

19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 864 641**

51 Int. Cl.:

C07K 14/195 (2006.01)

C07K 14/32 (2006.01)

C12N 15/82 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **15.06.2007 E 16194435 (0)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **27.01.2021 EP 3150625**

54 Título: **Una familia de proteínas pesticidas y procedimientos para su uso**

30 Prioridad:

15.06.2006 US 814007 P

15.06.2006 US 813859 P

16.06.2006 US 814212 P

16.06.2006 US 814420 P

20.06.2006 US 814989 P

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

14.10.2021

73 Titular/es:

**BASF AGRICULTURAL SOLUTIONS SEED US
LLC (100.0%)**

**100 Park Avenue
Florham Park, NJ 07932, US**

72 Inventor/es:

**KOZIEL, MICHAEL, G.;
DESAI, NALINI;
DETER, REBEKAH;
TOMSO, DANIEL, JOHN;
HARGISS, TRACY;
DUCK, NICHOLAS, B.;
CAROZZI, NADINE y
GUO, RONG**

74 Agente/Representante:

GONZÁLEZ PECES, Gustavo Adolfo

ES 2 864 641 T3

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

DESCRIPCIÓN

Una familia de proteínas pesticidas y procedimientos para su uso

Campo de la invención

La presente invención se refiere al campo de la biología molecular. Son proporcionados genes novedosos que codifican las proteínas pesticidas. Estas proteínas y las secuencias de ácidos nucleicos que las codifican son útiles en la preparación de formulaciones plaguicidas y en la producción de plantas transgénicas resistentes a las plagas.

Antecedentes de la invención

Bacillus thuringiensis es una bacteria del suelo Gram-positiva formadora de esporas caracterizada por su capacidad para producir inclusiones cristalinas que son específicamente tóxicas para ciertos órdenes y especies de insectos, pero son inofensivas para las plantas y otros organismos no focalizados. Por esta razón, las composiciones que incluyen las cepas de *Bacillus thuringiensis* o sus proteínas insecticidas pueden ser utilizadas como insecticidas ambientalmente aceptables para el control de plagas de insectos agrícolas o vectores de insectos para una variedad de enfermedades humanas o animales.

Las proteínas (delta-endotoxinas) de cristal (Cry) de *Bacillus thuringiensis* tienen una potente actividad insecticida contra larvas predominantemente de Lepidópteros, Dípteros y Coleópteros. Estas proteínas también han mostrado actividad contra órdenes de plagas *Hymenoptera*, *Homoptera*, *Phthiraptera*, *Mallophaga*, y *Acari*, así como otras órdenes de invertebrados como *Nemathelminthes*, *Platyhelminthes*, y *Sarcomastigophora* (Feitelson (1993) The *Bacillus Thuringiensis* family tree. In *Advanced Engineered Pesticides*, Marcel Dekker, Inc., New York, N.Y.). Estas proteínas fueron originalmente clasificadas como CryI a CryV en base principalmente a su actividad insecticida. Las clases principales fueron específicas de *Lepidoptera*(I), específicas de *Lepidoptera* y *Diptera*(II), específicas de *Coleoptera*(III), específicas de *Diptera*(IV) y específicas de nematodos (V) y (VI). Las proteínas fueron además clasificadas en subfamilias; a las proteínas más altamente relacionadas dentro de cada familia le fueron asignadas letras de división tal como Cry IA, Cry IB, Cry JC, etc. Las proteínas aún más estrechamente relacionadas dentro de cada división recibieron nombres tal como Cry ICJ, C, y JC2, etc.

Recientemente ha sido descrita una nueva nomenclatura para los genes Cry en base a la homología de la secuencia de aminoácidos en lugar de la especificidad diana de los insectos (Crickmore *et al.* (1998) Microbial. Mol. Biol. Rev. 62:807-813). En la nueva clasificación, a cada toxina le es asignado un nombre único que incorpora un rango primario (un número árabe), un rango secundario (una letra mayúscula), un rango terciario (una letra minúscula) y un rango cuaternario (otro número árabe). En la nueva clasificación, los números romanos han sido cambiados por números árabes en el rango primario. Las proteínas con una identidad de secuencia inferior al 45% tienen rangos primarios diferentes, y los criterios para los rangos secundario y terciario son 78% y 95%, respectivamente.

La proteína de cristal no exhibe actividad insecticida hasta que haya sido ingerida y solubilizada en el intestino medio del insecto. La protoxina ingerida es hidrolizada por proteasas en el tracto digestivo del insecto a una molécula tóxica activa. (Hofte and Whiteley (1989) Microbiol. Rev. 53:242-255). Esta toxina se une a los receptores de borde de cepillo apical en el intestino medio de las larvas diana y se inserta en la membrana apical creando canales iónicos o poros, lo que resulta en la muerte larval.

Las delta-endotoxinas generalmente tienen cinco dominios de secuencia conservados y tres dominios estructurales conservados (véase, por ejemplo, de Maagd *et al.* (2001) Trends Genetics 17:193-199). El primer dominio estructural conservado consiste en siete hélices alfa y está implicado en la inserción de membranas y la formación de poros. El dominio II consiste en tres hojas beta dispuestas en una configuración de clave griega, y el dominio III consiste en dos hojas beta antiparalelas en la formación de "rollo de gelatina" (de Maagd *et al.*, 2001, supra). Los dominios II y III intervienen en el reconocimiento y la unión de los receptores y, por lo tanto, se consideran determinantes de la especificidad de la toxina.

Debido a la devastación que los insectos pueden conferir, y la mejora en el rendimiento controlando las plagas de insectos, hay una necesidad continua de descubrir nuevas formas de toxinas pesticidas.

El documento WO95/35378 se refiere a las cepas novedosas de *Bacillus thuringiensis* activas contra las plagas de lepidópteros y coleópteros.

Sumario de la invención

Son descritos composiciones y procedimientos para conferir actividad pesticida a bacterias, plantas, células vegetales, tejidos y semillas. Las composiciones incluyen moléculas de ácido nucleico que codifican secuencias para polipéptidos pesticidas e insecticidas, vectores que comprenden esas moléculas de ácido nucleico y células huésped que comprenden los vectores. Las composiciones también incluyen las secuencias de polipéptido pesticida y los anticuerpos contra esos polipéptidos. Las secuencias de nucleótidos pueden ser usadas en construcciones de ADN o casetes de expresión para la transformación y expresión en organismos, incluyendo microorganismos y plantas. Las secuencias de nucleótidos o aminoácidos pueden ser secuencias sintéticas que han sido diseñadas para su

expresión en un organismo, incluyendo, pero sin limitación, un microorganismo o una planta. Las composiciones también comprenden bacterias transformadas, plantas, células vegetales, tejidos y semillas.

En particular, son proporcionadas moléculas aisladas de ácido nucleico que codifican una proteína pesticida.

5 Por lo tanto, la presente invención proporciona una molécula de ácido nucleico que comprende una secuencia de nucleótido que codifica un polipéptido que tiene actividad pesticida, en la que dicha secuencia de nucleótido es seleccionada del grupo que consiste en:

1. a) la secuencia de nucleótidos de SEQ ID NÚM.: 1 o 60, o uno de sus complementos;
2. b) una secuencia de nucleótidos que tiene al menos una identidad de secuencia del 80% con respecto a la secuencia de nucleótidos de SEQ ID NÚM.: 1 o 60, o uno de sus complementos;
- 10 3. c) una secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido que comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NÚM.: 2 o 61;
4. d) una secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 80% de identidad de secuencia con la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NÚM.: 2 o 61;
- 15 5. e) la secuencia de nucleótidos del inserto de ADN del plásmido depositado como Núm. de Acceso NRRL B-30961, o uno de sus complementos

La presente invención proporciona además:

- un vector que comprende una molécula de ácido nucleico de la invención;
- una célula huésped que contiene una molécula de ácido nucleico de la invención; y
- una planta transgénica, célula vegetal o semilla vegetal que comprende una molécula de ácido nucleico, vector o célula huésped vegetal de la invención.

Además, están incluidas las secuencias de aminoácidos correspondientes a la proteína pesticida. Por lo tanto, la presente invención proporciona además un polipéptido aislado con actividad pesticida, seleccionado del grupo que consiste en:

1. a) un polipéptido que comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NÚM.: 2 o 61;
- 25 2. b) un polipéptido que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos una identidad de secuencia del 80% con respecto a la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NÚM.: 2 o 61, en el que dicho polipéptido tiene actividad pesticida;
3. c) un polipéptido codificado por la secuencia de nucleótidos de SEQ ID NÚM.: 1 o 60;
- 30 4. d) un polipéptido que está codificado por una secuencia de nucleótidos que es al menos 80% idéntica a la secuencia de nucleótidos de SEQ ID NÚM.: 1 o 60, en el que dicho polipéptido tiene actividad pesticida;
5. e) un polipéptido codificado por la secuencia de nucleótidos del inserto de ADN del plásmido depositado como Núm. de Acceso NRRL B-30961.

Son proporcionados procedimientos de producción de polipéptidos de la invención, y para uso de esos polipéptidos para control o exterminio de una plaga de Lepidópteros, Coleópteros, Nematodos o Dípteros.

35 Por lo tanto, la presente invención proporciona un procedimiento de control o exterminio de una población de una plaga Lepidópteros, Coleópteros, Nematodos o Dípteros que comprende el contacto de dicha población con una cantidad efectiva para uso pesticida de un polipéptido de la invención.

La invención proporciona además un procedimiento de protección de una planta de una plaga, que comprende la introducción en dicha planta o célula de al menos un vector de expresión que comprende una secuencia de nucleótido que codifica un polipéptido pesticida, en el que dicha secuencia de nucleótido es seleccionada del grupo que consiste en:

1. a) la secuencia de nucleótidos de SEQ ID NÚM.: 1 o 60;
2. b) una secuencia de nucleótidos que tiene al menos un 80% de identidad de secuencia con la secuencia de nucleótidos de SEQ ID NÚM.: 1 o 60;
- 45 3. c) una secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido que comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NÚM.: 2 o 61;

4. d) una secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 80% de identidad de secuencia con la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NÚM.: 2 o 61;

5. e) la secuencia de nucleótidos del inserto de ADN del plásmido depositado como Núm. de Acceso NRRL B-30961.

5 La invención además proporciona un procedimiento de producción de un polipéptido con actividad pesticida, que comprende cultivar una célula huésped de la invención bajo condiciones en las cuales es expresada la molécula de ácido nucleico que codifica el polipéptido.

También son descritos procedimientos y kits de detección de los ácidos nucleicos y polipéptidos de la invención en una muestra.

10 Las composiciones y procedimientos de la invención son útiles para la producción de organismos con resistencia o tolerancia mejorada a plagas. Estos organismos y composiciones que comprenden los organismos son deseables para fines agrícolas. Las composiciones de la invención son también útiles para generar proteínas alteradas o mejoradas que tienen actividad pesticida, o para detectar la presencia de pesticidas proteínas o ácidos nucleicos en productos u organismos.

15 **Descripción de figuras**

La Figura 1 muestra una alineación de AXMI-022 con la lota 1b de *Clostridium perfringens* (SEQ ID NÚM.:49), Isp 1A de *Brevibacillus laterosporus* (SEQ ID NÚM.:50), Isp 1B de *Brevibacillus laterosporus* (SEQ ID NÚM.:51), Vip IAc de *Bacillus thuringiensis* (SEQ ID NÚM.:52) y ViplAc de *Bacillus thuringiensis* (SEQ ID NÚM.: 53). La alineación muestra los residuos de aminoácidos más altamente conservados resaltados en negro, y los residuos de aminoácidos altamente conservados resaltados en gris.

La Figura 2 muestra una alineación de AXMI-022 con ViplAb (SEQ ID NÚM.:52). La alineación muestra los residuos de aminoácidos más altamente conservados resaltados en negro, y los residuos de aminoácidos altamente conservados resaltados en gris.

La Figura 3 muestra una alineación de AXMI-022 con Cry 37Aa de *Bacillus thuringiensis* (SEQ ID NÚM.:54). La alineación muestra los residuos de aminoácidos más altamente conservados resaltados en negro, y los residuos de aminoácidos altamente conservados resaltados en gris.

La Figura 4 muestra una alineación de AXMI-023 con la proteína pesticida Vip2 (SEQ ID NÚM.:55), Isp2a de *Brevibacillus laterosporus* (SEQ ID NÚM.:56) y el componente de toxina lota la de *Clostridium perfringens* (SEQ ID NÚM.:57). La alineación muestra los residuos de aminoácidos más altamente conservados resaltados en negro, y los residuos de aminoácidos altamente conservados resaltados en gris.

Descripción detallada

La presente invención se refiere a composiciones y procedimientos de regulación de resistencia o tolerancia a plagas en organismos, particularmente plantas o células vegetales. Por "resistencia" se pretende que la plaga (por ejemplo, el insecto) sea exterminada tras la ingesta u otro contacto con los polipéptidos de la invención. Por "tolerancia" se pretende un impedimento o reducción en el movimiento, alimentación, reproducción u otras funciones de la plaga. Los procedimientos implican la transformación de organismos con una secuencia de nucleótidos que codifica una proteína pesticida de la invención. En particular, las secuencias nucleótidas de la invención son útiles para la preparación de plantas y microorganismos que poseen actividad pesticida. De este modo, son proporcionados bacterias, plantas, células vegetales, tejidos vegetales y semillas transformadas. Las composiciones son ácidos nucleicos pesticidas y proteínas de *Bacillus* u otras especies. Las secuencias son utilizadas en la construcción de vectores de expresión para su posterior transformación en organismos de interés, como sondas para el aislamiento de otros genes homólogos (o parcialmente homólogos), y para la generación de proteínas plaguicidas alteradas mediante procedimientos conocidos en la técnica, tal como el intercambio de dominios o transposición de ADN. Las proteínas son utilizadas para control o exterminio de las poblaciones de plagas de lepidópteros, coleópteros, dípteros y nematodos, así como para la producción de composiciones con actividad pesticida.

Los plásmidos que contenían una secuencia de nucleótidos de la invención fueron depositados en la colección permanente de la Agricultural Research Service Culture Collection, Northern Regional Research Laboratory (NRRL), 1815 North University Street, Peoria, Illinois 61604, United States of America, de acuerdo con la Tabla 1. Este depósito se mantendrá de conformidad con lo dispuesto en el Tratado de Budapest sobre el Reconocimiento Internacional del Depósito de Microorganismos a los Efectos de los Procedimientos de Patente. Este depósito fue hecho simplemente como una conveniencia para aquellos con experiencia en la técnica y no es una admisión de que es requerido un depósito bajo 35 U.S.C. Sección 112.

Tabla 1. Depósito de microorganismos

Gen	Cepa	Clon	Número NRRL	Fecha del depósito
<i>axmi-011</i>	ATX13026	pAX4600	B-30961	21/07/2006
<i>axmi-012</i>	ATX13026	pAX012	B-30955	21/07/2006
<i>axmi-013</i>	ATX13002	pAX013	B-30956	21/07/2006
<i>axmi-015</i>	ATX13026	pAX015	B-30957	21/07/2006
<i>axmi-019</i>	ATX14875	pAX0 19	B-30958	21/07/2006
<i>axmi-044</i>	ATX14759	pAX2599	B-30942	15/06/2006
<i>axmi-037</i>	ATX1489	pAX2558	B-30939	15/06/2006
<i>axmi-043</i>	ATX15398	pAX2597	B-30941	15/06/2006
<i>axmi-033</i>	ATX14833	pAX4341	B-50047	29/05/2007
<i>axmi-034</i>	ATX14833	pAX4341	B-50047	29/05/2007
<i>axmi-022</i>	ATX13045	pAX022	B-30959	21/07/2006
<i>axmi-023</i>	ATX13045	pAX023	B-30960	21/07/2006
<i>axmi-041</i>	ATX21738	pAX4310	B-30943	15/06/2006
<i>axmi-063</i>	ATX12972	pAX5036	B-50048	29/05/2007
<i>axmi-064</i>	ATX12972	pAX5036	B-50048	29/05/2007

Por "toxina pesticida" o "proteína pesticida" se pretende una toxina que tiene actividad tóxica contra una o más plagas, incluyendo, pero sin limitación, los miembros de las órdenes de *Lepidoptera*, *Diptera*, y *Coleoptera*, oelphylum de *Nematoda*, o una proteína que tiene homología con tal proteína. Las proteínas plaguicidas han sido aisladas de organismos tal como, por ejemplo, *Bacillus sp.*, *Clostridium bifermentans* y *Paenibacillus popilliae*. Las proteínas pesticidas incluyen secuencias de aminoácidos deducidas de las secuencias de nucleótidos de longitud completa divulgadas en la presente memoria, y secuencias de aminoácidos que son más cortas que las secuencias de longitud completa, ya sea debido al uso de un sitio de inicio alternativo corriente abajo, o debido al procesamiento que produce una proteína más corta que tiene actividad pesticida. El procesamiento puede ocurrir en el organismo en el que es expresada la proteína o en la plaga tras la ingestión de la proteína.

Las proteínas pesticidas proporcionadas por la invención son polipéptidos aislados con actividad pesticida, seleccionados del grupo que consiste en:

1. a) un polipéptido que comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NÚM.: 2 o 61;
2. b) un polipéptido que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos una identidad de secuencia del 80% con respecto a la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NÚM.: 2 o 61, en el que dicho polipéptido tiene actividad pesticida;
3. c) un polipéptido codificado por la secuencia de nucleótidos de SEQ ID NÚM.: 1 o 60;
4. d) un polipéptido que está codificado por una secuencia de nucleótidos que es al menos 80% idéntica a la secuencia de nucleótidos de SEQ ID NÚM.: 1 o 60, en el que dicho polipéptido tiene actividad pesticida;

5. e) un polipéptido codificado por la secuencia de nucleótidos del inserto de ADN del plásmido depositado como Núm. de Acceso NRRL B-30961.

Las proteínas pesticidas abarcan las delta-endotoxinas. Las delta-endotoxinas incluyen proteínas identificadas como *cry I acry43*, *citlycyt2*, y toxina similar a Cit. Actualmente existen más de 250 especies conocidas de delta-endotoxinas con una amplia gama de especificidades y toxicidades. Para una lista expansiva véase Crickmore *et al.* (1998), Microbiol. Mol. Biol. Rev. 62:807-813, y para actualizaciones regulares véase Crickmore *et al.* (2003) "Bacillus thuringiensis toxin nomenclature," en www.biols.susx.ac.uk/Home/Neil_Crickmore/Et/index.

La invención también proporciona una molécula de ácido nucleico que comprende una secuencia de nucleótido seleccionada del grupo que consiste en:

- 10 a) la secuencia de nucleótidos de SEQ ID NÚM.: 1 o 60, o uno de sus complementos;
- b) una secuencia de nucleótidos que tiene al menos una identidad de secuencia del 80% con respecto a la secuencia de nucleótidos de SEQ ID NÚM.: 1 o 60, o uno de sus complementos;
- c) una secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido que comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NÚM.: 2 o 61;
- 15 d) una secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 80% de identidad de secuencia con la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NÚM.: 2 o 61;
- e) la secuencia de nucleótidos del inserto de ADN del plásmido depositado como Núm. de Acceso NRRL B-30961, o uno de sus complementos.

También son descritas en la presente memoria secuencias de nucleótidos que codifican polipéptidos con homología con varias otras clases conocidas de toxinas de proteínas pesticidas. Por ejemplo, *axmi-011*, *axmi-012*, *axmi-015*, *axmi-032*, *axmi-044*, *axmi-033*, *axmi-034*, *axmi-022*, *axmi-063*, y *axmi-064* demuestran homología con las toxinas binarias pesticidas tal como las toxinas VIP, Bin y MTX. Las toxinas VIP1/VIP2 (véase, por ejemplo, la Patente de los Estados Unidos 5.770.696) son toxinas plaguicidas binarias que exhiben una fuerte actividad en los insectos por un mecanismo que se presume implica endocitosis mediada por receptores seguida de la toxificación celular, similar al modo de acción de otras toxinas binarias ("A/B"). Las toxinas A/B tal como VIP, C2, CDT, CST, o el edema *B. anthracis* y las toxinas letales interactúan inicialmente con las células diana a través de una unión específica mediada por el receptor de los componentes "B" como monómeros. Estos monómeros luego forman homoheptámeros. El complejo heptámero-receptor "B" actúa entonces como una plataforma de acoplamiento que posteriormente se une y permite la translocación de un componente enzimático "A" en el citosol a través de la endocitosis mediada por el receptor. Una vez dentro del citosol de la célula, los componentes "A" inhiben la función celular normal, por ejemplo, la ADP-ribosilación de G-actina, o el aumento de los niveles intracelulares de AMP cíclico (Camp). Véase Barth *et al.* (2004) Microbiol Mol Biol Rev. 68:373-402.

Independientemente de las toxinas binarias de tipo A/B, son conocidas en la técnica otros tipos de toxinas binarias que actúan como proteínas pesticidas. Cry34Abl y Cry35Abl comprenden una toxina binaria con actividad pesticida identificada a partir de la cepa PS149B1 (Ellis *et al.* (2002) Appl Environ Microbiol. 68:1137-45). Estas toxinas tienen masas moleculares de aproximadamente 14 y 44 kDa, respectivamente. Han sido identificadas otras toxinas binarias con una organización y homología similares a Cry34Aa y Cry34Ab (Baum *et al.* (2004) Appl Environ Microbiol. 70:4889-98).

BinA y BinB son proteínas de *Bacillus sphaericus* que comprenden una proteína de toxina binaria de mosquitocida (Baumann *et al.* (1991) Microbiol. Rev. 55:425-36). Cry35 muestra la similitud de aminoácidos con estas proteínas BinA y BinB. Cry36 (ET69) y Cry38 (ET75) (Solicitud de Patente Internacional Núm. WO/00/66742-B) son péptidos aislados de forma independiente que también presentan una similitud de aminoácidos con BinA y BinB, y por lo tanto, es probable que incluyan toxinas binarias.

Cry23 (también conocida como cryET33; Patente de los Estados Unidos Núm. 6.063.756) y Cry37 (también conocida como cryET34; Patente de los Estados Unidos Núm. 6.063.756) también aparentan ser toxinas plaguicidas binarias. Cry23 también exhibe homología con toxinas MTX2 y MTX3. El término "MTX" es utilizado en la técnica para delinear un conjunto de proteínas pesticidas que son producidas por *Bacillus sphaericus*. La primera de estas, a menudo referida en la técnica como MTX1, es sintetizada como un cristal parasporal que es tóxico para los mosquitos. Los componentes principales del cristal son dos proteínas de 51 y 42 kDa, ya que la presencia de ambas proteínas es necesaria para la toxicidad, MTX1 es considerada una toxina "binaria" (Baumann *et al.* (1991) Microbiol. Rev. 55:425-436).

Mediante el análisis de diferentes cepas de *Bacillus sphaericus* con diferentes toxicidades, han sido identificadas dos nuevas clases de toxinas MTX. MTX2 y MTX3 representan clases separadas y relacionadas de toxinas plaguicidas que exhiben actividad pesticida. Véase, por ejemplo, Baumann *et al.* (1991) Microbiol. Rev. 55:425-436. MTX2 es una toxina de 100 kDa. Más recientemente MTX3 ha sido identificada como una toxina separada, aunque la

secuencia de aminoácidos de MTX3 de *B. sphaericus* es 38% idéntica a la toxina de MTX2 de *B. Sphaericus* SSII-1 (Liu, *et al.* (1996) Appl. Environ. Microbial. 62: 2174-2176).

De este modo, son proporcionadas en la presente memoria secuencias novedosas de nucleótidos aislados que confieren actividad pesticida. En particular, la molécula de ácido nucleico proporcionada por la invención es una que comprende una secuencia de nucleótido seleccionada del grupo que consiste en:

1. a) la secuencia de nucleótidos de SEQ ID NÚM.: 1 o 60, o uno de sus complementos;
2. b) una secuencia de nucleótidos que tiene al menos una identidad de secuencia del 80% con respecto a la secuencia de nucleótidos de SEQ ID NÚM.: 1 o 60, o uno de sus complementos;
3. c) una secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido que comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NÚM.: 2 o 61;
4. d) una secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 80% de identidad de secuencia con la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NÚM.: 2 o 61;
5. e) la secuencia de nucleótidos del inserto de ADN del plásmido depositado como Núm. de Acceso NRRL B-30961, o uno de sus complementos.

Estas secuencias de nucleótidos aislados codifican polipéptidos con homología con las delta-endotoxinas o toxinas binarias conocidas. También son proporcionadas secuencias de aminoácidos de las proteínas pesticidas. La proteína resultante de la traducción de este gen permite que las células controlen o exterminen las plagas que lo ingieren.

Por lo tanto, la presente invención proporciona además un polipéptido aislado con actividad pesticida, seleccionado del grupo que consiste en:

1. a) un polipéptido que comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NÚM.: 2 o 61;
2. b) un polipéptido que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos una identidad de secuencia del 80% con respecto a la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NÚM.: 2 o 61, en el que dicho polipéptido tiene actividad pesticida;
3. c) un polipéptido codificado por la secuencia de nucleótidos de SEQ ID NÚM.: 1 o 60;
4. d) un polipéptido que está codificado por una secuencia de nucleótidos que es al menos 80% idéntica a la secuencia de nucleótidos de SEQ ID NÚM.: 1 o 60, en el que dicho polipéptido tiene actividad pesticida;
5. e) un polipéptido codificado por la secuencia de nucleótidos del inserto de ADN del plásmido depositado como Núm. de Acceso NRRL B-30961.

Moléculas de ácido nucleico aisladas, sus variantes y fragmentos

Un aspecto de la invención pertenece a moléculas de ácido nucleico aisladas o recombinantes que comprenden secuencias de nucleótidos que codifican proteínas y polipéptidos pesticidas o sus porciones biológicamente activas. En particular, la molécula de ácido nucleico proporcionada es una que comprende una secuencia de nucleótidos seleccionada del grupo que consiste en:

1. a) la secuencia de nucleótidos de SEQ ID NÚM.: 1 o 60, o uno de sus complementos;
2. b) una secuencia de nucleótidos que tiene al menos una identidad de secuencia del 80% con respecto a la secuencia de nucleótidos de SEQ ID NÚM.: 1 o 60, o uno de sus complementos;
3. c) una secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido que comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NÚM.: 2 o 61;
4. d) una secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 80% de identidad de secuencia con la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NÚM.: 2 o 61;
5. e) la secuencia de nucleótidos del inserto de ADN del plásmido depositado como Núm. de Acceso NRRL B-30961, o uno de sus complementos.

Como se usa en la presente memoria, el término "molécula de ácido nucleico" tiene por objeto incluir moléculas de ADN (por ejemplo, ADN recombinante, ADNc o ADN genómico) y moléculas de ARN (por ejemplo, ARNm) y análogos del ADN o ARN generados mediante análogos de nucleótidos. La molécula de ácido nucleico puede ser monocatenario o bicatenario, pero preferentemente es ADN bicatenario.

Una molécula o proteína de ácido nucleico "aislada" o "purificada", o una de sus porciones biológicamente activas, está sustancialmente libre de otro material celular, o medio de cultivo cuando es producida por técnicas recombinantes, o sustancialmente libre de precursores químicos u otros químicos cuando es sintetizada químicamente. Preferentemente, un ácido nucleico "aislado" está libre de secuencias (preferentemente secuencias de codificación de proteínas) que flanquean naturalmente el ácido nucleico (es decir, secuencias localizadas en los extremos de 5' y 3' del ácido nucleico) en el ADN genómico del organismo del que se deriva el ácido nucleico. Para los propósitos de la invención, "aislado" cuando es utilizado para hacer referencia a moléculas de ácido nucleico excluye cromosomas aislados. Por ejemplo, en varias realizaciones, la molécula aislada de ácido nucleico que codifica una proteína pesticida puede contener menos de aproximadamente 5 kb, 4 kb, 3 kb, 2 kb, 1 kb, 0,5 kb, o 0,1 kb de secuencias de nucleótidos que flanquean naturalmente la molécula de ácido nucleico en el ADN genómico de la célula de la que es derivado el ácido nucleico. Una proteína pesticida que está sustancialmente libre de material celular incluye preparaciones de proteína que tienen menos de 30%, 20%, 10%, o 5% (por peso seco) de proteína no pesticida (también conocida en la presente memoria como "proteína contaminante").

Las secuencias de nucleótidos que codifican las proteínas de la presente invención incluyen la secuencia establecida en SEQ ID NÚM.: 1, 60, o la secuencia de nucleótidos depositada en un huésped bacteriano como Núm. de Acceso NRRL B-30961 y sus variantes, fragmentos y complementos, que tienen al menos un 80% de identidad de secuencia con las secuencias de nucleótidos representadas por SEQ ID NÚM.: 1, SEQ ID NÚM.: 60 o la secuencia de nucleótidos del inserto de ADN del plásmido depositado como Núm. de Acceso NRRL B-30961 y que codifican un polipéptido con actividad pesticida. Por "complemento" se pretende una secuencia de nucleótidos que es suficientemente complementaria a una secuencia de nucleótidos dada de manera tal que pueda hibridarse a la secuencia de nucleótidos dada para así formar un dúplex estable. La secuencia de aminoácidos correspondiente para la proteína pesticida codificada por esta secuencia de nucleótidos se establece en el NÚMERO de ID de SEQ: 2, 61, o el polipéptido codificado por la secuencia de nucleótidos del inserto de ADN del plásmido depositado como Núm. de Acceso NRRL B-30961.

Las moléculas de ácido nucleico que son fragmentos de estas secuencias de nucleótidos que codifican proteínas pesticidas también están abarcadas por la presente invención, a condición de que tengan al menos 80% de identidad de secuencia con la secuencia de nucleótidos de SEQ ID NÚM.: 1, SEQ ID NÚM.: 60, o la secuencia de nucleótidos del inserto de ADN del plásmido depositado como Núm. de Acceso NRRL B-30961, o uno de sus complementos, y dicho fragmento codifique un polipéptido que tiene actividad pesticida. Por "fragmento" se pretende por lo tanto una porción de la secuencia de nucleótidos que codifica una proteína pesticida. Un fragmento de una secuencia de nucleótidos codificará una porción biológicamente activa de una proteína pesticida. Las moléculas de ácido nucleico que son fragmentos de una secuencia de nucleótidos que codifica una proteína pesticida comprenden al menos aproximadamente 50, 100, 200, 300, 400, 500, 600, 700, 800, 900, 1000, 1100, 1200, 1300, 1350, 1400 nucleótidos contiguos, o hasta el número de nucleótidos presentes en una secuencia de nucleótidos de longitud completa que codifica una proteína pesticida divulgada en la presente memoria (por ejemplo, 957 nucleótidos para SEQ ID NÚM.:1;) dependiendo del uso previsto. Por nucleótidos "contiguos" se pretenden los residuos de nucleótidos previstos que son inmediatamente adyacentes uno al otro. Los fragmentos de las secuencias nucleótidas de la presente invención codifican fragmentos de proteína que retienen la actividad biológica de la proteína pesticida y, por lo tanto, retienen la actividad pesticida. Por "retiene la actividad" se pretende que el fragmento tenga al menos aproximadamente 30%, al menos aproximadamente 50%, al menos aproximadamente 70%, 80%, 90%, 95% o más de la actividad pesticida de la proteína pesticida. Los procedimientos para medir la actividad pesticida son bien conocidos en la técnica. Véase, por ejemplo, Czapla and Lang (1990) J. Econ. Entomol. 83:2480-2485; Andrews et al. (1988) Biochem. J. 252:199- 206; Marrone *et al.* (1985) J. of Economic Entomology 78:290-293; y la Patente de los Estados Unidos Núm. 5.743.477.

Un fragmento de una secuencia de nucleótidos que codifica una proteína pesticida que codifica una porción biológicamente activa de una proteína de la invención codificará al menos aproximadamente 15, 25, 30, 50, 75, 100, 125, 150, 175, 200, 250, 300, 350, 400, 450 aminoácidos contiguos, o hasta el número total de aminoácidos presentes en una proteína pesticida de longitud completa de la invención (por ejemplo, 318 aminoácidos para SEQ ID NÚM.:2).

