu	Val
				260				265						270		
	Ala	Leu	Phe	Pro	Ser	Tyr	Asp	Thr	Gln	Met	Tyr	Pro	Ile	Lys	Thr	Thr
				275				280				285				
	Ala	Gln	Leu	Thr	Arg	Glu	Val	Tyr	Thr	Asp	Ala	Ile	Gly	Thr	Val	His
15				290			295					300				
	Pro	His	Pro	Ser	Phe	Thr	Ser	Thr	Thr	Trp	Tyr	Asn	Asn	Ala	Pro	
	305					310					315				320	
	Ser	Phe	Ser	Ala	Ile	Glu	Ala	Ala	Val	Val	Arg	Asn	Pro	His	Leu	Leu
				325						330					335	
	Asp	Phe	Leu	Glu	Gln	Val	Thr	Ile	Tyr	Ser	Leu	Leu	Ser	Arg	Trp	Ser
				340					345				350			
20	Asn	Thr	Gln	Tyr	Met	Asn	Met	Trp	Gly	Gly	His	Lys	Leu	Glu	Phe	Arg
				355				360				365				
	Thr	Ile	Gly	Gly	Thr	Leu	Asn	Ile	Ser	Thr	Gln	Gly	Ser	Thr	Asn	Thr
				370			375					380				
	Ser	Ile	Asn	Pro	Val	Thr	Leu	Pro	Phe	Thr	Ser	Arg	Asp	Val	Tyr	Arg
	385					390				395					400	
25	Thr	Glu	Ser	Leu	Ala	Gly	Leu	Asn	Leu	Phe	Leu	Thr	Gln	Pro	Val	Asn
				405						410					415	
	Gly	Val	Pro	Arg	Val	Asp	Phe	His	Trp	Lys	Phe	Val	Thr	His	Pro	Ile
				420					425				430			
	Ala	Ser	Asp	Asn	Phe	Tyr	Tyr	Pro	Gly	Tyr	Ala	Gly	Ile	Gly	Thr	Gln
				435				440				445				
30	Leu	Gln	Asp	Ser	Glu	Asn	Glu	Leu	Pro	Pro	Glu	Ala	Thr	Gly	Gln	Pro
				450			455				460					
	Asn	Tyr	Glu	Ser	Tyr	Ser	His	Arg	Leu	Ser	His	Ile	Gly	Leu	Ile	Ser
				465			470			475					480	
	Ala	Ser	His	Val	Lys	Ala	Leu	Val	Tyr	Ser	Trp	Thr	His	Arg	Ser	Ala
				485					490						495	
35	Asp	Arg	Thr	Asn	Thr	Ile	Glu	Pro	Asn	Ser	Ile	Thr	Gln	Ile	Pro	Leu
				500				505						510		
	Val	Lys	Ala	Phe	Asn	Leu	Ser	Ser	Gly	Ala	Ala	Val	Val	Arg	Gly	Pro
				515				520				525				
	Gly	Phe	Thr	Gly	Gly	Asp	Ile	Leu	Arg	Arg	Thr	Asn	Thr	Gly	Thr	Phe
				530			535					540				
40	Gly	Asp	Ile	Arg	Val	Asn	Ile	Asn	Pro	Pro	Phe	Ala	Gln	Arg	Tyr	Arg
				545			550			555					560	
	Val	Arg	Ile	Arg	Tyr	Ala	Ser	Thr	Thr	Asp	Leu	Gln	Phe	His	Thr	Ser
				565					570						575	
	Ile	Asn	Gly	Lys	Ala	Ile	Asn	Gln	Gly	Asn	Phe	Ser	Ala	Thr	Met	Asn
				580			585						590			
45	Arg	Gly	Glu	Asp	Leu	Asp	Tyr	Lys	Thr	Phe	Arg	Thr	Val	Gly	Phe	Thr
				595			600					605				
	Thr	Pro	Phe	Ser	Phe	Leu	Asp	Val	Gln	Ser	Thr	Phe	Thr	Ile	Gly	Ala
				610			615					620				
	Trp	Asn	Phe	Ser	Ser	Gly	Asn	Glu	Val	Tyr	Ile	Asp	Arg	Ile	Glu	Phe
				625			630				635				640	
50	Val	Pro	Val	Glu	Val	Thr	Tyr	Glu	Ala	Glu	Tyr	Asp	Phe	Glu	Lys	Ala
				645						650				655		
	Gln	Glu	Lys	Val	Thr	Ala	Leu	Phe	Thr	Ser	Thr	Asn	Pro	Arg	Gly	Leu
				660					665				670			
	Lys	Thr	Asp	Val	Lys	Asp	Tyr	His	Ile	Asp	Gln	Val	Ser	Asn	Leu	Val
				675				680				685				
	Glu	Ser	Leu	Ser	Asp	Glu	Phe	Tyr	Leu	Asp	Glu	Lys	Arg	Glu	Leu	Phe
55				690			695					700				
	Glu	Ile	Val	Lys	Tyr	Ala	Lys	Gln	Leu	His	Ile	Glu	Arg	Asn	Met	

705

710

715

60 <210> 34
 <211> 633
 <212> PRT

65 <213> *Bacillus thuringiensis*

ES 2 316 963 T3

<400> 34

	Met	Asn	Asn	Val	Leu	Asn	Ser	Gly	Arg	Thr	Thr	Ile	Cys	Asp	Ala	Tyr
	1			5					10					15		
5	Asn	Val	Val	Ala	His	Asp	Pro	Phe	Ser	Phe	Glu	His	Lys	Ser	Leu	Asp
				20				25					30			
	Thr	Ile	Gln	Lys	Glu	Trp	Met	Glu	Trp	Lys	Arg	Thr	Asp	His	Ser	Leu
			35				40					45				
	Tyr	Val	Ala	Pro	Val	Val	Gly	Thr	Val	Ser	Ser	Phe	Leu	Leu	Lys	Lys
		50					55					60				
10	Val	Gly	Ser	Leu	Ile	Gly	Lys	Arg	Ile	Leu	Ser	Glu	Leu	Trp	Gly	Ile
	65					70					75				80	
	Ile	Phe	Pro	Ser	Gly	Ser	Thr	Asn	Leu	Met	Gln	Asp	Ile	Leu	Arg	Glu
					85					90				95		
	Thr	Glu	Gln	Phe	Leu	Asn	Gln	Arg	Leu	Asn	Thr	Asp	Thr	Leu	Ala	Arg
				100					105					110		
15	Val	Asn	Ala	Glu	Leu	Ile	Gly	Leu	Gln	Ala	Asn	Ile	Arg	Glu	Phe	Asn
			115				120						125			
	Gln	Gln	Val	Asp	Asn	Phe	Leu	Asn	Pro	Thr	Gln	Asn	Pro	Val	Pro	Leu
			130				135					140				
	Ser	Ile	Thr	Ser	Ser	Val	Asn	Thr	Met	Gln	Gln	Leu	Phe	Leu	Asn	Arg
	145					150					155				160	
20	Leu	Pro	Gln	Phe	Gln	Ile	Gln	Gly	Tyr	Gln	Leu	Leu	Leu	Leu	Pro	Leu
				165						170					175	
	Phe	Ala	Gln	Ala	Ala	Asn	Met	His	Leu	Ser	Phe	Ile	Arg	Asp	Val	Ile
				180					185					190		
	Leu	Asn	Ala	Asp	Glu	Trp	Gly	Ile	Ser	Ala	Ala	Thr	Leu	Arg	Thr	Tyr
			195					200					205			
25	Arg	Asp	Tyr	Leu	Arg	Asn	Tyr	Thr	Arg	Asp	Tyr	Ser	Asn	Tyr	Cys	Ile
		210				215						220				
	Asn	Thr	Tyr	Gln	Thr	Ala	Phe	Arg	Gly	Leu	Asn	Thr	Arg	Leu	His	Asp
		225				230					235				240	
30	Met	Leu	Glu	Phe	Arg	Thr	Tyr	Met	Phe	Leu	Asn	Val	Phe	Glu	Tyr	Val
				245						250					255	
	Ser	Ile	Trp	Ser	Leu	Phe	Lys	Tyr	Gln	Ser	Leu	Met	Val	Ser	Ser	Gly
			260					265					270			
	Ala	Asn	Leu	Tyr	Ala	Ser	Gly	Ser	Gly	Pro	Gln	Gln	Thr	Gln	Ser	Phe
			275					280					285			
35	Thr	Ala	Gln	Asn	Trp	Pro	Phe	Leu	Tyr	Ser	Leu	Phe	Gln	Val	Asn	Ser
			290				295					300				
	Asn	Tyr	Ile	Leu	Ser	Gly	Ile	Ser	Gly	Thr	Arg	Leu	Ser	Ile	Thr	Phe
				310							315				320	
	Pro	Asn	Ile	Gly	Gly	Leu	Pro	Gly	Ser	Thr	Thr	Thr	His	Ser	Leu	Asn
				325						330					335	
40	Ser	Ala	Arg	Val	Asn	Tyr	Ser	Gly	Gly	Val	Ser	Ser	Gly	Leu	Ile	Gly
			340					345						350		
	Ala	Thr	Asn	Leu	Asn	His	Asn	Phe	Asn	Cys	Ser	Thr	Val	Leu	Pro	Pro
			355					360					365			
	Leu	Ser	Thr	Pro	Phe	Val	Arg	Ser	Trp	Leu	Asp	Ser	Gly	Thr	Asp	Arg
		370					375				380					
45	Glu	Gly	Val	Ala	Thr	Ser	Thr	Asn	Trp	Gln	Thr	Glu	Ser	Phe	Gln	Thr
		385				390					395				400	
	Thr	Leu	Ser	Leu	Arg	Cys	Gly	Ala	Phe	Ser	Ala	Arg	Gly	Asn	Ser	Asn
				405						410					415	
	Tyr	Phe	Pro	Asp	Tyr	Phe	Ile	Arg	Asn	Ile	Ser	Gly	Val	Pro	Leu	Val
			420					425						430		
50	Ile	Arg	Asn	Glu	Asp	Leu	Thr	Arg	Pro	Leu	His	Tyr	Asn	Gln	Ile	Arg
			435					440					445			
	Asn	Ile	Glu	Ser	Pro	Ser	Gly	Thr	Pro	Gly	Gly	Ala	Arg	Ala	Tyr	Leu
		450					455					460				
55	Val	Ser	Val	His	Asn	Arg	Lys	Asn	Asn	Ile	Tyr	Ala	Ala	Asn	Glu	Asn

ES 2 316 963 T3

465 470 475 480
 Gly Thr Met Ile His Leu Ala Pro Glu Asp Tyr Thr Gly Phe Thr Ile
 Ser Pro Ile His 485 Thr Gln Val Asn Asn Gln Thr Arg Thr Phe Ile
 Ser Glu Lys Phe Gly Asn Gln Gly Asp Ser Leu Arg Phe Glu Gln Ser
 Asn Thr Thr Ala Arg Tyr Thr Leu Arg Gly Asn Gly Asn Ser Tyr Asn
 Leu Tyr Leu Arg Val Ser Ser Ile Gly Asn Ser Thr Ile Arg Val Thr
 Ile Asn Gly Arg Val Tyr Thr Val Ser Asn Val Asn Thr Thr Thr Asn
 Asn Asp Gly Val Asn Asp Asn Gly Ala Arg Phe Ser Asp Ile Asn Ile
 Gly Asn Ile Val Ala Ser Asp Asn Thr Asn Val Thr Leu Asp Ile Asn
 Val Thr Leu Asn Ser Gly Thr Pro Phe Asp Leu Met Asn Ile Met Phe
 Val Pro Thr Asn Leu Pro Pro Leu Tyr
 625 630

<210> 24
 <211> 652
 <212> PRT
 <213> *Bacillus thuringiensis*
 <400> 35

Met Ile Arg Lys Gly Gly Arg Lys Met Asn Pro Asn Asn Arg Ser Glu
 1 5 10 15
 His Asp Thr Ile Lys Thr Thr Glu Asn Asn Glu Val Pro Thr Asn His
 20 25 30
 Val Gln Tyr Pro Leu Ala Glu Thr Pro Asn Pro Thr Leu Glu Asp Leu
 35 40 45
 Asn Tyr Lys Glu Phe Leu Arg Met Thr Ala Asp Asn Asn Thr Glu Ala
 50 55 60
 Leu Asp Ser Ser Thr Thr Lys Asp Val Ile Gln Lys Gly Ile Ser Val
 65 70 75 80
 Val Gly Asp Leu Leu Gly Val Val Gly Phe Pro Phe Gly Gly Ala Leu
 85 90 95
 Val Ser Phe Tyr Thr Asn Phe Leu Asn Thr Ile Trp Pro Ser Glu Asp
 100 105 110
 Pro Trp Lys Ala Phe Met Glu Gln Val Glu Ala Leu Met Asp Gln Lys
 115 120 125
 Ile Ala Asp Tyr Ala Lys Asn Lys Ala Leu Ala Glu Leu Gln Gly Leu
 130 135 140
 Gln Asn Asn Val Glu Asp Tyr Val Ser Ala Leu Ser Ser Trp Gln Lys
 145 150 155 160
 Asn Pro Val Ser Ser Arg Asn Pro His Ser Gln Gly Arg Ile Arg Glu
 165 170 175
 Leu Phe Ser Gln Ala Glu Ser His Phe Arg Asn Ser Met Pro Ser Phe
 180 185 190
 Ala Ile Ser Gly Tyr Glu Val Leu Phe Leu Thr Thr Tyr Ala Gln Ala
 195 200 205
 Ala Asn Thr His Leu Phe Leu Leu Lys Asp Ala Gln Ile Tyr Gly Glu
 210 215 220
 Glu Trp Gly Tyr Glu Lys Glu Asp Ile Ala Glu Phe Tyr Lys Arg Gln
 225 230 235 240
 Leu Lys Leu Thr Gln Glu Tyr Thr Asp His Cys Val Lys Trp Tyr Asn
 245 250 255
 Val Gly Leu Asp Lys Leu Arg Gly Ser Ser Tyr Glu Ser Trp Val Asn
 260 265 270
 Phe Asn Arg Tyr Arg Arg Glu Met Thr Leu Thr Val Leu Asp Leu Ile
 275 280 285
 Ala Leu Phe Pro Leu Tyr Asp Val Arg Leu Tyr Pro Lys Glu Val Lys
 290 295 300
 Thr Glu Leu Thr Arg Asp Val Leu Thr Asp Pro Ile Val Gly Val Asn