Las proteínas pesticidas preferentes de la presente invención son codificadas por una secuencia de nucleótidos suficientemente idéntica a la secuencia de nucleótidos de SEQ ID NÚM.: 1 o 60. Por "suficientemente idéntica" se pretende una secuencia de aminoácidos o nucleótidos que tiene al menos 80%, 85%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% de identidad de secuencia o superior en comparación con una secuencia de referencia utilizando uno de los programas de alineación descritos en la presente memoria utilizando parámetros estándar. Aquellos con experiencia en la técnica reconocerán que estos valores pueden ser ajustados adecuadamente para determinar la identidad correspondiente de proteínas codificadas por dos secuencias de nucleótidos teniendo en cuenta la degeneración del codón, la similitud de aminoácidos, la lectura de la posición del marco, y similares.

Para determinar la identidad porcentual de dos secuencias de aminoácidos o de dos ácidos nucleicos, las secuencias son alineadas para fines de comparación óptimos. El código porcentual entre las dos secuencias es una función del número de posiciones idénticas compartidas por las secuencias (es decir, identidad porcentual= número

de posiciones idénticas/número total de posiciones (por ejemplo, posiciones superpuestas) x 100). En una realización, las dos secuencias tienen la misma longitud. El porcentaje de identidad entre dos secuencias puede ser determinado utilizando técnicas similares a las descritas a continuación, permitiendo o no huecos. Al calcular la identidad porcentual, típicamente se recuentan las coincidencias exactas.

- 5 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 como en Karlin and Altschul (1993) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 90:5873-5877. Este algoritmo es incorporado en los programas BLASTN y BLASTX de Altschul *et al.* (1990) J. Mol. Biol. 215:403. Las búsquedas de nucleótidos BLAST se pueden realizar con el programa BLASTN, puntuación = 100, longitud de palabra = 12, para obtener secuencias de nucleótidos homólogas a moléculas de ácido nucleico tipo pesticida de la invención. Las búsquedas de la proteína BLAST se pueden realizar con el programa BLASTX, puntuación = 50, longitud de palabra = 3, para obtener secuencias del aminoácido homólogas a las moléculas de la proteína pesticida de la invención. Para obtener alineaciones con huecos para propósitos de comparación, Gapped BLAST (en BLAST 2.0) puede ser utilizado según lo descrito en Altschul *et al.* (1997) Nucleic Acids Res. 25:3389. Alternativamente, PSI-Blast puede ser utilizado para realizar una búsqueda iterada que detecte relaciones distantes entre moléculas. Véase Altschul *et al.* (1997) *supra*. Cuando son utilizados los programas BLAST, GAP BLAST y PSI-Blast, pueden ser utilizados los parámetros predeterminados de los programas respectivos (por ejemplo, BLASTX y BLASTN). La alineación también puede ser realizada manualmente mediante inspección.
- 20 Otro ejemplo no limitante de un algoritmo matemático utilizado para la comparación de secuencias es el algoritmo de ClustalW (Higgins *et al.* (1994) Nucleic Acids Res. 22:4673-4680). ClustalW compara las secuencias y alinea la totalidad de la secuencia de aminoácidos o ADN, y por lo tanto puede proporcionar datos sobre la conservación de la secuencia completa de aminoácidos. El algoritmo ClustalW es utilizado en varios paquetes de software de análisis de ADN/aminoácidos disponibles comercialmente, tal como el módulo ALIGNX del Vector NTI Program Suite (Invitrogen Corporation, Carlsbad, CA). Después de la alineación de las secuencias de aminoácidos con ClustalW, se puede evaluar el porcentaje de identidad de aminoácidos. Un ejemplo no limitante de un programa de software útil para el análisis de alineaciones de ClustalW es GENEDOC™. GENEDOC™ (Karl Nicholas) permite evaluar la similitud e identidad de aminoácidos (o ADN) entre múltiples proteínas. 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.
- 30 Tal algoritmo es incorporado en el programa ALIGN (versión 2.0), que es parte del Paquete de Software de GCG Wisconsin Genetics, versión 10 (disponible en Accelrys, Inc., 9685 Scranton Rd., San Diego, CA, EE.UU.). Cuando es utilizado el programa ALIGN para comparar secuencias de aminoácidos, puede ser utilizada una tabla de residuos de peso de PAM120, una penalización de longitud de hueco de 12 y una penalización de hueco de 4.

- 35 A menos que se indique lo contrario, GAP Versión 10, que utiliza el algoritmo de Needleman and Wunsch (1970) J. Mol. Biol. 48(3):443-453, será utilizado para determinar la identidad o similitud de la secuencia utilizando los siguientes parámetros: % de identidad y % de similitud para una secuencia de nucleótidos utilizando Peso de GAP de 50 y Peso de Longitud de 3, y la matriz de puntuación nws gapdna.cmp; % de identidad o % de similitud para una secuencia de aminoácidos utilizando Peso de GAP de 8 y Peso de Longitud de 2, y el programa de puntuación de BLOSUM62. También pueden ser utilizados programas equivalentes. Por "programa equivalente" se pretende cualquier programa de comparación de secuencias que, para dos secuencias cualesquiera en cuestión, genera una alineación con idénticas coincidencias de residuos de nucleótidos y una identidad de secuencia de porcentaje idéntica en comparación con la alineación correspondiente generada por GAP Versión 10. La invención también abarca variantes moléculas de ácido nucleico. Las "variantes" de las secuencias de nucleótidos de codificación de la proteína pesticida incluyen aquellas secuencias que codifican las proteínas plaguicidas divulgadas en la presente memoria, pero que difieren en términos de conservación debido a la degeneración del código genético, así como las que son suficientemente idénticas como se discutió anteriormente. Las variantes alélicas naturales pueden identificarse con el uso de técnicas de biología molecular bien conocidas, como la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y técnicas de hibridación, como se describe a continuación. Las secuencias de nucleótidos variantes también incluyen secuencias de nucleótidos derivadas sintéticamente que se han generado, por ejemplo, mediante el uso de mutagénesis dirigida al sitio, pero que todavía codifican las proteínas pesticidas divulgadas en la presente invención como se discute a continuación. Las proteínas variantes abarcadas por la presente invención son biológicamente activas, es decir, continúan poseyendo la actividad biológica deseada de la proteína nativa, es decir, la actividad pesticida. Por "retiene la actividad" se pretende que la variante tendrá al menos aproximadamente el 30%, al menos aproximadamente el 50%, al menos aproximadamente el 70%, o al menos aproximadamente el 80% de la actividad pesticida de la proteína nativa. Los procedimientos para medir la actividad pesticida son bien conocidos en la técnica. Véase, por ejemplo, Czaplá and Lang (1990) J. Econ. Entomol. 83: 2480-2485; Andrews *et al.* (1988) Biochem. J. 252:199-206; Marrone *et al.* (1985) J. of Economic Entomology 78:290-293; y la Patente de los Estados Unidos Núm. 5.743.477.

- 60 Aquellos con experiencia en la técnica apreciará además que pueden ser introducidos cambios por la mutación de las secuencias nucleótidas de la invención, lo que conduce a cambios en la secuencia de aminoácidos de las proteínas pesticidas codificadas, sin alterar la actividad biológica de las proteínas. De este modo, las moléculas de ácido nucleico aisladas variantes pueden ser creadas introduciendo una o más sustituciones, adiciones, o

deleciones de nucleótidos en la secuencia de nucleótidos correspondiente divulgada en la presente memoria, de manera tal que una o más sustituciones de aminoácidos, adiciones o deleciones se introduzcan en la proteína codificada, a condición de que tengan al menos 80% de identidad de secuencia con las secuencias de nucleótidos de SEQ ID NÚM.: 1, SEQ ID NÚM.: 60, o la secuencia de nucleótidos del inserto de ADN del plásmido depositado como Núm. de Acceso NRRL B-30961 o uno de sus complementos y codifiquen un polipéptido que tenga actividad pesticida. Las mutaciones pueden ser introducidas mediante técnicas estándar, tal como la mutagénesis dirigida por el sitio y la mutagénesis mediada por PCR. Tales secuencias de nucleótidos variantes también están abarcadas por la presente invención, a condición de que tengan al menos 80% de identidad de secuencia con las secuencias de nucleótidos de SEQ ID NÚM.: 1, SEQ ID NÚM.: 60, o la secuencia de nucleótidos del inserto de ADN del plásmido depositado como Núm. de Acceso NRRL B-30961 o uno de sus complementos y codifiquen un polipéptido que tenga actividad pesticida.

Por ejemplo, las sustituciones conservadoras de aminoácidos pueden ser realizadas en uno o más residuos de aminoácidos no esenciales predichos. Un residuo de aminoácido "no esencial" es un residuo que puede alterarse a partir de la secuencia de tipo silvestre de una proteína pesticida sin alterar la actividad biológica, mientras que un residuo de aminoácido "esencial" es necesario para la actividad biológica. Una "sustitución conservadora de aminoácidos" es aquella en la que el residuo de aminoácidos es sustituido por un residuo de aminoácidos que tiene una cadena lateral similar. Las familias de residuos de aminoácidos que tienen cadenas laterales similares han sido definidas en la técnica. Estas familias incluyen aminoácidos con cadenas laterales básicas (por ejemplo, lisina, arginina, histidina), cadenas laterales ácidas (por ejemplo, ácido aspártico, ácido glutámico), cadenas laterales polares no cargadas (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 con ramificación beta (por ejemplo, treonina, valina, isoleucina) y cadenas laterales aromáticas (por ejemplo, tirosina, fenilalanina, triptófano, histidina).

Las delta-endotoxinas generalmente tienen cinco dominios de secuencia conservados y tres dominios estructurales conservados (véase, por ejemplo, de Maagd *et al.* (2001) Trends Genetics 17:193-199). El primer dominio estructural conservado consiste en siete hélices alfa y está implicado en la inserción de membranas y la formación de poros. El dominio II consiste en tres hojas beta dispuestas en una configuración de clave griega, y el dominio III consiste en dos hojas beta antiparalelas en la formación de "rollo de gelatina" (de Maagdet *al.*, 2001, *supra*). Los dominios II y III intervienen en el reconocimiento y la unión de los receptores y, por lo tanto, se consideran determinantes de la especificidad de la toxina.

Las sustituciones de aminoácidos pueden ser realizadas en regiones no conservadas que conservan su función. En general, tales sustituciones no se realizarían para residuos de aminoácidos conservados, ni para residuos de aminoácidos que residan dentro de un motivo conservado, cuando tales residuos sean esenciales para la actividad proteica. Los ejemplos de residuos que se conservan y que pueden ser esenciales para la actividad de las proteínas incluyen, por ejemplo, residuos que son idénticos entre todas las proteínas contenidas en una alineación de toxinas similares o relacionadas con las secuencias de la invención (por ejemplo, residuos que son idénticos entre todas las proteínas contenidas en la alineación en las Figuras 1, 2, 3, o 4). Los ejemplos de residuos que se conservan, pero que pueden permitir sustituciones conservadoras de aminoácidos y aún mantener la actividad incluyen, por ejemplo, residuos que sólo tienen sustituciones conservadoras entre todas las proteínas contenidas en una alineación de toxinas similares o relacionadas con las secuencias de la invención (por ejemplo, residuos que solo tienen sustituciones conservadoras entre todas las proteínas contenidas en la alineación en las Figuras 1, 2, 3 o 4). Sin embargo, aquellos con experiencia en la técnica comprenderán que las variantes funcionales pueden tener alteraciones menores conservadas o no conservadas en los residuos conservados.

Alternativamente, las secuencias de nucleótidos variantes pueden ser realizadas introduciendo mutaciones al azar a lo largo de la totalidad o parte de la secuencia de codificación, tal como por mutagénesis de saturación, y los mutantes resultantes pueden ser examinados para determinar la capacidad de conferir actividad pesticida para identificar mutantes que retienen la actividad. Tras la mutagénesis, la proteína codificada puede expresarse de forma recombinante, y la actividad de la proteína puede determinarse mediante técnicas de ensayo estándar.

Usando procedimientos tal como PCR, hibridación, y similares pueden ser identificadas secuencias de pesticidas correspondientes, tales secuencias teniendo una identidad sustancial con las secuencias de la invención, es decir, a condición de que tengan al menos 80% de identidad de secuencia con las secuencias de nucleótidos de SEQ ID NÚM.: 1, SEQ ID NÚM.: 60, o la secuencia de nucleótidos del inserto de ADN del plásmido depositado como Núm. de Acceso NRRL B-30961, o uno de sus complementos, y codifiquen un polipéptido que tenga actividad pesticida. Véase, por ejemplo, Sambrook and Russell (2001) Molecular Cloning: A Laboratory Manual. (Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY) e Innis, *et al.* (1990) PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications (Academic Press, NY).

En un procedimiento de hibridación, la totalidad o parte de la secuencia de nucleótido pesticida puede ser usada para detectar el ADNc o las bibliotecas genómicas. Los procedimientos para la construcción de tales bibliotecas de ADNc y genómicas son generalmente conocidos en la técnica y son desvelados en Sambrook and Russell, 2001, *supra*. Las denominadas sondas de hibridación pueden ser fragmentos de ADN genómico, fragmentos de ADNc, fragmentos de ARN u otros oligonucleótidos, y pueden etiquetarse con un grupo detectable tal como ³²P, o cualquier

otro marcador detectable, como otros radioisótopos, un compuesto fluorescente, una enzima o un cofactor enzimático. Las sondas para hibridación pueden ser fabricadas etiquetando oligonucleótidos sintéticos en base a la secuencia de nucleótidos conocida que codifica proteínas pesticidas divulgada en la presente memoria. Además, se pueden utilizar cebadores degenerados diseñados sobre la base de nucleótidos o residuos de aminoácidos conservados en la secuencia de nucleótidos o en la secuencia de aminoácidos codificados. La sonda típicamente comprende una región de secuencia de nucleótidos que es hibridada bajo condiciones estrictas a al menos aproximadamente 12, al menos aproximadamente 25, al menos aproximadamente 50, 75, 100, 125, 150, 175, o 200 nucleótidos consecutivos de secuencia de nucleótidos que codifican una proteína pesticida de la invención o uno de sus fragmentos o variantes. Los procedimientos para la preparación de sondas para la hibridación son generalmente conocidos en la técnica y son desvelados en Sambrook and Russell, 2001.

Por ejemplo, una secuencia completa de proteínas pesticidas divulgada en la presente memoria, o una o más de sus porciones, puede ser usada como una sonda capaz de hibridarse específicamente a las secuencias similares a las proteínas pesticidas correspondientes y a los ARN mensajero. Para lograr una hibridación específica bajo una variedad de condiciones, tales sondas incluyen secuencias que son únicas y son preferentemente al menos aproximadamente 10 nucleótidos de longitud, o al menos aproximadamente 20 nucleótidos de longitud. Dichas sondas pueden ser utilizadas para amplificar las secuencias plaguicidas correspondientes de un organismo seleccionado mediante PCR. Esta técnica puede ser utilizada para aislar secuencias de codificación adicionales de un organismo deseado o como ensayo diagnóstico para determinar la presencia de secuencias de codificación en un organismo. Las técnicas de hibridación incluyen la detección de bibliotecas de ADN chapadas (ya sea placas o colonias; véase, por ejemplo, Sambrook *et al.* (1989) *Molecular Cloning: A Laboratory Manual* (2d ed., Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, New York).

La hibridación de dichas secuencias puede ser realizada en condiciones estrictas. Por "condiciones estrictas" o "condiciones estrictas de hibridación" se pretenden condiciones bajo las cuales una sonda es hibridada a su secuencia objetivo en un grado de forma detectablemente mayor que a otras secuencias (por ejemplo, al menos 2 veces sobre el fondo). Las condiciones estrictas dependen de la secuencia y serán diferentes en diferentes circunstancias. Mediante el control de la severidad de las condiciones de hibridación y/o lavado, se pueden identificar secuencias diana que son 100% complementarias a la sonda (sondeo homólogo). Alternativamente, las condiciones de severidad pueden ajustarse para permitir una cierta falta de correspondencia en secuencias de modo que se detecten grados más bajos de similitud (sondeo heterólogo). Generalmente, una sonda tiene menos de 1000 nucleótidos de longitud, preferentemente menos de 500 nucleótidos de longitud.

Típicamente, las condiciones estrictas serán aquellas en las que la concentración de sal sea inferior a aproximadamente 1,5 M iones de Na, típicamente concentración de 0,01 a 1,0 M iones de Na (u otras sales) a pH de 7,0 a 8,3 y la temperatura sea de 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 de 50 nucleótidos). También se pueden lograr condiciones estrictas con la adición de agentes desestabilizadores tal como formamida. Las condiciones ejemplares de baja severidad incluyen hibridación con una solución tampón de formamida de 30 a 35%, NaCl de 1 M, SDS de 1% (sulfato de dodecilo sódico) a 37°C, y un lavado en 1X a 2X SSC (20X SSC= 3,0 M NaCl/0,3 M de citrato de trisódico) a 50 a 55°C. Las condiciones de severidad moderadas ejemplares incluyen hibridación en formamida de 40 a 45%, NaCl de 1,0 M, SDS de 1% a 37°C, y lavado en 0,5X a 1X SSC a 55 a 60°C. Entre las condiciones ejemplares de alta severidad se incluyen la hibridación en formamida al 50%, NaCl a 1 M, SDS al 1% a 37°C y un lavado en 0,1X SSC a 60 a 65°C. Opcionalmente, los tampones de lavado pueden comprender entre aproximadamente 0,1% y aproximadamente 1% de SDS. La duración de la hibridación es generalmente inferior a aproximadamente 24 horas, generalmente de aproximadamente 4 a aproximadamente 12 horas.

La especificidad suele ser la función de los lavados posteriores a la hibridación, siendo los factores críticos la fuerza iónica y la temperatura de la solución de lavado final. Para los híbridos ADN-ADN, la T_m puede aproximarse a partir de la ecuación de Meinkoth and Wahl (1984) *Anal. Biochem.* 138:267-284: $T_m = 81,5^\circ\text{C} + 16,6 (\log M) + 0,41 (\% \text{ de GC}) - 0,61 (\% \text{ de forma}) - 500/L$; Donde M es la molaridad de los 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 pares de base. La T_m es la temperatura (bajo fuerza iónica definida y pH) a la que el 50% de una secuencia de blanco complementaria se hibrida en una sonda perfectamente emparejada. T_m se reduce en aproximadamente 1°C por cada 1% de desajuste; por lo tanto, T_m , las condiciones de hibridación y/o lavado pueden ajustarse para hibridarse a secuencias de la identidad deseada. Por ejemplo, si se buscan secuencias con una identidad del 90%, la T_m puede reducirse a 10°C. En general, se seleccionan condiciones estrictas para que sean aproximadamente 5°C inferiores al punto de fusión térmica (T_m) para la secuencia específica y su complemento a una fuerza iónica y un pH definidos. Sin embargo, condiciones muy estrictas pueden utilizar una hibridación y/o lavado a 1, 2, 3 o 4°C menos que el punto de fusión térmica (T_m); las condiciones moderadamente estrictas pueden utilizar una hibridación y/o lavado a 6, 7, 8, 9 o 10°C menos que el punto de fusión térmica (T_m); las condiciones de baja severidad pueden utilizar una hibridación y/o lavado a 11, 12, 13, 14, 15, o 20 °C menos que el punto de fusión térmica (T_m). Usando la ecuación, la hibridación y las composiciones de lavado, y T_m deseados, aquellos con experiencia en la técnica comprenderán que las variaciones en la severidad de la hibridación y/o soluciones de lavado están inherentemente descritas. Si el grado deseado de desajuste resulta en un T_m menor que 45°C (solución acuosa) o 32°C (solución formamida), es preferente aumentar la concentración de SSC para que se

pueda utilizar una temperatura más alta. Una extensa guía para 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); y Ausubel *et al.*, eds. (1995) *Current Protocols in Molecular Biology*, Chapter 2 (Greene Publishing and Wiley-Interscience, New York). Véase Sambrook *et al.* (1989) *Molecular Cloning: A Laboratory Manual* (2° ed., Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, New York).

Proteínas aisladas y sus variantes y fragmentos

Las proteínas pesticidas también están incluidas dentro de la presente invención. Por "proteína pesticida" se pretende una proteína que tiene la secuencia de aminoácidos establecida en SEQ ID NÚM.:2 o 61.

También son proporcionados fragmentos, porciones biológicamente activas, y sus variantes, y pueden ser utilizados para practicar los procedimientos de la presente invención, a condición de que tengan al menos 80% de identidad de secuencia con la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NÚM.: 2 o 61, y tengan actividad pesticida.

Los "fragmentos" o "porciones biológicamente activas" incluyen fragmentos de polipéptido que comprenden secuencias de aminoácidos al menos al 80% idénticas a la secuencia de aminoácidos establecida en SEQ ID NÚM.:2, o 61, y que exhiben actividad pesticida. Una porción biológicamente activa de una proteína pesticida puede ser un polipéptido que es de, por ejemplo, 10, 25, 50, 100, 150, 200, 250 o más aminoácidos de longitud. Tales porciones biológicamente activas pueden ser preparadas por técnicas recombinantes y evaluadas para la actividad pesticida. Los procedimientos para medir la actividad pesticida son bien conocidos en la técnica. Véase, por ejemplo, Czaplá and Lang (1990) *J. Econ. Entomol.* 83:2480-2485; Andrews *et al.* (1988) *Biochem. J.* 252:199-206; Marrone *et al.* (1985) *J. of Economic Entomology* 78:290-293; y la Patente de los Estados Unidos Núm. 5.743.477. Como se usa en la presente memoria, un fragmento comprende al menos 8 aminoácidos contiguos de SEQ ID NÚM.:2 o 61. La invención abarca otros fragmentos, sin embargo, tal como cualquier fragmento en la proteína mayor que 50, 100, 150, 200, 250, o 300 aminoácidos.

Por "variantes" se pretende proteínas o polipéptidos que tienen una secuencia de aminoácidos que es al menos 80%, 85%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% o 99% idéntica a la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NÚM.:2 o 61. Las variantes también incluyen polipéptidos codificados por una molécula de ácido nucleico que se hibrida a la molécula de ácido nucleico de SEQ ID NÚM.: 1 o 60, o uno de sus complementos, en condiciones estrictas. Las variantes incluyen polipéptidos que difieren en la secuencia de aminoácidos debido a la mutagénesis, a condición de que tengan al menos un 80% de identidad de secuencia con la secuencia de nucleótidos de SEQ ID NÚM.: 2 o 61, o uno de sus complementos, y codifiquen un polipéptido que tenga actividad pesticida. Las proteínas variantes abarcadas por la presente invención son biológicamente activas, es decir, continúan poseyendo la actividad biológica deseada de la proteína nativa, es decir, reteniendo actividad pesticida. Los procedimientos para medir la actividad pesticida son bien conocidos en la técnica. Véase, por ejemplo, Czaplá and Lang (1990) *J. Econ. Entomol.* 83:2480-2485; Andrews *et al.* (1988) *Biochem. J.* 252:199-206; Marrone *et al.* (1985) *J. of Economic Entomology* 78:290-293; y la Patente de los Estados Unidos Núm. 5.743.477.

Los genes bacterianos, tal como los genes *axmi* de la presente invención, muy a menudo poseen múltiples codones de iniciación de metionina en proximidad al comienzo del marco de lectura abierto. A menudo, la iniciación de la traducción en uno o más de estos codones de inicio llevará a la generación de una proteína funcional. Estos codones de inicio pueden incluir codones ATG. Sin embargo, bacterias tal como *Bacillus sp.* también reconocen el codón GTG como un codón inicial, y las proteínas que inician la traducción en los codones GTG contienen una metionina en el primer aminoácido. Además, a menudo no se determina *a priori* cuál de estos codones son utilizados naturalmente en la bacteria. Por lo tanto, se entiende que el uso de uno de los codones alternativos de metionina también puede conducir a la generación de proteínas pesticidas. Estas proteínas pesticidas están abarcadas en la presente invención y pueden usarse en los procedimientos de la presente invención.

También se hace referencia a los anticuerpos contra los polipéptidos de la presente invención, o a sus variantes o fragmentos. Los procedimientos de producción de anticuerpos son bien conocidos en la técnica (véase, por ejemplo, Harlow and Lane (1988) *Antibodies: A Laboratory Manual*, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY; Patente de los Estados Unidos Núm. 4.196.265).

Variantes alteradas o mejoradas

Es reconocido que las secuencias de ADN de una proteína pesticida pueden ser alteradas por diversos procedimientos, y que estas alteraciones pueden resultar en secuencias de ADN codificando proteínas con secuencias de aminoácidos diferentes a las codificadas por una proteína pesticida de la presente invención. Esta proteína puede ser alterada de varias maneras incluyendo sustituciones, deleciones, truncaciones, e inserciones de aminoácidos de uno o más aminoácidos de SEQ ID NÚM.:2 o 61, incluyendo hasta aproximadamente 2, aproximadamente 3, aproximadamente 4, aproximadamente 5, aproximadamente 6, aproximadamente 7, aproximadamente 8, aproximadamente 9, aproximadamente 10, aproximadamente 15, Aproximadamente 20, aproximadamente 25, aproximadamente 30, aproximadamente 35 sustituciones, deleciones o inserciones de aminoácidos, a condición de que tengan al menos un 80% de identidad de secuencia con la secuencia de nucleótidos de SEQ ID NÚM.: 2 o 61, o uno de sus complementos, y codificar un polipéptido que tenga actividad

pesticida. Los procedimientos para tales manipulaciones son generalmente conocidos en la técnica. Por ejemplo, las variantes de la secuencia de aminoácidos de una proteína pesticida pueden ser preparadas por mutaciones en el ADN. Esto también puede ser logrado por una de varias formas de mutagénesis y/o en la evolución dirigida. En algunos aspectos, los cambios codificados en la secuencia de aminoácidos no afectarán sustancialmente la función de la proteína. Tales variantes poseerán la actividad pesticida deseada. Sin embargo, se entiende que la capacidad de una proteína pesticida para conferir actividad pesticida puede ser mejorada por el uso de tales técnicas sobre las composiciones de esta invención. Por ejemplo, se puede expresar una proteína pesticida en las células huésped que exhiben altas tasas de incorporación incorrecta de la base durante la replicación del ADN, tal como XL-I Red (Stratagene, La Jolla, CA). Después de la propagación en tales cepas, se puede aislar el ADN (por ejemplo, por preparación de ADN plasmídico, o amplificación por PCR y clonación del fragmento PCR resultante en un vector), cultivar las mutaciones de la proteína pesticida en una cepa no mutagénica, e identificar genes mutados con actividad pesticida, por ejemplo realizando un ensayo para probar la actividad pesticida. Por lo general, la proteína es mezclada y utilizada en ensayos de alimentación. Véase, por ejemplo, Marrone *et al.* (1985) *J. of Economic Entomology* 78:290-293. Tales ensayos pueden incluir el contacto de plantas con una o más plagas y determinar la capacidad de la planta para sobrevivir y/o causar la muerte de las plagas. Se encuentran ejemplos de mutaciones que dan lugar a un aumento de la toxicidad en Schnepf *et al.* (1998) *Microbiol. Mol. Biol. Rev.* 62:775-806.

Alternativamente, se pueden realizar alteraciones en la secuencia de proteínas de muchas proteínas en el terminal amino o carboxi sin afectar sustancialmente la actividad. Esto puede incluir inserciones, delecciones o alteraciones introducidas por procedimientos moleculares modernos, tal como PCR, incluyendo amplificaciones de PCR que alteran o extienden la secuencia de codificación de proteínas mediante la inclusión de secuencias de codificación de aminoácidos en los oligonucleótidos utilizados en la amplificación de PCR. Alternativamente, las secuencias de proteínas añadidas pueden incluir secuencias completas de codificación de proteínas, como las utilizadas comúnmente en la técnica para generar fusiones de proteínas. Tales proteínas de fusión a menudo son utilizadas para (1) aumentar la expresión de una proteína de interés (2) introducir un dominio de unión, actividad enzimática, o epítipo para facilitar la purificación de proteínas, la detección de proteínas, u otros usos experimentales conocidos en la técnica, (3) dirigir la secreción o la traducción de una proteína a un organelo subcelular, tal como el espacio periplásmico de bacterias Gram-negativas, o el retículo endoplásmico de células eucariotas, el último de los cuales a menudo resulta en la glicosilación de la proteína.

Las secuencias variantes de nucleótido y aminoácidos de la presente invención también abarcan secuencias derivadas de procedimientos mutagénico y recombinogénicos tal como transposición de ADN. Con tal procedimiento, una o más diferentes regiones de codificación de proteínas pesticidas pueden ser utilizadas para crear una nueva proteína pesticida que posea las propiedades deseadas. De esta manera, las bibliotecas de polinucleótidos recombinantes son generadas a partir de una población de polinucleótidos de secuencia relacionados que comprenden regiones de secuencia que tienen una identidad de secuencia sustancial y pueden ser recombinadas de forma homologada *in vitro* o *in vivo*. Por ejemplo, utilizando este enfoque, los motivos de secuencia que codifican un dominio de interés pueden ser mezclados entre un gen pesticida de la invención y otros genes pesticidas conocidos para obtener un nuevo gen que codifica para una proteína con una propiedad mejorada de interés, tal como un aumento de la actividad insecticida. Las estrategias para tal transposición de ADN son conocidas en la técnica. Véase, 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 las Patentes de los Estados Unidos Núm. 5.605.793 y 5.837.458.

El intercambio de dominios o la transposición es otro mecanismo para generar proteínas plaguicidas alteradas. Los dominios pueden intercambiarse entre proteínas pesticidas, lo que resulta en toxinas híbridas o quiméricas con una mejor actividad pesticida o espectro objetivo. Los procedimientos para generar proteínas recombinantes y probarlas para la actividad pesticida son bien conocidos en la técnica (véase, 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).

Vectores

Una secuencia pesticida de la invención puede ser proporcionada en un casete de expresión para expresión en una planta de interés. Por "casete de expresión vegetal" se pretende una construcción de ADN que es capaz de resultar en la expresión de una proteína a partir de un marco de lectura abierto en una célula de planta. Típicamente contienen un promotor y una secuencia de codificación. A menudo, tales construcciones también contendrán una región no traducida de 3'. Tales construcciones pueden contener una "secuencia de señal" o "secuencia de líder" para facilitar el transporte cotranslacional o postranslacional del péptido a ciertas estructuras intracelulares tal como el cloroplasto (u otro plástido), el retículo endoplásmico o el aparato de Golgi.

Por "secuencia de señal" se pretende una secuencia que se sabe o se sospecha que da lugar a transporte de péptidos cotranslacionales o postranslacionales a través de la membrana celular. En los eucariotas, esto típicamente implica secreción en el aparato de Golgi, con algún resultado de glicosilación. Las toxinas insecticidas de las bacterias a menudo son sintetizadas como protoxinas, que son protolíticamente activadas en el intestino de la plaga

objetivo (Chang (1987) *Methods Enzymol.* 153:507-516). En algunas realizaciones de la presente invención, la secuencia de señal se encuentra en la secuencia nativa, o puede ser derivada de una secuencia de la invención. Por "secuencia de líder" se pretende cualquier secuencia que, cuando se traduce, resulta en una secuencia de aminoácidos suficiente para desencadenar el transporte cotraslacional de la cadena peptídica a un organelo subcelular. De este modo, esto incluye secuencias de líderes dirigidas al transporte y/o la glicosilación por el paso en el retículo endoplásmico, pasos a vacuolas, plástidos incluyendo cloroplastos, mitocondrias, y similares.

Por "vector de transformación vegetal" se pretende una molécula de ADN que es necesaria para la transformación eficiente de una célula vegetal. Tal molécula puede consistir en uno o más casetes de expresión vegetal, y puede organizarse en más de una molécula de ADN "vectorial". Por ejemplo, los vectores binarios son vectores de transformación vegetal que utilizan dos vectores de ADN no contiguos para codificar todas las funciones actoras cis y trans necesarias para la transformación de células vegetales (Hellens and Mullineaux (2000) *Trends in Plant Science* 5:446-451). "Vector" se refiere a una construcción de ácido nucleico diseñada para la transferencia entre diferentes células huésped. "Vector de expresión" se refiere a un vector que tiene la capacidad de incorporar, integrar y expresar secuencias o fragmentos de ADN heterólogos en una célula extraña. El casete incluye secuencias reguladoras de 5' y 3' vinculadas operativamente a una secuencia de la invención. Por "ligado operativamente" se pretende un vínculo funcional entre un promotor y una segunda secuencia, en la que la secuencia del promotor inicia y media la transcripción de la secuencia de ADN correspondiente a la segunda secuencia. Generalmente, ligado operativamente significa que las secuencias de ácido nucleico que se enlazan son contiguas y, cuando es necesario para unir dos regiones de codificación de proteínas, contiguas y en el mismo marco de lectura. Además, el casete puede contener al menos un gen adicional que se cotransforme en el organismo. Alternativamente, el gen adicional puede ser proporcionado en casetes de expresión múltiple.

"Promotor" se refiere a una secuencia de ácido nucleico que funciona para la transcripción directa de una secuencia de codificación descendente. El promotor, junto con otras secuencias de ácido nucleico reguladoras transcripcionales y traslacionales (también denominadas "secuencias de control"), es necesario para la expresión de una secuencia de ADN de interés.

Tal casete de expresión es proporcionado con una pluralidad de sitios de restricción para la inserción de la secuencia pesticida para que esté bajo la regulación transcripcional de las regiones reguladoras.

El casete de expresión incluirá en la dirección de transcripción de 5'-3', una región de iniciación transcripcional y traslacional (es decir, un promotor), una secuencia de ADN de la invención, y una región de terminación traslacional y transcripcional (es decir, una región de terminación) funcional en las plantas. El promotor puede ser nativo o análogo, o extranjero o heterólogo, al huésped vegetal y/o a la secuencia de ADN de la invención. Además, el promotor puede ser la secuencia natural o alternativamente una secuencia sintética. Cuando el promotor es "nativo" o "homólogo" al huésped vegetal, se pretende que el promotor se encuentre en la planta nativa en la que se introduce el promotor. Cuando el promotor es "extranjero" o "heterólogo" a la secuencia de ADN de la invención, se pretende que el promotor no sea el promotor nativo o naturalmente que ocurre para la secuencia de ADN ligada operativamente de la invención.

La región de terminación puede ser nativa con la región de iniciación transcripcional, puede ser nativa con la secuencia de ADN de interés ligada operativamente, puede ser nativa con el huésped vegetal, o puede derivarse de otra fuente (es decir, extranjera o heteróloga al promotor, la secuencia de ADN de interés, el huésped vegetal, o cualquiera de sus combinaciones). Las regiones de terminación convenientes están disponibles en el TI-plásmido de *A. tumefaciens*, tal como las regiones de terminación de la sintasa de la octopina y de la sintasa de la nopalina. Véase 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 adecuado, el gen puede ser optimizado para aumentar la expresión en la célula huésped transformada. Es decir, los genes pueden ser sintetizados utilizando codones preferentes por células huésped para mejorar la expresión, o pueden ser sintetizados usando codones en una frecuencia de uso de codones preferentes por el huésped. Por lo general, el contenido de GC del gen aumentará. Véase, por ejemplo, Campbell and Gowri (1990) *Plant Physiol.* 92:1-11 para una discusión sobre el uso del codón preferente por el huésped. Los procedimientos están disponibles en la técnica para sintetizar los genes vegetales preferentes. Véanse, por ejemplo, las Patentes de los Estados Unidos Núm. 5.380.831 y 5.436.391 y Murray *et al.* (1989) *Nucleic Acids Res.* 17:477-498.

En una realización, la proteína pesticida está dirigida al cloroplasto para su expresión. De esta manera, cuando la proteína pesticida no es insertada directamente en el cloroplasto, el casete de expresión contiene además un ácido nucleico que codifica un péptido de tránsito para dirigir la proteína pesticida a los cloroplastos. Tales péptidos de tránsito son conocidos en la técnica. Véase, 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.

El gen pesticida a ser dirigido al cloroplasto puede ser optimizado para su expresión en el cloroplasto para considerar las diferencias en el uso de codón entre el núcleo vegetal y este organelo. De esta manera, los ácidos

nucleicos de interés pueden ser sintetizados utilizando codones preferentes por el cloroplasto. Véase, por ejemplo, la Patente de los Estados Unidos Núm. 5.380.831.

Transformación vegetal

Los procedimientos de la invención implican introducir una construcción de nucleótido en una planta. Por "introducir" se pretende presentar a la planta la construcción de nucleótidos de manera tal que la construcción gane acceso al interior de una célula vegetal. Los procedimientos de la invención no requieren que sea utilizado un procedimiento particular para introducir una construcción de nucleótido a una, sólo que la construcción de nucleótido gane acceso al interior de al menos una célula vegetal. Los procedimientos para introducir construcciones de nucleótidos en las plantas son conocidos en la técnica incluyendo, pero sin limitación, procedimientos de transformación estables, procedimientos de transformación transitorios, y procedimientos mediados por virus.

Por "planta" se pretende plantas enteras, órganos vegetales (por ejemplo, hojas, tallos, raíces, etc.), semillas, células vegetales, propágulos, embriones y progenie de la misma. Las células vegetales pueden diferenciarse o no diferenciarse (por ejemplo, callo, células de cultivo en suspensión, protoplastos, células de hoja, células de raíz, células del floema, polen). "Plantas transgénicas" o "plantas transformadas" o plantas o células o tejidos "transformadas de manera estable" se refieren a plantas que han incorporado o integrado secuencias de ácidos nucleicos exógenos o fragmentos de ADN en la célula vegetal. Estas secuencias de ácidos nucleicos incluyen aquellas que son exógenas, o no están presentes en la célula vegetal no transformada, así como aquellas que pueden ser endógenas, o presentes en la célula vegetal no transformada.

"Heterólogo" se refiere generalmente a las secuencias de ácido nucleico que no son endógenas para la célula o parte del genoma nativo en el que están presentes, y que se han añadido a la célula por infección, transfección, microinyección, electroporación, microproyección, o similares.

La transformación de las células vegetales puede ser lograda mediante una de las diversas técnicas conocidas en la técnica. El gen pesticida de la invención puede ser modificado para obtener o mejorar la expresión en células de planta. Típicamente una construcción que expresa tal proteína contendría un promotor para conducir la transcripción del gen, así como una región no traducida de 3' para permitir la terminación de la transcripción y la poliadenilación. La organización de tales construcciones es bien conocida en la técnica. En algunos casos, puede ser útil diseñar el gen de manera tal que el péptido resultante sea secretado, o de otra manera dirigido dentro de la célula vegetal. Por ejemplo, el gen puede ser diseñado para contener un péptido de señal para facilitar la transferencia del péptido al retículo endoplásmico. También puede ser preferente diseñar el casete de expresión vegetal para que contenga un intrón, de manera que el procesamiento de ARNm del intrón sea requerido para la expresión.

Típicamente este "casete de expresión vegetal" será insertado en un "vector de transformación vegetal". Este vector de transformación vegetal puede estar compuesto por uno o más vectores de ADN necesarios para lograr la transformación vegetal. Por ejemplo, es una práctica común en la técnica utilizar vectores de transformación vegetal compuestos por más de un segmento de ADN contiguo. Estos vectores son a menudo referidos en la técnica como "vectores binarios". Los vectores binarios, así como los vectores con plásmidos auxiliares, son utilizados con mayor frecuencia para la transformación mediada por *Agrobacterium*, en la que el tamaño y la complejidad de los segmentos de ADN necesarios para lograr una transformación eficiente son bastante grandes, y es ventajoso separar las funciones en moléculas de ADN separadas. Los vectores binarios suelen contener un vector plasmídico que contiene las secuencias de acción cis necesarias para la transferencia de ADN T (tal como el borde izquierdo y el borde derecho), un marcador seleccionable diseñado para ser capaz de expresarse en una célula vegetal, y un "gen de interés" (un gen diseñado para ser capaz de expresarse en una célula vegetal para la que se desea generar plantas transgénicas). También están presentes en este vector plasmídico las secuencias necesarias para la replicación bacteriana. Las secuencias de acción cis están dispuestas de manera que permiten una transferencia eficiente a las células vegetales y su expresión. Por ejemplo, el gen marcador seleccionable y el gen pesticida se encuentran entre los bordes izquierdos y derechos. A menudo, un segundo vector plasmídico contiene los factores de transacción que median la transferencia de ADN T de *Agrobacterium* a las células vegetales. Este plásmido a menudo contiene las funciones de virulencia (genes Vir) que permiten la infección de las células vegetales por *Agrobacterium*, y la transferencia de ADN por la escisión en las secuencias fronterizas y la transferencia de ADN mediada por vir, como se comprende en la técnica (Hellens and Mullineaux (2000) Trends in Plant Science 5:446-451). Varios tipos de cepas de *Agrobacterium* (por ej., LBA4404, GV3101, EHA101, EHA105, etc.) pueden ser usados para la transformación vegetal. El segundo vector plasmídico no es necesario para transformar las plantas mediante otros procedimientos tal como microproyección, microinyección, electroporación, polietilenglicol, etc.

En general, los procedimientos de transformación vegetal implican la transferencia de ADN heterólogo a las células vegetales diana (por ejemplo, embriones inmaduros o maduros, cultivos en suspensión, callos indiferenciados, protoplastos, etc.), a continuación, es aplicado un nivel de umbral máximo de selección adecuada (dependiendo del gen marcador seleccionable) para recuperar las células vegetales transformadas de un grupo de masa celular no transformada. Los explantos son típicamente transferidos a un suministro fresco del mismo medio y cultivados rutinariamente. Posteriormente, las células transformadas se diferencian en brotes tras colocar el medio de regeneración complementado con un nivel de umbral máximo del agente de selección. Después, los brotes son

transferidos a un medio de enraizamiento selectivo para la recuperación de la raíz o plántula. La plántula transgénica crece hasta convertirse 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 explantos son típicamente transferidos a un suministro fresco del mismo medio y cultivados rutinariamente. Una descripción general de las técnicas y procedimientos para generar plantas 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 numerosas células; tanto las células transformadas como las no transformadas están presentes en cualquier fragmento de callo o tejido o grupo de células diana sometido. La capacidad de exterminar células no transformadas y permitir que las células transformadas proliferen da lugar a cultivos vegetales transformados. A menudo, la capacidad de eliminar células no transformadas es una limitación a la recuperación rápida de células vegetales transformadas y a la generación exitosa de plantas transgénicas.

Los protocolos de transformación, así como los protocolos para introducir secuencias de nucleótidos en las plantas, pueden variar dependiendo del tipo de planta o célula vegetal, es decir, monocotiledóneas o dicotiledóneas, destinado a la transformación. La generación de plantas transgénicas puede realizarse mediante uno de varios procedimientos, incluyendo, pero sin limitación, microinyección, electroporación, transferencia directa de genes, introducción de ADN heterólogo por *Agrobacterium* en células vegetales (transformación mediada por *Agrobacterium*), bombardeo de células vegetales con ADN extranjero heterólogo adherido a partículas, aceleración de partículas balísticas, transformación de haces en aerosol (Publicación de Solicitud de los Estados Unidos Núm. 20010026941; Patente de los Estados Unidos Núm. 4.945.050, Publicación Internacional Núm. WO 91/00915; Publicación de Solicitud de los Estados Unidos Núm. 2002015066), transformación *Lec1*, y varios otros procedimientos no mediados por partícula directa para transferir ADN.

Los procedimientos para la transformación de los cloroplastos son conocidos en la técnica. Véase, 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 procedimiento depende de la administración de una administración de ADN por arma de partículas que contiene un marcador seleccionable y la focalización del ADN al genoma plástido a través de la recombinación homóloga. Además, la transformación de plástidos se puede lograr mediante la transactivación de un transgen silencioso transmitido por plástidos mediante la expresión de tejido preferente de una ARN polimerasa codificada y dirigida por plástidos. Tal sistema ha sido informado en McBride *et al.* (1994) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 91:7301-7305.

Tras de la integración del ADN extraño heterólogo en las células vegetales, se aplica un nivel umbral máximo de selección adecuada en el medio para exterminar las células no transformadas y separar y proliferar las células transformadas putativamente que sobreviven de este tratamiento de selección mediante la transferencia regular a un medio fresco. Mediante el paso continuo y el desafío con la selección adecuada, se identifican y proliferan las células que se transforman con el vector plasmídico. Se pueden utilizar procedimientos moleculares y bioquímicos para confirmar la presencia del gen heterólogo integrado de interés en el genoma de la planta transgénica.

Las células que han sido transformadas pueden ser cultivadas en plantas de acuerdo con las formas convencionales. Véase, por ejemplo, McCormick *et al.* (1986) *Plant Cell Reports* 5:81-84. Estas plantas pueden ser cultivadas, y polinizadas con la misma cepa transformada o diferentes cepas, y el híbrido resultante tiene la expresión constitutiva de la característica fenotípica deseada identificada. Pueden cultivarse dos o más generaciones para asegurar que la expresión de la característica fenotípica deseada se mantenga y herede de manera estable y luego se cosechan semillas para asegurar la expresión de la característica fenotípica deseada. De esta manera, la presente invención proporciona una semilla transformada (también denominada "semilla transgénica") teniendo un nucleótido construcción de la invención, por ejemplo, un casete de expresión de la invención, incorporado de manera estable en su genoma.

Evaluación de la transformación vegetal

Tras la introducción del ADN extraño heterólogo en las células vegetales, la transformación o integración del gen heterólogo en el genoma vegetal se confirma mediante diversos procedimientos, como el análisis de ácidos nucleicos, proteínas y metabolitos asociados con el gen integrado.

El análisis de PCR es un procedimiento rápido para detectar células, tejidos o brotes transformados en busca de la presencia de genes incorporados en la fase anterior antes del trasplante al suelo (Sambrook and Russell (2001) *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*. Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY). La PCR se lleva a cabo utilizando cebadores de oligonucleótidos específicos del gen de interés o del vector *Agrobacterium* de fondo, etc.

La transformación vegetal puede confirmarse mediante el análisis Southern Blot de ADN genómico (Sambrook and Russell, 2001, *supra*). En general, el ADN total se extrae del transformante, se digiere con enzimas de restricción adecuadas, se fracciona en un gel de agarosa y se transfiere a una membrana de nilón o nitrocelulosa. La membrana o "blot" es entonces sondeada con, por ejemplo, el fragmento de ADN blanco ³²P radiomarcado para confirmar la integración del gen introducido en el genoma vegetal de acuerdo con las técnicas estándar (Sambrook and Russell, 2001, *supra*).

En el análisis Northern blot, se aísla ARN de tejidos específicos de transformante, se fracciona en un gel de agarosa formaldehído, y se transfiere en un filtro de nylon de acuerdo con los procedimientos estándar que se utilizan rutinariamente en la técnica (Sambrook and Russell, 2001,*supra*). La expresión del ARN codificado por el gen pesticida es entonces probada hibridando el filtro a una sonda radiactiva derivada de un gen pesticida, por procedimientos conocidos en la técnica (Sambrook and Russell, 2001, *supra*).

Se pueden realizar Western blot, ensayos bioquímicos y similares en las plantas transgénicas para confirmar la presencia de proteínas codificadas por el gen pesticida mediante procedimientos estándar (Sambrook and Russell, 2001,*supra*) utilizando anticuerpos que se unen a uno o más epítomos presentes en la proteína pesticida.

Actividad pesticida en plantas

En otro aspecto de la invención, se pueden generar plantas transgénicas que expresen una proteína pesticida que tiene actividad pesticida. Los procedimientos descritos anteriormente a modo de ejemplo pueden utilizarse para generar plantas transgénicas, pero la forma en que se generan las células vegetales transgénicas no es crítica para esta invención. Los procedimientos conocidos o descritos en la técnica, tal como la transformación mediada por *Agrobacterium*, la transformación biolística y los procedimientos no mediados por partículas pueden usarse a discreción del experimentador. Las plantas que expresan una proteína pesticida pueden aislarse mediante procedimientos comunes descritos en la técnica, por ejemplo, mediante la transformación del callo, la selección del callo transformado y la regeneración de plantas fértiles a partir de tal callo transgénico. En ese proceso, se puede utilizar cualquier gen como marcador seleccionable a condición de que su expresión en las células vegetales confiera la capacidad de identificar o seleccionar células transformadas.

Se han desarrollado una serie de marcadores para su uso con células vegetales, tal como la resistencia al cloranfenicol, el aminoglucósido G418, higromicina, o similares. Otros genes que codifican un producto implicado en el metabolismo del cloroplasto también pueden usarse como marcadores seleccionables. Por ejemplo, los genes que proporcionan resistencia a herbicidas vegetales tal como el glifosato, el bromoxinilo o la imidazolinona pueden encontrar un uso particular. Tales genes han sido informados (Stalker *et al.* (1985) J. Biol. Chem. 263:6310-6314 (gen de la nitrilasa de resistencia al bromoxinilo); y Sathasivan *et al.* (1990) Nucl. Acids Res. 18:2188 (gen de resistencia a imidazolinona AHAS). Además, los genes divulgados en la presente memoria son útiles como marcadores para evaluar la transformación de las células bacterianas o vegetales.

Los procedimientos para detectar la presencia de un transgen en una planta, un órgano vegetal (por ejemplo, hojas, tallos, raíces, etc.), su semilla, célula vegetal, propagación, embrión o progenie son bien conocidos en la técnica. En una realización, la presencia del transgen se detecta mediante pruebas de actividad pesticida.

Las plantas fértiles que expresan una proteína pesticida pueden ser probadas para la actividad pesticida, y las plantas que muestran la actividad óptima pueden ser seleccionadas para la mejora. Los procedimientos están disponibles en la técnica para el ensayo para la actividad de la plaga. Por lo general, la proteína se mezcla y se utiliza en ensayos de alimentación. Véase, por ejemplo, Marrone *et al.* (1985) J. of Economic Entomology 78:290-293.

La presente invención puede usarse para la transformación de cualquier especie vegetal, incluyendo, pero sin limitación, monocotiledóneas y dicotiledóneas. Los ejemplos de plantas de interés incluyen, pero sin limitación, maíz (mazorca), sorgo, trigo, girasol, tomate, crucíferas, pimientos, patata, algodón, arroz, soja, remolacha, caña de azúcar, tabaco, Cebada, y colza, *Brassicasp.*, alfalfa, centeno, mijo, azafrán, cacahuetes, batata, yuca, café, coco, piña, cítricos, cacao, té, plátano, aguacate, higo, guayaba, mango, oliva, papaya, anacardo, macadamia, almendra, avena, verduras, plantas ornamentales y coníferas.

Los vegetales incluyen, pero sin limitación, tomates, lechuga, judías verdes, habas de lima, Guisantes, y miembros del género *Curcuma* tal como pepino, melón de cantalupo, y melón de almizcle. Las plantas ornamentales incluyen, pero sin limitación, azalea, hydrangea, hibisco, rosas, tulipanes, narcisos, petunias, clavel, poinsettia, y crisantemo. Preferentemente, las plantas de la presente invención son plantas de cultivo (por ejemplo, maíz, sorgo, trigo, girasol, tomate, crucíferas, pimientos, patata, algodón, arroz, soja, remolacha, caña de azúcar, tabaco, cebada, colza, etc.).

Uso en control pesticida

Los procedimientos generales para emplear cepas que comprenden una secuencia de nucleótidos de la presente invención, o una de sus variantes, en el control de pesticidas o en la ingeniería de otros organismos como agentes pesticidas son conocidos en la técnica. Véase, por ejemplo, la Patente de los Estados Unidos Núm. 5.039.523 y el documento EP 0480762A2.

Las cepas de *Bacillus* que contienen una secuencia de nucleótidos de la presente invención, o una de sus variantes, o los microorganismos que han sido genéticamente alterados para contener un gen y proteína pesticida pueden usarse para proteger los cultivos agrícolas y los productos de las plagas. En un aspecto de la invención, células enteras, es decir, no lisadas, de un organismo productor de toxina (pesticida) son tratadas con reactivos que prolongan la actividad de la toxina producida en la célula cuando la célula se aplica al ambiente de plagas objetivo.

Alternativamente, el pesticida se produce introduciendo un gen pesticida en un huésped celular. La expresión del gen pesticida resulta, directa o indirectamente, en la producción y mantenimiento intracelular del pesticida. En un aspecto de esta invención, estas células son entonces tratadas bajo condiciones que prolongan la actividad de la toxina producida en la célula cuando la célula se aplica al ambiente de plagas objetivo. El producto resultante retiene la toxicidad de la toxina. Estos pesticidas naturalmente encapsulados pueden ser formulados de acuerdo con las técnicas convencionales para su aplicación en el medio ambiente que alberga una plaga objetivo, por ejemplo, el suelo, el agua y el follaje de las plantas. Véase, por ejemplo, EPA 0192319, y las referencias citadas allí.

Alternativamente, se pueden formular células que expresan un gen de esta invención tal como para permitir la aplicación del material resultante como un pesticida.

Los ingredientes activos de la presente invención se aplican típicamente en la forma de composiciones y se pueden aplicar a la superficie de cultivo o planta a ser tratada, simultáneamente o en sucesión, con otros compuestos. Estos compuestos pueden ser fertilizantes, herbicidas, crioprotectores, tensioactivos, detergentes, jabones pesticidas, aceites inactivos, polímeros y/o formulaciones de portador biodegradables o de liberación temporal que permiten la dosificación a largo plazo de un área objetivo tras una sola aplicación de la formulación. También pueden ser herbicidas selectivos, insecticidas químicos, virucidas, microbicidas, amebicidas, pesticidas, fungicidas, bacteriocidas, nematocidas, molusquicidas o mezclas de varios de estos preparados, si se desea, junto con otros portadores, tensioactivos o adyuvantes de aplicación que se emplean habitualmente en la técnica de la formulación. Los portadores y adyuvantes adecuados pueden ser sólidos o líquidos y corresponden a las sustancias que típicamente se emplean en la tecnología de formulación, por ejemplo, sustancias minerales naturales o regeneradas, disolventes, dispersantes, agentes humectantes, espesantes, aglutinantes o fertilizantes. Asimismo, las formulaciones pueden prepararse en "cebos" comestibles o convertirse en "trampas" de plagas para permitir la alimentación o ingestión por una plaga objetivo de la formulación pesticida.

Los procedimientos 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 pesticidas producidas por las cepas bacterianas de la presente invención incluyen aplicación en hojas, revestimiento de semilla y aplicación al suelo. El número de aplicaciones y la tasa de aplicación dependen de la intensidad de la infestación por la plaga correspondiente.

La presente invención también proporciona una composición que comprende un polipéptido de la invención. La composición puede formularse como material pulverulento, polvo, microgránulos, gránulo, aerosol, emulsión, coloide, solución, o similar, y puede ser preparada por medios convencionales tal como desecación, liofilización, homogeneización, extracción, filtración, centrifugación, sedimentación o concentración de un cultivo de células que comprende el polipéptido. En todas esas composiciones que contienen al menos un polipéptido pesticida de este tipo, el polipéptido puede estar presente en una concentración de aproximadamente 1% a aproximadamente 99% en peso.

Las plagas de Lepidópteros, Dípteros o Coleópteros pueden ser exterminadas o reducidas en número en un área dada por los procedimientos de la invención, o pueden ser aplicadas profilácticamente a un área ambiental para prevenir la infestación por una plaga susceptible. Preferentemente, la plaga ingiere, o entra en contacto con, una cantidad efectiva para uso pesticida del polipéptido. Por "cantidad efectiva para uso pesticida" se pretende una cantidad del pesticida que es capaz de llevar a cabo el exterminio de al menos una plaga, o de reducir notablemente el crecimiento, la alimentación, o el desarrollo fisiológico normal de la plaga. Esta cantidad variará dependiendo de factores tal como, por ejemplo, las plagas objetivo específicas a ser controladas, el ambiente específico, la ubicación, la planta, el cultivo, o el sitio agrícola a ser tratado, las condiciones ambientales, y el procedimiento, la velocidad, la concentración, estabilidad y cantidad de aplicación de la composición de polipéptido pesticida eficaz. Las formulaciones también pueden variar con respecto a las condiciones climáticas, consideraciones ambientales, y/o frecuencia de aplicación y/o gravedad de la infestación de plagas.

Las composiciones de pesticidas descritas pueden ser fabricadas formulando la suspensión de células bacterianas, cristales y/o esporas, o componentes de proteínas aisladas con el portador adecuado para uso agrícola. Las composiciones podrán ser formuladas antes de su administración en un medio adecuado, tal como liofilizado, secado por congelación, desecado o en un soporte, medio o diluyente acuoso adecuado, tal como solución salina u otro tampón. Las composiciones formuladas pueden ser en forma de polvo o material granular, o una suspensión en aceite (vegetal o mineral), o emulsiones de agua o aceite/agua, o como polvo húmedo, o en combinación con cualquier otro material portador adecuado para aplicación agrícola. Los portadores agrícolas adecuados pueden ser sólidos o líquidos y son bien conocidos en la técnica. El término "portador agrícola-aceptable" abarca todos los adyuvantes, componentes inertes, dispersantes, tensioactivos, espesantes, aglutinantes, etc., utilizados habitualmente en la tecnología de formulación de plaguicidas; estos son bien conocidos por los expertos en formulación de plaguicidas. Las formulaciones pueden ser mezcladas con uno o más adyuvantes sólidos o líquidos y preparadas por diversos medios, por ejemplo, por mezcla, combinación y/o molienda homogénea de la composición pesticida con adyuvantes adecuados utilizando técnicas de formulación convencionales. Las formulaciones y procedimientos de aplicación adecuados son descritos en la Patente de los Estados Unidos Núm. 6.468.523.

"Plaga" incluye pero sin limitación, insectos, hongos, bacterias, nematodos, ácaros, garrapatas y similares. 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*, *Lepidoptera*, y *Diptera*.

5 El orden *Coleoptera* incluye los subórdenes *Adephagay* *Polyphaga*. El suborden *Adephaga* incluye las superfamilias *Caraboidea* y *Gyrinoidea*, mientras que el suborden *Polyphaga* incluye las superfamilias *Hydrophiloidea*, *Staphylinoidea*, *Cantharoidea*, *Cleroidea*, *Elateroidea*, *Dascilloidea*, *Dryopoidea*, *Byrrroidea*, *Cucujoidea*, *Meloidea*, *Mordelloidea*, *Tenebrionoidea*, *Bostrichoidea*, *Scarabaeoidea*, *Cerambycoidea*, *Crisomeloidea* y *Curculionoidea*. La superfamilia *Caraboidea* incluye las familias *Cicindelidae*, *Carabidae* y *Dytiscidae*. La superfamilia *Gyrinoidea* incluye la familia *Gyrinidae*. La superfamilia *Hydrophiloidea* incluye la familia *Hydrophilidae*. La superfamilia *Staphylinoidea* incluye las familias *Silphidae* y *Staphylinidae*. La superfamilia *Cantharoidea* incluye las familias *Cantharidae* y *Lampyridae*. La superfamilia *Cleroidea* incluye las familias *Cleridae* y *Dermestidae*. La superfamilia *Elateroidea* incluye las familias *Elateridae* y *Buprestidae*. La superfamilia *Cucujoidea* incluye la familia *Coccinellidae*. La superfamilia *Meloidea* incluye la familia *Meloidae*. La superfamilia *Tenebrionoidea* incluye la familia *Tenebrionidae*. La superfamilia *Scarabaeoidea* incluye las familias *Passalidae* y *Scarabaeidae*. La superfamilia *Cerambycoidea* incluye la familia *Cerambycidae*. La superfamilia *Chrysomeloidea* incluye la familia *Chrysomelidae*. La superfamilia *Curculionoidea* incluye las familias *Curculionidae* y *Scolytidae*.

20 El orden *Diptera* incluye los subórdenes *Nematocera*, *Brachycera*, y *Cyclorrhapha*. El suborden *Nematocera* incluye las familias *Tipulidae*, *Aychodidae*, *Culicidae*, *Ceratopogonidae*, *Chironomidae*, *Simuliidae*, *Bibionidae*, y *Cecidomyiidae*. El suborden *Brachycera* incluye las familias *Stratiomyidae*, *Tabanidae*, *Therevidae*, *Asilidae*, *Mydidae*, *Bombyliidae* y *Dolichopodidae*. El suborden *Cyclorrhapha* incluye las Divisiones *Aschiza* y *Aschiza*. La división *Aschiza* incluye las familias *Phoridae*, *Syrphidae* y *Conopidae*. La división *Aschiza* incluye las secciones *Acalyptratae* y *Calyptratae*. La sección *Acalyptratae* incluye las familias *Otitidae*, *Tephritidae*, *Agromyzidae* y *Drosophilidae*. La sección *Calyptratae* incluye las familias *Hippoboscidae*, *Oestridae*, *Tachinidae*, *Anthomyiidae*, *Muscidae*, *Calliphoridae*, y *Sarcophagidae*.

El orden *Lepidoptera* incluye las familias *Papilionidae*, *Pieridae*, *Lycaenidae*, *Nymphalidae*, *Danaidae*, *Satyridae*, *Hesperiidae*, *Sphingidae*, *Saturniidae*, *Geometridae*, *Arctiidae*, *Noctuidae*, *Lymantriidae*, *Sesiidae*, y *Tineidae*.