ES 2 316 963 T3

305 310 315 320
 Asn Leu Arg Gly Tyr Gly Thr Thr Phe Ser Asn Ile Glu Asn Tyr Ile
 325 330 335
 Arg Lys Pro His Leu Phe Asp Tyr Leu His Arg Ile Gln Phe His Thr
 340 345 350
 Arg Phe Gln Pro Gly Tyr Tyr Gly Asn Asp Ser Phe Asn Tyr Trp Ser
 355 360 365
 Gly Asn Tyr Val Ser Thr Arg Pro Ser Ile Gly Ser Asn Asp Ile Ile
 370 375 380
 Thr Ser Pro Phe Tyr Gly Asn Lys Ser Ser Glu Pro Val Gln Asn Leu
 385 390 395 400
 Glu Phe Asn Gly Glu Lys Val Tyr Arg Ala Val Ala Asn Thr Asn Leu
 405 410 415
 Ala Val Trp Pro Ser Ala Val Tyr Ser Gly Val Thr Lys Val Glu Phe
 420 425 430
 Ser Gln Tyr Asn Asp Gln Thr Asp Glu Ala Ser Thr Gln Thr Tyr Asp
 435 440 445
 Ser Lys Arg Asn Val Gly Ala Val Ser Trp Asp Ser Ile Asp Gln Leu
 450 455 460
 Pro Pro Glu Thr Thr Asp Glu Pro Leu Glu Lys Gly Tyr Ser His Gln
 465 470 475 480
 Leu Asn Tyr Val Met Cys Phe Leu Met Gln Gly Ser Arg Gly Thr Ile
 485 490 495
 Pro Val Leu Thr Trp Thr His Lys Ser Val Asp Phe Phe Asn Met Ile
 500 505 510
 Asp Ser Lys Lys Ile Thr Gln Leu Pro Leu Val Lys Ala Tyr Lys Leu
 515 520 525
 Gln Ser Gly Ala Ser Val Val Ala Gly Pro Arg Phe Thr Gly Gly Asp
 530 535 540
 Ile Ile Gln Cys Thr Glu Asn Gly Ser Ala Ala Thr Ile Tyr Val Thr
 545 550 555 560
 Pro Asp Val Ser Tyr Ser Gln Lys Tyr Arg Ala Arg Ile His Tyr Ala
 565 570 575
 Ser Thr Ser Gln Ile Thr Phe Thr Leu Ser Leu Asp Gly Ala Pro Phe
 580 585 590
 Asn Gln Tyr Tyr Phe Asp Lys Thr Ile Asn Lys Gly Asp Thr Leu Thr
 595 600 605
 Tyr Asn Ser Phe Asn Leu Ala Ser Phe Ser Thr Pro Phe Glu Leu Ser
 610 615 620
 Gly Asn Asn Leu Gln Ile Gly Val Thr Gly Leu Ser Ala Gly Asp Lys
 625 630 635 640
 Val Tyr Ile Asp Lys Ile Glu Phe Ile Pro Val Asn
 645 650

<210> 36

<211> 659

<212> PRT

<213> *Bacillus thuringiensis*

<400> 36

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

ES 2 316 963 T3

130 135 140
 Leu Gln Asn Asn Phe Glu Asp Tyr Val Asn Ala Leu Asp Ser Trp Lys
 145 150 155 160
 Lys Ala Pro Val Asn Leu Arg Ser Arg Arg Ser Gln Asp Arg Ile Arg
 165 170 175
 Glu Leu Phe Ser Gln Ala Glu Ser His Phe Arg Asn Ser Met Pro Ser
 180 185 190
 Phe Ala Val Ser Lys Phe Glu Val Leu Phe Leu Pro Thr Tyr Ala Gln
 195 200 205
 Ala Ala Asn Thr His Leu Leu Leu Lys Asp Ala Gln Val Phe Gly
 210 215 220
 Glu Glu Trp Gly Tyr Ser Ser Glu Asp Ile Ala Glu Phe Tyr Gln Arg
 225 230 235 240
 Gln Leu Lys Leu Thr Gln Gln Tyr Thr Asp His Cys Val Asn Trp Tyr
 245 250 255
 Asn Val Gly Leu Asn Ser Leu Arg Gly Ser Thr Tyr Asp Ala Trp Val
 260 265 270
 Lys Phe Asn Arg Phe Arg Arg Glu Met Thr Leu Thr Val Leu Asp Leu
 275 280 285
 Ile Val Leu Phe Pro Phe Tyr Asp Val Arg Leu Tyr Ser Lys Gly Val
 290 295 300
 Lys Thr Glu Leu Thr Arg Asp Ile Phe Thr Asp Pro Ile Phe Thr Leu
 305 310 315 320
 Asn Ala Leu Gln Glu Tyr Gly Pro Thr Phe Ser Ser Ile Glu Asn Ser
 325 330 335
 Ile Arg Lys Pro His Leu Phe Asp Tyr Leu Arg Gly Ile Glu Phe His
 340 345 350
 Thr Arg Leu Arg Pro Gly Tyr Ser Gly Lys Asp Ser Phe Asn Tyr Trp
 355 360 365
 Ser Gly Asn Tyr Val Glu Thr Arg Pro Ser Ile Gly Ser Asn Asp Thr
 370 375 380
 Ile Thr Ser Pro Phe Tyr Gly Asp Lys Ser Ile Glu Pro Ile Gln Lys
 385 390 395 400
 Leu Ser Phe Asp Gly Gln Lys Val Tyr Arg Thr Ile Ala Asn Thr Asp
 405 410 415
 Ile Ala Ala Phe Pro Asp Gly Lys Ile Tyr Phe Gly Val Thr Lys Val
 420 425 430
 Asp Phe Ser Gln Tyr Asp Asp Gln Lys Asn Glu Thr Ser Thr Gln Thr
 435 440 445
 Tyr Asp Ser Lys Arg Tyr Asn Gly Tyr Leu Gly Ala Gln Asp Ser Ile
 450 455 460
 Asp Gln Leu Pro Pro Glu Thr Thr Asp Glu Pro Leu Glu Lys Ala Tyr
 465 470 475 480
 Ser His Gln Leu Asn Tyr Ala Glu Cys Phe Leu Met Gln Asp Arg Arg
 485 490 495
 Gly Thr Ile Pro Phe Phe Thr Trp Thr His Arg Ser Val Asp Phe Phe
 500 505 510
 Asn Thr Ile Asp Ala Glu Lys Ile Thr Gln Leu Pro Val Val Lys Ala
 515 520 525
 Tyr Ala Leu Ser Ser Gly Ala Ser Ile Ile Glu Gly Pro Gly Phe Thr
 530 535 540
 Gly Gly Asn Leu Leu Phe Leu Lys Glu Ser Ser Asn Ser Ile Ala Lys
 545 550 555 560
 Phe Lys Val Thr Leu Asn Ser Ala Ala Leu Leu Gln Arg Tyr Arg Val
 565 570 575
 Arg Ile Arg Tyr Ala Ser Thr Thr Asn Leu Arg Leu Phe Val Gln Asn
 580 585 590
 Ser Asn Asn Asp Phe Leu Val Ile Tyr Ile Asn Lys Thr Met Asn Ile
 595 600 605
 Asp Gly Asp Leu Thr Tyr Gln Thr Phe Asp Phe Ala Thr Ser Asn Ser
 610 615 620
 Asn Met Gly Phe Ser Gly Asp Thr Asn Asp Phe Ile Ile Gly Ala Glu
 625 630 635 640
 Ser Phe Val Ser Asn Glu Lys Ile Tyr Ile Asp Lys Ile Glu Phe Ile
 645 650 655
 Pro Val Gln

<210> 37

<211> 652

<212> PRT

<213> *Bacillus thuringiensis*

ES 2 316 963 T3

<400> 37

	Met	Asn	Pro	Asn	Asn	Arg	Ser	Glu	His	Asp	Thr	Ile	Lys	Val	Thr	Pro
	1			5						10					15	
5	Asn	Ser	Glu	Leu	Gln	Thr	Asn	His	Asn	Gln	Tyr	Pro	Leu	Ala	Asp	Asn
				20					25					30		
	Pro	Asn	Ser	Thr	Leu	Glu	Glu	Leu	Asn	Tyr	Lys	Glu	Phe	Leu	Arg	Met
				35				40					45			
	Thr	Glu	Asp	Ser	Ser	Thr	Glu	Val	Leu	Asp	Asn	Ser	Thr	Val	Lys	Asp
				50			55					60				
10	Ala	Val	Gly	Thr	Gly	Ile	Ser	Val	Val	Gly	Gln	Ile	Leu	Gly	Val	Val
	65				70					75				80		
	Gly	Val	Pro	Phe	Ala	Gly	Ala	Leu	Thr	Ser	Phe	Tyr	Gln	Ser	Phe	Leu
				85						90				95		
	Asn	Thr	Ile	Trp	Pro	Ser	Asp	Ala	Asp	Pro	Trp	Lys	Ala	Phe	Met	Ala
				100					105					110		
15	Gln	Val	Glu	Val	Leu	Ile	Asp	Lys	Lys	Ile	Glu	Glu	Tyr	Ala	Lys	Ser
				115				120					125			
	Lys	Ala	Leu	Ala	Glu	Leu	Gln	Gly	Leu	Gln	Asn	Asn	Phe	Glu	Asp	Tyr
				130			135					140				
	Val	Asn	Ala	Leu	Asn	Ser	Trp	Lys	Lys	Thr	Pro	Leu	Ser	Leu	Arg	Ser
20	145				150						155				160	
	Lys	Arg	Ser	Gln	Asp	Arg	Ile	Arg	Glu	Leu	Phe	Ser	Gln	Ala	Glu	Ser
				165					170					175		
	His	Phe	Arg	Asn	Ser	Met	Pro	Ser	Phe	Ala	Val	Ser	Lys	Phe	Glu	Val
				180				185					190			
25	Leu	Phe	Leu	Pro	Thr	Tyr	Ala	Gln	Ala	Ala	Asn	Thr	His	Leu	Leu	Leu
				195			200					205				
	Leu	Lys	Asp	Ala	Gln	Val	Phe	Gly	Glu	Glu	Trp	Gly	Tyr	Ser	Ser	Glu
				210			215					220				
	Asp	Val	Ala	Glu	Phe	Tyr	His	Arg	Gln	Leu	Lys	Leu	Thr	Gln	Gln	Tyr
	225				230					235				240		
30	Thr	Asp	His	Cys	Val	Asn	Trp	Tyr	Asn	Val	Gly	Leu	Asn	Gly	Leu	Arg
				245					250					255		
	Gly	Ser	Thr	Tyr	Asp	Ala	Trp	Val	Lys	Phe	Asn	Arg	Phe	Arg	Arg	Glu
				260				265					270			
	Met	Thr	Leu	Thr	Val	Leu	Asp	Leu	Ile	Val	Leu	Phe	Pro	Phe	Tyr	Asp
				275			280					285				
35	Ile	Arg	Leu	Tyr	Ser	Lys	Gly	Val	Lys	Thr	Glu	Leu	Thr	Arg	Asp	Ile
				290			295					300				
	Phe	Thr	Asp	Pro	Ile	Phe	Ser	Leu	Asn	Thr	Leu	Gln	Glu	Tyr	Gly	Pro
	305				310						315				320	
	Thr	Phe	Leu	Ser	Ile	Glu	Asn	Ser	Ile	Arg	Lys	Pro	His	Leu	Phe	Asp
				325					330					335		
40	Tyr	Leu	Gln	Gly	Ile	Glu	Phe	His	Thr	Arg	Leu	Gln	Pro	Gly	Tyr	Phe
				340				345					350			
	Gly	Lys	Asp	Ser	Phe	Asn	Tyr	Trp	Ser	Gly	Asn	Tyr	Val	Glu	Thr	Arg
				355			360					365				
	Pro	Ser	Ile	Gly	Ser	Ser	Lys	Thr	Ile	Thr	Ser	Pro	Phe	Tyr	Gly	Asp
				370			375				380					
45	Lys	Ser	Thr	Glu	Pro	Val	Gln	Lys	Leu	Ser	Phe	Asp	Gly	Gln	Lys	Val
	385				390						395				400	
	Tyr	Arg	Thr	Ile	Ala	Asn	Thr	Asp	Val	Ala	Ala	Trp	Pro	Asn	Gly	Lys
				405					410					415		
	Val	Tyr	Leu	Gly	Val	Thr	Lys	Val	Asp	Phe	Ser	Gln	Tyr	Asp	Asp	Gln
50				420				425					430			
	Lys	Asn	Glu	Thr	Ser	Thr	Gln	Thr	Tyr	Asp	Ser	Lys	Arg	Asn	Asn	Gly
				435			440					445				
	His	Val	Ser	Ala	Gln	Asp	Ser	Ile	Asp	Gln	Leu	Pro	Pro	Glu	Thr	Thr
				450			455					460				
55	Asp	Glu	Pro	Leu	Glu	Lys	Ala	Tyr	Ser	His	Gln	Leu	Asn	Tyr	Ala	Glu
	465				470						475				480	
	Cys	Phe	Leu	Met	Gln	Asp	Arg	Arg	Gly	Thr	Ile	Pro	Phe	Phe	Thr	Trp

ES 2 316 963 T3

485 490 495
 Thr His Arg Ser Val Asp Phe Phe Asn Thr Ile Asp Ala Glu Lys Ile
 500 505 510
 Thr Gln Leu Pro Val Val Lys Ala Tyr Ala Leu Ser Ser Gly Ala Ser
 515 520 525
 Ile Ile Glu Gly Pro Gly Phe Thr Gly Gly Asn Leu Leu Phe Leu Lys
 530 535 540
 Glu Ser Ser Asn Ser Ile Ala Lys Phe Lys Val Thr Leu Asn Ser Ala
 545 550 555 560
 Ala Leu Leu Gln Arg Tyr Arg Val Arg Ile Arg Tyr Ala Ser Thr Thr
 565 570 575
 Asn Leu Arg Leu Phe Val Gln Asn Ser Asn Asn Asp Phe Leu Val Ile
 580 585 590
 Tyr Ile Asn Lys Thr Met Asn Lys Asp Asp Asp Leu Thr Tyr Gln Thr
 595 600 605
 Phe Asp Leu Ala Thr Thr Asn Ser Asn Met Gly Phe Ser Gly Asp Lys
 610 615 620
 Asn Glu Leu Ile Ile Gly Ala Glu Ser Phe Val Ser Asn Glu Lys Ile
 625 630 635 640
 Tyr Ile Asp Lys Ile Glu Phe Ile Pro Val Gln Leu
 645 650