Las plagas de insectos de la invención para los cultivos principales incluyen: Maíz: *Ostrinia nubilalis*, barrenador de maíz europeo; *Agrotis ipsilon*, gusano negro; *Helicoverpa zea*, gusano de mazorca de maíz; *Spodoptera frugiperda*, gusano de armijo de otoño; *Diatraea grandiosella*, barrenador de maíz del sudoeste; *Elasmopalpus lignosellus*, barrenador de mazorca de maíz menor; *Diatraea saccharalis*, barrenador de caña de azúcar; *Diabrotica virgifera*, gusano de la raíz del maíz occidental; *Diabrotica longicornis barberi*, gusano de la raíz del maíz del norte; *Diabrotica undecimpunctata howardi*, gusano de la raíz del maíz del sur; *Melanotus* spp., gusanos de alambre; *Cyclocephala borealis*, escarabajo enmascarado del sur (larva blanca); *Popillia japonica*, escarabajo japonés; *Chaetocnema pulicaria*, escarabajo de maíz; *Sphenophorus maidis*, escarabajo picudo del maíz, pulgón de la hoja de maíz; *Anuraphis maidiradicis*, pulgón de la raíz de maíz; *Blissus leucopterus leucopterus*, chinches; *Melanoplus femurrubrum*, saltamontes de patas rojas; *Melanoplus sanguinipes*, saltamontes migratorios; *Hylemya platura*, larvas de la hoja de maíz; *Agromyza parvicornis*, minador de hojas del maíz; *Anaphothrips obscurus*, trips del césped; *Solenopsis milesta*, hormigas ladronas; *Tetranychus urticae*, araña de dos puntos; Sorgo: *Chilo partellus*, barrenador del sorgo; *Spodoptera frugiperda*, gusano militar del otoño; *Helicoverpa zea*, gusano de la mazorca del maíz; *Elasmopalpus lignosellus*, barrenador del tallo del maíz menor; *Feltia subterranea*, gusano cortador; *Phyllophaga crinita*, larva blanca; *Eleodes*, *Conoderus*, y *Aeolus* spp., gusanos de alambre; *Oulema melanopus*, escarabajo de la hoja de cereal; *Chaetocnema pulicaria*, escarabajo de pulga del maíz; *Sphenophorus maidis*, escarabajo picudo del maíz; *Rhopalosiphum maidis*, pulgón de la hoja del maíz; *Sipha flava*, pulgón amarillo de la caña de azúcar; *Blissus leucopterus leucopterus*, chinches; *Contarinia sorghicola*, jején del sorgo; *Tetranychus cinnabarinus*, araña carmesí; *Tetranychus urticae*, araña de dos puntos; Trigo: *Pseudaletia unipunctata*, gusano militar; *Spodoptera frugiperda*, gusano militar del otoño; *Elasmopalpus lignosellus*, barrenador del tallo del maíz menor; *Agrotis orthogonia*, gusano cortado occidental; *Elasmopalpus lignosellus*, barrenador del tallo del maíz menor; *Oulema melanopus*, escarabajo de la hoja de cereal; *Hypera punctata*, gorgojo de la hoja de trébol; *Diabrotica undecimpunctata howardi*, gusano de la raíz del maíz del sur; pulgón del trigo ruso; *Schizaphis graminum*, pulgón de los cereales; *Macrosiphum avenae*, pulgón del grano inglés; *Melanoplus femurrubrum*, saltamontes de patas rojas; *Melanoplus differentialis*, saltamontes diferencial; *Melanoplus sanguinipes*, saltamontes migratorio; *Mayetiola destructor*, mosca de Hess; *Sitodiplosis mosellana*, jején del trigo; *Meromyza americana*, larva del tallo del trigo; *Hylemya coarctata*, mosca del bulbo del trigo; *Frankliniella fusca*, trips del tabaco; *Cephus cinctus*, mosca sierra del tallo del trigo; *Aceria tulipae*, ácaro del enrollamiento del trigo; Girasol: *Suleima helianthana*, polilla del capullo girasol; *Homoeosoma electellum*, polilla del girasol; *zygogramma exclamationis*, escarabajo del girasol; *Bothyrus gibbosus*, escarabajo de la zanahoria; *Neolasioptera murtfeldtiana*, jején de la semilla del girasol; Algodón: *Heliothis virescens*, gusano del capullo del algodón; *Helicoverpa zea*, gusano moteado del algodón; *Spodoptera exigua*, gusano militar de la colza; *Pectinophora gossypiella*, gusano moteado rosa; *Anthonomus grandis*, gorgojo moteado; *Aphis gossypii*, pulgón del algodón; *Pseudatomoscelis seriatus*, pulgón del algodón; *Trialeurodes abutilonea*, mosca blanca; *Lygus lineolaris*, chinche opaca de las plantas; *Melanoplus femurrubrum*, saltamontes de patas

rojas; *Melanoplus differentialis*, saltamontes diferencial; *Thrips tabaci*, trips de la cebolla; *Frankliniella fusca*, trips del tabaco; *Tetranychus cinnabarinus*, araña carmesí; *Tetranychus urticae*, araña de dos puntos; Rice: *Diatraea saccharalis*, barrenador de la caña de azúcar; *Spodoptera frugiperda*, gusano militar del otoño; *Helicoverpa zea*, gusano del tallo del maíz; *Colaspis brunnea*, escarabajo de colaspis de la uva; *Lissorhoptrus oryzophilus*, gorgojo acuático del arroz; *Sitophilus oryzae*, gorgojo del arroz; *Nephotettix nigropictus*, saltahoja del arroz; *Blissus leucopterus leucopterus*, chinche; *Acrosternum hilare*, chinche apestosa verde; Soja: *Pseudoplusia includens*, oruga agrimensora de la soja; *Anticarsia gemmatilis*, oruga aterciopelada; *Plathypena scabra*, gusano del trébol verde; *Ostrinia nubilalis*, barrenador del maíz europeo; *Agrotis ipsilon*, gusano cortado negro; *Spodoptera exigua*, gusano militar de la colza; *Heliothis virescens*, gusano del capullo del algodón; *Helicoverpa zea*, gusano moteado del algodón; *Epilachna varivestis*, escarabajo del frijol mejicano; *Myzus persicae*, pulgón del durazno verde; *Empoasca fabae*, saltahoja de la patata; *Acrosternum hilare*, chinche apestosa verde; *Melanoplus femurrubrum*, saltamontes de patas rojas; *Melanoplus differentialis*, saltamontes diferencial; *Hylemya platura*, larva de la semilla del maíz; *Sericothrips variabilis*, trips de la soja; *Thrips tabaci*, trips de la cebolla; *Tetranychus turkestanii*, araña de la fresa; *Tetranychus urticae*, araña de dos puntos; Cebada: *Ostrinia nubilalis*, barrenador del maíz europeo; *Agrotis ipsilon*, gusano cortado negro; *Schizaphis graminum*, escarabajo verde; *Blissus leucopterus leucopterus*, chinche; *Acrosternum hilare*, chinche apestosa verde; *Euschistus servus*, chinche apestosa marrón; *Delia platura*, larva de la semilla del maíz; *Mayetiola destructor*, mosca de Hess; *Petrobia latens*, araña del trigo marrón; Colza Oleaginosa: *Brevicoryne brassicae*, pulgón del zapallo; *Phyllotreta cruciferae*, escarabajo pulgón; *Mamestra configurata*, gusano militar Bertha; *Plutella xylostella*, polilla de lomo diamante; *Delia* ssp., larvas de la raíz.

Los nematodos incluyen nematodos parasitarios tal como los nematodos de nudo radicular, quiste y lesión, incluyendo *Heterodera* spp., *Meloidogynes* spp. y *Globodera* spp.; particularmente los miembros de los nematodos de quiste, incluyendo, pero sin limitación, *Heterodera glycinis* (nematodo de quiste de soja); *Heterodera schachtii* (nematodo del quiste de la colza); *Heterodera avenae* (nematodo del quiste del cereal); y *Globodera rostochiensis* y *Globodera pallida* (nematodo del quiste de la patata). Los nematodos de la lesión incluyen *Pratylenchus* spp.

Procedimientos para aumentar el rendimiento vegetal

Son descritos procedimientos para aumentar el rendimiento vegetal. Los procedimientos comprenden la introducción en una planta o célula vegetal de un polinucleótido que comprende una secuencia de pesticidas divulgada en la presente memoria. Como se define en la presente memoria, el "rendimiento" vegetal se refiere a la calidad y/o cantidad de biomasa producida por la planta. Por "biomasa" se pretende a cualquier producto vegetal medido. Un aumento en la producción de biomasa es cualquier mejora en el rendimiento del producto vegetal medido. El aumento del rendimiento vegetal tiene varias aplicaciones comerciales. Por ejemplo, el aumento de la biomasa de las hojas de las plantas puede aumentar el rendimiento de las hortalizas de hoja para el consumo humano o animal. Además, el aumento de la biomasa foliar puede utilizarse para aumentar la producción de productos farmacéuticos o industriales derivados de las plantas. Un aumento en el rendimiento puede comprender cualquier aumento estadísticamente significativo incluyendo, pero sin limitación, al menos un aumento del 1%, al menos un aumento del 3%, al menos un aumento del 5%, al menos un aumento del 10%, al menos un aumento del 20%, al menos un aumento del 30%, al menos un aumento del 50%, al menos un aumento del 70%, al menos un aumento del 100% o un aumento mayor en el rendimiento en comparación con una planta que no expresa la secuencia pesticida.

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

Experimentos

Ejemplo 1. Extracción de ADN plasmídico

Las cepas ATX14759, ATX14875, ATX13026, ATX13002, ATX9387, ATX13045, ATX21738, ATX14833, ATX1489, ATX15398 y ATX12972 fueron seleccionadas para su análisis. Los cultivos puros de cada cepa fueron cultivados en grandes cantidades de medios ricos. Los cultivos fueron centrifugados para cosechar el microgránulo celular. El microgránulo celular fue preparado por tratamiento con SDS por procedimientos conocidos en la técnica, resultando en rotura de la pared celular y liberación de ADN. Las proteínas y el ADN genómico de gran tamaño fueron precipitados por una alta concentración de sal. El ADN plasmídico fue precipitado con etanol. En varios casos, el ADN plasmídico fue separado de cualquier ADN cromosómico restante por centrifugación de alta velocidad a través de un gradiente de cloruro de cesio. Alternativamente, el ADN plasmídico fue purificado por unión a una resina, como se conoce en la técnica. Para cada cepa, la calidad del ADN fue verificada mediante la visualización en un gel de agarosa mediante procedimientos conocidos en la técnica.

Ejemplo 2. Clonación de genes

Fueron preparadas bibliotecas de ADN a partir del ADN plasmídico o de cada cepa. Esto puede lograrse de muchas maneras como se conoce en la técnica. Por ejemplo, el ADN plasmídico purificado puede ser cizallado en fragmentos de tamaño de 5-10 kb y los voladizos monocatenarios de 5' y 3' reparados usando ADN polimerasa T4 y fragmento Klenow en presencia de los cuatro dNTP, como se conoce en la técnica. Los fosfatos pueden ser

adheridos a los extremos de 5' por tratamiento con polinucleótidos quinasa T4, como se conoce en la técnica. Entonces, los fragmentos de ADN reparados pueden ser ligados durante la noche en un vector estándar de alta copia (es decir, pBLUESCRIPT™ SK+), adecuadamente preparado para aceptar las inserciones como se conoce en la técnica (por ejemplo, mediante la digestión con una enzima de restricción que produce extremos romos).

- 5 La calidad de las bibliotecas de ADN resultantes fue analizada mediante la digestión de un subconjunto de clones con una enzima de restricción conocida por tener un sitio de hendidura que flanqueaba el sitio de clonación. Fue determinado que un alto porcentaje de clones contenían insertos, idealmente con un tamaño promedio de inserto de 5-6 kb.

Ejemplo 3. Secuenciación de placas de biblioteca de alto rendimiento

- 10 Una vez verificada y confirmada la calidad de la biblioteca de ADN, fueron cultivadas colonias en un caldo rico en bloques de 96 pocillos 2m1 durante la noche a 37°C, típicamente a una velocidad de agitación de 350 rpm. Los bloques fueron centrifugados para cosechar las células hasta el fondo del bloque. Los bloques fueron preparados por la preparación de lisis alcalina estándar en un formato de alto rendimiento

- 15 Las secuencias finales de clones de esta biblioteca fueron entonces determinadas para un gran número de clones de cada bloque de la siguiente manera: la secuencia de ADN de cada clon seleccionado para el análisis fue determinada mediante la técnica de secuenciación de un terminador de tinte fluorescente (Applied Biosystems), mediante procedimientos conocidos en la técnica utilizando una máquina de secuenciación de ADN automatizada, y cebadores oligonucleótidos estándar que hibridan al vector plasmídico en la región que flanqueaba el inserto.

Ejemplo 4. Montaje y detección de datos de secuenciación

- 20 Las secuencias de ADN obtenidas fueron compiladas en un proyecto de ensamblaje y alineadas para formar cóntigos. Esto se puede hacer eficientemente usando un programa informático, tal como Vector NTI, o alternativamente usando el conjunto de programas de alineación y análisis de ADN Phred/Phrap. Estos cóntigos, junto con cualquier lectura individual que pudiera no haber sido añadida a un cóntigo, fueron comparados con una base de datos compilada de todas las clases de genes pesticidas conocidos. Se analizaron más a exhaustivamente los cóntigos o las lecturas individuales identificadas como identificativos de un gen endotoxina o pesticida conocido.

Ejemplo 5. axmi-037

- A partir de la cepa ATX1489, ha sido descubierto que el clon pAX2558 contenía un marco de lectura abierto con homología para delta-endotoxinas de tipo "cry". Este marco de lectura abierto fue designado como *axmi-037* (SEQ ID NÚM.:16). La inspección del marco de lectura abierto *axmi-037* sugiere que puede haber más de un codón de inicio. Los dos codones de inicio previstos son el codón ATG que comienza en la posición de nucleótido 1 de SEQ ID NÚM.:16, y un codón ATG descendente (representado por SEQ ID NÚM.:18). El ATG en el nucleótido 77 de SEQ ID NÚM.:16 tiene una secuencia de sitio de unión al ribosoma (5'-G-G-A-G-G-3'), localizado en las posiciones de nucleótidos 63-67 de SEQ ID NÚM.:16. En base a la presencia de esta fuerte secuencia de consenso de unión al ribosoma inmediatamente anterior a este segundo sitio de inicio, y la homología de las dos proteínas predichas a otras endotoxinas, el producto de traducción del sitio de inicio posterior es denominado AXMI-037 (SEQ ID NÚM.:19). El producto de traducción más largo, comenzando en el ATG en la posición de nucleótido 1 de SEQ ID NÚM.:16, es designado AXMI-37-2 (y se establece en SEQ ID NÚM.:17). pAX2558 fue depositado en la Colección de Cepas de Patentes de ARS el 15 de junio de 2006, y se le asignó NRRL B-30939. AXMI-37-2 muestra una identidad 60% de aminoácidos a la endotoxina Cry7Aa1.

Ejemplo 6. axmi-019

- A partir de la cepa ATX14875, ha sido descubierto que un clon contenía un marco de lectura abierto con homología con las toxinas de la familia MTX. Este marco de lectura abierto fue designado como *axmi-019* (SEQ ID NÚM.:10), y la proteína codificada fue designada AXMI-019 (SEQ ID NÚM.:11). Mediante la búsqueda de bases de datos públicas de secuencias de proteínas, tal como la base de datos GenPept, la región de extremo C terminal de AXMI-019 (a partir de aproximadamente el aminoácido 123 de SEQ ID NÚM.:11) tuvo una homología baja a una clase de toxinas, incluyendo la toxina Cry14-4 *Bacillus thuringiensis* serovar *darmstadiensis* (SEQ ID NÚM.:42; codificada por GENBANK® ID AAV70918.1), y la proteína MTX2 *Bacillus sphaericus* (SEQ ID NÚM.:16, GENBANK® ID AAC44124.1).

Ejemplo 7. axmi-011. axmi-012 y axmi-015.

- 50 A partir de la cepa ATX13026, ha sido descubierto que tres clones individuales contenían marcos de lectura abiertos con homología con toxinas similares a MTX. Estos marcos de lectura abiertos fueron designados *axmi-011* (SEQ ID NÚM.:1), *axmi-012* (SEQ ID NÚM.:3) y *axmi-015* (SEQ ID NÚM.:8), y las proteínas codificadas se designan AXMI-011 (SEQ ID NÚM.:2), AXMI-012 (SEQ ID NÚM.:4) y AXMI-015 (SEQ ID NÚM.:9), respectivamente. Mediante la búsqueda de bases de datos públicas de secuencias de proteínas, ha sido descubierto que AXMI-011 tenía una homología baja para una clase de toxinas incluyendo MTX2 (SEQ ID NÚM.:16); AXMI-015 tenía una homología baja (aproximadamente 35 % de aminoácidos identifican más de 178 aminoácidos) para una toxina mosquitocida

de *Bacillus thuringiensis israelensis* RBTH_02046 (SEQ ID NÚM.: 41, GENBANK® ID gij75761628:1-79; AXMI-01279 tiene una homología (29% sobre 217 aminoácidos) con una clase de toxinas incluyendola toxina binaria p42 de *Bacillus sphaericus* (SEQ ID NÚM.: 39; GENBANK® ID CAA73761).

La inspección de la región codificadora *axmi-011* revela la existencia de un sitio de inicio alternativo de traducción de 12 nucleótidos corriente arriba del inicio ATG de *axmi-011*. Este marco de lectura abierto contiene una extensión de 5' de los siguientes doce nucleótidos 5'-G-T-G-A-T-G-A-A-A-A-A-3' (SEQ ID NÚM.:59) inmediatamente corriente arriba y adyacente al marco de lectura abierto *axmi-11*. Este marco de lectura abierto es designado como *axmi-011 (largo)* (SEQ ID NÚM.:60). La traducción de *axmi-011* utilizando el GTG de inicio putativo resultaría en una proteína AXMI-011 modificada que contiene una extensión de extremo N terminal de cuatro aminoácidos (residuos de aminoácidos 1 a 4 de SEQ ID NÚM.:61).

El análisis del contexto de ADN que rodea los dos sitios potenciales de inicio revela una secuencia con una buena coincidencia con el consenso para un sitio de unión al ribosoma 5' G-T-G-A-T-G-3' (SEQ ID NÚM.:62) colocado de -10 a -6 nt con relación al codón de inicio ATG de SEQ ID NÚM.:1. Esta es una posición adecuada para un sitio de unión del ribosoma bacteriano. No se observa ninguna homología obvia al sitio de inicio del ribosoma de consenso en la posición 15 nt corriente arriba del sitio de inicio del GTG putativo. Por lo tanto, la proteína iniciada desde el codón ATG de inicio se designa como AXMI-011 (SEQ ID NÚM.:2). La proteína codificada por la traducción iniciada en el codón GTG de inicio se designa como AXMI-011 (LONG) (SEQ ID NÚM.:61).

Ejemplo 8. *axmi-032*

A partir de la cepa ATX9387, ha sido descubierto que un plásmido contenía un marco de lectura abierto con homología con toxinas pesticidas. Este marco de lectura abierto fue designado como *axmi-032* (SEQ ID NÚM.: 12), y la proteína codificada fue designada AXMI-032 (SEQ ID NÚM.:13). Mediante la búsqueda de bases de datos públicas de secuencias de proteínas, tal como la base de datos GenPept, ha sido descubierto que AXMI-032 tenía homología con una clase de toxinas, incluida una supuesta toxina binaria de *Bacillus thuringiensis* (SEQ ID NÚM.:43; GENBANK® Número de Acceso CAD30104.1) que es una posible toxina de dos dominios de *Bacillus thuringiensis serovar israelensis*.

Ejemplo 9. *axmi-013*

A partir de la cepa ATX13002, ha sido descubierto que un clon contenía un marco de lectura abierto con homología para delta-endotoxinas tipo "cry". Este marco de lectura abierto fue designado como *axmi-013* (SEQ ID NÚM.:5), y la proteína codificada fue designada AXMI-013 (SEQ ID NÚM.:6). Mediante la búsqueda de bases de datos públicas de secuencias de proteínas, ha sido descubierto que la región de extremo C terminal de AXMI-013 tenía una identidad del 52% con la toxina MTX3 (SEQ ID NÚM.:40; GENBANK® ID AAB36661).

Ejemplo 10. Expresión de AXMI-013 en *Bacillus*

El gen insecticida AXMI-013 es amplificado por PCR y clonado en el vector de expresión *Bacillus* pAX916 por procedimientos bien conocidos en la técnica. El clon resultante es analizado para la expresión de la proteína AXMI-013 después de la transformación en células de una cepa *cry(-)* *Bacillus thuringiensis*. Una cepa de *Bacillus* que contiene el clon de *axmi-013* y expresa la proteína insecticida AXMI-013 es cultivada, por ejemplo, en medio de CYS (10 g/l de Bacto-casitona; 3 g/l de extracto de levadura; 6 g/l KH_2PO_4 ; 14 g/l K_2HPO_4 ; 0,5 mm de Mgmt ; 0,05 mm de MnCl_2 ; 0,05 mm de FeSO_4), hasta que es evidente la esporulación por examen microscópico. Las muestras se preparan y analizan mediante electroforesis en gel de poliacrilamida (PAGE). AXMI-013 ha sido probada para detectar la actividad insecticida en bioensayos contra plagas de insectos importantes.

La inspección de la secuencia de aminoácidos prevista de AXMI-013 (SEQ ID NÚM.:6) sugirió que el extremo N terminal de la proteína AXMI-013 de longitud completa puede comprender un péptido de señal para la secreción. Se estimó que el sitio previsto de la hendidura se encontraba entre la alanina en la posición 27 y la lisina en la posición 28 de SEQ ID NÚM.:6. De manera similar, se predice que MTX3 (SEQ ID NÚM.:40) posee un péptido de señal de secreción en su extremo N terminal (Liu, *et al.* (1996) Appl. Environ. Microbiol. 62:2174-2176).

La proteína AXMI-013 expresada fue extirpada de un gel de poliacrilamida y sometida a análisis de secuencia de extremo N terminal, como se conoce en la técnica. La secuencia de extremo N terminal identificada por este análisis correspondió a un truncamiento de extremo N terminal de la proteína AXMI-013, resultando en un péptido truncado con un extremo N terminal correspondiente a la glutamina (Q) en la posición de aminoácido 40 de SEQ ID NÚM.:6. Esta proteína truncada se denomina en la presente memoria AXMI-013(Q), y la secuencia de aminoácidos de esta proteína se proporciona en SEQ ID NÚM.:7. Como es sabido en la técnica, la predicción del sitio exacto de la hendidura es algo difícil. Sin embargo, la escisión en aproximadamente la posición de aminoácidos 40 de SEQ ID NÚM.:6 sugiere que cualquiera de (1) AXMI-013 se procesa en forma adicional tras la escisión inicial en las posiciones de aminoácidos 27/28, o AXMI-013 tiene una señal de secreción nueva. Para confirmar esto, aquellos con experiencia en la técnica pueden hacer construcciones de fusión génica utilizando (1) una proteína heteróloga y (2) usando porciones de longitud creciente de AXMI-013. Entonces se puede probar la secreción de la proteína del

marcador y determinar los sitios de procesamiento por la secuenciación de extremo N terminal. Otros procedimientos para determinar la extensión de la secuencia de señales son conocidos en la técnica.

Ejemplo 11. *axmi-023* y *axmi-041*.

A partir de la cepa ATX13045, ha sido descubierto que un clon plasmídico contenía un marco de lectura abierto con homología para delta-endotoxinas tipo "cry". Este marco de lectura abierto fue designado como *axmi-023* (SEQ ID NÚM.:30), y la proteína codificada fue designada AXMI-023 (SEQ ID NÚM.:31). La búsqueda BLAST de la base de datos no redundante 'nr' demuestra que AXMI-023 tiene una baja identidad de aminoácidos (menos del 30% de identidad de aminoácidos) con la toxina de la proteína VIP2, así como varias otras toxinas supuestas o conocidas. (GENBANK® Núm. de Acceso AA086513.1, SEQ ID NÚM.:55).

A partir de la cepa ATX21738, ha sido descubierto que un clon plasmídico contenía un marco de lectura abierto con homología para delta-endotoxinas tipo "cry". Este marco de lectura abierto fue designado como *axmi-041* (SEQ ID NÚM.:32), y la proteína codificada fue designada AXMI-041 (SEQ ID NÚM.:33). pAX4310 fue depositado en la Colección de Cepas de Patentes de ARS el 15 de junio de 2006, y se le asignó NRRL B-30943. AXMI-041 es 21% idéntico a AXMI-023, y de manera similar muestra baja identidad de aminoácidos (menos de 30% identidad de aminoácidos) con la toxina de la proteína VIP2, así como varias otras toxinas supuestas o conocidas.

Una búsqueda de bases de datos de ADN y proteínas con las secuencias de ADN y las secuencias de aminoácidos de AXMI-023 y AXMI-041 reveló que son homólogos de proteínas pesticidas conocidas. La Figura 4 muestra una alineación de AXMI-023 con la proteína pesticida VIP2 (SEQ ID NÚM.:55), y varias toxinas relacionadas. AXMI-041 también muestra homología con esta clase de toxinas.

Ejemplo 12. AXMI-022 define una clase novedosa de proteínas pesticidas

A partir de la cepa ATX13045, ha sido descubierto que un clon plasmídico contenía un marco de lectura abierto con homología con toxinas de insectos conocidas. Este marco de lectura abierto fue designado como *axmi-022* (SEQ ID NÚM.:28), y la proteína codificada fue designada AXMI-022 (SEQ ID NÚM.:29).

La secuencia de aminoácidos de AXMI-022 es 64,9% idéntica a VipIa(b) (SEQ ID NÚM.:52; véase también la Patente de los Estados Unidos Núm. 5.770.696) a lo largo de la longitud de VipIa(b), y tiene una identidad significativa de aminoácidos con varias otras toxinas de proteínas binarias. Un análisis posterior de AXMI-022 reveló las siguientes características de este polipéptido:

AXMI-022 es significativamente más largo que otras proteínas binarias con las que comparte homología, y codifica un péptido de 1003 aminoácidos. Por ejemplo, la proteína VipIa(b) tiene una longitud de 834 aminoácidos.

La inspección de la región de ADN que rodea el marco de lectura abierto *axmi-022* no muestra evidencia de un segundo ORF que codifica un dominio de toxina. Los genes que codifican las toxinas binarias suelen estar estrechamente vinculados físicamente. La mayoría de las veces, tanto la toxina como la proteína del receptor se organizan como marcos de lectura abiertos adyacentes, y a menudo están transcripcionalmente vinculados en un operón.

La región de unión del receptor de AXMI-022 (de aproximadamente el aminoácido 640 a aproximadamente el aminoácido 770 de SEQ ID NÚM.:29) es diferente de otras toxinas binarias. La región de AXMI-022 correspondiente a la región de proteínas binarias involucradas en la unión de receptores es muy diferente en AXMI-022 en comparación con otras proteínas binarias. Esto sugiere que AXMI-022 se une a un receptor diferente que otras proteínas binarias.

Los aminoácidos del extremo C terminal 133 de AXMI-022 (empezando por el aminoácido 870 de SEQ ID NÚM.:29) muestran homología de aminoácidos con la proteína binaria de Cry37Aa (SEQ ID NÚM.:54; GENBANK® Núm. de Acceso AAF76376; Patente de los Estados Unidos Núm. 6.063.756). Esta región tiene homología con Cry37Aa en una secuencia de identidad de aproximadamente 36%. Cry37Aa está en una clase diferente de toxinas binarias que las toxinas tipo VipI. Cry37Aa pertenece a la familia Cry34, que forma una toxina binaria con la familia Cry35. Cry34Abl es principalmente responsable de la formación de poros en las membranas lipídicas, mientras que Cry35Abl mejora la formación de poros (Masson, *et al.* (2004) *Biochemistry* 43:12349-57).

Por lo tanto, AXMI-022 aparenta ser un nuevo tipo de toxina binaria de "péptido único", teniendo homología con múltiples clases de proteínas binarias, con un componente de unión al receptor de una clase de toxinas binarias directamente fusionadas a un componente de toxina de una clase diferente de toxinas binarias. Esta organización de dominios no ha sido predicha anteriormente en la técnica.

Ejemplo 13. *axmi-043*

A partir de la cepa ATX15398, ha sido descubierto que pAX2597 contenía un marco de lectura abierto con homología para delta-endotoxinas tipo "cry". Este marco de lectura abierto fue designado como *axmi-043*. pAX2597 fue depositado en la Colección de Cepas de Patentes de ARS el 15 de junio de 2006, y se le asignó el NRRL B-

30941. La inspección del marco de lectura abierto *axmi-043* sugiere que puede haber más de un codón de inicio. El ATG en la posición 46 de SEQ ID NÚM.:20 tiene un sitio de unión al ribosoma (5' G-G-A-G-A-3') (SEQ ID NÚM.:63) a partir del nucleótido 33 de SEQ ID NÚM.:20. Sobre la base de la presencia de esta fuerte secuencia de consenso de unión al ribosoma inmediatamente corriente arriba de este segundo sitio de inicio, y la homología de las dos proteínas predichas a otras endotoxinas, en la presente memoria se designa el producto de traducción del sitio de inicio interno (representado por SEQ ID NÚM.:22) como AXMI-043 (SEQ ID NÚM.:23), y la proteína más larga como AXMI-043-2 (SEQ ID NÚM.:21). AXMI-043 muestra una identidad de 93% de aminoácidos con la endotoxina AXMI-028, y AXMI-43-2 es 90% idéntico a AXMI-028 (SEQ ID NÚM.:45 de esta solicitud, véase también la solicitud de Patente de los Estados Unidos Núm. 11/416.261). AXMI-043 aparenta ser una "endotoxina de longitud completa", y contiene una región de extremo C terminal (después del residuo aspártico en la posición 629 de la secuencia de aminoácidos AXMI-043) a menudo referida en la técnica como un dominio no tóxico o un "dominio de cristal". AXMI-043 muestra una identidad de 54% de aminoácidos con la endotoxina Cry7Aa1 (SEQ ID NÚM.:46) a lo largo de toda la longitud de la proteína.

Ejemplo 14. *axmi-44*.

A partir de la cepa ATX14759, ha sido descubierto que pAX2599 contenía un marco de lectura abierto con homología para delta-endotoxinas tipo "cry". Este marco de lectura abierto fue designado como *axmi-044* (SEQ ID NÚM.:14), y la proteína codificada fue designada AXMI-044 (SEQ ID NÚM.:15). pAX2599 fue depositado en la Colección de Cepas de Patentes de ARS el 15 de junio de 2006, y se le asignó el Número de Acceso NRRL B-30942. Mediante la búsqueda de bases de datos públicas de secuencias de proteínas, tal como la base de datos GenPept mantenida por el NCBI (National Center for Biotechnology Information), ha sido descubierto que AXMI-044 tenía baja homología con la familia *cry-15Aa/cry33* de toxinas (SEQ ID NÚM.:44, GENBANK® ID 8928022), y MTX2 (SEQ ID NÚM.:38).

Ejemplo 15. *axmi-033* y *axmi-034*

A partir de la cepa ATX14833, ha sido descubierto que un clon plasmídico contenía dos marcos de lectura abiertos con homología para insectos toxinas. El primer marco de lectura abierto fue designado como *axmi-033* (SEQ ID NÚM.:24), y la proteína codificada fue designada AXMI-033 (SEQ ID NÚM.:25). AXMI-33 muestra una identidad de 61% de aminoácidos en la toxina de CryC35 aminoácidos 326 (SEQ ID NÚM.:47, codificada por la referencia de GENBANK® CAA63374). El segundo marco de lectura abierto fue designado como *axmi-034* (SEQ ID NÚM.:26), y la proteína codificada fue designada AXMI-034 (SEQ ID NÚM.:27). AXMI-34 muestra una identidad 45% de aminoácidos con la endotoxina CryC53. (SEQ ID NÚM.:48, codificado por la referencia de GENBANK® CAA67205).

axmi-033 y *axmi-034* aparentan comprender un operón. El ATG de inicio de *axmi-034* es inmediatamente 3' a, y en proximidad cercana de (15 nucleótidos inmediatamente corriente abajo de), el codón de parada TAA de *axmi-033*. Esta organización es bien conocida en la técnica para sugerir que dos genes componen un operón. Por lo tanto, las proteínas AXMI-033 y AXMI-034 probablemente sean coexpresadas en su cepa nativa. Es probable que las actividades de las dos proteínas expresadas en conjunto puedan ser sinérgicas y superiores a la actividad de las proteínas expresadas por separado. pAX4341, un clon que contiene ambos marcos de lectura abiertos *axmi-033* y *axmi-034*, fue depositado en la Colección de Cepas de Patentes de ARS el 29 de mayo de 2007, y se le asignó el Número de Acceso NRRL B-50047.

Ejemplo 16. *axmi-063* y *axmi-064*.

A partir de la cepa ATX12972, ha sido descubierto que un clon plasmídico contenía dos marcos de lectura abiertos con homología para toxinas de insectos. El primer marco de lectura abierto fue designado como *axmi-063* (SEQ ID NÚM.:34), y la proteína codificada fue designada AXMI-063 (SEQ ID NÚM.:35). AXMI-63 muestra una identidad de 53,1% de aminoácidos a la toxina de insectos de CryC35 (SEQ ID NÚM.:47, codificada por la referencia de GENBANK® CAA63374). El segundo marco de lectura abierto fue designado como *axmi-064* (SEQ ID NÚM.:36), y la proteína codificada fue designada AXMI-064 (SEQ ID NÚM.:37). AXMI-64 muestra una identidad 44,3% de aminoácidos con la endotoxina CryC53 (SEQ ID NÚM.:48, codificada por la referencia de GENBANK® CAA67205).

axmi-063 y *axmi-064* aparentan comprender un operón. El ATG de inicio de *axmi-064* es inmediatamente 3' en, y muy cerca del, codón de parada TAA de *axmi-063*. Esta es una organización bien conocida en la técnica para sugerir que dos genes componen un operón. Por lo tanto, las proteínas AXMI-063 y AXMI-064 probablemente sean coexpresadas en su cepa nativa. Es probable que las actividades de las dos proteínas expresadas en conjunto puedan ser sinérgicas y superiores a la actividad de las proteínas expresadas por separado. pAX5036, un clon que contiene ambos marcos de lectura abiertos *axmi-063* y *axmi-064*, fue depositado en la Colección de Cepas de Patentes de ARS el 29 de mayo de 2007, y se le asignó NRRL B-50048.

AXMI-033/AXMI-034 son similares a AXMI-063/AXMI-064. El análisis de la secuencia de aminoácidos de AXMI-033, AXMI-043, AXMI-063 y AXMI-064 revela que AXMI-033 y AXMI-063 comparten una identidad significativa de

aminoácidos, y son 69% idénticos. Del mismo modo, AXMI-034 y AXMI-064 comparten una similitud significativa de aminoácidos (52% idéntica).