<210> 38
 <211> 1180
 <212> PRT
 <213> *Bacillus thuringiensis*
 <400> 38

Met Asn Pro Tyr Gln Asn Lys Asn Glu Tyr Glu Thr Leu Asn Ala Ser
 1 5 10 15
 Gln Lys Lys Leu Asn Ile Ser Asn Asn Tyr Thr Arg Tyr Pro Ile Glu
 20 25 30
 Asn Ser Pro Lys Gln Leu Leu Gln Ser Thr Asn Tyr Lys Asp Trp Leu
 35 40 45
 Asn Met Cys Gln Gln Asn Gln Gln Tyr Gly Gly Asp Phe Glu Thr Phe
 50 55 60
 Ile Asp Ser Gly Glu Leu Ser Ala Tyr Thr Ile Val Val Gly Thr Val
 65 70 75 80
 Leu Thr Gly Phe Gly Phe Thr Thr Pro Leu Gly Leu Ala Leu Ile Gly
 85 90 95
 Phe Gly Thr Leu Ile Pro Val Leu Phe Pro Ala Gln Asp Gln Ser Asn
 100 105 110
 Thr Trp Ser Asp Phe Ile Thr Gln Thr Lys Asn Ile Ile Lys Lys Glu
 115 120 125
 Ile Ala Ser Thr Tyr Ile Ser Asn Ala Asn Lys Ile Leu Asn Arg Ser
 130 135 140
 Phe Asn Val Ile Ser Thr Tyr His Asn His Leu Lys Thr Trp Glu Asn
 145 150 155 160
 Asn Pro Asn Pro Gln Asn Thr Gln Asp Val Arg Thr Gln Ile Gln Leu
 165 170 175
 Val His Tyr His Phe Gln Asn Val Ile Pro Glu Leu Val Asn Ser Cys
 180 185 190
 Pro Pro Asn Pro Ser Asp Cys Asp Tyr Tyr Asn Ile Leu Val Leu Ser
 195 200 205
 Ser Tyr Ala Gln Ala Ala Asn Leu His Leu Thr Val Leu Asn Gln Ala
 210 215 220
 Val Lys Phe Glu Ala Tyr Leu Lys Asn Asn Arg Gln Phe Asp Tyr Leu
 225 230 235 240
 Glu Pro Leu Pro Thr Ala Ile Asp Tyr Tyr Pro Val Leu Thr Lys Ala
 245 250 255
 Ile Glu Asp Tyr Thr Asn Tyr Cys Val Thr Thr Tyr Lys Lys Gly Leu
 260 265 270
 Asn Leu Ile Lys Thr Thr Pro Asp Ser Asn Leu Asp Gly Asn Ile Asn
 275 280 285
 Trp Asn Thr Tyr Asn Thr Tyr Arg Thr Lys Met Thr Thr Ala Val Leu
 290 295 300
 Asp Leu Val Ala Leu Phe Pro Asn Tyr Asp Val Gly Lys Tyr Pro Ile

ES 2 316 963 T3

305 310 315 320
 Gly Val Gln Ser Glu Leu Thr Arg Glu Ile Tyr Gln Val Leu Asn Phe
 325 330 335
 Glu Glu Ser Pro Tyr Lys Tyr Tyr Asp Phe Gln Tyr Gln Glu Asp Ser
 340 345 350
 Leu Thr Arg Arg Pro His Leu Phe Thr Trp Leu Asp Ser Leu Asn Phe
 355 360 365
 Tyr Glu Lys Ala Gln Thr Thr Pro Asn Asn Phe Phe Thr Ser His Tyr
 370 375 380
 Asn Met Phe His Tyr Thr Leu Asp Asn Ile Ser Gln Lys Ser Ser Val
 385 390 395 400
 Phe Gly Asn His Asn Val Thr Asp Lys Leu Lys Ser Leu Gly Leu Ala
 405 410 415
 Thr Asn Ile Tyr Ile Phe Leu Leu Asn Val Ile Ser Leu Asp Asn Lys
 420 425 430
 Tyr Leu Asn Asp Tyr Asn Asn Ile Ser Lys Met Asp Phe Phe Ile Thr
 435 440 445
 Asn Gly Thr Arg Leu Leu Glu Lys Glu Leu Thr Ala Gly Ser Gly Gln
 450 455 460
 Ile Thr Tyr Asp Val Asn Lys Asn Ile Phe Gly Leu Pro Ile Leu Lys
 465 470 475 480
 Arg Arg Glu Asn Gln Gly Asn Pro Thr Leu Phe Pro Thr Tyr Asp Asn
 485 490 495
 Tyr Ser His Ile Leu Ser Phe Ile Lys Ser Leu Ser Ile Pro Ala Thr
 500 505 510
 Tyr Lys Thr Gln Val Tyr Thr Phe Ala Trp Thr His Ser Ser Val Asp
 515 520 525
 Pro Lys Asn Thr Ile Tyr Thr His Leu Thr Thr Gln Ile Pro Ala Val
 530 535 540
 Lys Ala Asn Ser Leu Gly Thr Ala Ser Lys Val Val Gln Gly Pro Gly
 545 550 555 560
 His Thr Gly Gly Asp Leu Ile Asp Phe Lys Asp His Phe Lys Ile Thr
 565 570 575
 Cys Gln His Ser Asn Phe Gln Gln Ser Tyr Phe Ile Arg Ile Arg Tyr
 580 585 590
 Ala Ser Asn Gly Ser Ala Asn Thr Arg Ala Val Ile Asn Leu Ser Ile
 595 600 605
 Pro Gly Val Ala Glu Leu Gly Met Ala Leu Asn Pro Thr Phe Ser Gly
 610 615 620
 Thr Asp Tyr Thr Asn Leu Lys Tyr Lys Asp Phe Gln Tyr Leu Glu Phe
 625 630 635 640
 Ser Asn Glu Val Lys Phe Ala Pro Asn Gln Asn Ile Ser Leu Val Phe
 645 650 655
 Asn Arg Ser Asp Val Tyr Thr Asn Thr Thr Val Leu Ile Asp Lys Ile
 660 665 670
 Glu Phe Leu Pro Ile Thr Arg Ser Ile Arg Glu Asp Arg Glu Lys Gln
 675 680 685
 Lys Leu Glu Thr Val Gln Gln Ile Ile Asn Thr Phe Tyr Ala Asn Pro
 690 695 700
 Ile Lys Asn Thr Leu Gln Ser Glu Leu Thr Asp Tyr Asp Ile Asp Gln
 705 710 715 720
 Ala Ala Asn Leu Val Glu Cys Ile Ser Glu Glu Leu Tyr Pro Lys Glu
 725 730 735
 Lys Met Leu Leu Asp Glu Val Lys Asn Ala Lys Gln Leu Ser Gln
 740 745 750
 Ser Arg Asn Val Leu Gln Asn Gly Asp Phe Glu Ser Ala Thr Leu Gly
 755 760 765
 Trp Thr Thr Ser Asp Asn Ile Thr Ile Gln Glu Asp Asp Pro Ile Phe
 770 775 780
 Lys Gly His Tyr Leu His Met Ser Gly Ala Arg Asp Ile Asp Gly Thr
 785 790 795 800
 Ile Phe Pro Thr Tyr Ile Phe Gln Lys Ile Asp Glu Ser Lys Leu Lys
 805 810 815
 Pro Tyr Thr Arg Tyr Leu Val Arg Gly Phe Val Gly Ser Ser Lys Asp
 820 825 830
 Val Glu Leu Val Val Ser Arg Tyr Gly Glu Glu Ile Asp Ala Ile Met
 835 840 845
 Asn Val Pro Ala Asp Leu Asn Tyr Leu Tyr Pro Ser Thr Phe Asp Cys

ES 2 316 963 T3

850 855 860
 Glu Gly Ser Asn Arg Cys Glu Thr Ser Ala Val Pro Ala Asn Ile Gly
 865 870 875 880
 Asn Thr Ser Asp Met Leu Tyr Ser Cys Gln Tyr Asp Thr Gly Lys Lys
 885 890 895
 His Val Val Cys Gln Asp Ser His Gln Phe Ser Phe Thr Ile Asp Thr
 900 905 910
 Gly Ala Leu Asp Thr Asn Glu Asn Ile Gly Val Trp Val Met Phe Lys
 915 920 925
 Ile Ser Ser Pro Asp Gly Tyr Ala Ser Leu Asp Asn Leu Glu Val Ile
 930 935 940
 Glu Glu Gly Pro Ile Asp Gly Glu Ala Leu Ser Arg Val Lys His Met
 945 950 955 960
 Glu Lys Lys Trp Asn Asp Gln Met Glu Ala Lys Arg Ser Glu Thr Gln
 965 970 975
 Gln Ala Tyr Asp Val Ala Lys Gln Ala Ile Asp Ala Leu Phe Thr Asn
 980 985 990
 Val Gln Asp Glu Ala Leu Gln Phe Asp Thr Thr Leu Ala Gln Ile Gln
 995 1000 1005
 Tyr Ala Glu Tyr Leu Val Gln Ser Ile Pro Tyr Val Tyr Asn Asp Trp
 1010 1015 1020
 Leu Ser Asp Val Pro Gly Met Asn Tyr Asp Ile Tyr Val Glu Leu Asp
 1025 1030 1035 1040
 Ala Arg Val Ala Gln Ala Arg Tyr Leu Tyr Asp Thr Arg Asn Ile Ile
 1045 1050 1055
 Lys Asn Gly Asp Phe Thr Gln Gly Val Met Gly Trp His Val Thr Gly
 1060 1065 1070
 Asn Ala Asp Val Gln Gln Ile Asp Gly Val Ser Val Leu Val Leu Ser
 1075 1080 1085
 Asn Trp Ser Ala Gly Val Ser Gln Asn Val His Leu Gln His Asn His
 1090 1095 1100
 Gly Tyr Val Leu Arg Val Ile Ala Lys Lys Glu Gly Pro Gly Asn Gly
 1105 1110 1115 1120
 Tyr Val Thr Leu Met Asp Cys Glu Glu Asn Gln Glu Lys Leu Thr Phe
 1125 1130 1135
 Thr Ser Cys Glu Glu Gly Tyr Ile Thr Lys Thr Val Asp Val Phe Pro
 1140 1145 1150
 Asp Thr Asp Arg Val Arg Ile Glu Ile Gly Glu Thr Glu Gly Ser Phe
 1155 1160 1165
 Tyr Ile Glu Ser Ile Glu Leu Ile Cys Met Asn Glu
 1170 1175 1180

40 <210> 39
 <211> 1136
 <212> PRT
 <213> *Bacillus thuringiensis*
 45 <400> 39

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

ES 2 316 963 T3

145 150 155 160
 Ala Val Tyr Phe Ser Asn Leu Val Gly Tyr Glu Leu Leu Leu Leu Pro
 165 170 175
 5 Ile Tyr Ala Gln Val Ala Asn Phe Asn Leu Leu Leu Ile Arg Asp Gly
 180 185 190
 Leu Ile Asn Ala Gln Glu Trp Ser Leu Ala Arg Ser Ala Gly Asp Gln
 195 200 205
 Leu Tyr Asn Thr Met Val Gln Tyr Thr Lys Glu Tyr Ile Ala His Ser
 210 215 220
 10 Ile Thr Trp Tyr Asn Lys Gly Leu Asp Val Leu Arg Asn Lys Ser Asn
 225 230 235 240
 Gly Gln Trp Ile Thr Phe Asn Asp Tyr Lys Arg Glu Met Thr Ile Gln
 245 250 255
 Val Leu Asp Ile Leu Ala Leu Phe Ala Ser Tyr Asp Pro Arg Arg Tyr
 260 265 270
 Pro Ala Asp Lys Ile Asp Asn Thr Lys Leu Ser Lys Thr Glu Phe Thr
 275 280 285
 15 Arg Glu Ile Tyr Thr Ala Leu Val Glu Ser Pro Ser Ser Lys Ser Ile
 290 295 300
 Ala Ala Leu Glu Ala Ala Leu Thr Arg Asp Val His Leu Phe Thr Trp
 305 310 315 320
 Leu Lys Arg Val Asp Phe Trp Thr Asn Thr Ile Tyr Gln Asp Leu Arg
 325 330 335
 20 Phe Leu Ser Ala Asn Lys Ile Gly Phe Ser Tyr Thr Asn Ser Ser Ala
 340 345 350
 Met Gln Glu Ser Gly Ile Tyr Gly Ser Ser Gly Phe Gly Ser Asn Leu
 355 360 365
 Thr His Gln Ile Gln Leu Asn Ser Asn Val Tyr Lys Thr Ser Ile Thr
 370 375 380
 25 Asp Thr Ser Ser Pro Ser Asn Arg Val Thr Lys Met Asp Phe Tyr Lys
 385 390 395 400
 Ile Asp Gly Thr Leu Ala Ser Tyr Asn Ser Asn Ile Thr Pro Thr Pro
 405 410 415
 Glu Gly Leu Arg Thr Thr Phe Phe Gly Phe Ser Thr Asn Glu Asn Thr
 420 425 430
 30 Pro Asn Gln Pro Thr Val Asn Asp Tyr Thr His Ile Leu Ser Tyr Ile
 435 440 445
 Lys Thr Asp Val Ile Asp Tyr Asn Ser Asn Arg Val Ser Phe Ala Trp
 450 455 460
 Thr His Lys Ile Val Asp Pro Asn Asn Gln Ile Tyr Thr Asp Ala Ile
 465 470 475 480
 35 Thr Gln Val Pro Ala Val Lys Ser Asn Phe Leu Asn Ala Thr Ala Lys
 485 490 495
 Val Ile Lys Gly Pro Gly His Thr Gly Gly Asp Leu Val Ala Leu Thr
 500 505 510
 Ser Asn Gly Thr Leu Ser Gly Arg Met Glu Ile Gln Cys Lys Thr Ser
 515 520 525
 40 Ile Phe Asn Asp Pro Thr Arg Ser Tyr Gly Leu Arg Ile Arg Tyr Ala
 530 535 540
 Ala Asn Ser Pro Ile Val Leu Asn Val Ser Tyr Val Leu Gln Gly Val
 545 550 555
 Ser Arg Gly Thr Thr Ile Ser Thr Glu Ser Thr Phe Ser Arg Pro Asn
 565 570 575
 45 Asn Ile Ile Pro Thr Asp Leu Lys Tyr Glu Glu Phe Arg Tyr Lys Asp
 580 585 590
 Pro Phe Asp Ala Ile Val Pro Met Arg Leu Ser Ser Asn Gln Leu Ile
 595 600 605
 Thr Ile Ala Ile Gln Pro Leu Asn Met Thr Ser Asn Asn Gln Val Ile
 610 615 620
 50 Ile Asp Arg Ile Glu Ile Ile Pro Ile Thr Gln Ser Val Leu Asp Glu
 625 630 635 640
 Thr Glu Asn Gln Asn Leu Glu Ser Glu Arg Glu Val Val Asn Ala Leu
 645 650 655
 Phe Thr Asn Asp Ala Lys Asp Ala Leu Asn Ile Gly Thr Thr Asp Tyr
 660 665 670
 55 Asp Ile Asp Gln Ala Ala Asn Leu Val Glu Cys Ile Ser Glu Glu Leu
 675 680 685
 Tyr Pro Lys Glu Lys Met Leu Leu Leu Asp Glu Val Lys Asn Ala Lys

ES 2 316 963 T3

	690		695		700
	Gln Leu Ser Gln Ser Arg Asn Val Leu Gln Asn Gly Asp Phe Glu Ser				
	705		710		715
	Ala Thr Leu Gly Trp Thr Thr Ser Asp Asn Ile Thr Ile Gln Glu Asp				720
5			725		730
	Asp Pro Ile Phe Lys Gly His Tyr Leu His Met Ser Gly Ala Arg Asp				735
			740		745
	Ile Asp Gly Thr Ile Phe Pro Thr Tyr Ile Phe Gln Lys Ile Asp Glu				750
			755		760
	Ser Lys Leu Lys Pro Tyr Thr Arg Tyr Leu Val Arg Gly Phe Val Gly				765
10			770		775
	Ser Ser Lys Asp Val Glu Leu Val Val Ser Arg Tyr Gly Glu Glu Ile				780
			785		790
	Asp Ala Ile Met Asn Val Pro Ala Asp Leu Asn Tyr Leu Tyr Pro Ser				795
			805		810
15	Thr Phe Asp Cys Glu Gly Ser Asn Arg Cys Glu Thr Ser Ala Val Pro				815
			820		825
	Ala Asn Ile Gly Asn Thr Ser Asp Met Leu Tyr Ser Cys Gln Tyr Asp				830
			835		840
	Thr Gly Lys Lys His Val Val Cys Gln Asp Ser His Gln Phe Ser Phe				845
			850		855
20	Thr Ile Asp Thr Gly Ala Leu Asp Thr Asn Glu Asn Ile Gly Val Trp				860
			865		870
	Val Met Phe Lys Ile Ser Ser Pro Asp Gly Tyr Ala Ser Leu Asp Asn				875
			885		890
	Leu Glu Val Ile Glu Glu Gly Pro Ile Asp Gly Glu Ala Leu Ser Arg				895
25			900		905
	Val Lys His Met Glu Lys Lys Trp Asn Asp Gln Met Glu Ala Lys Arg				910
			915		920
	Ser Glu Thr Gln Gln Ala Tyr Asp Val Ala Lys Gln Ala Ile Asp Ala				925
			930		935
	Leu Phe Thr Asn Val Gln Asp Glu Ala Leu Gln Phe Asp Thr Thr Leu				940
30			945		950
	Ala Gln Ile Gln Tyr Ala Glu Tyr Leu Val Gln Ser Ile Pro Tyr Val				955
			965		970
	Tyr Asn Asp Trp Leu Ser Asp Val Pro Gly Met Asn Tyr Asp Ile Tyr				975
			980		985
	Val Glu Leu Asp Ala Arg Val Ala Gln Ala Arg Tyr Leu Tyr Asp Thr				990
35			995		1000
	Arg Asn Ile Ile Lys Asn Gly Asp Phe Thr Gln Gly Val Met Gly Trp				1005
			1010		1015
	His Val Thr Gly Asn Ala Asp Val Gln Gln Ile Asp Gly Val Ser Val				1020
			1025		1030
40	Leu Val Leu Ser Asn Trp Ser Ala Gly Val Ser Gln Asn Val His Leu				1035
			1045		1050
	Gln His Asn His Gly Tyr Val Leu Arg Val Ile Ala Lys Lys Glu Gly				1055
			1060		1065
	Pro Gly Asn Gly Tyr Val Thr Leu Met Asp Cys Glu Glu Asn Gln Glu				1070
			1075		1080
45	Lys Leu Thr Phe Thr Ser Cys Glu Glu Gly Tyr Ile Thr Lys Thr Val				1085
			1090		1095
	Asp Val Phe Pro Asp Thr Asp Arg Val Arg Ile Glu Ile Gly Glu Thr				1100
			1105		1110
	Glu Gly Ser Phe Tyr Ile Glu Ser Ile Glu Leu Ile Cys Met Asn Glu				1115
			1125		1130
50					1135

<210> 40

<211> 475

55 <212> PRT

<213> *Bacillus thuringiensis*

60

65

ES 2 316 963 T3

<400> 40

```

Met Ile Ile Asp Ser Lys Thr Thr Leu Pro Arg His Ser Leu Ile His
 1           5           10           15
Thr Ile Lys Leu Asn Ser Asn Lys Lys Tyr Gly Pro Gly Asp Met Thr
 20           25           30
Asn Gly Asn Gln Phe Ile Ile Ser Lys Gln Glu Trp Ala Thr Ile Gly

35           40           45
Ala Tyr Ile Gln Thr Gly Leu Gly Leu Pro Val Asn Glu Gln Gln Leu
 50           55           60
Arg Thr His Val Asn Leu Ser Gln Asp Ile Ser Ile Pro Ser Asp Phe
 65           70           75           80
Ser Gln Leu Tyr Asp Val Tyr Cys Ser Asp Lys Thr Ser Ala Glu Trp
 85           90           95
Trp Asn Lys Asn Leu Tyr Pro Leu Ile Ile Lys Ser Ala Asn Asp Ile
100           105           110
Ala Ser Tyr Gly Phe Lys Val Ala Gly Asp Pro Ser Ile Lys Lys Asp
115           120           125
Gly Tyr Phe Lys Lys Leu Gln Asp Glu Leu Asp Asn Ile Val Asp Asn
130           135           140
Asn Ser Asp Asp Asp Ala Ile Ala Lys Ala Ile Lys Asp Phe Lys Ala
145           150           155           160
Arg Cys Gly Ile Leu Ile Lys Glu Ala Lys Gln Tyr Glu Glu Ala Ala
165           170           175
Lys Asn Ile Val Thr Ser Leu Asp Gln Phe Leu His Gly Asp Gln Lys
180           185           190
Lys Leu Glu Gly Val Ile Asn Ile Gln Lys Arg Leu Lys Glu Val Gln
195           200           205
Thr Ala Leu Asn Gln Ala His Gly Glu Ser Ser Pro Ala His Lys Glu
210           215           220
Leu Leu Glu Lys Val Lys Asn Leu Lys Thr Thr Leu Glu Arg Thr Ile
225           230           235           240
Lys Ala Glu Gln Asp Leu Glu Lys Lys Val Glu Tyr Ser Phe Leu Leu
245           250           255
Gly Pro Leu Leu Gly Phe Val Val Tyr Glu Ile Leu Glu Asn Thr Ala
260           265           270
Val Gln His Ile Lys Asn Gln Ile Asp Glu Ile Lys Lys Gln Leu Asp
275           280           285
Ser Ala Gln His Asp Leu Asp Arg Asp Val Lys Ile Ile Gly Met Leu
290           295           300
Asn Ser Ile Asn Thr Asp Ile Asp Asn Leu Tyr Ser Gln Gly Gln Glu
305           310           315           320
Ala Ile Lys Val Phe Gln Lys Leu Gln Gly Ile Trp Ala Thr Ile Gly
325           330           335
Ala Gln Ile Glu Asn Leu Arg Thr Thr Ser Leu Gln Glu Val Gln Asp
340           345           350
Ser Asp Asp Ala Asp Glu Ile Gln Ile Glu Leu Glu Asp Ala Ser Asp
355           360           365
Ala Trp Leu Val Val Ala Gln Glu Ala Arg Asp Phe Thr Leu Asn Ala
370           375           380
Tyr Ser Thr Asn Ser Arg Gln Asn Leu Pro Ile Asn Val Ile Ser Asp
385           390           395           400
Ser Cys Asn Cys Ser Thr Thr Asn Met Thr Ser Asn Gln Tyr Ser Asn
405           410           415
Pro Thr Thr Asn Met Thr Ser Asn Gln Tyr Met Ile Ser His Glu Tyr
420           425           430
Thr Ser Leu Pro Asn Asn Phe Met Leu Ser Arg Asn Ser Asn Leu Glu
435           440           445
Tyr Lys Cys Pro Glu Asn Asn Phe Met Ile Tyr Trp Tyr Asn Asn Ser
450           455           460
Asp Trp Tyr Asn Asn Ser Asp Trp Tyr Asn Asn
465           470           475

```

<210> 41

<211> 1138

<212> PRT

<213> *Bacillus thuringiensis*

ES 2 316 963 T3

<400> 41

Met Asn Leu Asn Asn Leu Asp Gly Tyr Glu Asp Ser Asn Arg Thr Leu
1 5 10 15
Asn Asn Ser Leu Asn Tyr Pro Thr Gln Lys Ala Leu Ser Pro Ser Leu
5 20 25 30
Lys Asn Met Asn Tyr Gln Asp Phe Leu Ser Ile Thr Glu Arg Glu Gln

35 40 45
Pro Glu Ala Leu Ala Ser Gly Asn Thr Ala Ile Asn Thr Val Val Ser
50 55 60
Val Thr Gly Ala Thr Leu Ser Ala Leu Gly Val Pro Gly Ala Ser Phe
65 70 75 80
Ile Thr Asn Phe Tyr Leu Lys Ile Ala Gly Leu Leu Trp Pro Glu Asn
85 90 95
Gly Lys Ile Trp Asp Glu Phe Met Thr Glu Val Glu Ala Leu Ile Asp
100 105 110
Gln Lys Ile Glu Glu Tyr Val Arg Asn Lys Ala Ile Ala Glu Leu Asp
115 120 125
Gly Leu Gly Ser Ala Leu Asp Lys Tyr Gln Lys Ala Leu Ala Asp Trp
130 135 140
Leu Gly Lys Gln Asp Asp Pro Glu Ala Ile Leu Ser Val Ala Thr Glu
145 150 155
Phe Arg Ile Ile Asp Ser Leu Phe Glu Phe Ser Met Pro Ser Phe Lys
165 170 175
Val Thr Gly Tyr Glu Ile Pro Leu Leu Thr Val Tyr Ala Gln Ala Ala
180 185 190
Asn Leu His Leu Ala Leu Leu Arg Asp Ser Thr Leu Tyr Gly Asp Lys
195 200 205
Trp Gly Phe Thr Gln Asn Asn Ile Glu Glu Asn Tyr Asn Arg Gln Lys
210 215 220
Lys Arg Ile Ser Glu Tyr Ser Asp His Cys Thr Lys Trp Tyr Asn Ser
225 230 235
Gly Leu Ser Arg Leu Asn Gly Ser Thr Tyr Glu Gln Trp Ile Asn Tyr
245 250 255
Asn Arg Phe Arg Arg Glu Met Ile Leu Met Ala Leu Asp Leu Val Ala
260 265 270
Val Phe Pro Phe His Asp Pro Arg Arg Tyr Ser Met Glu Thr Ser Thr
275 280 285
Gln Leu Thr Arg Glu Val Tyr Thr Asp Pro Val Ser Leu Ser Ile Ser
290 295 300
Asn Pro Asp Ile Gly Pro Ser Phe Ser Gln Met Glu Asn Thr Ala Ile
305 310 315
Arg Thr Pro His Leu Val Asp Tyr Leu Asp Glu Leu Tyr Ile Tyr Thr
325 330 335
Ser Lys Tyr Lys Ala Phe Ser His Glu Ile Gln Pro Asp Leu Phe Tyr
340 345 350
Trp Ser Ala His Lys Val Ser Phe Lys Lys Ser Glu Gln Ser Asn Leu
355 360 365
Tyr Thr Thr Gly Ile Tyr Gly Lys Thr Ser Gly Tyr Ile Ser Ser Gly
370 375 380
Ala Tyr Ser Phe His Gly Asn Asp Ile Tyr Arg Thr Leu Ala Ala Pro
385 390 395
Ser Val Val Val Tyr Pro Tyr Thr Gln Asn Tyr Gly Val Glu Gln Val
405 410 415
Glu Phe Tyr Gly Val Lys Gly His Val His Tyr Arg Gly Asp Asn Lys
420 425 430
Tyr Asp Leu Thr Tyr Asp Ser Ile Asp Gln Leu Pro Pro Asp Gly Glu
435 440 445
Pro Ile His Glu Lys Tyr Thr His Arg Leu Cys His Ala Thr Ala Ile
450 455 460
Phe Lys Ser Thr Pro Asp Tyr Asp Asn Ala Thr Ile Pro Ile Phe Ser
465 470 475
Trp Thr His Arg Ser Ala Glu Tyr Tyr Asn Arg Ile Tyr Pro Asn Lys
485 490 495
Ile Thr Lys Ile Pro Ala Val Lys Met Tyr Lys Leu Asp Asp Pro Ser
500 505 510
Thr Val Val Lys Gly Pro Gly Phe Thr Gly Gly Asp Leu Val Lys Arg
515 520 525
Gly Ser Thr Gly Tyr Ile Gly Asp Ile Lys Ala Thr Val Asn Ser Pro
530 535 540
Leu Ser Gln Lys Tyr Arg Val Arg Val Arg Tyr Ala Thr Asn Val Ser
545 550 555
Gly Gln Phe Asn Val Tyr Ile Asn Asp Lys Ile Thr Leu Gln Thr Lys
565 570 575
Phe Gln Asn Thr Val Glu Thr Ile Gly Glu Gly Lys Asp Leu Thr Tyr