Ejemplo 17. Homología de AXMI-011, AXMI-012, AXMI-013, AXMI-015, AXMI-032, Y AXMT-044 con genes conocidos de proteína pesticida

- 5 Una búsqueda de bases de datos de proteínas con las secuencias de aminoácidos de las proteínas descritas en la presente memoria revela que son homólogos de las proteínas pesticidas conocidas. La comparación de las secuencias de aminoácidos en la presente memoria descritas con la base de datos no redundante (nr) mantenida por el NCBI utilizando el algoritmo BLAST reveló las siguientes proteínas como teniendo el bloque más fuerte de identidad de aminoácidos a las secuencias de la invención (Tabla 2). Por lo tanto, las proteínas son "proteínas pesticidas".
- 10

Tabla 2. Identidad de aminoácidos de AXMI-011, AXMI-012, AXMI-013, AXMI-015, AXMI-032, y AXMI-044 para toxinas de mosquitos en bases de datos públicas

PROTEÍNA	Mayor Resultado Blast (nr)	% identidad en bloque
AXMI-011	MTX2	28%
AXMI-012	Componente P42 de la toxina binaria	29%
AXMI-013	MTX3	52%
AXMI-015	RBTH 02046	35%
AXMI-019	Cry14-4, MTX2	35%, 30%
AXMI-032	GENBANK@ID CAD30104.1	19%
AXMI-044	cry I 5Aa, MTX2	30%, 30%

Ejemplo 18. Ensayos adicionales para actividad pesticida

- 5 La capacidad de una proteína pesticida para actuar como un pesticida sobre una plaga es a menudo evaluada de varias maneras. Una forma bien conocida en la técnica es realizar un ensayo de alimentación. En un ensayo de alimentación tal, se expone la plaga a una muestra que contiene cualquiera de los compuestos a ser sometido a prueba, o muestras de control. A menudo, esto se realiza colocando el material a ser sometido a prueba, o una dilución adecuada de dicho material, en un material que la plaga ingerirá, tal como una dieta artificial. El material a ser sometido a prueba puede estar compuesto por un líquido, sólido o pulpa. El material a ser sometido a prueba puede colocarse sobre la superficie y luego dejar que se seque. Alternativamente, el material a ser sometido a prueba puede mezclarse con una dieta artificial fundida, y luego dispensarse en la cámara de ensayo. La cámara de ensayo puede ser, por ejemplo, una taza, un plato o un pocillo de una placa de microtitulación.
- 10 Los ensayos para las plagas de succión (por ejemplo, pulgones) pueden implicar la separación del material de prueba del insecto por una partición, idealmente una porción que puede ser perforada por las partes de la boca de succión del insecto de succión, para permitir la ingestión del material de prueba. A menudo, el material de prueba es mezclado con un estimulante de alimentación, tal como sacarosa, para promover la ingestión del compuesto de prueba.
- 15 Otros tipos de ensayos pueden incluir la microinyección del material de prueba en la boca, o el intestino de la plaga, así como el desarrollo de plantas transgénicas, seguido de la prueba de la capacidad de la plaga para alimentarse de la planta transgénica. Las pruebas de la planta pueden implicar el aislamiento de las partes de la planta típicamente consumidas, por ejemplo, pequeñas jaulas adheridas a una hoja, o el aislamiento de plantas enteras en jaulas que contienen insectos.
- 20 Otros procedimientos y procedimientos para ensayar plagas son conocidos en la técnica, y se pueden encontrar, por ejemplo en Robertson and Preisler, eds. (1992) *Pesticide bioassays with arthropods*, CRC, Boca Raton, FL. Alternativamente, los ensayos son comúnmente descritos en las publicaciones *Arthropod Management Tests and Journal of Economic Entomology* por discusión con miembros de la Entomological Society of America (ESA).

Ejemplo 19. Vectorización de genes axmi para expresión en plantas

- 30 Las regiones de codificación de la invención están conectadas con secuencias promotoras y terminadoras adecuadas para expresión en plantas. Tales secuencias son bien conocidas en la técnica y pueden incluir el promotor de la actina del arroz o el promotor de la ubiquitina del maíz para la expresión en monocotiledóneas, el promotor de *Arabidopsis* UBQ3 o el promotor de la expresión de CaMV 35S en dicotiledóneas, y los terminadores nos o PinII. Las técnicas para producir y confirmar construcciones de promotor - gen - terminador también son bien conocidas en la técnica. En un aspecto de la invención, las secuencias de ADN sintético son diseñadas y generadas.
- 35 Estas secuencias sintéticas tienen alterada la secuencia de nucleótidos con relación a la secuencia padre, pero codifican proteínas que son esencialmente idénticas a la proteína madre AXMI.

En otro aspecto de la invención, versiones modificadas de los genes sintéticos están diseñados de manera tal que el péptido resultante es dirigido a un organelo de vegetal, tal como el retículo endoplasmático o el apoplasto. Las secuencias peptídicas conocidas para dar lugar a la selección de proteínas de fusión para plantar organelos son

conocidas en la técnica. Por ejemplo, la región de extremo N terminal del gen de la fosfatasa ácida del Lupino Blanco *Lupinus albus* (GENEBANK® ID GI:14276838, Miller *et al.* (2001) Plant Physiology 127: 594-606) es conocido en la técnica porque da lugar a un retículo endoplásmico blanco de proteínas heterólogas. Si la proteína de fusión resultante también contiene una secuencia de retención del retículo endoplásmico que comprende el péptido de extremo N-terminal-lisina-ácido aspártico-ácido glutámico-leucina (es decir, el motivo "KDEL" (SEQ ID NÚM.:58)) en el extremo C terminal, la proteína de fusión será dirigida al retículo endoplásmico. Si la proteína de fusión carece de un retículo endoplásmico dirigido a la secuencia en el extremo C terminal, la proteína será dirigida al retículo endoplásmico, pero en última instancia será secuestrada en el apoplasto.

De este modo, este gen codifica una proteína de fusión que contiene los treinta y un aminoácidos de extremo N terminal del gen de la fosfatasa ácida del Lupino Blanco *Lupinus albus* (GENEBANK® ID GI: 14276838, Miller *et al.*, 2001, *supra*) fusionados con el extremo N terminal de la secuencia AXMI, así como con la secuencia KDEL en el extremo C terminal. Por lo tanto, se predice que la proteína resultante será dirigida al retículo endoplásmico de la planta al expresarse en una célula vegetal.

Los casetes de expresión vegetal descritos anteriormente se combinan con un marcador adecuado seleccionable de plantas para ayudar en la selección de células y tejidos transformados, y se ligan en vectores de transformación vegetal. Estos pueden incluir vectores binarios de la transformación mediada por *Agrobacterium* o vectores plasmídicos simples para la transformación en aerosol o biolística.

Ejemplo 20. Vectorización de genes axmi para expresión en plantas

El ADN de la región de codificación de los genes *axmi* de la invención está conectado operativamente con secuencias promotoras y terminadoras adecuadas para la expresión en plantas. Tales secuencias son bien conocidas en la técnica y pueden incluir el promotor de la actina del arroz o el promotor de la ubiquitina del maíz para la expresión en monocotiledóneas, el promotor de *Arabidopsis* UBQ3 o el promotor de la expresión de CaMV 35S en dicotiledóneas, y los terminadores nos o PinII. Las técnicas para producir y confirmar construcciones de promotor-gen-terminador también son bien conocidas en la técnica.

Los casetes de expresión vegetal descritos anteriormente se combinan con un marcador adecuado seleccionable de plantas para ayudar en la selección de células y tejidos transformados, y se ligan en vectores de transformación vegetal. Estos pueden incluir vectores binarios de la transformación mediada por *Agrobacterium* o vectores plasmídicos simples para la transformación en aerosol o biolística.

Ejemplo 21. Transformación de las células de maíz con los genes de la proteína pesticida descritos en la presente memoria

Las mazorcas de maíz se recogen mejor 8-12 días después de la polinización. Los embriones se aíslan de las mazorcas, y esos embriones de 1,5-0,8 mm de tamaño son preferentes para su uso en la transformación. Los embriones están revestidos con el lado del escutelo hacia arriba en un medio de incubación adecuado, tal como el medio DN62A5S (3,98 g/L de Sales N6; 1 ml/L (de Madre 1000x) de Vitaminas N6; 800 mg/L de L-Asparagina; 100 mg/L de Myo-inositol; 1,4 g/L de L-Prolina; 100 mg/L de Casaminoácidos; 50 g/L de sacarosa; 1 mL/L (de 1 mg/ml de Madre) 2,4-D). Sin embargo, medios y sales diferentes a DN62A5S son adecuados y conocidos en la técnica. Los embriones son incubados durante la noche a 25°C en la oscuridad. Sin embargo, no es necesario incubar los embriones durante la noche.

Los explantos resultantes se transfieren a cuadrados de malla (30-40 por placa), se transfieren a los medios osmóticos durante aproximadamente 30-45 minutos y luego se transfieren a una placa de haces (véase, por ejemplo, la Publicación PCT Núm. WO/0138514 y la Patente de los Estados Unidos Núm. 5.240.842).

Las construcciones de ADN diseñadas para los genes de la invención en células vegetales se aceleran en tejido vegetal utilizando un acelerador de haces en aerosol, utilizando condiciones esencialmente según lo descrito en la Publicación PCT Núm. WO/0138514. Tras la exposición a los haces, los embriones se incuban durante aproximadamente 30 minutos en medios osmóticos, y se colocan en medios de incubación durante la noche a 25°C en la oscuridad. Para evitar dañar indebidamente los explantos expuestos a los haces, se incuban durante al menos 24 horas antes de la transferencia a los medios de recuperación. Los embriones se propagan a los medios del período de recuperación, durante aproximadamente 5 días, 25°C en la oscuridad, y luego se transfieren a un medio de selección. Los explantos se incuban en medios de selección hasta ocho semanas, dependiendo de la naturaleza y características de la selección particular utilizada. Tras el período de selección, el callo resultante se transfiere a los medios de maduración embrionaria, hasta que se observa la formación de embriones somáticos maduros. Los embriones somáticos maduros resultantes se colocan bajo poca luz, y el proceso de regeneración se inicia mediante procedimientos conocidos en la técnica. Los brotes resultantes pueden enraizarse en los medios de enraizamiento, y las plantas resultantes se transfieren a macetas de vivero y se propagan como plantas transgénicas.

Materiales

Medios DN62A5S

Componentes	Por litro	Fuente
Mezcla de sal básica N6 de Chu (Prod. Núm. C416)	3,98 g/L	Phytotechnology Labs
Solución de Vitamina N6 de Chu (Prod. Núm. C149)	1 ml/L (de cantidad madre 1000x)	Phytotechnology Labs
L-Asparagina	800 mg/L	Phytotechnology Labs
Myo-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. Núm. D-7299)	1 ml/L (de 1 mg/ml de existencias)	Sigma

- 5 El pH de la solución se ajusta a un pH de 5,8 con 1N de KOH/1N de KCl, se añade Gelrite (Sigma) a una concentración de hasta 3 g/L, y el medio se autoclava. Después de enfriar a 50°C, se añaden 2 ml/L de una solución madre de nitrato de plata de 5 mg/ml (Phytotechnology Labs).

Ejemplo 22. Transformación de los genes pesticidas de la invención en células vegetales por transformación mediada por *Aerobacterium*

- 10 Las mazorcas se recogen mejor 8-12 días después de la polinización. Los embriones se aíslan de las mazorcas, y esos embriones de 1,5-0,8 mm de tamaño son preferentes para su uso en la transformación. Los embriones son preparados con el lado del escutelo hacia arriba en un medio de incubación adecuado, e incubados durante la noche a 25°C en la oscuridad. Sin embargo, no es necesario incubarlos durante la noche. Los embriones son contactados con una cepa de *Agrobacterium* que contiene los vectores adecuados para la transferencia mediada por el plásmido de Ti durante aproximadamente 5-10 minutos, y luego se laminan sobre medios de cultivo durante
- 15 aproximadamente 3 días (25°C en la oscuridad). Después del cocultivo, los explantos se transfieren a los medios del período de recuperación durante aproximadamente cinco días (a 25°C en la oscuridad). Los explantos se incuban en medios de selección hasta ocho semanas, dependiendo de la naturaleza y características de la selección particular utilizada. Después del período de selección, el callo resultante se transfiere a los medios de maduración embrionaria, hasta que se observa la formación de embriones somáticos maduros. Los embriones somáticos
- 20 maduros resultantes se colocan bajo poca luz, y el proceso de regeneración se inicia como se conoce en la técnica.

Ejemplo 23. Infestación del suelo de plantas que expresan un gen de la invención con el gusano de la raíz del maíz Occidental

- 25 Las plantas transgénicas que contienen un gen *axmi* de la invención bajo el control de un promotor de la planta son probadas para resistencia a la infestación por el gusano de la raíz del maíz Occidental (WCRW). Las plántulas se trasplantan de los medios de cultivo de tejidos a las macetas de raíz de entrenamiento (tipo concha) conocidas en la técnica como útiles para el crecimiento de plántulas en el suelo. Las plantas se cultivan durante aproximadamente 2 semanas en un invernadero. Las plantas transgénicas, así como los controles no transformados, están infestados con aproximadamente 1.000 huevos de WCRW. Los huevos de WCRW se preincuban de manera tal que los huevos estén en el punto de eclosión cuando se infestan en las plantas. Las plantas se mantienen durante
- 30 aproximadamente cuatro semanas, o hasta que los controles exhiban daños evidentes debido a los gusanos de la raíz. En esta etapa, las plantas son sacadas de las macetas, las raíces son lavadas, y el daño evaluado. Varios eventos independientes son examinados para reducir el daño de la infestación de WCRW en relación con plantas de control no transformadas.

- 35 Los brotes resultantes pueden enraizarse en medios de enraizamiento, y las plantas resultantes son transferidas a macetas de vivero y propagadas como plantas transgénicas.

Listado de secuencias

	<110> Athenix Corporation		
	<120>Una familia de proteínas pesticidas y procedimientos para su uso		
5	<130> N106680E-EP		
	<150> 60/814.007		
	<151> 15/06/2006		
	<150> 60/813.859		
	<151> 15/06/2006		
10	<150> 60/814.420		
	<151> 16/06/2006		
	<150> 60/814.212		
	<151> 16/06/2006		
15	<150> 60/814.989		
	<151> 20/06/2006		
	<160> 63		
	<170> PatentIn versión 3.5		
	<210>		1
	<211>		957
20	<212>		ADN
	<213> Bacillus thuringiensis		
	<220>		
	<221>		CDS
	<222> (1)..(957)		
25	<400>		1
	atg aat aaa aaa cct atg gta gcg ttg ata tta gcc act tcg att ggt 48		
	Met Asn Lys Lys Pro Met Val Ala Leu Ile Leu Ala Thr Ser Ile Gly		
	1 5 10 15		
	ata cct tgt aca ttt aca cct gga agt gca tta gca gca gaa aat att 96		
	Ile Pro Cys Thr Phe Thr Pro Gly Ser Ala Leu Ala Ala Glu Asn Ile		
	20 25 30		
	cag act agt gtt aat gaa aat gta aaa gtt ggt att aca gat gtt caa 144		
	Gln Thr Ser Val Asn Glu Asn Val Lys Val Gly Ile Thr Asp Val Gln		
	35 40 45		
	tct gaa ttg aat aag ata gga gac tat tat tat agt aat aac tta gca 192		
	Ser Glu Leu Asn Lys Ile Gly Asp Tyr Tyr Tyr Ser Asn Asn Leu Ala		
	50 55 60		
	aat acg act ata aaa cct cct cat cat tgg gat tat aca ctt aaa aaa 240		
	Asn Thr Thr Ile Lys Pro Pro His His Trp Asp Tyr Thr Leu Lys Lys		
	65 70 75 80		
	aat cct gat aaa gtt gga aca aat ttg gat ttt agt att act ggt act 288		
	Asn Pro Asp Lys Val Gly Thr Asn Leu Asp Phe Ser Ile Thr Gly Thr		
	85 90 95		
	gct agt aaa cta aat tat gat agt gta act cct ata tac att ggg cat 336		

ES 2 864 641 T3

Ala	Ser	Lys	Leu	Asn	Tyr	Asp	Ser	Val	Thr	Pro	Ile	Tyr	Ile	Gly	His	
			100					105					110			
aat	gaa	ttt	aat	aat	gat	tca	gat	cag	cct	caa	aaa	ttt	aca	act	tct	384
Asn	Glu	Phe	Asn	Asn	Asp	Ser	Asp	Gln	Pro	Gln	Lys	Phe	Thr	Thr	Ser	
		115					120					125				
aaa	ttt	act	aaa	gct	gta	aca	gag	gga	aca	aca	agt	acc	gta	aca	aat	432
Lys	Phe	Thr	Lys	Ala	Val	Thr	Glu	Gly	Thr	Thr	Ser	Thr	Val	Thr	Asn	
		130					135				140					
gga	ttt	aga	tta	gga	aat	cca	ggt	tta	aac	tta	ttt	act	att	cca	tta	480
Gly	Phe	Arg	Leu	Gly	Asn	Pro	Gly	Leu	Asn	Leu	Phe	Thr	Ile	Pro	Leu	
145					150					155					160	
att	tta	agt	gat	ggt	atg	aaa	att	aat	gcg	gaa	ttt	aac	tct	tct	act	528
Ile	Leu	Ser	Asp	Gly	Met	Lys	Ile	Asn	Ala	Glu	Phe	Asn	Ser	Ser	Thr	
				165					170					175		
tca	gaa	tct	caa	caa	aaa	tcg	gaa	aca	aaa	aca	ata	gaa	gca	tca	cct	576
Ser	Glu	Ser	Gln	Gln	Lys	Ser	Glu	Thr	Lys	Thr	Ile	Glu	Ala	Ser	Pro	
			180					185					190			
caa	aac	ata	gaa	ggt	cca	gca	cat	aaa	aaa	tat	aaa	gta	gat	ggt	gta	624
Gln	Asn	Ile	Glu	Val	Pro	Ala	His	Lys	Lys	Tyr	Lys	Val	Asp	Val	Val	
		195					200					205				
ttg	gaa	caa	aca	agc	tat	tggt	gca	gat	ggt	aca	ttt	aca	ggt	gaa	gga	672
Leu	Glu	Gln	Thr	Ser	Tyr	Trp	Ala	Asp	Val	Thr	Phe	Thr	Gly	Glu	Gly	
	210					215					220					
att	aat	ctt	aat	act	act	ata	aat	gca	act	gga	ata	cat	act	ggg	cat	720
Ile	Asn	Leu	Asn	Thr	Thr	Ile	Asn	Ala	Thr	Gly	Ile	His	Thr	Gly	His	
225					230					235					240	
atg	gga	atg	cag	gag	tca	aga	aaa	ttt	tct	tggt	aac	aaa	aat	acc	att	768
Met	Gly	Met	Gln	Glu	Ser	Arg	Lys	Phe	Ser	Trp	Asn	Lys	Asn	Thr	Ile	
				245					250					255		
gaa	tta	ttt	aat	gga	cta	aaa	caa	gag	caa	aaa	aat	aat	ata	cat	ggg	816
Glu	Leu	Phe	Asn	Gly	Leu	Lys	Gln	Glu	Gln	Lys	Asn	Asn	Ile	His	Gly	
			260					265					270			
att	aaa	ttt	agt	aat	ggg	aaa	atg	aat	gca	aac	gga	aca	ggt	aaa	gtt	864
Ile	Lys	Phe	Ser	Asn	Gly	Lys	Met	Asn	Ala	Asn	Gly	Thr	Gly	Lys	Val	
		275					280					285				
gaa	ggt	att	ttt	ggt	agt	aat	cta	ggt	gta	aag	gta	aat	gat	ggt	aca	912
Glu	Gly	Ile	Phe	Gly	Ser	Asn	Leu	Val	Val	Lys	Val	Asn	Asp	Val	Thr	
	290					295					300					
gat	cca	tta	aat	cct	atc	cta	gta	atg	act	aaa	agt	tta	aaa	taa		957
Asp	Pro	Leu	Asn	Pro	Ile	Leu	Val	Met	Thr	Lys	Ser	Leu	Lys			
305					310					315						

<210>

2

<211>

<212>

318

PRT

5

<213> Bacillus thuringiensis

<400>

```

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

Ile Pro Cys Thr Phe Thr Pro Gly Ser Ala Leu Ala Ala Glu Asn Ile
      20      25      30

Gln Thr Ser Val Asn Glu Asn Val Lys Val Gly Ile Thr Asp Val Gln
      35      40      45

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

Asn Thr Thr Ile Lys Pro Pro His His Trp Asp Tyr Thr Leu Lys Lys
      65      70      75      80

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

Ala Ser Lys Leu Asn Tyr Asp Ser Val Thr Pro Ile Tyr Ile Gly His
      100      105      110

Asn Glu Phe Asn Asn Asp Ser Asp Gln Pro Gln Lys Phe Thr Thr Ser
      115      120      125

Lys Phe Thr Lys Ala Val Thr Glu Gly Thr Thr Ser Thr Val Thr Asn
      130      135      140

Gly Phe Arg Leu Gly Asn Pro Gly Leu Asn Leu Phe Thr Ile Pro Leu
      145      150      155      160

Ile Leu Ser Asp Gly Met Lys Ile Asn Ala Glu Phe Asn Ser Ser Thr
      165      170      175

Ser Glu Ser Gln Gln Lys Ser Glu Thr Lys Thr Ile Glu Ala Ser Pro
      180      185      190

Gln Asn Ile Glu Val Pro Ala His Lys Lys Tyr Lys Val Asp Val Val
      195      200      205

Leu Glu Gln Thr Ser Tyr Trp Ala Asp Val Thr Phe Thr Gly Glu Gly
      210      215      220

Ile Asn Leu Asn Thr Thr Ile Asn Ala Thr Gly Ile His Thr Gly His
      225      230      235      240

Met Gly Met Gln Glu Ser Arg Lys Phe Ser Trp Asn Lys Asn Thr Ile
      245      250      255

```

ES 2 864 641 T3

Glu Leu Phe Asn Gly Leu Lys Gln Glu Gln Lys Asn Asn Ile His Gly
260 265 270

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

Glu Gly Ile Phe Gly Ser Asn Leu Val Val Lys Val Asn Asp Val Thr
290 295 300

Asp Pro Leu Asn Pro Ile Leu Val Met Thr Lys Ser Leu Lys
305 310 315

<210> 3 <211>

<212>

5 <213> Bacillus thuringiensis

927
ADN

<220>

<221>

<222> (1)..(927)

CDS

<400>

atg att aat gta aac agt ggt aag gtt ata gat ata tca gga aat tca 48
Met Ile Asn Val Asn Ser Gly Lys Val Ile Asp Ile Ser Gly Asn Ser
1 5 10 15

aca gca aat att caa caa tat gag tgg cgt ggt gat tta cca tct gaa 96
Thr Ala Asn Ile Gln Gln Tyr Glu Trp Arg Gly Asp Leu Pro Ser Glu
20 25 30

tat tgg tac ttt cat cgt gaa gcg gat ggg tat tat gtt att gaa tca 144
Tyr Trp Tyr Phe His Arg Glu Ala Asp Gly Tyr Tyr Val Ile Glu Ser
35 40 45

aaa ctt agt gga aag gta tta gac ata aaa gga aat tca aca gca aat 192
Lys Leu Ser Gly Lys Val Leu Asp Ile Lys Gly Asn Ser Thr Ala Asn
50 55 60

aat gca aat gtt cag caa tat caa ttt ata caa aat gca cct gct gaa 240
Asn Ala Asn Val Gln Gln Tyr Gln Phe Ile Gln Asn Ala Pro Ala Glu
65 70 75 80

aga ttt gct gct gaa gaa gcg gga agc gtc tct ctc cca tca ata aat 288
Arg Phe Ala Ala Glu Glu Ala Gly Ser Val Ser Leu Pro Ser Ile Asn
85 90 95

acg aaa cca tta tca cca gta cca gaa tat aaa acg att aat gat caa 336
Thr Lys Pro Leu Ser Pro Val Pro Glu Tyr Lys Thr Ile Asn Asp Gln
100 105 110

ctt cca gaa gaa acg gaa cgt gta gta aca gct ttt aca ata gtt ccg 384
Leu Pro Glu Glu Thr Glu Arg Val Val Thr Ala Phe Thr Ile Val Pro
115 120 125

tgt atc tca gta aaa gat cca cat tat ggt gga gat act gct aaa caa 432
Cys Ile Ser Val Lys Asp Pro His Tyr Gly Gly Asp Thr Ala Lys Gln
130 135 140

10

ES 2 864 641 T3

ata aga gaa aat cct tat tac atg gtt gta aaa aaa caa tgg tgg aaa Ile Arg Glu Asn Pro Tyr Tyr Met Val Val Lys Lys Gln Trp Trp Lys 145 150 155 160	480
aaa caa gaa tct tat gtt tta gct cct agt gaa acg tat act ttt gaa Lys Gln Glu Ser Tyr Val Leu Ala Pro Ser Glu Thr Tyr Thr Phe Glu 165 170 175	528
aca aaa act ggt ata aaa gta att gat caa gaa act gct aca agg aca Thr Lys Thr Gly Ile Lys Val Ile Asp Gln Glu Thr Ala Thr Arg Thr 180 185 190	576
gta agt tgg agc att ggt gct gat atg gga ttt agt ttc aaa gga ttt Val Ser Trp Ser Ile Gly Ala Asp Met Gly Phe Ser Phe Lys Gly Phe 195 200 205	624
tca tta gga atg tcc act caa tat tca aca caa tta cag act act ata Ser Leu Gly Met Ser Thr Gln Tyr Ser Thr Gln Leu Gln Thr Thr Ile 210 215 220	672
agt cat aca act gaa caa tta aaa gaa gaa aca aac agg cac gaa ata Ser His Thr Thr Glu Gln Leu Lys Glu Glu Thr Asn Arg His Glu Ile 225 230 235 240	720
aag aat cca ttt tca gag aga atg gcg tat tct aga tat gta tta gcg Lys Asn Pro Phe Ser Glu Arg Met Ala Tyr Ser Arg Tyr Val Leu Ala 245 250 255	768
aca gaa tat tct gtc caa aga aaa aat ggt aca atc gta aat tct cct Thr Glu Tyr Ser Val Gln Arg Lys Asn Gly Thr Ile Val Asn Ser Pro 260 265 270	816
tgg act atg acc gat aag aca aaa gca cat gct gta act ttt cca aaa Trp Thr Met Thr Asp Lys Thr Lys Ala His Ala Val Thr Phe Pro Lys 275 280 285	864
tcc aca gga aat gca tta gat gaa aat aca aag gaa cta tca aat agt Ser Thr Gly Asn Ala Leu Asp Glu Asn Thr Lys Glu Leu Ser Asn Ser 290 295 300	912
gaa agt gta aac taa Glu Ser Val Asn 305	927

<210>

4

<211>

308

<212>

PRT

5 <213> Bacillus thuringiensis

<400>

4

Met Ile Asn Val Asn Ser Gly Lys Val Ile Asp Ile Ser Gly Asn Ser 1 5 10 15
--

Thr Ala Asn Ile Gln Gln Tyr Glu Trp Arg Gly Asp Leu Pro Ser Glu 20 25 30

Tyr Trp Tyr Phe His Arg Glu Ala Asp Gly Tyr Tyr Val Ile Glu Ser 35 40 45

ES 2 864 641 T3

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

<210>

5

<211>

<212>

<213> Bacillus thuringiensis

1017
ADN

<220>

<221>

<222> (1)..(1017)

CDS

<400>

5

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

ES 2 864 641 T3

Tyr	Glu	Thr	Ser	Glu	Ser	Val	Glu	Tyr	Ile	Ala	Pro	Ser	Gln	Ser	Ile		
			180					185					190				
aag	gta	cca	ccg	cat	act	att	gcc	cga	gtg	aca	gca	tta	tta	gat	gtg		624
Lys	Val	Pro	Pro	His	Thr	Ile	Ala	Arg	Val	Thr	Ala	Leu	Leu	Asp	Val		
		195					200					205					
aaa	aaa	att	aaa	ggg	aag	atg	cat	cta	tat	tca	gaa	att	gga	ctt	aat		672
Lys	Lys	Ile	Lys	Gly	Lys	Met	His	Leu	Tyr	Ser	Glu	Ile	Gly	Leu	Asn		
	210					215					220						
aaa	gat	tat	ggt	tac	gat	atg	gta	cca	ctt	gtt	tat	aaa	tat	gga	ggt		720
Lys	Asp	Tyr	Gly	Tyr	Asp	Met	Val	Pro	Leu	Val	Tyr	Lys	Tyr	Gly	Gly		
225					230					235					240		
cca	ttt	aaa	tat	gta	acc	tta	ggt	aca	tta	tat	gac	gag	ggc	tat	aag		768
Pro	Phe	Lys	Tyr	Val	Thr	Leu	Gly	Thr	Leu	Tyr	Asp	Glu	Gly	Tyr	Lys		
				245					250					255			
cag	gca	aaa	tta	gat	tat	tct	aat	atg	gga	aat	gtt	ata	ccg	gaa	gaa		816
Gln	Ala	Lys	Leu	Asp	Tyr	Ser	Asn	Met	Gly	Asn	Val	Ile	Pro	Glu	Glu		
		260					265						270				
att	gag	act	gtt	tcg	aaa	agt	aac	aat	ccc	aac	cat	tta	tta	gca	agt		864
Ile	Glu	Thr	Val	Ser	Lys	Ser	Asn	Asn	Pro	Asn	His	Leu	Leu	Ala	Ser		
		275					280					285					
gga	gta	gga	atc	ttt	gaa	tca	gaa	tac	gga	agt	gta	ttt	aat	gtt	aaa		912
Gly	Val	Gly	Ile	Phe	Glu	Ser	Glu	Tyr	Gly	Ser	Val	Phe	Asn	Val	Lys		
	290					295					300						
gtt	gaa	tat	ata	gat	att	aaa	aat	aaa	aag	att	aaa	aaa	aca	gag	aat		960
Val	Glu	Tyr	Ile	Asp	Ile	Lys	Asn	Lys	Lys	Ile	Lys	Lys	Thr	Glu	Asn		
305					310					315					320		
ttc	act	atc	gaa	ccg	aca	ata	gtc	cct	gtt	gaa	cag	aag	aat	acg	aat		1008
Phe	Thr	Ile	Glu	Pro	Thr	Ile	Val	Pro	Val	Glu	Gln	Lys	Asn	Thr	Asn		
			325						330					335			
aca	aaa	taa															1017
Thr	Lys																
<210>							6						<211>				338
<212>																	PRT
5	<213>	Bacillus	thuringiensis														
<400>																	6
Met	Asp	Lys	Lys	Ile	Thr	Lys	Ala	Ala	Leu	Ser	Met	Ile	Met	Gly	Ile		
1				5					10					15			
Ser	Val	Leu	Ser	Ser	Pro	Leu	Ala	Val	Ala	Ala	Lys	Thr	Glu	Asn	Asn		
			20					25					30				
Lys	Glu	Gln	His	Val	Ile	Thr	Gln	Phe	Asn	Gln	Arg	Glu	Asn	Lys	Phe		
	35						40					45					

ES 2 864 641 T3

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

<210> 7 <211> 296
 <212> PRT
 <213> Bacillus thuringiensis
 <400> 7
 Gln Arg Glu Asn Lys Phe Pro Asp Val Gly Gln Gly Ile Gln Trp Leu
 1 5 10 15
 Ser Gln Phe Tyr Gly Lys Ser Leu Arg Asn Asn Gly Glu Gly Tyr Ser
 20 25 30
 Leu Gly Gln Asp Val Met Ser Tyr Phe Leu Glu Val Lys Asn Ser Tyr
 35 40 45
 Gly Gln Leu Ala Met Glu Pro Gln Val Ile Ser Thr Thr Pro Leu Trp
 50 55 60
 Ala Gly Gln Ser Asp Leu Glu Asn Ala Thr Asp Asp Glu Gln Thr Leu
 65 70 75 80
 Asn Ser Thr Glu Phe Lys Lys Thr Tyr Ser Asn Thr Thr Thr Thr Ser
 85 90 95
 Thr Glu Asn Gly Phe Met Ile Gly Gln Glu Thr Glu Gly Lys Val Gly
 100 105 110
 Ile Pro Phe Val Ala Glu Gly Lys Val Thr Ile Lys Thr Glu Tyr Asn
 115 120 125
 Phe Asn His Thr Asn Gly Tyr Glu Thr Ser Glu Ser Val Glu Tyr Ile
 130 135 140
 Ala Pro Ser Gln Ser Ile Lys Val Pro Pro His Thr Ile Ala Arg Val
 145 150 155 160
 Thr Ala Leu Leu Asp Val Lys Lys Ile Lys Gly Lys Met His Leu Tyr
 165 170 175