ES 2 316 963 T3

--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--

<210> 42

<211> 1157

<212> PRT

<213> *Bacillus thuringiensis*

ES 2 316 963 T3

<400> 42

	Met	Ser	Pro	Asn	Asn	Gln	Asn	Glu	Tyr	Glu	Ile	Ile	Asp	Ala	Thr	Pro
	1			5					10						15	
5	Ser	Thr	Ser	Val	Ser	Ser	Asp	Ser	Asn	Arg	Tyr	Pro	Phe	Ala	Asn	Glu
				20					25					30		
	Pro	Thr	Asp	Ala	Leu	Gln	Asn	Met	Asn	Tyr	Lys	Asp	Tyr	Leu	Lys	Met
			35					40					45			
	Ser	Gly	Gly	Glu	Asn	Pro	Glu	Leu	Phe	Gly	Asn	Pro	Glu	Thr	Phe	Ile
	50						55					60				
10	Ser	Ser	Ser	Thr	Ile	Gln	Thr	Gly	Ile	Gly	Ile	Val	Gly	Arg	Ile	Leu
	65					70					75				80	
	Gly	Ala	Leu	Gly	Val	Pro	Phe	Ala	Ser	Gln	Ile	Ala	Ser	Phe	Tyr	Ser
				85						90				95		
	Phe	Ile	Val	Gly	Gln	Leu	Trp	Pro	Ser	Lys	Ser	Val	Asp	Ile	Trp	Gly
				100					105					110		
15	Glu	Ile	Met	Glu	Arg	Val	Glu	Glu	Leu	Val	Asp	Gln	Lys	Ile	Glu	Lys
			115						120					125		
	Tyr	Val	Lys	Asp	Lys	Ala	Leu	Ala	Glu	Leu	Lys	Gly	Leu	Gly	Asn	Ala
			130						135					140		
	Leu	Asp	Val	Tyr	Gln	Gln	Ser	Leu	Glu	Asp	Trp	Leu	Glu	Asn	Arg	Asn
20						150					155				160	
	Asp	Ala	Arg	Thr	Arg	Ser	Val	Val	Ser	Asn	Gln	Phe	Ile	Ala	Leu	Asp
				165						170					175	
	Leu	Asn	Phe	Val	Ser	Ser	Ile	Pro	Ser	Phe	Ala	Val	Ser	Gly	His	Glu
			180						185					190		
	Val	Leu	Leu	Leu	Ala	Val	Tyr	Ala	Gln	Ala	Val	Asn	Leu	His	Leu	Leu
25			195						200					205		
	Leu	Leu	Arg	Asp	Ala	Ser	Ile	Phe	Gly	Glu	Glu	Trp	Gly	Phe	Thr	Pro
			210						215					220		
	Gly	Glu	Ile	Ser	Arg	Phe	Tyr	Asn	Arg	Gln	Val	Gln	Leu	Thr	Ala	Glu
			225						230					235		240
	Tyr	Ser	Asp	Tyr	Cys	Val	Lys	Trp	Tyr	Lys	Ile	Gly	Leu	Asp	Lys	Leu
30					245					250					255	
	Lys	Gly	Thr	Thr	Ser	Lys	Ser	Trp	Leu	Asn	Tyr	His	Gln	Phe	Arg	Arg
			260						265					270		
	Glu	Met	Thr	Leu	Leu	Val	Leu	Asp	Leu	Val	Ala	Leu	Phe	Pro	Asn	Tyr
			275						280					285		
35	Asp	Thr	His	Met	Tyr	Pro	Ile	Glu	Thr	Thr	Ala	Gln	Leu	Thr	Arg	Asp
			290						295					300		
	Val	Tyr	Thr	Asp	Pro	Ile	Ala	Phe	Asn	Ile	Val	Thr	Ser	Thr	Gly	Phe
			305						310					315		320
	Cys	Asn	Pro	Trp	Ser	Thr	His	Ser	Gly	Ile	Leu	Phe	Tyr	Glu	Val	Glu
				325							330				335	
40	Asn	Asn	Val	Ile	Arg	Pro	Pro	His	Leu	Phe	Asp	Ile	Leu	Ser	Ser	Val
			340						345					350		
	Glu	Ile	Asn	Thr	Ser	Arg	Gly	Gly	Ile	Thr	Leu	Asn	Asn	Asp	Ala	Tyr
			355						360					365		
	Ile	Asn	Tyr	Trp	Ser	Gly	His	Thr	Leu	Lys	Tyr	Arg	Arg	Thr	Ala	Asp
			370						375					380		
45	Ser	Thr	Val	Thr	Tyr	Thr	Ala	Asn	Tyr	Gly	Arg	Ile	Thr	Ser	Glu	Lys
			385						390					395		400
	Asn	Ser	Phe	Ala	Leu	Glu	Asp	Arg	Asp	Ile	Phe	Glu	Ile	Asn	Ser	Thr
				405						410				415		
	Val	Ala	Asn	Leu	Ala	Asn	Tyr	Tyr	Gln	Lys	Ala	Tyr	Gly	Val	Pro	Gly
			420						425					430		
50	Ser	Trp	Phe	His	Met	Val	Lys	Arg	Gly	Thr	Ser	Ser	Thr	Ala	Tyr	
			435						440					445		
	Leu	Tyr	Ser	Lys	Thr	His	Thr	Ala	Leu	Gln	Gly	Cys	Thr	Gln	Val	Tyr

ES 2 316 963 T3

	450		455		460	
	Glu Ser Ser Asp	Glu Ile Pro Leu Asp Arg Thr Val Pro Val Ala Glu				
	465	470	475	480		
	Ser Tyr Ser His Arg	Leu Ser His Ile Thr Ser His Ser Phe Ser Lys				
5		485	490	495		
	Asn Gly Ser Ala Tyr Tyr Gly Ser Phe Pro Val Phe Val Trp Thr His					
	500	505	510			
	Thr Ser Ala Asp Leu Asn Asn Thr Ile Tyr Ser Asp Lys Ile Thr Gln					
	515	520	525			
	Ile Pro Ala Val Lys Gly Asp Met Leu Tyr Leu Gly Gly Ser Val Val					
10	530	535	540			
	Gln Gly Pro Gly Phe Thr Gly Gly Asp Ile Leu Lys Arg Thr Asn Pro					
	545	550	555	560		
	Ser Ile Leu Gly Thr Phe Ala Val Thr Val Asn Gly Ser Leu Ser Gln					
	565	570	575			
	Arg Tyr Arg Val Arg Ile Arg Tyr Ala Ser Thr Thr Asp Phe Glu Phe					
	580	585	590			
15	Thr Leu Tyr Leu Gly Asp Thr Ile Glu Lys Asn Arg Phe Asn Lys Thr					
	595	600	605			
	Met Asp Asn Gly Ala Ser Leu Thr Tyr Glu Thr Phe Lys Phe Ala Ser					
	610	615	620			
	Phe Ile Thr Asp Phe Gln Phe Arg Glu Thr Gln Asp Lys Ile Leu Leu					
20	625	630	635	640		
	Ser Met Gly Asp Phe Ser Ser Gly Gln Glu Val Tyr Ile Asp Arg Ile					
	645	650	655			
	Glu Phe Ile Pro Val Asp Glu Thr Tyr Glu Ala Glu Gln Asp Leu Glu					
	660	665	670			
	Ala Ala Lys Lys Ala Val Asn Ala Leu Phe Thr Asn Thr Lys Asp Gly					
	675	680	685			
25	Leu Arg Pro Gly Val Thr Asp Tyr Glu Val Asn Gln Ala Ala Asn Leu					
	690	695	700			
	Val Glu Cys Leu Ser Asp Asp Leu Tyr Pro Asn Glu Lys Arg Leu Leu					
	705	710	715	720		
	Phe Asp Ala Val Arg Glu Ala Lys Arg Leu Ser Gly Ala Arg Asn Leu					
	725	730	735			
30	Leu Gln Asp Pro Asp Phe Gln Glu Ile Asn Gly Glu Asn Gly Trp Ala					
	740	745	750			
	Ala Ser Thr Gly Ile Glu Ile Val Glu Gly Asp Ala Val Phe Lys Gly					
	755	760	765			
	Arg Tyr Leu Arg Leu Pro Gly Ala Arg Glu Ile Asp Thr Glu Thr Tyr					
	770	775	780			
35	Pro Thr Tyr Leu Tyr Gln Lys Val Glu Glu Gly Val Leu Lys Pro Tyr					
	785	790	795	800		
	Thr Arg Tyr Arg Leu Arg Gly Phe Val Gly Ser Ser Gln Gly Leu Glu					
	805	810	815			
	Ile Tyr Thr Ile Arg His Gln Thr Asn Arg Ile Val Lys Asn Val Pro					
	820	825	830			
40	Asp Asp Leu Leu Pro Asp Val Ser Pro Val Asn Ser Asp Gly Ser Ile					
	835	840	845			
	Asn Arg Cys Ser Glu Gln Lys Tyr Val Asn Ser Arg Leu Glu Gly Glu					
	850	855	860			
	Asn Arg Ser Gly Asp Ala His Glu Phe Ser Leu Pro Ile Asp Ile Gly					
	865	870	875	880		
45	Glu Leu Asp Tyr Asn Glu Asn Ala Gly Ile Trp Val Gly Phe Lys Ile					
	885	890	895			
	Thr Asp Pro Glu Gly Tyr Ala Thr Leu Gly Asn Leu Glu Leu Val Glu					
	900	905	910			
	Glu Gly Pro Leu Ser Gly Asp Ala Leu Glu Arg Leu Gln Arg Glu Glu					
	915	920	925			
50	Gln Gln Trp Lys Ile Gln Met Thr Arg Arg Arg Glu Glu Thr Asp Arg					
	930	935	940			
	Arg Tyr Met Ala Ser Lys Gln Ala Val Asp Arg Leu Tyr Ala Asp Tyr					
	945	950	955	960		
	Gln Asp Gln Gln Leu Asn Pro Asp Val Glu Ile Thr Asp Leu Thr Ala					
	965	970	975			
55	Ala Gln Asp Leu Ile Gln Ser Ile Pro Tyr Val Tyr Asn Glu Met Phe					
	980	985	990			
	Pro Glu Ile Pro Gly Met Asn Tyr Thr Lys Phe Thr Glu Leu Thr Asp					

ES 2 316 963 T3

995 1000 1005
 Arg Leu Gln Gln Ala Trp Asn Leu Tyr Asp Gln Arg Asn Ala Ile Pro
 1010 1015 1020
 Asn Gly Asp Phe Arg Asn Gly Leu Ser Asn Trp Asn Ala Thr Pro Gly
 1025 1030 1035 1040
 Val Glu Val Gln Gln Ile Asn His Thr Ser Val Leu Val Ile Pro Asn
 1045 1050 1055
 Trp Asp Glu Gln Val Ser Gln Gln Phe Thr Val Gln Pro Asn Gln Arg
 1060 1065 1070
 Tyr Val Leu Arg Val Thr Ala Arg Lys Glu Gly Val Gly Asn Gly Tyr
 1075 1080 1085
 Val Ser Ile Arg Asp Gly Gly Asn Gln Ser Glu Thr Leu Thr Phe Ser
 1090 1095 1100
 Ala Ser Asp Tyr Asp Thr Asn Gly Val Tyr Asn Asp Gln Thr Gly Tyr
 1105 1110 1115 1120
 Ile Thr Lys Thr Val Thr Phe Ile Pro Tyr Thr Asp Gln Met Trp Ile
 1125 1130 1135
 Glu Ile Ser Glu Thr Glu Gly Thr Phe Tyr Ile Glu Ser Val Glu Leu
 1140 1145 1150
 Ile Val Asp Val Glu
 1155

20 <210> 43
 <211> 675
 <212> PRT
 25 <213> *Bacillus thuringiensis*
 <400> 43

30 Met Asn Pro Tyr Gln Asn Lys Asn Glu Tyr Glu Ile Phe Asn Ala Pro
 1 5 10 15
 Ser Asn Gly Phe Ser Lys Ser Asn Asn Tyr Ser Arg Tyr Pro Leu Ala
 20 25 30
 Asn Lys Pro Asn Gln Pro Leu Lys Asn Thr Asn Tyr Lys Asp Trp Leu
 35 35 40 45
 Asn Val Cys Gln Asp Asn Gln Gln Tyr Gly Asn Asn Ala Gly Asn Phe
 50 55 60
 Ala Ser Ser Glu Thr Ile Val Gly Val Ser Ala Gly Ile Ile Val Val
 65 70 75 80
 Gly Thr Met Leu Gly Ala Phe Ala Ala Pro Val Leu Ala Ala Gly Ile
 85 90 95
 40 Ile Ser Phe Gly Thr Leu Leu Pro Ile Phe Trp Gln Gly Ser Asp Pro
 100 105 110
 Ala Asn Val Trp Gln Asp Leu Leu Asn Ile Gly Gly Arg Pro Ile Gln
 115 120 125
 Glu Ile Asp Lys Asn Ile Ile Asn Val Leu Thr Ser Ile Val Thr Pro
 130 135 140
 45 Ile Lys Asn Gln Leu Asp Lys Tyr Gln Glu Phe Phe Asp Lys Trp Glu
 145 150 155 160
 Pro Ala Arg Thr His Ala Asn Ala Lys Ala Val His Asp Leu Phe Thr
 165 170 175
 Thr Leu Glu Pro Ile Ile Asp Lys Asp Leu Asp Met Leu Lys Asn Asn
 180 185 190
 50 Ala Ser Tyr Arg Ile Pro Thr Leu Pro Ala Tyr Ala Gln Ile Ala Thr
 195 200 205
 Trp His Leu Asn Leu Leu Lys His Ala Ala Thr Tyr Tyr Asn Ile Trp
 210 215 220
 55 Leu Gln Asn Gln Gly Ile Asn Pro Ser Thr Phe Asn Ser Ser Asn Tyr
 225 230 235 240
 Tyr Gln Gly Tyr Leu Lys Arg Lys Ile Gln Glu Tyr Thr Asp Tyr Cys
 245 250 255
 Ile Gln Thr Tyr Asn Ala Gly Leu Thr Met Ile Arg Thr Asn Thr Asn
 260 265 270
 60 Ala Thr Trp Asn Met Tyr Asn Thr Tyr Arg Leu Glu Met Thr Leu Thr
 275 280 285
 Val Leu Asp Leu Ile Ala Ile Phe Pro Asn Tyr Asp Pro Glu Lys Tyr
 290 295 300
 Pro Ile Gly Val Lys Ser Glu Leu Ile Arg Glu Val Tyr Thr Asn Val

ES 2 316 963 T3

305 310 315 320
 Asn Ser Asp Thr Phe Arg Thr Ile Thr Glu Leu Glu Asn Gly Leu Thr
 325 330 335
 Arg Asn Pro Thr Leu Phe Thr Trp Ile Asn Gln Gly Arg Phe Tyr Thr
 340 345 350
 Arg Asn Ser Arg Asp Ile Leu Asp Pro Tyr Asp Ile Phe Ser Phe Thr
 355 360 365
 Gly Asn Gln Met Ala Phe Thr His Thr Asn Asp Asp Arg Asn Ile Ile
 370 375 380
 Trp Gly Ala Val His Gly Asn Ile Ile Ser Gln Asp Thr Ser Lys Val
 385 390 395 400
 Phe Pro Phe Tyr Arg Asn Lys Pro Ile Asp Lys Val Glu Ile Val Arg
 405 410 415
 His Arg Glu Tyr Ser Asp Ile Ile Tyr Glu Met Ile Phe Phe Ser Asn
 420 425 430
 Ser Ser Glu Val Phe Arg Tyr Ser Ser Asn Ser Thr Ile Glu Asn Asn
 435 440 445
 Tyr Lys Arg Thr Asp Ser Tyr Met Ile Pro Lys Gln Thr Trp Lys Asn
 450 455 460
 Glu Glu Tyr Gly His Thr Leu Ser Tyr Ile Lys Thr Asp Asn Tyr Ile
 465 470 475 480
 Phe Ser Val Val Arg Glu Arg Arg Arg Val Ala Phe Ser Trp Thr His
 485 490 495
 Thr Ser Val Asp Phe Gln Asn Thr Ile Asp Leu Asp Asn Ile Thr Gln
 500 505 510
 Ile His Ala Leu Lys Ala Leu Lys Val Ser Ser Asp Ser Lys Ile Val
 515 520 525
 Lys Gly Pro Gly His Thr Gly Gly Asp Leu Val Ile Leu Lys Asp Ser
 530 535 540
 Met Asp Phe Arg Val Arg Phe Leu Lys Asn Val Ser Arg Gln Tyr Gln
 545 550 555 560
 Val Arg Ile Arg Tyr Ala Thr Asn Ala Pro Lys Thr Thr Val Phe Leu
 565 570 575
 Thr Gly Ile Asp Thr Ile Ser Val Glu Leu Pro Ser Thr Thr Ser Arg
 580 585 590
 Gln Asn Pro Asn Ala Thr Asp Leu Thr Tyr Ala Asp Phe Gly Tyr Val
 595 600 605
 Thr Phe Pro Arg Thr Val Pro Asn Lys Thr Phe Glu Gly Glu Asp Thr
 610 615 620
 Leu Leu Met Thr Leu Tyr Gly Thr Pro Asn His Ser Tyr Asn Ile Tyr
 625 630 635 640
 Ile Asp Lys Ile Glu Phe Ile Pro Ile Thr Gln Ser Val Leu Asp Tyr
 645 650 655
 Thr Glu Lys Gln Asn Ile Glu Lys Thr Gln Lys Ile Val Asn Asp Leu
 660 665 670
 Phe Val Asn
 675

<210> 44

<211> 648

<212> PRT

<213> *Bacillus thuringiensis*

<400> 44

Met His Tyr Tyr Gly Asn Arg Asn Glu Tyr Asp Ile Leu Asn Ala Ser
 1 5 10 15
 Ser Asn Asp Ser Asn Met Ser Asn Thr Tyr Pro Arg Tyr Pro Leu Ala
 20 25 30
 Asn Pro Gln Gln Asp Leu Met Gln Asn Thr Asn Tyr Lys Asp Trp Leu
 35 40 45
 Asn Val Cys Glu Gly Tyr His Ile Glu Asn Pro Arg Glu Ala Ser Val
 50 55 60
 Arg Ala Gly Leu Gly Lys Gly Leu Gly Ile Val Ser Thr Ile Val Gly
 65 70 75 80
 Phe Phe Gly Gly Ser Ile Ile Leu Asp Thr Ile Gly Leu Phe Tyr Gln
 85 90 95
 Ile Ser Glu Leu Leu Trp Pro Glu Asp Asp Thr Gln Gln Tyr Thr Trp

ES 2 316 963 T3

100 105 110
 Gln Asp Ile Met Asn His Val Glu Asp Leu Ile Asp Lys Arg Ile Thr
 115 120 125
 Glu Val Ile Arg Gly Asn Ala Ile Arg Thr Leu Ala Asp Leu Gln Gly
 130 135 140
 Lys Val Asp Asp Tyr Asn Asn Trp Leu Lys Lys Trp Lys Asp Asp Pro
 145 150 155 160
 Lys Ser Thr Gly Asn Leu Ser Thr Leu Val Thr Lys Phe Thr Ala Leu
 165 170 175
 Asp Ser Asp Phe Asn Gly Ala Ile Arg Thr Val Asn Asn Gln Gly Ser
 180 185 190
 Pro Gly Tyr Glu Leu Leu Leu Leu Pro Val Tyr Ala Gln Ile Ala Asn
 195 200 205
 Leu His Leu Leu Leu Leu Arg Asp Ala Gln Ile Tyr Gly Asp Lys Trp
 210 215 220
 Trp Ser Ala Arg Ala Asn Ala Arg Asp Asn Tyr Tyr Gln Ile Gln Leu
 225 230 235 240
 Glu Lys Thr Lys Glu Tyr Thr Glu Tyr Cys Ile Asn Trp Tyr Asn Lys
 245 250 255
 Gly Leu Asn Asp Phe Arg Thr Ala Gly Gln Trp Val Asn Phe Asn Arg
 260 265 270
 Tyr Arg Arg Glu Met Thr Leu Thr Val Leu Asp Ile Ile Ser Met Phe
 275 280 285
 Pro Ile Tyr Asp Ala Arg Leu Tyr Pro Thr Glu Val Lys Thr Glu Leu
 290 295 300
 Thr Arg Glu Ile Tyr Ser Asp Val Ile Asn Gly Glu Ile Tyr Gly Leu
 305 310 315 320
 Met Thr Pro Tyr Phe Ser Phe Glu Lys Ala Glu Ser Leu Tyr Thr Arg
 325 330 335
 Ala Pro His Leu Phe Thr Trp Leu Lys Gly Phe Arg Phe Val Thr Asn
 340 345 350
 Ser Ile Ser Tyr Trp Thr Phe Leu Ser Gly Gly Gln Asn Lys Tyr Ser
 355 360 365
 Tyr Thr Asn Asn Ser Ser Ile Asn Glu Gly Ser Phe Arg Gly Gln Asp
 370 375 380
 Thr Asp Tyr Gly Gly Thr Ser Ser Thr Ile Asn Ile Pro Ser Asn Ser
 385 390 395 400
 Tyr Val Tyr Asn Leu Trp Thr Glu Asn Tyr Glu Tyr Ile Tyr Pro Trp
 405 410 415
 Gly Asp Pro Val Asn Ile Thr Lys Met Asn Phe Ser Val Thr Asp Asn
 420 425 430
 Asn Ser Ser Lys Glu Leu Ile Tyr Gly Ala His Arg Thr Asn Lys Pro
 435 440 445
 Val Val Arg Thr Asp Phe Asp Phe Leu Thr Asn Lys Glu Gly Thr Glu
 450 455 460
 Leu Ala Lys Tyr Asn Asp Tyr Asn His Ile Leu Ser Tyr Met Leu Ile
 465 470 475 480
 Asn Gly Glu Thr Phe Gly Gln Lys Arg His Gly Tyr Ser Phe Ala Phe
 485 490 495
 Thr His Ser Ser Val Asp Pro Asn Asn Thr Ile Ala Ala Asn Lys Ile
 500 505 510
 Thr Gln Ile Pro Val Val Lys Ala Ser Ser Ile Asn Gly Ser Ile Ser
 515 520 525
 Ile Glu Lys Gly Pro Gly Phe Thr Gly Gly Asp Leu Val Lys Met Arg
 530 535 540
 Ala Asp Ser Gly Leu Thr Met Arg Phe Lys Ala Glu Leu Leu Asp Lys
 545 550 555 560
 Lys Tyr Arg Val Arg Ile Arg Tyr Lys Cys Asn Tyr Ser Ser Lys Leu
 565 570 575
 Ile Leu Arg Lys Trp Lys Gly Glu Gly Tyr Ile Gln Gln Gln Ile His
 580 585 590
 Asn Ile Ser Pro Thr Tyr Gly Ala Phe Ser Tyr Leu Glu Ser Phe Thr
 595 600 605
 Ile Thr Thr Thr Glu Asn Ile Phe Asp Leu Thr Met Glu Val Thr Tyr
 610 615 620
 Pro Tyr Gly Arg Gln Phe Val Glu Asp Ile Pro Ser Leu Ile Leu Asp
 625 630 635 640
 Lys Ile Glu Phe Leu Pro Thr Asn

60 <210> 45
 <211> 682
 <212> PRT
 <213> *Bacillus thuringiensis*

65

ES 2 316 963 T3

<400> 45

	Met	Asn	Ser	Tyr	Gln	Asn	Lys	Asn	Glu	Tyr	Glu	Ile	Leu	Asp	Ala	Lys
	1				5					10					15	
5	Arg	Asn	Thr	Cys	His	Met	Ser	Asn	Cys	Tyr	Pro	Lys	Tyr	Pro	Leu	Ala
				20					25					30		
	Asn	Asp	Pro	Gln	Met	Tyr	Leu	Arg	Asn	Thr	His	Tyr	Lys	Asp	Trp	Ile
			35					40					45			
	Asn	Met	Cys	Glu	Glu	Ala	Ser	Tyr	Ala	Ser	Ser	Gly	Pro	Ser	Gln	Leu
		50					55					60				
10	Phe	Lys	Val	Gly	Gly	Ser	Ile	Val	Ala	Lys	Ile	Leu	Gly	Met	Ile	Pro
	65					70					75				80	
	Glu	Val	Gly	Pro	Leu	Leu	Ser	Trp	Met	Val	Ser	Leu	Phe	Trp	Pro	Thr
					85				90					95		
	Ile	Glu	Glu	Lys	Asn	Thr	Val	Trp	Glu	Asp	Met	Ile	Lys	Tyr	Val	Ala
				100					105					110		
15	Asn	Leu	Leu	Lys	Gln	Glu	Leu	Thr	Asn	Asp	Thr	Leu	Asn	Arg	Ala	Thr
				115					120					125		
	Ser	Asn	Leu	Ser	Gly	Leu	Asn	Glu	Ser	Leu	Asn	Ile	Tyr	Asn	Arg	Ala
		130					135					140				
	Leu	Ala	Ala	Trp	Lys	Gln	Asn	Lys	Asn	Asn	Phe	Ala	Ser	Gly	Glu	Leu
20		145				150					155				160	
	Ile	Arg	Ser	Tyr	Ile	Asn	Asp	Leu	His	Ile	Leu	Phe	Thr	Arg	Asp	Ile
				165					170					175		
	Gln	Ser	Asp	Phe	Ser	Leu	Gly	Gly	Tyr	Glu	Thr	Val	Leu	Leu	Pro	Ser
			180					185					190			
25	Tyr	Ala	Ser	Ala	Ala	Asn	Leu	His	Leu	Leu	Leu	Leu	Arg	Asp	Val	Ala
		195					200						205			
	Ile	Tyr	Gly	Lys	Glu	Leu	Gly	Tyr	Pro	Ser	Thr	Asp	Val	Glu	Phe	Tyr
		210					215					220				
	Tyr	Asn	Glu	Gln	Lys	Tyr	Tyr	Thr	Glu	Lys	Tyr	Ser	Asn	Tyr	Cys	Val
		225				230					235				240	
30	Asn	Thr	Tyr	Lys	Ser	Gly	Leu	Glu	Ser	Lys	Lys	Gln	Ile	Gly	Trp	Ser
				245					250					255		
	Asp	Phe	Asn	Arg	Tyr	Arg	Arg	Glu	Met	Thr	Leu	Ser	Val	Leu	Asp	Ile
			260					265					270			
	Val	Ala	Leu	Phe	Pro	Leu	Tyr	Asp	Thr	Gly	Leu	Tyr	Pro	Ser	Lys	Asp
			275				280						285			
35	Gly	Lys	Ile	His	Val	Lys	Ala	Glu	Leu	Thr	Arg	Glu	Ile	Tyr	Ser	Asp
		290				295						300				
	Val	Ile	Asn	Asp	His	Val	Tyr	Gly	Leu	Met	Val	Pro	Tyr	Ile	Ser	Phe
		305				310					315				320	
	Glu	His	Ala	Glu	Ser	Leu	Tyr	Thr	Arg	Arg	Pro	His	Ala	Phe	Thr	Trp
				325					330					335		
40	Leu	Lys	Gly	Phe	Arg	Phe	Val	Thr	Asn	Ser	Ile	Asn	Ser	Trp	Thr	Phe
			340					345					350			
	Leu	Ser	Gly	Gly	Glu	Asn	Arg	Tyr	Phe	Leu	Thr	His	Gly	Glu	Gly	Thr
		355					360					365				
	Ile	Tyr	Asn	Gly	Pro	Phe	Leu	Gly	Gln	Asp	Thr	Glu	Tyr	Gly	Gly	Thr
		370				375						380				
45	Ser	Ser	Tyr	Ile	Asp	Ile	Ser	Asn	Asn	Ser	Ser	Ile	Tyr	Asn	Leu	Trp
		385				390					395				400	
	Thr	Lys	Asn	Tyr	Glu	Trp	Ile	Tyr	Pro	Trp	Thr	Asp	Pro	Val	Asn	Ile
				405					410					415		
	Thr	Lys	Ile	Asn	Phe	Ser	Ile	Thr	Asp	Asn	Ser	Asn	Ser	Ser	Glu	Ser
			420					425					430			
50	Ile	Tyr	Gly	Ala	Glu	Arg	Met	Asn	Lys	Pro	Thr	Val	Arg	Thr	Asp	Phe
		435					440					445				
	Asn	Phe	Leu	Leu	Asn	Arg	Ala	Gly	Asn	Gly	Pro	Thr	Thr	Tyr	Asn	Asp
		450				455					460					
55	Tyr	Asn	His	Ile	Leu	Ser	Tyr	Met	Leu	Ile	Asn	Gly	Glu	Thr	Phe	Gly

ES 2 316 963 T3

```

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

```

<210> 46

<211> 529

<212> PRT

<213> *Bacillus thuringiensis*

<400> 46

```

Val Asn Phe Met Leu Thr Ser Gly Ala Lys Asn Met Leu Lys Leu Glu
1          5          10          15
Thr Thr Asp Tyr Glu Ile Asp Gln Met Ala Asn Ala Ile Glu Asn Met
          20          25          30
Ser Gly Glu Gln Tyr Ser Gln Glu Lys Met Met Gln Trp His Asp Ile
          35          40          45
Lys Tyr Ala Lys Gln Leu Ser Gln Ala Arg Asn Leu Leu Gln Asn Gly
          50          55          60
Asp Phe Glu Asp Leu Phe Ser Gly Trp Thr Thr Ser Asn Gln Met Ser
65          70          75          80
Ile Gln Ala Asp Asn Ala Thr Phe Lys Gly Asn Tyr Leu His Met Ser
          85          90          95
Gly Ala Arg Asp Ile Tyr Gly Thr Ile Phe Pro Thr Tyr Ile Tyr Gln
          100          105          110
Lys Ile Asp Glu Ser Lys Leu Lys Pro Tyr Thr Arg Tyr Leu Val Arg
          115          120          125
Gly Phe Val Gly Ser Ser Lys Asp Leu Glu Leu Met Val Met Arg Tyr
50          130          135          140
Gly Lys Glu Ile Asp Thr Val Met Asn Val Pro Asn Asp Ile Pro Tyr
          145          150          155          160
Val Pro Ser Met Pro Val Cys Asn Glu Leu Tyr Asp Gly Gln Gln Pro
          165          170          175
Tyr Pro Asn Arg His Val Gly Tyr Tyr Asn Pro Met Pro Val Ser Gln
          180          185          190
Pro Ser Tyr Thr Ser Asp Thr Cys Gln Cys Thr Pro Gly Lys Lys His
          195          200          205
Val Val Cys His Asp Ser His Gln Phe Lys Phe His Ile Asp Thr Gly
          210          215          220
Glu Val Asp Tyr Asn Thr Asn Leu Gly Ile Trp Val Leu Phe Lys Ile
60          225          230          235          240
Ser Ser Pro Asp Gly Tyr Ala Thr Leu Asp Asn Leu Glu Val Ile Glu
          245          250          255
Glu Gly Pro Val Arg Gly Glu Ala Val Thr His Val Lys Gln Lys Glu
          260          265          270