ES 2 864 641 T3

Ser Glu Ile Gly Leu Asn Lys Asp Tyr Gly Tyr Asp Met Val Pro Leu
180 185 190

Val Tyr Lys Tyr Gly Gly Pro Phe Lys Tyr Val Thr Leu Gly Thr Leu
195 200 205

Tyr Asp Glu Gly Tyr Lys Gln Ala Lys Leu Asp Tyr Ser Asn Met Gly
210 215 220

Asn Val Ile Pro Glu Glu Ile Glu Thr Val Ser Lys Ser Asn Asn Pro
225 230 235 240

Asn His Leu Leu Ala Ser Gly Val Gly Ile Phe Glu Ser Glu Tyr Gly
245 250 255

Ser Val Phe Asn Val Lys Val Glu Tyr Ile Asp Ile Lys Asn Lys Lys
260 265 270

Ile Lys Lys Thr Glu Asn Phe Thr Ile Glu Pro Thr Ile Val Pro Val
275 280 285

Glu Gln Lys Asn Thr Asn Thr Lys
290 295

<210> 8 <211>

<212> 1422

5 <213> Bacillus thuringiensis ADN

<220>

<221>

<222> (1)..(1422) CDS

<400>

atg gtt gat cgt aac ggc atg cca aca ata gat aga agc gga ttt act 48 8

Met Val Asp Arg Asn Gly Met Pro Thr Ile Asp Arg Ser Gly Phe Thr
1 5 10 15

gtt aat cga act gtt aat tac aca aat aca aat tgg atg gct aat att 96

Val Asn Arg Thr Val Asn Tyr Thr Asn Thr Asn Trp Met Ala Asn Ile
20 25 30

gat aat tct cgt agg atc agt gaa tta tca att cca gga aca cat gga 144

Asp Asn Ser Arg Arg Ile Ser Glu Leu Ser Ile Pro Gly Thr His Gly
35 40 45

tca atg gca ctt cat ggt gga gtt gct gga act ata gga gat ata gct 192

Ser Met Ala Leu His Gly Gly Val Ala Gly Thr Ile Gly Asp Ile Ala
50 55 60

atc aat caa aca atg aac ctt gaa act caa tta aac tca gga atc cga 240

Ile Asn Gln Thr Met Asn Leu Glu Thr Gln Leu Asn Ser Gly Ile Arg
65 70 75 80

10

ES 2 864 641 T3

tat att gat att cga tgt agg cat tat cat aat aat ttt gct atc cat Tyr Ile Asp Ile Arg Cys Arg His Tyr His Asn Asn Phe Ala Ile His 85 90 95	288
cat gga cag ata tac cag cac gca ttt ttt ggt tct cat gtt tta gag His Gly Gln Ile Tyr Gln His Ala Phe Phe Gly Ser His Val Leu Glu 100 105 110	336
ccc gtg ata aga ttt tta agg caa aat ccc agt gaa aca att tta atg Pro Val Ile Arg Phe Leu Arg Gln Asn Pro Ser Glu Thr Ile Leu Met 115 120 125	384
cgt att caa caa gaa tac aat cca aca ggt aat aca aga act ttt gct Arg Ile Gln Gln Glu Tyr Asn Pro Thr Gly Asn Thr Arg Thr Phe Ala 130 135 140	432
gaa act ttt gaa tcc ttc tgg act cca aat caa cgt tat ttt tgg tct Glu Thr Phe Glu Ser Phe Trp Thr Pro Asn Gln Arg Tyr Phe Trp Ser 145 150 155 160	480
cct act agt aat aat cca aca tta gga gac gtc cga gga aga att att Pro Thr Ser Asn Asn Pro Thr Leu Gly Asp Val Arg Gly Arg Ile Ile 165 170 175	528
cta tta caa caa ttc ccc tct gat aga gga tgg ttt ggt att aat tgg Leu Leu Gln Gln Phe Pro Ser Asp Arg Gly Trp Phe Gly Ile Asn Trp 180 185 190	576
ggc tcg tta gcc ata caa gat cag tgg gag gta gca ggt ctt aat ggc Gly Ser Leu Ala Ile Gln Asp Gln Trp Glu Val Ala Gly Leu Asn Gly 195 200 205	624
ata tac aga aaa tgg ata gct att aaa aat cat ttt ttt aac aca ata Ile Tyr Arg Lys Trp Ile Ala Ile Lys Asn His Phe Phe Asn Thr Ile 210 215 220	672
aat aat aga aat cga atc cat att aat cat tta agt gga act ggt ggt Asn Asn Arg Asn Arg Ile His Ile Asn His Leu Ser Gly Thr Gly Gly 225 230 235 240	720
ttc ggt gaa cca aga ccc tgg ttt tta gca agt ggc tat aat agt cga Phe Gly Glu Pro Arg Pro Trp Phe Leu Ala Ser Gly Tyr Asn Ser Arg 245 250 255	768
aat gac aat agt atg tta agg tct gca tcg aga ggt cct agt gat gga Asn Asp Asn Ser Met Leu Arg Ser Ala Ser Arg Gly Pro Ser Asp Gly 260 265 270	816
tgg cca gat ttc cca cgt cat agg ccc aca gga gat ata tat ttt gga Trp Pro Asp Phe Pro Arg His Arg Pro Thr Gly Asp Ile Tyr Phe Gly 275 280 285	864
gga atg aat atc ctt gca act aga aga att cga gac cgt aga ttt act Gly Met Asn Ile Leu Ala Ala Thr Arg Arg Ile Arg Asp Arg Arg Phe Thr 290 295 300	912
cat aca gga att gtt gct gct gat ttc cct gga aga gga tta att gaa His Thr Gly Ile Val Ala Ala Asp Phe Pro Gly Arg Gly Leu Ile Glu 305 310 315 320	960
cgc aca att gcg tta aat ttc cct ata tca cca cct cac ttt cct ggt Arg Thr Ile Ala Leu Asn Phe Pro Ile Ser Pro Pro His Phe Pro Gly	1008

ES 2 864 641 T3

	325	330	335	
tac tct caa att gtg aca gct tta aat agt agt agt gta att gat cta				1056
Tyr Ser Gln Ile Val Thr Ala Leu Asn Ser Ser Ser Val Ile Asp Leu	340	345	350	
aat cct aat cgt aat gtc aca tta tgg tcg aat cat cga gga ctt aat				1104
Asn Pro Asn Arg Asn Val Thr Leu Trp Ser Asn His Arg Gly Leu Asn	355	360	365	
caa agg tgg cgc att caa cat att tct gga aat tca tat tca ata ttg				1152
Gln Arg Trp Arg Ile Gln His Ile Ser Gly Asn Ser Tyr Ser Ile Leu	370	375	380	
cca aat ctt cca gtt tta ggt tta cct tat gtt tta act ggg aat gtt				1200
Pro Asn Leu Pro Val Leu Gly Leu Pro Tyr Val Leu Thr Gly Asn Val	385	390	395	400
tat aat ctt aat tct aat gta ttt ctt gct cga tct aac gga ttg cct				1248
Tyr Asn Leu Asn Ser Asn Val Phe Leu Ala Arg Ser Asn Gly Leu Pro	405	410	415	
gag caa cag tgg ctt ctg gaa gaa ttt ttt gac ggt gac tat ata att				1296
Glu Gln Gln Trp Leu Leu Glu Glu Phe Phe Asp Gly Asp Tyr Ile Ile	420	425	430	
aaa aat aga aga aat ccg aat ctg gtt tta gat gta tcc aga agc agc				1344
Lys Asn Arg Arg Asn Pro Asn Val Leu Asp Val Ser Arg Ser Ser	435	440	445	
act agt aat ggc tca ggt att att tta agt aca aga cac aat gga aat				1392
Thr Ser Asn Gly Ser Gly Ile Ile Leu Ser Thr Arg His Asn Gly Asn	450	455	460	
aat caa aga ttt ttt atc aga cca ttt taa				1422
Asn Gln Arg Phe Phe Ile Arg Pro Phe	465	470		
<210>	9		<211>	473
<212>				PRT
<213> Bacillus thuringiensis				
5 <400>				9
Met Val Asp Arg Asn Gly Met Pro Thr Ile Asp Arg Ser Gly Phe Thr	1	5	10	15
Val Asn Arg Thr Val Asn Tyr Thr Asn Thr Asn Trp Met Ala Asn Ile	20	25	30	
Asp Asn Ser Arg Arg Ile Ser Glu Leu Ser Ile Pro Gly Thr His Gly	35	40	45	
Ser Met Ala Leu His Gly Gly Val Ala Gly Thr Ile Gly Asp Ile Ala	50	55	60	
Ile Asn Gln Thr Met Asn Leu Glu Thr Gln Leu Asn Ser Gly Ile Arg				

ES 2 864 641 T3

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

ES 2 864 641 T3

Arg Thr Ile Ala Leu Asn Phe Pro Ile Ser Pro Pro His Phe Pro Gly
325 330 335

Tyr Ser Gln Ile Val Thr Ala Leu Asn Ser Ser Ser Val Ile Asp Leu
340 345 350

Asn Pro Asn Arg Asn Val Thr Leu Trp Ser Asn His Arg Gly Leu Asn
355 360 365

Gln Arg Trp Arg Ile Gln His Ile Ser Gly Asn Ser Tyr Ser Ile Leu
370 375 380

Pro Asn Leu Pro Val Leu Gly Leu Pro Tyr Val Leu Thr Gly Asn Val
385 390 395 400

Tyr Asn Leu Asn Ser Asn Val Phe Leu Ala Arg Ser Asn Gly Leu Pro
405 410 415

Glu Gln Gln Trp Leu Leu Glu Glu Phe Phe Asp Gly Asp Tyr Ile Ile
420 425 430

Lys Asn Arg Arg Asn Pro Asn Leu Val Leu Asp Val Ser Arg Ser Ser
435 440 445

Thr Ser Asn Gly Ser Gly Ile Ile Leu Ser Thr Arg His Asn Gly Asn
450 455 460

Asn Gln Arg Phe Phe Ile Arg Pro Phe
465 470

<210> 10 <211>
<212>
<213> Bacillus thuringiensis

1053
ADN

5 <220>
<221>
<222> (1)..(1053)

CDS

<400>
atg aaa tct tat aaa aaa ata tta cta gtt gcc cca tta gca tgt acc 48
Met Lys Ser Tyr Lys Lys Ile Leu Leu Val Ala Pro Leu Ala Cys Thr
1 5 10 15

tta gca acg gga gtt ttt aca aca cct cat gca gca ttt gca gca tct 96
Leu Ala Thr Gly Val Phe Thr Thr Pro His Ala Ala Phe Ala Ala Ser
20 25 30

tca gtg ggc atg cag gcg aat gca aag gat act ctt gca ttt aat gat 144
Ser Val Gly Met Gln Ala Asn Ala Lys Asp Thr Leu Ala Phe Asn Asp
35 40 45

10

ES 2 864 641 T3

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

ES 2 864 641 T3

cat tat tca cgc gta gaa gtt aaa gtg ttc cca aat acg cgt agt aat 960
His Tyr Ser Arg Val Glu Val Lys Val Phe Pro Asn Thr Arg Ser Asn
305 310 315 320

gaa gat gca atc aca ata cca tat gca aaa tat atg caa aaa gta aaa 1008
Glu Asp Ala Ile Thr Ile Pro Tyr Ala Lys Tyr Met Gln Lys Val Lys
325 330 335

gat ggt aca cta cag aaa gaa tta gaa cag cat tat aaa aaa gct 1053
Asp Gly Thr Leu Gln Lys Glu Leu Glu Gln His Tyr Lys Lys Ala
340 345 350

<210> 11 <211> 351
<212> PRT
<213> Bacillus thuringiensis

5 <400> 11
Met Lys Ser Tyr Lys Lys Ile Leu Leu Val Ala Pro Leu Ala Cys Thr
1 5 10 15

Leu Ala Thr Gly Val Phe Thr Thr Pro His Ala Ala Phe Ala Ala Ser
20 25 30

Ser Val Gly Met Gln Ala Asn Ala Lys Asp Thr Leu Ala Phe Asn Asp
35 40 45

Gln Gln Leu Lys Lys Asp Leu Ser Asp Arg Leu Thr Ser Ala Val Arg
50 55 60

Asn Arg Pro Asp Leu Phe Gly Ile Thr Thr Pro Val Leu Val Asn Asn
65 70 75 80

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

Tyr Thr Asn Asn Gly Thr Ile Gln Thr Asp Ala Lys Val Asp His Tyr
100 105 110

Gly Asp Gly Gly Gln Val Glu Leu Leu Ser Tyr Arg Asn Asp Thr Ser
115 120 125

Val Asn Gln Thr Phe Asn Thr Pro Glu Lys Ser Leu Lys Thr Ser Glu
130 135 140

Ser Phe Thr Tyr Ser Asn Gln Glu Gly Val Lys Leu Gly Val Ala Ser
145 150 155 160

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

ES 2 864 641 T3

Thr Ile Lys Ile Ser Ser Glu Phe Ser Tyr Asn His Thr Ser Ser Asn
180 185 190

Thr Ser Thr Lys Glu Glu Thr Thr Thr Phe Lys Ser Gln Pro Val Ile
195 200 205

Cys Val Ala Gly Tyr Thr Thr Gln Phe Ser Gly Ser Val Gln Asn Ala
210 215 220

Val Phe Ser Gly Ser Phe Ser Gly Thr Ala Glu Ala Ser Gly Asp Val
225 230 235 240

Lys Phe Gln Glu Val Asn Glu Leu Phe Arg Val Asp Thr Ser Leu Gly
245 250 255

Asp Asn Pro Asn Ile Lys Gly His Ala Leu Tyr Asn Val Phe Lys Tyr
260 265 270

Ser Gly Met Pro Val Pro Ser Tyr Val Lys Leu Asp Asp Thr Asn Lys
275 280 285

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

His Tyr Ser Arg Val Glu Val Lys Val Phe Pro Asn Thr Arg Ser Asn
305 310 315 320

Glu Asp Ala Ile Thr Ile Pro Tyr Ala Lys Tyr Met Gln Lys Val Lys
325 330 335

Asp Gly Thr Leu Gln Lys Glu Leu Glu Gln His Tyr Lys Lys Ala
340 345 350

<210> 12 <211>

<212>

1062
ADN

5 <213> Desconocido

<220>

<223> Desconocido

<220>

<221>

CDS
(1)..(1062)

10 <222>

<223> aislado de muestra de suelo

<400>

atg tca gga ttt gaa gaa tta ttt tac cca gat aat acc aac cgt aga
Met Ser Gly Phe Glu Glu Leu Phe Tyr Pro Asp Asn Thr Asn Arg Arg

48

12

ES 2 864 641 T3

1	5	10	15	
agc aga gta gaa caa tta atg gct caa tgt aca gat tta act aac caa Ser Arg Val Glu Gln Leu Met Ala Gln Cys Thr Asp Leu Thr Asn Gln	20	25	30	96
att aag aat gat aga aaa gac att gat gac ctt ttt cga aat aat gat Ile Lys Asn Asp Arg Lys Asp Ile Asp Asp Leu Phe Arg Asn Asn Asp	35	40	45	144
cca att atc aaa gaa aag ctt aaa ggt aag cta ata tta agc att cct Pro Ile Ile Lys Glu Lys Leu Lys Gly Lys Leu Ile Leu Ser Ile Pro	50	55	60	192
aat aaa tat ttt gat ata tcc aaa aat tcc ata gat gat att tta aat Asn Lys Tyr Phe Asp Ile Ser Lys Asn Ser Ile Asp Asp Ile Leu Asn	65	70	75	240
tat gct tta ggt cca gtt cct gct gct att gta ggg gct gat aat aga Tyr Ala Leu Gly Pro Val Pro Ala Ala Ile Val Gly Ala Asp Asn Arg	85	90	95	288
aca tta tat caa aaa ata att aaa gaa ttg gtg aaa att cgt att gag Thr Leu Tyr Gln Lys Ile Ile Lys Glu Leu Val Lys Ile Arg Ile Glu	100	105	110	336
tta aag tat ata gaa tta aag act att tat gat aaa atg gtt att agt Leu Lys Tyr Ile Glu Leu Lys Thr Ile Tyr Asp Lys Met Val Ile Ser	115	120	125	384
gcc gtt ata aaa gag att act cgg att aaa aaa aca gcc caa aaa cat Ala Val Ile Lys Glu Ile Thr Arg Ile Lys Lys Thr Ala Gln Lys His	130	135	140	432
aac tgg act aat gaa ata cta gca gaa att act cag gaa atc att gaa Asn Trp Thr Asn Glu Ile Leu Ala Glu Ile Thr Gln Glu Ile Ile Glu	145	150	155	480
aac act att gaa acg ata gaa aca att aat gta gaa cct tct aga gaa Asn Thr Ile Glu Thr Ile Glu Thr Ile Asn Val Glu Pro Ser Arg Glu	165	170	175	528
tta gct gta gat aaa tta caa gaa att gat gaa aat ctt gca gct tgg Leu Ala Val Asp Lys Leu Gln Glu Ile Asp Glu Asn Leu Ala Ala Trp	180	185	190	576
atc aat gaa gat cca tct aat caa aaa att act atg gaa ttg aat gca Ile Asn Glu Asp Pro Ser Asn Gln Lys Ile Thr Met Glu Leu Asn Ala	195	200	205	624
tta gat gaa gta tat aaa gtt att tcg cct tta aat aat aaa agc gtg Leu Asp Glu Val Tyr Lys Val Ile Ser Pro Leu Asn Asn Lys Ser Val	210	215	220	672
tta gat ttt tct cgc tca aat aat aat gcg att tta tgg gat gac cat Leu Asp Phe Ser Arg Ser Asn Asn Asn Ala Ile Leu Trp Asp Asp His	225	230	235	720
gat ggt gaa aat caa aaa tgg aaa ttt gaa tac aat gca aag cac aca Asp Gly Glu Asn Gln Lys Trp Lys Phe Glu Tyr Asn Ala Lys His Thr	245	250	255	768
gca tac caa att aaa agt ctg gta aat aaa gac ttt gtt tta gca tgg				816

ES 2 864 641 T3

Ala Tyr Gln Ile Lys Ser Leu Val Asn Lys Asp Phe Val Leu Ala Trp
260 265 270

gat gac ggt aat aaa tta aag aat gtg ttt gtt aca aaa aat caa tac 864
Asp Asp Gly Asn Lys Leu Lys Asn Val Phe Val Thr Lys Asn Gln Tyr
275 280 285

aaa gaa gaa cat ttt tgg att tta gaa aag aca gaa gat gac aat tat 912
Lys Glu Glu His Phe Trp Ile Leu Glu Lys Thr Glu Asp Asp Asn Tyr
290 295 300

att ata aaa aat aaa aaa tcc cta att tta ata tta gag gtc gat agg 960
Ile Ile Lys Asn Lys Lys Ser Leu Ile Leu Ile Leu Glu Val Asp Arg
305 310 315 320

gct caa act aat aat gga gca aac att aaa tta aat gaa caa aac cgt 1008
Ala Gln Thr Asn Asn Gly Ala Asn Ile Lys Leu Asn Glu Gln Asn Arg
325 330 335

ata gat aaa cgg tta att aat gct caa aaa ttc aaa tta gca aag tgt 1056
Ile Asp Lys Arg Leu Ile Asn Ala Gln Lys Phe Lys Leu Ala Lys Cys
340 345 350

tat taa 1062
Tyr

<210> 13 <211>
<212>
<213> Desconocido 353
PRT

5 <220>
<223> Construcción sintética

<400> 13
Met Ser Gly Phe Glu Glu Leu Phe Tyr Pro Asp Asn Thr Asn Arg Arg
1 5 10 15

Ser Arg Val Glu Gln Leu Met Ala Gln Cys Thr Asp Leu Thr Asn Gln
20 25 30

Ile Lys Asn Asp Arg Lys Asp Ile Asp Asp Leu Phe Arg Asn Asn Asp
35 40 45

Pro Ile Ile Lys Glu Lys Leu Lys Gly Lys Leu Ile Leu Ser Ile Pro
50 55 60

Asn Lys Tyr Phe Asp Ile Ser Lys Asn Ser Ile Asp Asp Ile Leu Asn
65 70 75 80

Tyr Ala Leu Gly Pro Val Pro Ala Ala Ile Val Gly Ala Asp Asn Arg
85 90 95

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

ES 2 864 641 T3

100	105	110
Leu Lys Tyr Ile Glu Leu Lys Thr Ile Tyr Asp Lys Met Val Ile Ser 115 120 125		
Ala Val Ile Lys Glu Ile Thr Arg Ile Lys Lys Thr Ala Gln Lys His 130 135 140		
Asn Trp Thr Asn Glu Ile Leu Ala Glu Ile Thr Gln Glu Ile Ile Glu 145 150 155 160		
Asn Thr Ile Glu Thr Ile Glu Thr Ile Asn Val Glu Pro Ser Arg Glu 165 170 175		
Leu Ala Val Asp Lys Leu Gln Glu Ile Asp Glu Asn Leu Ala Ala Trp 180 185 190		
Ile Asn Glu Asp Pro Ser Asn Gln Lys Ile Thr Met Glu Leu Asn Ala 195 200 205		
Leu Asp Glu Val Tyr Lys Val Ile Ser Pro Leu Asn Asn Lys Ser Val 210 215 220		
Leu Asp Phe Ser Arg Ser Asn Asn Asn Ala Ile Leu Trp Asp Asp His 225 230 235 240		
Asp Gly Glu Asn Gln Lys Trp Lys Phe Glu Tyr Asn Ala Lys His Thr 245 250 255		
Ala Tyr Gln Ile Lys Ser Leu Val Asn Lys Asp Phe Val Leu Ala Trp 260 265 270		
Asp Asp Gly Asn Lys Leu Lys Asn Val Phe Val Thr Lys Asn Gln Tyr 275 280 285		
Lys Glu Glu His Phe Trp Ile Leu Glu Lys Thr Glu Asp Asp Asn Tyr 290 295 300		
Ile Ile Lys Asn Lys Lys Ser Leu Ile Leu Ile Leu Glu Val Asp Arg 305 310 315 320		
Ala Gln Thr Asn Asn Gly Ala Asn Ile Lys Leu Asn Glu Gln Asn Arg 325 330 335		
Ile Asp Lys Arg Leu Ile Asn Ala Gln Lys Phe Lys Leu Ala Lys Cys 340 345 350		

Tyr

<210>	14	<211>	942
<212>			ADN
<213> Bacillus thuringiensis			
<220>			
<221>			CDS
<222> (1)..(942)			

<400>

14

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

ES 2 864 641 T3

aat gaa tta agt ttt aaa gtc gat aca cct gtt gaa gtt cct cca cgg 624
Asn Glu Leu Ser Phe Lys Val Asp Thr Pro Val Glu Val Pro Pro Arg
195 200 205

tca tct ata gaa gta ata aca aat att tat aaa gac aaa gta aga tat 672
Ser Ser Ile Glu Val Ile Thr Asn Ile Tyr Lys Asp Lys Val Arg Tyr
210 215 220

gaa tat aca gga tat agt gaa ttc aca ggt gaa gtc aca ttc caa tat 720
Glu Tyr Thr Gly Tyr Ser Glu Phe Thr Gly Glu Val Thr Phe Gln Tyr
225 230 235 240

aga ttg aat gca tct gac aca cca aaa aca gta aca aga gaa att ggt 768
Arg Leu Asn Ala Ser Asp Thr Pro Lys Thr Val Thr Arg Glu Ile Gly
245 250 255

acc atg atg tat gaa ata gat gat gaa acg tac aat aaa tta gct gac 816
Thr Met Met Tyr Glu Ile Asp Asp Glu Thr Tyr Asn Lys Leu Ala Asp
260 265 270

aga gga att aca gta aaa ggc gca gta gat tct cca gat gtc tta cgt 864
Arg Gly Ile Thr Val Lys Gly Ala Val Asp Ser Pro Asp Val Leu Arg
275 280 285

att aaa gga aca gct att ttg gat gta gat gag gca tat agc acg gaa 912
Ile Lys Gly Thr Ala Ile Leu Asp Val Asp Glu Ala Tyr Ser Thr Glu
290 295 300

gta att gca aga gat att gca cct att cag 942
Val Ile Ala Arg Asp Ile Ala Pro Ile Gln
305 310

<210> 15 <211> 314
<212> PRT
5 <213> Bacillus thuringiensis

<400> 15
Met Lys Lys Ile Gly Phe Val Ser Gly Met Thr Ser Leu Ala Ile Leu
1 5 10 15

Ala Ser Ala Phe Gly Gly Glu Ile Lys Pro Ala Ser Ala Ser Thr Ser
20 25 30

Ala Leu Ser Gln Gln Ser Thr Leu His Ser Thr Gln Gln Ala Val Gln
35 40 45

Lys His Asn Phe Asp Ala Ile Val Asn Glu Ile Ile His Ala Trp Ile
50 55 60

Lys Lys Asn Asn Pro Gly Gly His Tyr Pro Phe Ile Asp Ser Lys Asn
65 70 75 80

Ile Ser Gln Ile Lys Glu Ser Arg Leu Asn Ile Gly Ala Pro Lys Arg
85 90 95

ES 2 864 641 T3

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

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

Glu Leu Lys Thr Ser His Ser Ser Ser Phe Thr Asn Leu Thr Glu Ile
130 135 140

Thr His Thr Gly Gly Ile Thr Thr Lys Ala Glu Val Lys Phe Lys Pro
145 150 155 160

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

Tyr Glu Tyr Ser Asn Thr Gln Gly Thr Asn Gln Thr Gln Thr Thr Thr
180 185 190

Asn Glu Leu Ser Phe Lys Val Asp Thr Pro Val Glu Val Pro Pro Arg
195 200 205

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

Glu Tyr Thr Gly Tyr Ser Glu Phe Thr Gly Glu Val Thr Phe Gln Tyr
225 230 235 240

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

Thr Met Met Tyr Glu Ile Asp Asp Glu Thr Tyr Asn Lys Leu Ala Asp
260 265 270

Arg Gly Ile Thr Val Lys Gly Ala Val Asp Ser Pro Asp Val Leu Arg
275 280 285

Ile Lys Gly Thr Ala Ile Leu Asp Val Asp Glu Ala Tyr Ser Thr Glu
290 295 300

Val Ile Ala Arg Asp Ile Ala Pro Ile Gln
305 310

<210> 16 <211>

<212>

5 <213> Bacillus thuringiensis

3552
ADN

<220>

<221>

<222> (1)..(3552)

CDS

<400>
atg tgt ttt cta tgt cat aga aga cac ata gga gat tgt tta ttc aat 48
Met Cys Phe Leu Cys His Arg Arg His Ile Gly Asp Cys Leu Phe Asn
1 5 10 15
tta ata tac ttt ttg gag gta aat tat atg gat ata aga aat cag aag 96
Leu Ile Tyr Phe Leu Glu Val Asn Tyr Met Asp Ile Arg Asn Gln Lys
20 25 30
aaa tca gaa gaa ata cac ccc aca tta aat gaa tca tct tct aat aca 144
Lys Ser Glu Glu Ile His Pro Thr Leu Asn Glu Ser Ser Ser Asn Thr
35 40 45
aca tca aag tat cca ctt gca agt gat cta atc aaa caa tat caa aat 192
Thr Ser Lys Tyr Pro Leu Ala Ser Asp Leu Ile Lys Gln Tyr Gln Asn
50 55 60
atg aat tat aaa gat agt tta aat ata atc gag gag aat aat gta atc 240
Met Asn Tyr Lys Asp Ser Leu Asn Ile Ile Glu Glu Asn Asn Val Ile
65 70 75 80
gat cct gta tct gga act gcc gct ttg gta act gca agg aaa att ggt 288
Asp Pro Val Ser Gly Thr Ala Ala Leu Val Thr Ala Arg Lys Ile Gly
85 90 95
ggt aag ata att aag aag tta gga gag gca gct ctg tct aaa att ttg 336
Gly Lys Ile Ile Lys Lys Leu Gly Glu Ala Ala Leu Ser Lys Ile Leu
100 105 110
aaa gag atc ttg ggt tat tta tgg ccg act tca gga gaa gac gat tca 384
Lys Glu Ile Leu Gly Tyr Leu Trp Pro Thr Ser Gly Glu Asp Asp Ser
115 120 125
tgg aca gat atg atg acg gca gta gaa gaa ctt att gat caa aaa ata 432
Trp Thr Asp Met Met Thr Ala Val Glu Glu Leu Ile Asp Gln Lys Ile
130 135 140
cag gaa cag gta gaa ttg gat gca ctt acg gag ttg gaa aaa ata ggt 480
Gln Glu Gln Val Glu Leu Asp Ala Leu Thr Glu Leu Glu Lys Ile Gly
145 150 155 160
gaa gcc gtg gag gca tat tat atc gca tta gac gat tgg gaa cca gta 528
Glu Ala Val Glu Ala Tyr Tyr Ile Ala Leu Asp Asp Trp Glu Pro Val
165 170 175
cct gaa gat atg ttt agt cta agc gaa gta ata aaa cga tac gat ttt 576
Pro Glu Asp Met Phe Ser Leu Ser Glu Val Ile Lys Arg Tyr Asp Phe
180 185 190
gcg cag caa ctt gca aga gct tca atg cca gaa ttc aag aag aaa ggt 624
Ala Gln Gln Leu Ala Arg Ala Ser Met Pro Glu Phe Lys Lys Lys Gly
195 200 205
tat gaa att ccc ttg tta gca aca tat gca aat gct gca aat gtt cat 672
Tyr Glu Ile Pro Leu Leu Ala Thr Tyr Ala Asn Ala Ala Asn Val His
210 215 220
ttg ctt tta atg aga gat atg caa ata tac ggg gaa aga tgg gga ata 720
Leu Leu Leu Met Arg Asp Met Gln Ile Tyr Gly Glu Arg Trp Gly Ile