```

ES 2 316 963 T3

260 265 270
 Lys Lys Trp Asn Gln Gln Met Glu Lys Lys Arg Met Glu Thr Lys Arg
 275 280 285
 Val Tyr Asp Arg Ala Lys Gln Ala Val Asp Ala Leu Phe Thr Gly Glu
 290 295 300
 Glu Leu Asn Tyr Asp Val Thr Leu Ser His Ile Lys Asn Ala Asp Asp
 305 310 315 320
 Leu Val Gln Ser Ile Pro Tyr Val His Asn Glu Trp Leu Pro Asp Phe
 325 330 335
 Pro Gly Met Asn Tyr Asp Ile Tyr Gln Glu Leu Asn Ala Arg Ile Met
 340 345 350
 Gln Ala Arg Tyr Leu Tyr Asp Ala Arg Asn Val Ile Thr Asn Gly Asp
 355 360 365
 Phe Ala Gln Gly Leu Gln Gly Trp His Ala Glu Gly Lys Val Glu Val
 370 375 380
 Gln Gln Met Asn Gly Thr Ser Val Leu Val Leu Ser Asn Trp Ser Ser
 385 390 395 400
 Gly Val Ser Gln Asn Leu His Val Gln His Pro His Gly Tyr Leu Leu
 405 410 415
 Arg Val Ser Ala Lys Lys Glu Gly Ser Gly Lys Gly Tyr Val Thr Arg
 420 425 430
 Met Ser Cys Asn Gly Lys Gln Glu Thr Leu Thr Phe Thr Ser Cys Asp
 435 440 445
 Gly Gly Tyr Met Thr Lys Thr Val Glu Val Phe Pro Glu Ser Asp Arg
 450 455 460
 Val Arg Ile Glu Ile Gly Glu Thr Glu Gly Ser Phe Tyr Ile Glu Ser
 465 470 475 480
 Ile Glu Leu Ile Cys Met Asn Gly Tyr Thr Ser Asn Asn Asn Gln Asn
 485 490 495
 Met Ser Asn Met Tyr Asp Gln Ser Tyr Ser Gly Asn Tyr Ser Gln Asn
 500 505 510
 Thr Ser Asp Met Tyr Asp Gln Gly Gly Ser Val Ala Lys Phe Glu Lys
 515 520 525
 Glu

<210> 47

<211> 674

<212> PRT

<213> *Bacillus thuringiensis*

<400> 47

Met Asn Gln Tyr Gln Asn Lys Asn Glu Tyr Glu Ile Leu Glu Ser Ser
 1 5 10 15
 Gln Asn Asn Met Asn Met Pro Asn Arg Tyr Pro Phe Ala Asp Asp Pro
 20 25 30
 Asn Ala Val Met Lys Asn Gly Asn Tyr Lys Asp Trp Val Asn Glu Cys
 35 40 45
 Glu Gly Ser Asn Ile Ser Pro Ser Pro Ala Ala Ala Ile Thr Ser Lys
 50 55 60
 Ile Val Ser Ile Val Leu Lys Thr Leu Ala Lys Ala Val Ala Ser Ser
 65 70 75 80
 Leu Ala Asp Ser Ile Lys Ser Ser Leu Gly Ile Ser Lys Thr Ile Thr
 85 90 95
 Glu Asn Asn Val Ser Gln Val Ser Met Val Gln Val His Gln Ile Ile
 100 105 110
 Asn Arg Arg Ile Gln Glu Thr Ile Leu Asp Leu Gly Glu Ser Ser Leu
 115 120 125
 Asn Gly Leu Val Ala Ile Tyr Asn Arg Asp Tyr Leu Gly Ala Leu Glu
 130 135 140
 Ala Trp Asn Asn Asn Lys Ser Asn Ile Asn Tyr Gln Thr Asn Val Ala
 145 150 155 160
 Glu Ala Phe Lys Thr Val Glu Arg Glu Phe Phe Thr Lys Leu Lys Gly
 165 170 175
 Ile Tyr Arg Thr Ser Ser Ser Gln Ile Thr Leu Leu Pro Thr Phe Thr
 180 185 190
 Gln Ala Ala Asn Leu His Leu Ser Met Leu Arg Asp Ala Val Met Tyr

ES 2 316 963 T3

195 200 205
 Gln Glu Gly Trp Asn Leu Gln Ser His Ile Asn Tyr Ser Lys Glu Leu
 210 215 220
 Asp Asp Ala Leu Glu Asp Tyr Thr Asn Tyr Cys Val Glu Val Tyr Thr
 225 230 235 240
 Lys Gly Leu Asn Ala Leu Arg Gly Ser Thr Ala Ile Asp Trp Leu Glu
 245 250 255
 Phe Asn Ser Phe Arg Arg Asp Met Thr Leu Met Val Leu Asp Leu Val
 260 265 270
 Ala Ile Phe Pro Asn Tyr Asn Pro Val Arg Tyr Pro Leu Ser Thr Lys
 275 280 285
 Ile Ser Leu Ser Arg Lys Ile Tyr Thr Asp Pro Val Gly Arg Thr Asp
 290 295 300
 Ser Pro Ser Phe Gly Asp Trp Thr Asn Thr Gly Arg Thr Leu Ala Asn
 305 310 315 320
 Phe Asn Asp Leu Glu Arg Glu Val Thr Asp Ser Pro Ser Leu Val Lys
 325 330 335
 Trp Leu Gly Asp Met Thr Ile Tyr Thr Gly Ala Ile Asp Ser Tyr Arg
 340 345 350
 Pro Thr Ser Pro Gly Asp Arg Ile Gly Val Trp Tyr Gly Asn Ile Asn
 355 360 365
 Ala Phe Tyr His Thr Gly Arg Thr Asp Val Val Met Phe Arg Gln Thr
 370 375 380
 Gly Asp Thr Ala Tyr Glu Asp Pro Ser Thr Phe Ile Ser Asn Ile Leu
 385 390 395 400
 Tyr Asp Asp Ile Tyr Lys Leu Asp Leu Arg Ala Ala Val Ser Thr
 405 410 415
 Ile Gln Gly Ala Met Asp Thr Thr Phe Gly Val Ser Ser Ser Arg Phe
 420 425 430
 Phe Asp Ile Arg Gly Arg Asn Gln Leu Tyr Gln Ser Asn Lys Pro Tyr
 435 440 445
 Pro Ser Leu Pro Ile Thr Ile Thr Phe Pro Gly Glu Glu Ser Ser Glu
 450 455 460
 Gly Asn Ala Asn Asp Tyr Ser His Leu Leu Cys Asp Val Lys Ile Leu
 465 470 475 480
 Gln Glu Asp Ser Ser Asn Ile Cys Glu Gly Arg Ser Ser Leu Leu Ser
 485 490 495
 His Ala Trp Thr His Ala Ser Leu Asp Arg Asn Asn Thr Ile Leu Pro
 500 505 510
 Asp Glu Ile Thr Gln Ile Pro Ala Val Thr Ala Tyr Glu Leu Arg Gly
 515 520 525
 Asn Ser Ser Val Val Ala Gly Pro Gly Ser Thr Gly Gly Asp Leu Val
 530 535 540
 Lys Met Ser Tyr His Ser Val Trp Ser Phe Lys Val Tyr Cys Ser Glu
 545 550 555 560
 Leu Lys Asn Tyr Arg Val Arg Ile Arg Tyr Ala Ser His Gly Asn Cys
 565 570 575
 Gln Phe Leu Met Lys Arg Trp Pro Ser Thr Gly Val Ala Pro Arg Gln
 580 585 590
 Trp Ala Arg His Asn Val Gln Gly Thr Phe Ser Asn Ser Met Arg Tyr
 595 600 605
 Glu Ala Phe Lys Tyr Leu Asp Ile Phe Thr Ile Thr Pro Glu Glu Asn
 610 615 620
 Asn Phe Ala Phe Thr Ile Asp Leu Glu Ser Gly Gly Asp Leu Phe Ile
 625 630 635 640
 Asp Lys Ile Glu Phe Ile Pro Val Ser Gly Ser Ala Phe Glu Tyr Glu
 645 650 655
 Gly Lys Gln Asn Ile Glu Lys Thr Gln Lys Ala Val Asn Asp Leu Phe
 660 665 670
 Ile Asn

<210> 48

<211> 675

<212> PRT

<213> *Bacillus thuringiensis*

ES 2 316 963 T3

<400> 48

	Met	Asn	Pro	Tyr	Gln	Asn	Lys	Ser	Glu	Cys	Glu	Ile	Leu	Asn	Ala	Pro
	1				5					10					15	
5	Leu	Asn	Asn	Ile	Asn	Met	Pro	Asn	Arg	Tyr	Pro	Phe	Ala	Asn	Asp	Pro
				20					25					30		
	Asn	Ala	Val	Met	Lys	Asn	Gly	Asn	Tyr	Lys	Asp	Trp	Leu	Asn	Glu	Cys
		35					40						45			
	Asp	Gly	Ile	Thr	Pro	Ser	Ile	Phe	Gly	Thr	Leu	Gly	Val	Leu	Ala	Ser
	50					55						60				
10	Ile	Val	Ile	Ser	Thr	Ile	Asn	Leu	Ala	Thr	Ser	Pro	Ser	Ile	Gly	Asp
	65					70					75				80	
	Ala	Phe	Ala	Leu	Val	Ser	Ser	Ile	Gly	Glu	Tyr	Trp	Pro	Glu	Thr	Lys
				85						90				95		
	Thr	Ser	Phe	Pro	Leu	Ser	Val	Ala	Asp	Val	Asn	Arg	Leu	Ile	Arg	Glu
				100					105					110		
15	Ala	Leu	Asp	Gln	Asn	Ala	Ile	Asn	Arg	Ala	Thr	Gly	Lys	Phe	Asn	Gly
		115						120					125			
	Leu	Met	Asp	Thr	Tyr	Asn	Thr	Val	Tyr	Leu	Lys	Asn	Leu	Gln	Asp	Trp
	130					135					140					
	Tyr	Asp	Thr	Arg	Ile	Pro	Ala	Asn	Pro	Gln	Gly	Asp	Ser	Gln	Leu	Arg
	145					150					155				160	
20	Glu	Ala	Ala	Arg	Arg	Ser	Leu	Glu	Glu	Ile	Glu	Arg	Asp	Phe	Arg	Lys
				165						170					175	
	Ala	Leu	Ala	Gly	Glu	Phe	Ala	Glu	Ala	Gly	Ser	Gln	Ile	Val	Leu	Leu
			180						185					190		
	Pro	Ile	Tyr	Ala	Gln	Ala	Ala	Asn	Ile	His	Leu	Leu	Ile	Leu	Lys	Asp
		195						200					205			
25	Ala	Met	Gln	Phe	Arg	Thr	Asp	Leu	Gly	Leu	Ile	Arg	Pro	Val	Gly	Val
		210					215						220			
	Pro	Ile	Thr	Thr	Ser	Ala	Glu	Asp	Pro	Phe	Glu	Ser	Glu	Phe	Leu	Leu
	225				230						235				240	
	Arg	Ile	Lys	Lys	Tyr	Thr	Asp	His	Cys	Ile	Ser	Tyr	Tyr	Asp	Asp	Gly
				245						250				255		
30	Leu	Ala	Lys	Ile	Arg	Ser	Arg	Gly	Ser	Asp	Gly	Glu	Thr	Trp	Trp	Glu
		260							265					270		
	Phe	Asn	Lys	Phe	Arg	Arg	Glu	Met	Thr	Leu	Thr	Val	Leu	Asp	Leu	Val
		275						280					285			
	Ala	Leu	Tyr	Pro	Thr	His	Asn	Ile	Lys	Leu	Tyr	Pro	Ile	Pro	Thr	Gln
		290					295					300				
35	Thr	Glu	Leu	Ser	Arg	Val	Val	Tyr	Thr	Asp	Pro	Val	Gly	Cys	Phe	Gly
	305					310					315				320	
	Asn	Arg	Lys	Ser	Asp	Ile	Phe	Ser	Arg	Leu	Asn	Phe	Asp	Tyr	Leu	Glu
				325						330				335		
	Asn	Arg	Leu	Thr	Arg	Pro	Arg	Glu	Pro	Phe	Asn	Tyr	Leu	Asn	Ser	Val
		340							345					350		
40	Gln	Leu	Phe	Ala	Ser	Thr	Val	Ser	Asn	Ser	Asn	Asn	Gly	Glu	Val	Leu
		355						360					365			
	Arg	Gly	Asn	Leu	Asn	Lys	Ile	Met	Phe	Glu	Gly	Gly	Trp	Thr	Ala	Ser
		370					375						380			
	Arg	Ser	Gly	Asp	Gly	Val	Thr	Thr	Gly	Thr	Pro	Phe	Ser	Thr	Met	Asp
	385				390					395					400	
45	Trp	Ser	Tyr	Gly	Trp	Gly	Tyr	Pro	Arg	Lys	His	Tyr	Ala	Glu	Ile	Thr
				405						410					415	
	Ser	Arg	Ser	Gln	Ala	Leu	Pro	Gly	Leu	Asn	Asn	Ser	Ile	His	Val	Ile
				420					425					430		
	Val	Gly	Ile	Asp	Ser	Phe	Arg	Ala	Ile	Gly	Pro	Gly	Gly	Gln	Gly	Asp
		435					440					445				
50	His	Thr	Phe	Ser	Leu	Pro	Gly	Gly	Asp	Met	Tyr	Asp	Cys	Gly	Lys	Val
		450				455						460				
	Gln	Ile	Asn	Pro	Leu	Glu	Asp	Tyr	Arg	Asn	Ser	Asp	His	Trp	Ile	Ser
	465					470					475				480	
	Asp	Met	Met	Thr	Ile	Asn	Gln	Ser	Val	Gln	Leu	Ala	Ser	Asn	Pro	Thr
				485						490					495	
55	Gln	Thr	Phe	Ala	Phe	Ser	Ala	Leu	Ser	Leu	Gly	Trp	His	His	Ser	Ser
			500						505					510		
	Ala	Gly	Asn	Arg	Asn	Val	Tyr	Val	Tyr	Asp	Lys	Ile	Thr	Gln	Ile	Pro
		515						520					525			
	Ala	Thr	Lys	Thr	Val	Arg	Glu	His	Pro	Met	Ile	Lys	Gly	Pro	Gly	Phe