16

ES 2 864 641 T3

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

ES 2 864 641 T3

Tyr	Ser	Lys	Asp	Glu	Leu	Pro	Ile	Glu	Leu	Leu	Ala	Ser	Pro	Ile	Tyr	
				485				490						495		
gga	gat	att	gag	gaa	tac	agt	cat	agg	tta	agt	cac	ggt	tca	gag	gta	1536
Gly	Asp	Ile	Glu	Glu	Tyr	Ser	His	Arg	Leu	Ser	His	Val	Ser	Glu	Val	
			500					505				510				
att	aaa	gat	tat	ggg	cag	gga	ata	att	cct	gta	tta	ggt	ttc	aca	cat	1584
Ile	Lys	Asp	Tyr	Gly	Gln	Gly	Ile	Ile	Pro	Val	Leu	Gly	Phe	Thr	His	
		515					520					525				
gta	agt	gta	agt	cgt	gac	aat	aga	att	tat	tca	gat	aag	att	acg	caa	1632
Val	Ser	Val	Ser	Arg	Asp	Asn	Arg	Ile	Tyr	Ser	Asp	Lys	Ile	Thr	Gln	
	530					535					540					
att	cca	gct	gtg	aaa	atg	tat	gaa	tta	gta	agc	cca	gcc	ggt	ggt	gta	1680
Ile	Pro	Ala	Val	Lys	Met	Tyr	Glu	Leu	Val	Ser	Pro	Ala	Val	Val	Val	
545					550					555					560	
aaa	ggg	cct	gga	tct	aca	ggt	gga	gat	tta	ggt	aag	aga	ggg	agt	agt	1728
Lys	Gly	Pro	Gly	Ser	Thr	Gly	Gly	Asp	Leu	Val	Lys	Arg	Gly	Ser	Ser	
			565						570					575		
ggt	aat	ata	gga	tct	atg	aat	ggt	acc	gta	aac	tca	cca	ctt	tct	caa	1776
Gly	Asn	Ile	Gly	Ser	Met	Asn	Val	Thr	Val	Asn	Ser	Pro	Leu	Ser	Gln	
			580					585					590			
aaa	tat	cgt	gtc	aga	ggt	cga	tat	gcc	act	aat	gct	tct	ggc	cag	tta	1824
Lys	Tyr	Arg	Val	Arg	Val	Arg	Tyr	Ala	Thr	Asn	Ala	Ser	Gly	Gln	Leu	
		595					600					605				
aac	gtg	agt	att	aac	gat	aaa	tta	aca	ctt	caa	aaa	cct	ttt	gaa	aga	1872
Asn	Val	Ser	Ile	Asn	Asp	Lys	Leu	Thr	Leu	Gln	Lys	Pro	Phe	Glu	Arg	
	610				615						620					
acc	gga	aca	aca	ata	ggt	gaa	gga	aca	gat	ttg	tcc	tat	gat	tca	ttt	1920
Thr	Gly	Thr	Thr	Ile	Gly	Glu	Gly	Thr	Asp	Leu	Ser	Tyr	Asp	Ser	Phe	
625					630					635					640	
gga	tat	tta	gaa	tat	tct	acg	acg	att	caa	ttt	ccg	aat	gag	cac	cca	1968
Gly	Tyr	Leu	Glu	Tyr	Ser	Thr	Thr	Ile	Gln	Phe	Pro	Asn	Glu	His	Pro	
			645					650						655		
aaa	atc	act	ttt	aat	tta	tcc	cat	tgg	agc	ggc	agt	gga	gca	ttt	tat	2016
Lys	Ile	Thr	Phe	Asn	Leu	Ser	His	Trp	Ser	Gly	Ser	Gly	Ala	Phe	Tyr	
			660					665					670			
ata	gat	aaa	atc	gaa	ttt	atc	cct	gta	gat	gaa	aat	tac	gat	gaa	aga	2064
Ile	Asp	Lys	Ile	Glu	Phe	Ile	Pro	Val	Asp	Glu	Asn	Tyr	Asp	Glu	Arg	
		675					680					685				
gta	aca	cta	gaa	aaa	gca	cag	aaa	gcc	gtg	aat	gcc	ttg	ttt	aca	gcg	2112
Val	Thr	Leu	Glu	Lys	Ala	Gln	Lys	Ala	Val	Asn	Ala	Leu	Phe	Thr	Ala	
		690				695					700					
gga	aga	aat	gca	ctc	caa	aaa	gat	gtg	aca	gat	ttt	aaa	gta	gat	cag	2160
Gly	Arg	Asn	Ala	Leu	Gln	Lys	Asp	Val	Thr	Asp	Phe	Lys	Val	Asp	Gln	
705					710					715					720	
ggt	tcc	att	tta	gtg	gat	tgt	ata	cca	ggg	gaa	ttg	tat	cca	aat	gag	2208
Val	Ser	Ile	Leu	Val	Asp	Cys	Ile	Pro	Gly	Glu	Leu	Tyr	Pro	Asn	Glu	
			725						730					735		

ES 2 864 641 T3

aaa cgc gaa cta cta agt tta gtc aaa tac gca aaa cgg ttg agt tat Lys Arg Glu Leu Leu Ser Leu Val Lys Tyr Ala Lys Arg Leu Ser Tyr 740 745 750	2256
tcc cgt aat tta ctc cta gac cca aca ttc gat tct atc aat tca cca Ser Arg Asn Leu Leu Leu Asp Pro Thr Phe Asp Ser Ile Asn Ser Pro 755 760 765	2304
gat gag aat ggc tgg tac ggg agt aat ggt att gca att gga aat ggg Asp Glu Asn Gly Trp Tyr Gly Ser Asn Gly Ile Ala Ile Gly Asn Gly 770 775 780	2352
aac ttt gta ttc aaa gga aac tat tta att ttc tca ggt acc aat gat Asn Phe Val Phe Lys Gly Asn Tyr Leu Ile Phe Ser Gly Thr Asn Asp 785 790 795 800	2400
aca caa tac cca acg tat ctc tat caa aaa att gat gaa tcc aag ctc Thr Gln Tyr Pro Thr Tyr Leu Tyr Gln Lys Ile Asp Glu Ser Lys Leu 805 810 815	2448
aaa gaa tat aca cgc tat aaa ctg aga ggt ttt atc gag agt agt cag Lys Glu Tyr Thr Arg Tyr Lys Leu Arg Gly Phe Ile Glu Ser Ser Gln 820 825 830	2496
gat tta gag gca tat gtg att cgc tat gat gca aaa cat gaa aca ttg Asp Leu Glu Ala Tyr Val Ile Arg Tyr Asp Ala Lys His Glu Thr Leu 835 840 845	2544
gat gta tcc aat aat cta ttc cca gat att tct cct gtg aat gca tgc Asp Val Ser Asn Asn Leu Phe Pro Asp Ile Ser Pro Val Asn Ala Cys 850 855 860	2592
gga gaa cca aat cgt tgt gcg gca cta caa tac ctg gat gaa aac cca Gly Glu Pro Asn Arg Cys Ala Ala Leu Gln Tyr Leu Asp Glu Asn Pro 865 870 875 880	2640
agg tta gaa tgt agt tcg ata caa gat ggc att tta tct gat tcg cat Arg Leu Glu Cys Ser Ser Ile Gln Asp Gly Ile Leu Ser Asp Ser His 885 890 895	2688
tca ttt tct ctc aat ata gat aca ggt tct att gat tac gat gag aac Ser Phe Ser Leu Asn Ile Asp Thr Gly Ser Ile Asp Tyr Asp Glu Asn 900 905 910	2736
gta ggt att tgg gtg ttg ttt aaa att tcc aca ccg gaa ggg tat gcg Val Gly Ile Trp Val Leu Phe Lys Ile Ser Thr Pro Glu Gly Tyr Ala 915 920 925	2784
aaa ttt gga aac cta gaa gtg att gaa gat ggc cta gtc att gga gaa Lys Phe Gly Asn Leu Glu Val Ile Glu Asp Gly Leu Val Ile Gly Glu 930 935 940	2832
gca tta gcc cgt gtg aaa cgt caa gaa acg aag tgg aga aac aag ttg Ala Leu Ala Arg Val Lys Arg Gln Glu Thr Lys Trp Arg Asn Lys Leu 945 950 955 960	2880
aca caa ctg cga acg gaa aca caa gcg att tat aca cga gca aaa caa Thr Gln Leu Arg Thr Glu Thr Gln Ala Ile Tyr Thr Arg Ala Lys Gln 965 970 975	2928
gcc att gat aat tta ttc aca aat gca cag gac tct cac tta aaa ata Ala Ile Asp Asn Leu Phe Thr Asn Ala Gln Asp Ser His Leu Lys Ile 980 985 990	2976

ES 2 864 641 T3

ggt gct aca ttc gcg tca att gtg gcc gcg cga aag att gtc caa tca 3024
 Gly Ala Thr Phe Ala Ser Ile Val Ala Ala Arg Lys Ile Val Gln Ser
 995 1000 1005
 ata cgt gaa gcg tat atg tca tgg tta tct atc gtc cca agt gta 3069
 Ile Arg Glu Ala Tyr Met Ser Trp Leu Ser Ile Val Pro Ser Val
 1010 1015 1020
 aat tat cct att ttc aca gag ttg aat gaa aga gta cag cga gca 3114
 Asn Tyr Pro Ile Phe Thr Glu Leu Asn Glu Arg Val Gln Arg Ala
 1025 1030 1035
 ttt cga tta tat gat gta cga aat gtc gta cgt aat ggc cga ttc 3159
 Phe Arg Leu Tyr Asp Val Arg Asn Val Val Arg Asn Gly Arg Phe
 1040 1045 1050
 ttg agt gga gta tcg gat tgg att gtg aca tct gat gta aag gta 3204
 Leu Ser Gly Val Ser Asp Trp Ile Val Thr Ser Asp Val Lys Val
 1055 1060 1065
 caa gaa gaa aat ggg aac aac gta tta gtt ctt tcc aat tgg gat 3249
 Gln Glu Glu Asn Gly Asn Asn Val Leu Val Leu Ser Asn Trp Asp
 1070 1075 1080
 gca caa gta tta caa tgt ctg aat ctc tac gaa gac cat ggg tat 3294
 Ala Gln Val Leu Gln Cys Leu Asn Leu Tyr Glu Asp His Gly Tyr
 1085 1090 1095
 atc tta cgc gta aca gca cgt aag gaa gga ctc gga gaa gga tat 3339
 Ile Leu Arg Val Thr Ala Arg Lys Glu Gly Leu Gly Glu Gly Tyr
 1100 1105 1110
 ata aca atc act gat gaa gaa ggg cat aca gat caa ttg aca ttt 3384
 Ile Thr Ile Thr Asp Glu Glu Gly His Thr Asp Gln Leu Thr Phe
 1115 1120 1125
 ggt gga tgt gag gag ata gat tca tcc aat tct ttc gta tct aca 3429
 Gly Gly Cys Glu Glu Ile Asp Ser Ser Asn Ser Phe Val Ser Thr
 1130 1135 1140
 ggt tat att aca aaa gag cta gaa ttc ttc cca gat aca gag aaa 3474
 Gly Tyr Ile Thr Lys Glu Leu Glu Phe Phe Pro Asp Thr Glu Lys
 1145 1150 1155
 gtg cgc atc gaa att gga gaa aca gaa gga aca ttc cag gta gaa 3519
 Val Arg Ile Glu Ile Gly Glu Thr Glu Gly Thr Phe Gln Val Glu
 1160 1165 1170
 agt gtg gaa tta ttt ttg atg gaa gac ata tgc 3552
 Ser Val Glu Leu Phe Leu Met Glu Asp Ile Cys
 1175 1180

<210>

17

<211>

1184

<212>

PRT

<213> Bacillus thuringiensis

5

<400>

17

Met Cys Phe Leu Cys His Arg Arg His Ile Gly Asp Cys Leu Phe Asn
 1 5 10 15

ES 2 864 641 T3

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

ES 2 864 641 T3

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

ES 2 864 641 T3

Ile Lys Asp Tyr Gly Gln Gly Ile Ile Pro Val Leu Gly Phe Thr His
 515 520 525
 Val Ser Val Ser Arg Asp Asn Arg Ile Tyr Ser Asp Lys Ile Thr Gln
 530 535 540
 Ile Pro Ala Val Lys Met Tyr Glu Leu Val Ser Pro Ala Val Val Val
 545 550 555 560
 Lys Gly Pro Gly Ser Thr Gly Gly Asp Leu Val Lys Arg Gly Ser Ser
 565 570 575
 Gly Asn Ile Gly Ser Met Asn Val Thr Val Asn Ser Pro Leu Ser Gln
 580 585 590
 Lys Tyr Arg Val Arg Val Arg Tyr Ala Thr Asn Ala Ser Gly Gln Leu
 595 600 605
 Asn Val Ser Ile Asn Asp Lys Leu Thr Leu Gln Lys Pro Phe Glu Arg
 610 615 620
 Thr Gly Thr Thr Ile Gly Glu Gly Thr Asp Leu Ser Tyr Asp Ser Phe
 625 630 635 640
 Gly Tyr Leu Glu Tyr Ser Thr Thr Ile Gln Phe Pro Asn Glu His Pro
 645 650 655
 Lys Ile Thr Phe Asn Leu Ser His Trp Ser Gly Ser Gly Ala Phe Tyr
 660 665 670
 Ile Asp Lys Ile Glu Phe Ile Pro Val Asp Glu Asn Tyr Asp Glu Arg
 675 680 685
 Val Thr Leu Glu Lys Ala Gln Lys Ala Val Asn Ala Leu Phe Thr Ala
 690 695 700
 Gly Arg Asn Ala Leu Gln Lys Asp Val Thr Asp Phe Lys Val Asp Gln
 705 710 715 720
 Val Ser Ile Leu Val Asp Cys Ile Pro Gly Glu Leu Tyr Pro Asn Glu
 725 730 735
 Lys Arg Glu Leu Leu Ser Leu Val Lys Tyr Ala Lys Arg Leu Ser Tyr
 740 745 750
 Ser Arg Asn Leu Leu Leu Asp Pro Thr Phe Asp Ser Ile Asn Ser Pro
 755 760 765

ES 2 864 641 T3

Asp Glu Asn Gly Trp Tyr Gly Ser Asn Gly Ile Ala Ile Gly Asn Gly
 770 775 780
 Asn Phe Val Phe Lys Gly Asn Tyr Leu Ile Phe Ser Gly Thr Asn Asp
 785 790 795 800
 Thr Gln Tyr Pro Thr Tyr Leu Tyr Gln Lys Ile Asp Glu Ser Lys Leu
 805 810 815
 Lys Glu Tyr Thr Arg Tyr Lys Leu Arg Gly Phe Ile Glu Ser Ser Gln
 820 825 830
 Asp Leu Glu Ala Tyr Val Ile Arg Tyr Asp Ala Lys His Glu Thr Leu
 835 840 845
 Asp Val Ser Asn Asn Leu Phe Pro Asp Ile Ser Pro Val Asn Ala Cys
 850 855 860
 Gly Glu Pro Asn Arg Cys Ala Ala Leu Gln Tyr Leu Asp Glu Asn Pro
 865 870 875 880
 Arg Leu Glu Cys Ser Ser Ile Gln Asp Gly Ile Leu Ser Asp Ser His
 885 890 895
 Ser Phe Ser Leu Asn Ile Asp Thr Gly Ser Ile Asp Tyr Asp Glu Asn
 900 905 910
 Val Gly Ile Trp Val Leu Phe Lys Ile Ser Thr Pro Glu Gly Tyr Ala
 915 920 925
 Lys Phe Gly Asn Leu Glu Val Ile Glu Asp Gly Leu Val Ile Gly Glu
 930 935 940
 Ala Leu Ala Arg Val Lys Arg Gln Glu Thr Lys Trp Arg Asn Lys Leu
 945 950 955 960
 Thr Gln Leu Arg Thr Glu Thr Gln Ala Ile Tyr Thr Arg Ala Lys Gln
 965 970 975
 Ala Ile Asp Asn Leu Phe Thr Asn Ala Gln Asp Ser His Leu Lys Ile
 980 985 990
 Gly Ala Thr Phe Ala Ser Ile Val Ala Ala Arg Lys Ile Val Gln Ser
 995 1000 1005
 Ile Arg Glu Ala Tyr Met Ser Trp Leu Ser Ile Val Pro Ser Val
 1010 1015 1020

ES 2 864 641 T3

Asn Tyr Pro Ile Phe Thr Glu Leu Asn Glu Arg Val Gln Arg Ala
 1025 1030 1035
 Phe Arg Leu Tyr Asp Val Arg Asn Val Val Arg Asn Gly Arg Phe
 1040 1045 1050
 Leu Ser Gly Val Ser Asp Trp Ile Val Thr Ser Asp Val Lys Val
 1055 1060 1065
 Gln Glu Glu Asn Gly Asn Asn Val Leu Val Leu Ser Asn Trp Asp
 1070 1075 1080
 Ala Gln Val Leu Gln Cys Leu Asn Leu Tyr Glu Asp His Gly Tyr
 1085 1090 1095
 Ile Leu Arg Val Thr Ala Arg Lys Glu Gly Leu Gly Glu Gly Tyr
 1100 1105 1110
 Ile Thr Ile Thr Asp Glu Glu Gly His Thr Asp Gln Leu Thr Phe
 1115 1120 1125
 Gly Gly Cys Glu Glu Ile Asp Ser Ser Asn Ser Phe Val Ser Thr
 1130 1135 1140
 Gly Tyr Ile Thr Lys Glu Leu Glu Phe Phe Pro Asp Thr Glu Lys
 1145 1150 1155
 Val Arg Ile Glu Ile Gly Glu Thr Glu Gly Thr Phe Gln Val Glu
 1160 1165 1170
 Ser Val Glu Leu Phe Leu Met Glu Asp Ile Cys
 1175 1180

<210> 18 <211> 3477
 <212> ADN
 <213> Bacillus thuringiensis

5 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(3477)

<400> 18

atg gat ata aga aat cag aag aaa tca gaa gaa ata cac ccc aca tta 48
 Met Asp Ile Arg Asn Gln Lys Lys Ser Glu Glu Ile His Pro Thr Leu
 1 5 10 15

aat gaa tca tct tct aat aca aca tca aag tat cca ctt gca agt gat 96
 Asn Glu Ser Ser Ser Asn Thr Thr Ser Lys Tyr Pro Leu Ala Ser Asp

10

ES 2 864 641 T3

20	25	30	
cta atc aaa caa tat caa aat atg aat tat aaa gat agt tta aat ata Leu Ile Lys Gln Tyr Gln Asn Met Asn Tyr Lys Asp Ser Leu Asn Ile 35 40 45			144
atc gag gag aat aat gta atc gat cct gta tct gga act gcc gct ttg Ile Glu Glu Asn Asn Val Ile Ile Asp Pro Val Ser Gly Thr Ala Ala Leu 50 55 60			192
gta act gca agg aaa att ggt ggt aag ata att aag aag tta gga gag Val Thr Ala Arg Lys Ile Gly Gly Lys Ile Ile Lys Lys Leu Gly Glu 65 70 75 80			240
gca gct ctg tct aaa att ttg aaa gag atc ttg ggt tat tta tgg ccg Ala Ala Leu Ser Lys Ile Leu Lys Glu Ile Leu Gly Tyr Leu Trp Pro 85 90 95			288
act tca gga gaa gac gat tca tgg aca gat atg atg acg gca gta gaa Thr Ser Gly Glu Asp Asp Ser Trp Thr Asp Met Met Thr Ala Val Glu 100 105 110			336
gaa ctt att gat caa aaa ata cag gaa cag gta gaa ttg gat gca ctt Glu Leu Ile Asp Gln Lys Ile Gln Glu Gln Val Glu Leu Asp Ala Leu 115 120 125			384
acg gag ttg gaa aaa ata ggt gaa gcc gtg gag gca tat tat atc gca Thr Glu Leu Glu Lys Ile Gly Glu Ala Val Glu Ala Tyr Tyr Ile Ala 130 135 140			432
tta gac gat tgg gaa cca gta cct gaa gat atg ttt agt cta agc gaa Leu Asp Asp Trp Glu Pro Val Pro Glu Asp Met Phe Ser Leu Ser Glu 145 150 155 160			480
gta ata aaa cga tac gat ttt gcg cag caa ctt gca aga gct tca atg Val Ile Lys Arg Tyr Asp Phe Ala Gln Leu Ala Arg Ala Ser Met 165 170 175			528
cca gaa ttc aag aag aaa ggt tat gaa att ccc ttg tta gca aca tat Pro Glu Phe Lys Lys Lys Gly Tyr Glu Ile Pro Leu Leu Ala Thr Tyr 180 185 190			576
gca aat gct gca aat gtt cat ttg ctt tta atg aga gat atg caa ata Ala Asn Ala Ala Asn Val His Leu Leu Leu Met Arg Asp Met Gln Ile 195 200 205			624
tac ggg gaa aga tgg gga ata cct aaa gaa gat ata gag ctc tac tta Tyr Gly Glu Arg Trp Gly Ile Pro Lys Glu Asp Ile Glu Leu Tyr Leu 210 215 220			672
tct gaa caa gaa aat ttt acc tct gaa tat aca gat cat tgc gta aaa Ser Glu Gln Glu Asn Phe Thr Ser Glu Tyr Thr Asp His Cys Val Lys 225 230 235 240			720
tat tat aat gag gga tta aat caa ttg aaa aat aaa agt ggc gta agt Tyr Tyr Asn Glu Gly Leu Asn Gln Leu Lys Asn Lys Ser Gly Val Ser 245 250 255			768
ggt tta gtt tgg gag aat tat aac cgt ttc cgt aca gaa atg aca atc Gly Leu Val Trp Glu Asn Tyr Asn Arg Phe Arg Thr Glu Met Thr Ile 260 265 270			816
ctg gtg tta gat att gtg gct gta ttt cca cgc tac aat gta atc gaa			864

ES 2 864 641 T3

Leu	Val	Leu	Asp	Ile	Val	Ala	Val	Phe	Pro	Arg	Tyr	Asn	Val	Ile	Glu	
	275						280					285				
tat	cct	ata	gat	tca	aca	gta	gaa	tta	aca	aga	aca	att	tat	cta	gat	912
Tyr	Pro	Ile	Asp	Ser	Thr	Val	Glu	Leu	Thr	Arg	Thr	Ile	Tyr	Leu	Asp	
	290					295					300					
cca	ctt	ggt	tac	aca	ggg	aat	tcc	aat	gac	gag	cat	ccc	gaa	tat	tat	960
Pro	Leu	Gly	Tyr	Thr	Gly	Asn	Ser	Asn	Asp	Glu	His	Pro	Glu	Tyr	Tyr	
305					310					315					320	
gcg	tct	aca	aaa	tca	ttt	tca	tca	ata	gag	agt	aga	gcc	ata	cct	gca	1008
Ala	Ser	Thr	Lys	Ser	Phe	Ser	Ser	Ile	Glu	Ser	Arg	Ala	Ile	Pro	Ala	
				325					330					335		
ccc	aca	tta	ttc	cag	tgg	atc	act	gaa	ctt	caa	gta	tat	tca	gca	aaa	1056
Pro	Thr	Leu	Phe	Gln	Trp	Ile	Thr	Glu	Leu	Gln	Val	Tyr	Ser	Ala	Lys	
			340					345					350			
ggc	tct	cat	ggt	tct	acc	tat	act	aca	tgg	tgg	act	gga	cat	aaa	gtg	1104
Gly	Ser	His	Gly	Ser	Thr	Tyr	Thr	Thr	Trp	Trp	Thr	Gly	His	Lys	Val	
		355					360					365				
act	gct	aag	cct	act	aat	ggt	ggt	ctt	gaa	agt	aaa	tat	gat	ttc	gga	1152
Thr	Ala	Lys	Pro	Thr	Asn	Gly	Gly	Leu	Glu	Ser	Lys	Tyr	Asp	Phe	Gly	
	370					375					380					
agt	tct	tca	ggt	tct	cag	aac	aag	gat	gtt	ttt	gct	ctt	gat	ggc	aag	1200
Ser	Ser	Ser	Gly	Ser	Gln	Asn	Lys	Asp	Val	Phe	Ala	Leu	Asp	Gly	Lys	
385					390					395					400	
gat	gta	tat	gat	tca	caa	agt	atg	tta	aca	tcg	att	agt	tat	tcc	ggt	1248
Asp	Val	Tyr	Asp	Ser	Gln	Ser	Met	Leu	Thr	Ser	Ile	Ser	Tyr	Ser	Gly	
				405					410					415		
att	aga	tat	ttt	ggg	tgt	cct	cag	ttt	aag	tta	aat	tgg	ata	aat	aag	1296
Ile	Arg	Tyr	Phe	Gly	Cys	Pro	Gln	Phe	Lys	Leu	Asn	Trp	Ile	Asn	Lys	
			420					425					430			
aat	aat	gag	cta	gca	gaa	cag	ata	ttt	aat	tat	tca	agt	aat	gtt	ggt	1344
Asn	Asn	Glu	Leu	Ala	Glu	Gln	Ile	Phe	Asn	Tyr	Ser	Ser	Asn	Val	Gly	
		435					440					445				
tca	tct	ttc	agt	gag	tat	agg	tat	agc	aag	gat	gaa	tta	cca	ata	gaa	1392
Ser	Ser	Phe	Ser	Glu	Tyr	Arg	Tyr	Ser	Lys	Asp	Glu	Leu	Pro	Ile	Glu	
	450					455					460					
ttg	ttg	gcg	agc	cct	att	tat	gga	gat	att	gag	gaa	tac	agt	cat	agg	1440
Leu	Leu	Ala	Ser	Pro	Ile	Tyr	Gly	Asp	Ile	Glu	Glu	Tyr	Ser	His	Arg	
465					470					475				480		
tta	agt	cac	gtt	tca	gag	gta	att	aaa	gat	tat	ggg	cag	gga	ata	att	1488
Leu	Ser	His	Val	Ser	Glu	Val	Ile	Lys	Asp	Tyr	Gly	Gln	Gly	Ile	Ile	
				485					490					495		
cct	gta	tta	ggt	ttc	aca	cat	gta	agt	gta	agt	cgt	gac	aat	aga	att	1536
Pro	Val	Leu	Gly	Phe	Thr	His	Val	Ser	Val	Ser	Arg	Asp	Asn	Arg	Ile	
			500					505					510			
tat	tca	gat	aag	att	acg	caa	att	cca	gct	gtg	aaa	atg	tat	gaa	tta	1584
Tyr	Ser	Asp	Lys	Ile	Thr	Gln	Ile	Pro	Ala	Val	Lys	Met	Tyr	Glu	Leu	
		515					520					525				

ES 2 864 641 T3

gta agc cca gcc gtt gtt gta aaa ggg cct gga tct aca ggt gga gat Val Ser Pro Ala Val Val Val Lys Gly Pro Gly Ser Thr Gly Gly Asp 530 535 540	1632
tta gtt aag aga ggg agt agt ggt aat ata gga tct atg aat gtt acc Leu Val Lys Arg Gly Ser Ser Gly Asn Ile Gly Ser Met Asn Val Thr 545 550 555 560	1680
gta aac tca cca ctt tct caa aaa tat cgt gtc aga gtt cga tat gcc Val Asn Ser Pro Leu Ser Gln Lys Tyr Arg Val Arg Val Arg Tyr Ala 565 570 575	1728
act aat gct tct ggc cag tta aac gtg agt att aac gat aaa tta aca Thr Asn Ala Ser Gly Gln Leu Asn Val Ser Ile Asn Asp Lys Leu Thr 580 585 590	1776
ctt caa aaa cct ttt gaa aga acc gga aca aca ata ggt gaa gga aca Leu Gln Lys Pro Phe Glu Arg Thr Gly Thr Thr Ile Gly Glu Gly Thr 595 600 605	1824
gat ttg tcc tat gat tca ttt gga tat tta gaa tat tct acg acg att Asp Leu Ser Tyr Asp Ser Phe Gly Tyr Leu Glu Tyr Ser Thr Thr Ile 610 615 620	1872
caa ttt ccg aat gag cac cca aaa atc act ttt aat tta tcc cat tgg Gln Phe Pro Asn Glu His Pro Lys Ile Thr Phe Asn Leu Ser His Trp 625 630 635 640	1920
agc ggc agt gga gca ttt tat ata gat aaa atc gaa ttt atc cct gta Ser Gly Ser Gly Ala Phe Tyr Ile Asp Lys Ile Glu Phe Ile Pro Val 645 650 655	1968
gat gaa aat tac gat gaa aga gta aca cta gaa aaa gca cag aaa gcc Asp Glu Asn Tyr Asp Glu Arg Val Thr Leu Glu Lys Ala Gln Lys Ala 660 665 670	2016
gtg aat gcc ttg ttt aca gcg gga aga aat gca ctc caa aaa gat gtg Val Asn Ala Leu Phe Thr Ala Gly Arg Asn Ala Leu Gln Lys Asp Val 675 680 685	2064
aca gat ttt aaa gta gat cag gtt tcc att tta gtg gat tgt ata cca Thr Asp Phe Lys Val Asp Gln Val Ser Ile Leu Val Asp Cys Ile Pro 690 695 700	2112
ggg gaa ttg tat cca aat gag aaa cgc gaa cta cta agt tta gtc aaa Gly Glu Leu Tyr Pro Asn Glu Lys Arg Glu Leu Leu Ser Leu Val Lys 705 710 715 720	2160
tac gca aaa cgg ttg agt tat tcc cgt aat tta ctc cta gac cca aca Tyr Ala Lys Arg Leu Ser Tyr Ser Arg Asn Leu Leu Leu Asp Pro Thr 725 730 735	2208
ttc gat tct atc aat tca cca gat gag aat ggc tgg tac ggg agt aat Phe Asp Ser Ile Asn Ser Pro Asp Glu Asn Gly Trp Tyr Gly Ser Asn 740 745 750	2256
ggt att gca att gga aat ggg aac ttt gta ttc aaa gga aac tat tta Gly Ile Ala Ile Gly Asn Gly Asn Phe Val Phe Lys Gly Asn Tyr Leu 755 760 765	2304
att ttc tca ggt acc aat gat aca caa tac cca acg tat ctc tat caa Ile Phe Ser Gly Thr Asn Asp Thr Gln Tyr Pro Thr Tyr Leu Tyr Gln 770 775 780	2352

ES 2 864 641 T3

aaa att gat gaa tcc aag ctc aaa gaa tat aca cgc tat aaa ctg aga Lys Ile Asp Glu Ser Lys Leu Lys Glu Tyr Thr Arg Tyr Lys Leu Arg 785 790 795 800	2400
ggg ttt atc gag agt agt cag gat tta gag gca tat gtg att cgc tat Gly Phe Ile Glu Ser Ser Gln Asp Leu Glu Ala Tyr Val Ile Arg Tyr 805 810 815	2448
gat gca aaa cat gaa aca ttg gat gta tcc aat aat cta ttc cca gat Asp Ala Lys His Glu Thr Leu Asp Val Ser Asn Asn Leu Phe Pro Asp 820 825 830	2496
att tct cct gtg aat gca tgc gga gaa cca aat cgt tgt gcg gca cta Ile Ser Pro Val Asn Ala Cys Gly Glu Pro Asn Arg Cys Ala Ala Leu 835 840 845	2544
caa tac ctg gat gaa aac cca agg tta gaa tgt agt tcg ata caa gat Gln Tyr Leu Asp Glu Asn Pro Arg Leu Glu Cys Ser Ser Ile Gln Asp 850 855 860	2592
ggc att tta tct gat tcg cat tca ttt tct ctc aat ata gat aca ggt Gly Ile Leu Ser Asp Ser His Ser Phe Ser Leu Asn Ile Asp Thr Gly 865 870 875 880	2640
tct att gat tac gat gag aac gta ggt att tgg gtg ttg ttt aaa att Ser Ile Asp Tyr Asp Glu Asn Val Gly Ile Trp Val Leu Phe Lys Ile 885 890 895	2688
tcc aca ccg gaa ggg tat gcg aaa ttt gga aac cta gaa gtg att gaa Ser Thr Pro Glu Gly Tyr Ala Lys Phe Gly Asn Leu Glu Val Ile Glu 900 905 910	2736
gat ggc cta gtc att gga gaa gca tta gcc cgt gtg aaa cgt caa gaa Asp Gly Leu Val Ile Gly Glu Ala Leu Ala Arg Val Lys Arg Gln Glu 915 920 925	2784
acg aag tgg aga aac aag ttg aca caa ctg cga acg gaa aca caa gcg Thr Lys Trp Arg Asn Lys Leu Thr Gln Leu Arg Thr Glu Thr Gln Ala 930 935 940	2832
att tat aca cga gca aaa caa gcc att gat aat tta ttc aca aat gca Ile Tyr Thr Arg Ala Lys Gln Ala Ile Asp Asn Leu Phe Thr Asn Ala 945 950 955 960	2880
cag gac tct cac tta aaa ata ggt gct aca ttc gcg tca att gtg gcc Gln Asp Ser His Leu Lys Ile Gly Ala Thr Phe Ala Ser Ile Val Ala 965 970 975	2928
gcg cga aag att gtc caa tca ata cgt gaa gcg tat atg tca tgg tta Ala Arg Lys Ile Val Gln Ser Ile Arg Glu Ala Tyr Met Ser Trp Leu 980 985 990	2976
tct atc gtc cca agt gta aat tat cct att ttc aca gag ttg aat gaa Ser Ile Val Pro Ser Val Asn Tyr Pro Ile Phe Thr Glu Leu Asn Glu 995 1000 1005	3024
aga gta cag cga gca ttt cga tta tat gat gta cga aat gtc gta Arg Val Gln Arg Ala Phe Arg Leu Tyr Asp Val Arg Asn Val Val 1010 1015 1020	3069
cgt aat ggc cga ttc ttg agt gga gta tcg gat tgg att gtg aca Arg Asn Gly Arg Phe Leu Ser Gly Val Ser Asp Trp Ile Val Thr	3114