ES 2 316 963 T3

530 535 540
 Thr Gly Gly Asp Leu Ala Asp Leu Ser Ser Asn Ser Asp Ile Leu Gln
 545 550 555 560
 Tyr Asp Leu Arg Ser Asp Tyr Asp Asp Arg Leu Thr Glu Asp Val Pro
 565 570 575
 Phe Arg Ile Arg Ile Arg Cys Ala Ser Ile Gly Val Ser Thr Ile Ser
 580 585 590
 Val Asp Asn Trp Gly Ser Ser Ser Pro Gln Val Thr Val Ala Ser Thr
 595 600 605
 Ala Ala Ser Leu Asp Thr Leu Lys Tyr Glu Ser Phe Gln Tyr Val Ser
 610 615 620
 Ile Pro Gly Asn Tyr Tyr Phe Asp Ser Ala Pro Arg Ile Arg Leu Leu
 625 630 635 640
 Arg Gln Pro Gly Arg Leu Leu Val Asp Arg Ile Glu Ile Ile Pro Val
 645 650 655
 Asn Phe Phe Pro Leu Ser Glu Gln Glu Asn Lys Ser Val Asp Ser Leu
 660 665 670
 Phe Ile Asn
 675

20 <210> 49
 <211> 659
 <212> PRT
 25 <213> *Bacillus thuringiensis*
 <400> 49

30 Asn Ser Tyr Glu Asn Lys Asn Glu Tyr Glu Ile Leu Asn Asp Ser Lys
 1 5 10 15
 Lys Ser Asn Met Ser Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Pro Leu Ala Asn Asp
 20 25 30
 Ser Leu Ala Ser Met Gln Asn Thr Asn Tyr Lys Asp Trp Leu Thr Met
 35 35 40 45
 Cys Asp Arg Thr Asp Thr Asp Val Leu Ser Ser Arg Gly Ala Val Ser
 50 55 60
 Thr Gly Val Gly Met Leu Ser Thr Ile Leu Ser Leu Phe Gly Ile Pro
 65 70 75 80
 Leu Ile Gly Glu Gly Ile Asp Leu Leu Leu Gly Ala Ala Asp Phe Leu
 40 85 90 95
 Trp Pro Glu Ser Asp Gly Gly His Gln Tyr Thr Trp Glu Asp Leu Met
 100 105 110
 Asn His Ile Glu Glu Leu Met Asp Glu Arg Leu Glu Thr Glu Lys Arg
 115 120 125
 Thr Thr Ala Leu Asp Asp Leu Arg Gly Leu Lys Ala Leu Leu Gly Leu
 45 130 135 140
 Phe Arg Asp Ala Phe Asp Ser Trp Glu Lys Asn Gln Asn Asp Pro Ile
 145 150 155 160
 Ala Lys Asn Arg Val Gly Gly Tyr Phe Glu Asp Val His Thr His Phe
 165 170 175
 Val Lys Asp Met Ala Ser Ile Phe Ser Ala Thr Asn Tyr Glu Val Leu
 50 180 185 190
 Leu Leu Pro Val Tyr Ala Gln Ala Ala Asn Leu His Leu Leu Leu Leu
 195 200 205
 Arg Glu Gly Val Ile Tyr Gly Ser Arg Trp Gly Ile Ala Pro Ala Ala
 210 215 220
 Asp Phe Tyr His Asp Gln Leu Leu Lys Tyr Thr Ala Ile Tyr Ala Asn
 55 225 230 235 240
 His Cys Val Thr Trp Tyr Asn Asn Gly Leu Ala Gln Gln Lys Glu Leu
 245 250 255
 Phe Ala Lys Ser Pro Asn Trp Asn Arg Phe Asn Ala Tyr Arg Arg Asp
 260 265 270
 Met Thr Ile Thr Val Leu Asp Ile Ile Ala Leu Phe Pro Thr Tyr Asp
 60 275 280 285
 Ala Arg Leu Tyr Thr Lys Pro Ile Lys Thr Glu Leu Thr Arg Glu Ile
 290 295 300
 Tyr Ser Asp Val Leu Asn Leu Asp Val Tyr Gly Val Gln Gln Thr Asp
 305 310 315 320
 Leu Asn Lys Asn Glu Ala Ala Phe Thr Arg Ser Pro His Leu Val Thr

ES 2 316 963 T3

325 330 335
 Arg Leu Arg Gly Phe Asp Phe Tyr Thr Arg Thr Lys Tyr Ala Tyr Trp
 340 345 350
 Arg Tyr Leu Ala Gly His Thr Asn Tyr Phe Ser Phe Thr Gly Asn Gly
 355 360 365
 Thr Ile Tyr Ser Ser Ser Phe Asn Asn Trp Tyr Asp Thr Asp Met Thr
 370 375 380
 Lys Ser Thr Ile Asn Ile Pro Asp Tyr Ala Asn Ile Tyr Lys Leu Trp
 385 390 395 400
 Thr Lys Ser Tyr Thr Asn Ile Ser Pro Tyr Thr Asp Pro Val Gly Ile
 405 410 415
 Ser Gln Met Gln Phe Ser Leu Thr Asn Asn Gln Gln Leu Thr Tyr Thr
 420 425 430
 Gly Thr Ser Ala Pro Lys Tyr Pro Val Arg Glu Thr Phe Phe Glu Ile
 435 440 445
 Pro Pro Thr Asp Glu Lys Pro Leu Thr Tyr Glu Asn Tyr Ser His Ile
 450 455 460
 Leu Ser Tyr Met Thr Ser Ala Gln His Phe Gly Asp Lys Lys Ile Gly
 465 470 475 480
 Tyr Thr Phe Ala Trp Met His Glu Ser Val Asp Phe Asp Asn Arg Val
 485 490 495
 Asp Pro Asp Lys Ile Thr Gln Ile Pro Ala Val Lys Gly Asp Tyr Leu
 500 505 510
 Gln Tyr Gly Tyr Val Lys Gln Gly Pro Gly His Thr Gly Gly Asp Leu
 515 520 525
 Val Ser Met Ile Arg Thr Asp Arg Leu Gly Ile Asn Val Tyr Phe Pro
 530 535 540
 Gln Pro Leu Asp Tyr Arg Ile Arg Ile Arg Tyr Ser Thr Ser Ser Asn
 545 550 555 560
 Gly Tyr Leu Tyr Ile Tyr Ser Pro Asn Thr Lys Ile Val Tyr Leu Pro
 565 570 575
 Pro Thr Thr Leu Val Asp Gly Gln Pro Thr Phe Asp Pro Met Asp Phe
 580 585 590
 Ser Ala Phe Arg Val Val Glu Val Pro Ala Ser Phe Arg Ala Ser Val
 595 600 605
 Ala Gly Tyr Thr Asn Phe Thr Ile Glu Ala Gly Phe Gly Pro Val Tyr
 610 615 620
 Ile Asp Lys Ile Glu Phe Ile Pro Asp Asn Thr Thr Thr Leu Glu Tyr
 625 630 635 640
 Glu Gly Gly Arg Asp Leu Glu Lys Thr Lys Asn Ala Val Asn Asp Leu
 645 650 655
 Phe Thr Asn

40 <210> 50
 <211> 558
 <212> PRT
 45 <213> *Bacillus thuringiensis*
 <400> 50

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

ES 2 316 963 T3

130 135 140
 Ile Asp Ala Met Met Asn Val Pro Asn Asp Leu Ala Tyr Met Gln Pro
 145 150 155 160
 Thr Pro Ser Cys Gly Asp Ser Arg Cys Glu Ser Ser Ser Arg Tyr Val
 5 Ser Gln Gly Tyr 165 Thr Pro Val Thr Asp Gly Tyr Ala Ser Gly Arg
 180 185 190
 Tyr Ala Cys Gln Ser Asn Arg Gly Thr Lys His Val Lys Cys His Asp
 195 200 205
 Arg His Pro Phe Asp Phe His Ile Asp Thr Gly Glu Leu Asp Thr Asn
 10 210 215 220
 Thr Asn Val Gly Ile Asp Val Leu Phe Lys Ile Ser Asn Pro Asp Gly
 225 230 235 240
 Tyr Ala Thr Leu Gly Asn Leu Glu Val Ile Glu Glu Gly Pro Leu Thr
 245 250 255
 Gly Glu Ala Leu Thr His Val Lys Gln Lys Glu Lys Lys Trp Lys Gln
 15 260 265 270
 His Met Glu Lys Lys Arg Trp Glu Thr Gln Gln Ala Tyr Asp Pro Ala
 275 280 285
 Lys Gln Ala Val Asp Ala Leu Phe Thr Asn Glu Gln Glu Leu His Tyr
 290 295 300
 His Ile Thr Leu Asp His Ile Gln Asn Ala Asp Arg Leu Ile Gln Ala
 20 305 310 315 320
 Ile Pro Tyr Val Tyr His Ala Trp Leu Pro Asp Ala Pro Gly Met Asn
 325 330 335
 Tyr Asp Gly Tyr Gln Gly Leu Asn Ala Arg Ile Met Gln Ala Tyr Asn
 340 345 350
 Leu Tyr Asp Ala Arg Asn Val Ile Thr Asn Gly Asp Phe Thr Gln Gly
 355 360 365
 Leu Thr Gly Trp His Ala Ala Gly Lys Ala Met Val Gln Gln Met Asp
 370 375 380
 Gly Ala Ser Val Leu Val Leu Ser Asn Trp Ser Ala Gly Val Ser Gln
 385 390 395 400
 Asn Leu His Val Gln Glu His His Gly Tyr Met Leu Arg Val Ile Ala
 405 410 415
 Lys Lys Glu Gly Pro Gly Lys Gly Tyr Val Thr Met Met Asp Cys Asn
 420 425 430
 Gly Asn Arg Glu Thr Leu Lys Phe Thr Ser Cys Glu Glu Gly Tyr Met
 35 435 440 445
 Thr Lys Thr Val Glu Val Phe Pro Glu Ser Asp Arg Val Arg Ile Glu
 450 455 460
 Ile Gly Glu Thr Glu Gly Thr Phe Tyr Val Asp Ser Ile Glu Leu Leu
 465 470 475 480
 Cys Met Gln Gly Tyr Ala Ser Asn Asn Asn Pro His Thr Gly Asn Met
 485 490 495
 Tyr Gly Gln Ser Tyr Asn Gly Asn Tyr Asn Gln Asn Thr Ser Asp Val
 500 505 510
 Tyr His Gln Gly Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Gln Asn Ser Ser Asn Met
 515 520 525
 Tyr Asn Gln Asn Tyr Thr His Asn Asp Asp Leu His Ser Gly Cys Thr
 530 535 540
 Cys Asn Gln Gly His Asn Ser Gly Cys Thr Cys Ser Gln Gly
 545 550 555

50 <210> 51
 <211> 666
 <212> PRT
 55 <213> *Bacillus thuringiensis*
 <400> 51

60 Asn Ser Tyr Glu Asn Lys Asn Glu Tyr Glu Ile Leu Glu Ser Ser Ser
 1 5 10 15
 Asn Asn Thr Asn Met Pro Asn Arg Tyr Pro Phe Ala Asn Asp Arg Asp
 20 25 30
 Met Ser Thr Met Ser Phe Asn Asp Cys Gln Gly Ile Ser Trp Asp Glu
 35 40 45
 Ile Trp Glu Ser Ala Glu Thr Ile Thr Ser Ile Gly Ile Asp Leu Ile

ES 2 316 963 T3

[illegible]

ES 2 316 963 T3

<210> 52

<211> 558

<212> PRT

5 <213> *Bacillus thuringiensis*

<400> 52

10	Met Phe Thr Asn Gly Thr Lys Asn Thr Leu Lys Ile Glu Thr Thr Asp	1 5 10 15
	Tyr Glu Ile Asp Gln Ala Ala Ile Ser Ile Glu Cys Met Ser Asp Glu	20 25 30
15	His Ser Pro Lys Glu Lys Met Met Leu Trp Asp Glu Val Lys Arg Ala	35 40 45
	Lys Leu Leu Ser Gln Ser Arg Asn Leu Leu Gln Asn Gly Asp Phe Gly	50 55 60
	Asp Phe Tyr Gly Asn Asp Trp Lys Phe Gly Asn Asn Ile Ile Ile Gly	65 70 75 80
20	Ser Asn Asn Ser Ile Phe Lys Gly Asn Phe Leu Gln Met Ser Gly Ala	85 90 95
	Arg Asp Ile Tyr Gly Thr Ile Phe Pro Thr Tyr Ile Tyr Gln Lys Ile	100 105 110
	Asp Glu Ser Lys Leu Lys Pro Tyr Thr Arg Tyr Arg Val Arg Gly Phe	115 120 125
25	Val Gly Ser Ser Lys Asp Leu Arg Leu Met Val Thr Arg Tyr Gly Lys	130 135 140
	Glu Ile Asp Ala Met Met Asn Val Pro Asn Asp Leu Ala Tyr Met Gln	145 150 155 160
	Pro Asn Pro Ser Cys Gly Asp Ser Arg Cys Glu Ser Ser Ser Gln Tyr	165 170 175
30	Val Ser Gln Gly Tyr Pro Thr Pro Thr Asp Gly Tyr Ala Pro Asp Arg	180 185 190
	Tyr Ala Cys Pro Ser Ser Ser Asp Lys Lys His Val Met Cys His Asp	195 200 205
	Arg His Pro Phe Asp Phe His Ile Asp Thr Gly Glu Leu Asp Thr Asn	210 215 220
35	Thr Asn Val Gly Ile Asp Val Leu Phe Lys Ile Ser Asn Pro Asp Gly	225 230 235 240
	Tyr Ala Thr Leu Gly Asn Leu Glu Val Ile Glu Glu Gly Pro Leu Thr	245 250 255
	Gly Glu Ala Leu Thr His Val Lys Gln Lys Glu Lys Lys Trp Lys Gln	260 265 270
40	His Met Glu Lys Lys Arg Trp Glu Thr Gln Gln Ala Tyr Asp Pro Ala	275 280 285
	Lys Gln Ala Val Asp Thr Leu Phe Thr Asn Glu Gln Glu Leu His Tyr	290 295 300
	His Ile Thr Leu Asp Tyr Ile Gln Thr Leu Ile Asp Trp Tyr Ser Arg	305 310 315 320
45	Phe Pro Ile Tyr Thr Met Thr Gly Tyr Arg Asp Ala Pro Gly Met Asn	325 330 335
	Tyr Asp Gly Tyr Gln Gly Leu Asn Ala Arg Ile Met Gln Ala Tyr Asn	340 345 350
50	Leu Tyr Asp Ala Arg Asn Val Ile Thr Asn Gly Asp Phe Thr Lys Gly	355 360 365
	Leu Gln Gly Trp His Ala Ala Gly Lys Ala Ala Val Gln Gln Ile Asp	370 375 380
	Gly Ala Ser Val Leu Val Leu Ser Asn Trp Ser Ala Gly Val Ser Gln	385 390 395 400
55	Asn Leu His Ala Gln Asp His His Gly Tyr Met Leu Arg Val Ile Ala	

ES 2 316 963 T3

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