ES 2 864 641 T3

1025	1030	1035	
tct gat gta aag gta caa gaa gaa aat ggg aac aac gta tta gtt			3159
Ser Asp Val Lys Val Gln Glu Glu Asn Gly Asn Val Leu Val			
1040	1045	1050	
ctt tcc aat tgg gat gca caa gta tta caa tgt ctg aat ctc tac			3204
Leu Ser Asn Trp Asp Ala Gln Val Leu Gln Cys Leu Asn Leu Tyr			
1055	1060	1065	
gaa gac cat ggg tat atc tta cgc gta aca gca cgt aag gaa gga			3249
Glu Asp His Gly Tyr Ile Leu Arg Val Thr Ala Arg Lys Glu Gly			
1070	1075	1080	
ctc gga gaa gga tat ata aca atc act gat gaa gaa ggg cat aca			3294
Leu Gly Glu Gly Tyr Ile Thr Ile Thr Asp Glu Glu Gly His Thr			
1085	1090	1095	
gat caa ttg aca ttt ggt gga tgt gag gag ata gat tca tcc aat			3339
Asp Gln Leu Thr Phe Gly Gly Cys Glu Glu Ile Asp Ser Ser Asn			
1100	1105	1110	
tct ttc gta tct aca ggt tat att aca aaa gag cta gaa ttc ttc			3384
Ser Phe Val Ser Thr Gly Tyr Ile Thr Lys Glu Leu Glu Phe Phe			
1115	1120	1125	
cca gat aca gag aaa gtg cgc atc gaa att gga gaa aca gaa gga			3429
Pro Asp Thr Glu Lys Val Arg Ile Glu Ile Gly Glu Thr Glu Gly			
1130	1135	1140	
aca ttc cag gta gaa agt gtg gaa tta ttt ttg atg gaa gac ata			3474
Thr Phe Gln Val Glu Ser Val Glu Leu Phe Leu Met Glu Asp Ile			
1145	1150	1155	
tgc			3477
Cys			

<210>	19	<211>	1159
<212>			PRT
<213> Bacillus thuringiensis			

5	<400>		19
Met Asp Ile Arg Asn Gln Lys Lys Ser Glu Glu Ile His Pro Thr Leu			
1	5	10	15
Asn Glu Ser Ser Ser Asn Thr Thr Ser Lys Tyr Pro Leu Ala Ser Asp			
	20	25	30
Leu Ile Lys Gln Tyr Gln Asn Met Asn Tyr Lys Asp Ser Leu Asn Ile			
	35	40	45
Ile Glu Glu Asn Asn Val Ile Asp Pro Val Ser Gly Thr Ala Ala Leu			
	50	55	60
Val Thr Ala Arg Lys Ile Gly Gly Lys Ile Ile Lys Lys Leu Gly Glu			

ES 2 864 641 T3

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

ES 2 864 641 T3

Ala Ser Thr Lys Ser Phe Ser Ser Ile Glu Ser Arg Ala Ile Pro Ala
325 330 335

Pro Thr Leu Phe Gln Trp Ile Thr Glu Leu Gln Val Tyr Ser Ala Lys
340 345 350

Gly Ser His Gly Ser Thr Tyr Thr Thr Trp Trp Thr Gly His Lys Val
355 360 365

Thr Ala Lys Pro Thr Asn Gly Gly Leu Glu Ser Lys Tyr Asp Phe Gly
370 375 380

Ser Ser Ser Gly Ser Gln Asn Lys Asp Val Phe Ala Leu Asp Gly Lys
385 390 395 400

Asp Val Tyr Asp Ser Gln Ser Met Leu Thr Ser Ile Ser Tyr Ser Gly
405 410 415

Ile Arg Tyr Phe Gly Cys Pro Gln Phe Lys Leu Asn Trp Ile Asn Lys
420 425 430

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

Ser Ser Phe Ser Glu Tyr Arg Tyr Ser Lys Asp Glu Leu Pro Ile Glu
450 455 460

Leu Leu Ala Ser Pro Ile Tyr Gly Asp Ile Glu Glu Tyr Ser His Arg
465 470 475 480

Leu Ser His Val Ser Glu Val Ile Lys Asp Tyr Gly Gln Gly Ile Ile
485 490 495

Pro Val Leu Gly Phe Thr His Val Ser Val Ser Arg Asp Asn Arg Ile
500 505 510

Tyr Ser Asp Lys Ile Thr Gln Ile Pro Ala Val Lys Met Tyr Glu Leu
515 520 525

Val Ser Pro Ala Val Val Val Lys Gly Pro Gly Ser Thr Gly Gly Asp
530 535 540

Leu Val Lys Arg Gly Ser Ser Gly Asn Ile Gly Ser Met Asn Val Thr
545 550 555 560

Val Asn Ser Pro Leu Ser Gln Lys Tyr Arg Val Arg Val Arg Tyr Ala
565 570 575

ES 2 864 641 T3

Thr	Asn	Ala	Ser	Gly	Gln	Leu	Asn	Val	Ser	Ile	Asn	Asp	Lys	Leu	Thr	580	585	590	
Leu	Gln	Lys	Pro	Phe	Glu	Arg	Thr	Gly	Thr	Thr	Ile	Gly	Glu	Gly	Thr	595	600	605	
Asp	Leu	Ser	Tyr	Asp	Ser	Phe	Gly	Tyr	Leu	Glu	Tyr	Ser	Thr	Thr	Ile	610	615	620	
Gln	Phe	Pro	Asn	Glu	His	Pro	Lys	Ile	Thr	Phe	Asn	Leu	Ser	His	Trp	625	630	635	640
Ser	Gly	Ser	Gly	Ala	Phe	Tyr	Ile	Asp	Lys	Ile	Glu	Phe	Ile	Pro	Val	645	650	655	
Asp	Glu	Asn	Tyr	Asp	Glu	Arg	Val	Thr	Leu	Glu	Lys	Ala	Gln	Lys	Ala	660	665	670	
Val	Asn	Ala	Leu	Phe	Thr	Ala	Gly	Arg	Asn	Ala	Leu	Gln	Lys	Asp	Val	675	680	685	
Thr	Asp	Phe	Lys	Val	Asp	Gln	Val	Ser	Ile	Leu	Val	Asp	Cys	Ile	Pro	690	695	700	
Gly	Glu	Leu	Tyr	Pro	Asn	Glu	Lys	Arg	Glu	Leu	Leu	Ser	Leu	Val	Lys	705	710	715	720
Tyr	Ala	Lys	Arg	Leu	Ser	Tyr	Ser	Arg	Asn	Leu	Leu	Leu	Asp	Pro	Thr	725	730	735	
Phe	Asp	Ser	Ile	Asn	Ser	Pro	Asp	Glu	Asn	Gly	Trp	Tyr	Gly	Ser	Asn	740	745	750	
Gly	Ile	Ala	Ile	Gly	Asn	Gly	Asn	Phe	Val	Phe	Lys	Gly	Asn	Tyr	Leu	755	760	765	
Ile	Phe	Ser	Gly	Thr	Asn	Asp	Thr	Gln	Tyr	Pro	Thr	Tyr	Leu	Tyr	Gln	770	775	780	
Lys	Ile	Asp	Glu	Ser	Lys	Leu	Lys	Glu	Tyr	Thr	Arg	Tyr	Lys	Leu	Arg	785	790	795	800
Gly	Phe	Ile	Glu	Ser	Ser	Gln	Asp	Leu	Glu	Ala	Tyr	Val	Ile	Arg	Tyr	805	810	815	
Asp	Ala	Lys	His	Glu	Thr	Leu	Asp	Val	Ser	Asn	Asn	Leu	Phe	Pro	Asp	820	825	830	

ES 2 864 641 T3

Ile Ser Pro Val Asn Ala Cys Gly Glu Pro Asn Arg Cys Ala Ala Leu
 835 840 845
 Gln Tyr Leu Asp Glu Asn Pro Arg Leu Glu Cys Ser Ser Ile Gln Asp
 850 855 860
 Gly Ile Leu Ser Asp Ser His Ser Phe Ser Leu Asn Ile Asp Thr Gly
 865 870 875 880
 Ser Ile Asp Tyr Asp Glu Asn Val Gly Ile Trp Val Leu Phe Lys Ile
 885 890 895
 Ser Thr Pro Glu Gly Tyr Ala Lys Phe Gly Asn Leu Glu Val Ile Glu
 900 905 910
 Asp Gly Leu Val Ile Gly Glu Ala Leu Ala Arg Val Lys Arg Gln Glu
 915 920 925
 Thr Lys Trp Arg Asn Lys Leu Thr Gln Leu Arg Thr Glu Thr Gln Ala
 930 935 940
 Ile Tyr Thr Arg Ala Lys Gln Ala Ile Asp Asn Leu Phe Thr Asn Ala
 945 950 955 960
 Gln Asp Ser His Leu Lys Ile Gly Ala Thr Phe Ala Ser Ile Val Ala
 965 970 975
 Ala Arg Lys Ile Val Gln Ser Ile Arg Glu Ala Tyr Met Ser Trp Leu
 980 985 990
 Ser Ile Val Pro Ser Val Asn Tyr Pro Ile Phe Thr Glu Leu Asn Glu
 995 1000 1005
 Arg Val Gln Arg Ala Phe Arg Leu Tyr Asp Val Arg Asn Val Val
 1010 1015 1020
 Arg Asn Gly Arg Phe Leu Ser Gly Val Ser Asp Trp Ile Val Thr
 1025 1030 1035
 Ser Asp Val Lys Val Gln Glu Glu Asn Gly Asn Asn Val Leu Val
 1040 1045 1050
 Leu Ser Asn Trp Asp Ala Gln Val Leu Gln Cys Leu Asn Leu Tyr
 1055 1060 1065
 Glu Asp His Gly Tyr Ile Leu Arg Val Thr Ala Arg Lys Glu Gly

ES 2 864 641 T3

1070 1075 1080

Leu Gly Glu Gly Tyr Ile Thr Ile Thr Asp Glu Glu Gly His Thr
1085 1090 1095

Asp Gln Leu Thr Phe Gly Gly Cys Glu Glu Ile Asp Ser Ser Asn
1100 1105 1110

Ser Phe Val Ser Thr Gly Tyr Ile Thr Lys Glu Leu Glu Phe Phe
1115 1120 1125

Pro Asp Thr Glu Lys Val Arg Ile Glu Ile Gly Glu Thr Glu Gly
1130 1135 1140

Thr Phe Gln Val Glu Ser Val Glu Leu Phe Leu Met Glu Asp Ile
1145 1150 1155

Cys

<210> 20 <211> 3438
<212> ADN
<213> Bacillus thuringiensis

5 <220>
<221> CDS
<222> (1)..(3438)

<400> 20

atg aaa aaa att aag ttt aaa tat tgt ata caa gga gac ttg aat atg 48
Met Lys Lys Ile Lys Phe Lys Tyr Cys Ile Gln Gly Asp Leu Asn Met
1 5 10 15

aat caa aaa aac tat gat att ata ggt gct tcg aca aac ggt aca aac 96
Asn Gln Lys Asn Tyr Asp Ile Ile Gly Ala Ser Thr Asn Gly Thr Asn
20 25 30

aaa tta ctt gaa ggt tat aac att ata atc agt ccc tac gaa gct cca 144
Lys Leu Leu Glu Gly Tyr Asn Ile Ile Ser Pro Tyr Glu Ala Pro
35 40 45

aca tcc gtt act aca act att gaa att act gga acc ata cta agc gat 192
Thr Ser Val Thr Thr Thr Ile Glu Ile Thr Gly Thr Ile Leu Ser Asp
50 55 60

tta ggt gtt cca gga gca tca tca gtt agt tta ctt ttg aat aaa ctt 240
Leu Gly Val Pro Gly Ala Ser Ser Val Ser Leu Leu Leu Asn Lys Leu
65 70 75 80

ata aat cta tta tgg cca aat gat acc aat act gtg tgg ggg aca ttc 288
Ile Asn Leu Leu Trp Pro Asn Asp Thr Asn Thr Val Trp Gly Thr Phe
85 90 95

gga aaa gaa acc gct gat ctt cta aat gaa gtg tta tct cca aat gat 336

10

ES 2 864 641 T3

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

ES 2 864 641 T3

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

ES 2 864 641 T3

tca ata caa ttt aat aat act tct gat aca gtg tct gtt tat ttg cat Ser Ile Gln Phe Asn Asn Thr Ser Asp Thr Val Ser Val Tyr Leu His 610 615 620	1872
atg gat tca aca act aat gca aac gtt cat gta gat aga att gaa ttc Met Asp Ser Thr Thr Asn Ala Asn Val His Val Asp Arg Ile Glu Phe 625 630 635 640	1920
att cca gta gat gaa cag tac gat gaa aga gta aca cta gaa aaa gca Ile Pro Val Asp Glu Gln Tyr Asp Glu Arg Val Thr Leu Glu Lys Ala 645 650 655	1968
cag aaa gcc gtg aat gcc ttg ttt aca gcg gga aga cat gca ctc caa Gln Lys Ala Val Asn Ala Leu Phe Thr Ala Gly Arg His Ala Leu Gln 660 665 670	2016
aca gat gtg aca gat tac aaa gtg gat caa gtg tca att tta gtg gat Thr Asp Val Thr Asp Tyr Lys Val Asp Gln Val Ser Ile Leu Val Asp 675 680 685	2064
tgt gta tca ggg gag tta tat cca aat gag aaa cgc gaa cta ctc agt Cys Val Ser Gly Glu Leu Tyr Pro Asn Glu Lys Arg Glu Leu Leu Ser 690 695 700	2112
tta gtc aaa tac gca aaa cgt ttg agc tat tct cgt aat tta ctc cta Leu Val Lys Tyr Ala Lys Arg Leu Ser Tyr Ser Arg Asn Leu Leu Leu 705 710 715 720	2160
gat cca aca ttc gat tct atc aat tca tca gat aag aat ggc tgg tac Asp Pro Thr Phe Asp Ser Ile Asn Ser Ser Asp Lys Asn Gly Trp Tyr 725 730 735	2208
ggg agt aat ggt att gca att agc agt ggg aat ttt gta ttc aaa ggg Gly Ser Asn Gly Ile Ala Ile Ser Ser Gly Asn Phe Val Phe Lys Gly 740 745 750	2256
aac tat tta atc ttc tca ggt aca aat gat gaa caa tat cca acc tat Asn Tyr Leu Ile Phe Ser Gly Thr Asn Asp Glu Gln Tyr Pro Thr Tyr 755 760 765	2304
ctc tat caa aaa ata gac gaa tct aag tta aaa gaa tat aca cgt tat Leu Tyr Gln Lys Ile Asp Glu Ser Lys Leu Lys Glu Tyr Thr Arg Tyr 770 775 780	2352
aaa ctg aga ggc ttt ata gaa aat agt caa gat tta gaa gca tat gtc Lys Leu Arg Gly Phe Ile Glu Asn Ser Gln Asp Leu Glu Ala Tyr Val 785 790 795 800	2400
att cgc tat gat gcc aaa cat gaa aca ttg gat gta tcc aat aat cta Ile Arg Tyr Asp Ala Lys His Glu Thr Leu Asp Val Ser Asn Asn Leu 805 810 815	2448
tta ccg gat att tct cct gta aat gca tgt gga gaa cca aat cgt tgt Leu Pro Asp Ile Ser Pro Val Asn Ala Cys Gly Glu Pro Asn Arg Cys 820 825 830	2496
gtg gca tta caa tac ctg gat gaa aac cca aga tta gaa tgt agt tcg Val Ala Leu Gln Tyr Leu Asp Glu Asn Pro Arg Leu Glu Cys Ser Ser 835 840 845	2544
gtt caa gat ggt att tta tct gat tcg cat tca ttt tct ctc aat ata Val Gln Asp Gly Ile Leu Ser Asp Ser His Ser Phe Ser Leu Asn Ile	2592

ES 2 864 641 T3

850	855	860	
gat aca ggt tct att Asp Thr Gly Ser Ile 865	gat ttc aat gag agc Phe Asn Glu Ser 870	gta gga att tgg gtg ttg Val Gly Ile Trp Val Leu 875 880	2640
ttt aaa att tcc aca ccg gaa ggg tat gcg aaa ttt gga aac cta gaa Phe Lys Ile Ser Thr Pro Glu Gly Tyr Ala Lys Phe Gly Asn Leu Glu 885 890 895			2688
gtg att gaa aat ggc cca gtc atc gga gaa gca tta gcc cgt gtg aaa Val Ile Glu Asn Thr Pro Val Ile Gly Glu Ala Leu Ala Arg Val Lys 900 905 910			2736
cgc caa gaa aca aag tgg aga aac cag ttg aca caa ctg aga acg gaa Arg Gln Thr Lys Trp Arg Asn Glu Leu Thr Gln Leu Arg Thr Glu 915 920 925			2784
aca caa gcg att tat aca cga gca aaa caa gcg ctg gat aat ctt ttt Thr Gln Ala Ile Tyr Thr Arg Ala Lys Gln Ala Leu Asp Asn Leu Phe 930 935 940			2832
gcg aat gca caa gac tct cac tta aaa ata ggt acg aca ttt gcg gca Ala Asn Ala Gln Asp Ser His Leu Lys Ile Gly Thr Thr Phe Ala Ala 945 950 955 960			2880
att gtg gct gcg cga aag att gtc caa tcc ata cgc gaa gcg tat atg Ile Val Ala Ala Arg Lys Ile Val Gln Ser Ile Arg Glu Ala Tyr Met 965 970 975			2928
tca tgg tta tct gtt gtt cca ggt gta aat tat cct atc ttt aca gag Ser Trp Leu Ser Val Val Pro Gly Val Asn Tyr Pro Ile Phe Thr Glu 980 985 990			2976
ttg act gag aga gta cag caa gca ttt caa tta tat gat gta cga aat Leu Thr Glu Arg Val Gln Gln Ala Phe Gln Leu Tyr Asp Val Arg Asn 995 1000 1005			3024
gtc gtg cgt aat ggc caa ttc ctt agt ggc tta tcc gat tgg att Val Val Arg Asn Gly Gln Phe Leu Ser Gly Leu Ser Asp Trp Ile 1010 1015 1020			3069
gta aca cct gac gtc aag gta caa gaa gac aat ggg aat aac gta Val Thr Pro Asp Val Lys Val Gln Glu Asp Asn Gly Asn Asn Val 1025 1030 1035			3114
ttg gtt ctt tct aat tgg gat gcg caa gta tta caa tgt ctg aag Leu Val Leu Ser Asn Trp Asp Ala Gln Val Leu Gln Cys Leu Lys 1040 1045 1050			3159
ctc tat caa gat cgc ggg tat atc tta cgt gta acg gca cgt aag Leu Tyr Gln Asp Arg Gly Tyr Ile Leu Arg Val Thr Ala Arg Lys 1055 1060 1065			3204
gaa gga ttg gga gaa gga tac gta aca att acg gat gaa gaa ggg Glu Gly Leu Gly Glu Gly Tyr Val Thr Ile Thr Asp Glu Glu Gly 1070 1075 1080			3249
aat aca gat caa ttg acg ttt ggt gca tgt gag gag ata gat gca Asn Thr Asp Gln Leu Thr Phe Gly Ala Cys Glu Glu Ile Asp Ala 1085 1090 1095			3294
tct aat gcg ttc att tcc aca ggt tat att aca aaa gaa ctg gaa			3339

ES 2 864 641 T3

Ser Asn Ala Phe Ile Ser Thr Gly Tyr Ile Thr Lys Glu Leu Glu
1100 1105 1110

ttc ttc cca gat aca gag aaa gtg cgt ata gaa att gga gaa aca 3384
Phe Phe Pro Asp Thr Glu Lys Val Arg Ile Glu Ile Gly Glu Thr
1115 1120 1125

gaa gga aca ttc cag gtg gaa agt gta gaa tta ttc ttg atg gaa 3429
Glu Gly Thr Phe Gln Val Glu Ser Val Glu Leu Phe Leu Met Glu
1130 1135 1140

gat cta tgt 3438
Asp Leu Cys
1145

<210> 21 <211> 1146
<212> PRT
<213> Bacillus thuringiensis

5 <400> 21
Met Lys Lys Ile Lys Phe Lys Tyr Cys Ile Gln Gly Asp Leu Asn Met
1 5 10 15

Asn Gln Lys Asn Tyr Asp Ile Ile Gly Ala Ser Thr Asn Gly Thr Asn
20 25 30

Lys Leu Leu Glu Gly Tyr Asn Ile Ile Ile Ser Pro Tyr Glu Ala Pro
35 40 45

Thr Ser Val Thr Thr Thr Ile Glu Ile Thr Gly Thr Ile Leu Ser Asp
50 55 60

Leu Gly Val Pro Gly Ala Ser Ser Val Ser Leu Leu Leu Asn Lys Leu
65 70 75 80

Ile Asn Leu Leu Trp Pro Asn Asp Thr Asn Thr Val Trp Gly Thr Phe
85 90 95

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

Pro Val Val Thr Asp Ala Asn Thr Asn Leu Ala Gly Leu Asn Asp Ser
115 120 125

Leu Asn Leu Tyr Leu Asn Glu Leu Glu Ile Trp Lys Lys Asp Pro Asn
130 135 140

Asn Ala Thr Thr Gln Arg Asn Val Thr Gln Tyr Phe Val Ser Leu Asn
145 150 155 160

ES 2 864 641 T3

Leu Asp Phe Thr His Asp Met Pro Ser Phe Ala Val Pro Gly Tyr Glu
 165 170 175
 Thr Lys Leu Leu Thr Ile Tyr Ala Gln Ala Ala Asn Leu His Leu Leu
 180 185 190
 Leu Leu Arg Asp Ala Ser Arg Phe Gly Glu Gly Trp Gly Leu Thr Gln
 195 200 205
 Glu Ile Ile Asp Ser Asn Tyr Asn Asn Gln Leu Lys Leu Thr Glu Lys
 210 215 220
 Tyr Thr Asp His Cys Val Lys Trp Tyr Asn Ala Gly Leu Glu Lys Leu
 225 230 235 240
 Lys Gly Asn Leu Thr Gly Glu Asn Trp Tyr Thr Tyr Asn Arg Phe Arg
 245 250 255
 Arg Glu Met Thr Leu Met Val Leu Asp Val Val Ala Leu Phe Pro Asn
 260 265 270
 Tyr Asp Thr Arg Met Tyr Pro Ile Ala Thr Ser Ser Glu Leu Thr Arg
 275 280 285
 Met Ile Tyr Thr Asp Pro Ile Ala Tyr Thr Gln Ser Asp Pro Trp Tyr
 290 295 300
 Lys Ile Thr Ser Leu Ser Phe Ser Asn Ile Glu Asn Ser Ala Ile Pro
 305 310 315 320
 Ser Pro Ser Phe Phe Lys Trp Leu Arg Ser Val Ser Ile Asn Ser Gln
 325 330 335
 Trp Trp Gly Ser Gly Pro Asn Gln Thr Tyr Tyr Trp Val Gly His Glu
 340 345 350
 Leu Val Tyr Ser Asn Ser Asn Ser Asn Gln Ser Leu Lys Val Lys Tyr
 355 360 365
 Gly Asp Pro Asn Ser Tyr Ile Glu Pro Pro Asp Ser Phe Ser Phe Ser
 370 375 380
 Ser Thr Asp Val Tyr Arg Thr Ile Ser Val Val Arg Asn Ser Val Ser
 385 390 395 400
 Asn Tyr Ile Val Ser Glu Val Gln Phe Asn Ser Ile Ser Asn Thr Asn
 405 410 415

ES 2 864 641 T3

Gln Ile Ser Glu Glu Ile Tyr Lys His Gln Ser Asn Trp Ser Arg Lys
420 425 430

Glu Thr Lys Asp Ser Ile Thr Glu Leu Ser Leu Ala Ala Asn Pro Pro
435 440 445

Thr Thr Phe Gly Asn Val Ala Glu Tyr Ser His Arg Leu Ala Tyr Ile
450 455 460

Ser Glu Ala Tyr Gln Ser Gln Asn Pro Ser Lys Tyr Pro Thr Tyr Ile
465 470 475 480

Pro Val Phe Gly Trp Thr His Thr Ser Val Arg Tyr Asp Asn Lys Ile
485 490 495

Phe Pro Asp Lys Ile Thr Gln Ile Pro Ala Val Lys Ser Ser Ser Ala
500 505 510

Gln Gly Gly Ser Trp Lys Asn Ile Val Lys Gly Pro Gly Phe Thr Gly
515 520 525

Gly Asp Val Thr Thr Ala Val Ser Pro Ala Thr Leu Thr Asp Ile Ile
530 535 540

Lys Ile Gln Val Thr Leu Asp Pro Asn Ser Leu Ser Gln Lys Tyr Arg
545 550 555 560

Ala Arg Leu Arg Tyr Ala Ser Asn Ala Phe Val Ala Ala Thr Leu Tyr
565 570 575

Thr Asn Thr Ser Ser Asn Tyr Asn Phe Glu Leu Thr Lys Gly Thr Thr
580 585 590

Glu Gln Phe Thr Thr Tyr Asn Ser Tyr Gln Tyr Val Asp Ile Pro Gly
595 600 605

Ser Ile Gln Phe Asn Asn Thr Ser Asp Thr Val Ser Val Tyr Leu His
610 615 620

Met Asp Ser Thr Thr Asn Ala Asn Val His Val Asp Arg Ile Glu Phe
625 630 635 640

Ile Pro Val Asp Glu Gln Tyr Asp Glu Arg Val Thr Leu Glu Lys Ala
645 650 655

Gln Lys Ala Val Asn Ala Leu Phe Thr Ala Gly Arg His Ala Leu Gln
660 665 670

ES 2 864 641 T3

Thr Asp Val Thr Asp Tyr Lys Val Asp Gln Val Ser Ile Leu Val Asp
 675 680 685
 Cys Val Ser Gly Glu Leu Tyr Pro Asn Glu Lys Arg Glu Leu Leu Ser
 690 695 700
 Leu Val Lys Tyr Ala Lys Arg Leu Ser Tyr Ser Arg Asn Leu Leu Leu
 705 710 715 720
 Asp Pro Thr Phe Asp Ser Ile Asn Ser Ser Asp Lys Asn Gly Trp Tyr
 725 730 735
 Gly Ser Asn Gly Ile Ala Ile Ser Ser Gly Asn Phe Val Phe Lys Gly
 740 745 750
 Asn Tyr Leu Ile Phe Ser Gly Thr Asn Asp Glu Gln Tyr Pro Thr Tyr
 755 760 765
 Leu Tyr Gln Lys Ile Asp Glu Ser Lys Leu Lys Glu Tyr Thr Arg Tyr
 770 775 780
 Lys Leu Arg Gly Phe Ile Glu Asn Ser Gln Asp Leu Glu Ala Tyr Val
 785 790 795 800
 Ile Arg Tyr Asp Ala Lys His Glu Thr Leu Asp Val Ser Asn Asn Leu
 805 810 815
 Leu Pro Asp Ile Ser Pro Val Asn Ala Cys Gly Glu Pro Asn Arg Cys
 820 825 830
 Val Ala Leu Gln Tyr Leu Asp Glu Asn Pro Arg Leu Glu Cys Ser Ser
 835 840 845
 Val Gln Asp Gly Ile Leu Ser Asp Ser His Ser Phe Ser Leu Asn Ile
 850 855 860
 Asp Thr Gly Ser Ile Asp Phe Asn Glu Ser Val Gly Ile Trp Val Leu
 865 870 875 880
 Phe Lys Ile Ser Thr Pro Glu Gly Tyr Ala Lys Phe Gly Asn Leu Glu
 885 890 895
 Val Ile Glu Asn Gly Pro Val Ile Gly Glu Ala Leu Ala Arg Val Lys
 900 905 910
 Arg Gln Glu Thr Lys Trp Arg Asn Gln Leu Thr Gln Leu Arg Thr Glu

ES 2 864 641 T3

915	920	925
Thr Gln Ala Ile Tyr Thr Arg Ala Lys Gln Ala Leu Asp Asn Leu Phe		
930	935	940
Ala Asn Ala Gln Asp Ser His Leu Lys Ile Gly Thr Thr Phe Ala Ala		
945	950	955 960
Ile Val Ala Ala Arg Lys Ile Val Gln Ser Ile Arg Glu Ala Tyr Met		
	965	970 975
Ser Trp Leu Ser Val Val Pro Gly Val Asn Tyr Pro Ile Phe Thr Glu		
	980	985 990
Leu Thr Glu Arg Val Gln Gln Ala Phe Gln Leu Tyr Asp Val Arg Asn		
	995	1000 1005
Val Val Arg Asn Gly Gln Phe Leu Ser Gly Leu Ser Asp Trp Ile		
	1010	1015 1020
Val Thr Pro Asp Val Lys Val Gln Glu Asp Asn Gly Asn Asn Val		
	1025	1030 1035
Leu Val Leu Ser Asn Trp Asp Ala Gln Val Leu Gln Cys Leu Lys		
	1040	1045 1050
Leu Tyr Gln Asp Arg Gly Tyr Ile Leu Arg Val Thr Ala Arg Lys		
	1055	1060 1065
Glu Gly Leu Gly Glu Gly Tyr Val Thr Ile Thr Asp Glu Glu Gly		
	1070	1075 1080
Asn Thr Asp Gln Leu Thr Phe Gly Ala Cys Glu Glu Ile Asp Ala		
	1085	1090 1095
Ser Asn Ala Phe Ile Ser Thr Gly Tyr Ile Thr Lys Glu Leu Glu		
	1100	1105 1110
Phe Phe Pro Asp Thr Glu Lys Val Arg Ile Glu Ile Gly Glu Thr		
	1115	1120 1125
Glu Gly Thr Phe Gln Val Glu Ser Val Glu Leu Phe Leu Met Glu		
	1130	1135 1140
Asp Leu Cys		
	1145	

<210>

22

<211>

3393

<212>

ADN

<213> Bacillus thuringiensis

5

<220>

<221>

CDS

<222> (1)..(3393)

<400>

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

ES 2 864 641 T3

aaa tac acg gac cat tgt gta aag tgg tac aac gca gga tta gaa aaa Lys Tyr Thr Asp His Cys Val Lys Trp Tyr Asn Ala Gly Leu Glu Lys 210 215 220	672
tta aaa gga aat tta act ggg gaa aat tgg tac act tat aat aga ttt Leu Lys Gly Asn Leu Thr Gly Glu Asn Trp Tyr Thr Tyr Asn Arg Phe 225 230 235 240	720
cgt aga gaa atg acg tta atg gtg tta gac gta gtt gca tta ttt cca Arg Arg Glu Met Thr Leu Met Val Leu Asp Val Val Ala Leu Phe Pro 245 250 255	768
aac tat gat aca cga atg tac ccg atc gca acg tca tca gaa ctt aca Asn Tyr Asp Thr Arg Met Tyr Pro Ile Ala Thr Ser Ser Glu Leu Thr 260 265 270	816
aga atg att tat aca gat cca atc gct tat aca caa agc gat cca tgg Arg Met Ile Tyr Thr Asp Pro Ile Ala Tyr Thr Gln Ser Asp Pro Trp 275 280 285	864
tac aag ata aca tct ctt tct ttt tca aat att gaa aac agc gcg att Tyr Lys Ile Thr Ser Leu Ser Phe Ser Asn Ile Glu Asn Ser Ala Ile 290 295 300	912
cca agt cct tct ttc ttc aag tgg cta aga tcc gtt tca att aat agc Pro Ser Pro Ser Phe Phe Lys Trp Leu Arg Ser Val Ser Ile Asn Ser 305 310 315 320	960
cag tgg tgg ggc agt ggt cct aat caa acc tac tat tgg gtt gga cat Gln Trp Trp Gly Ser Gly Pro Asn Gln Thr Tyr Tyr Trp Val Gly His 325 330 335	1008
gaa tta gta tat tct aat tca aat tct aat caa tca ctt aag gtt aaa Glu Leu Val Tyr Ser Asn Ser Asn Ser Asn Gln Ser Leu Lys Val Lys 340 345 350	1056
tat gga gac cct aat tct tat att gag ccc cct gat tct ttc agt ttt Tyr Gly Asp Pro Asn Ser Tyr Ile Glu Pro Pro Asp Ser Phe Ser Phe 355 360 365	1104
tct tct acg gat gtt tac aga acc att tct gtt gtt aga aat tca gta Ser Ser Thr Asp Val Tyr Arg Thr Ile Ser Val Val Arg Asn Ser Val 370 375 380	1152
agt aat tat ata gta agt gaa gtt caa ttc aat tca att agt aat aca Ser Asn Tyr Ile Val Ser Glu Val Gln Phe Asn Ser Ile Ser Asn Thr 385 390 395 400	1200
aat caa att agt gaa gaa att tat aaa cat caa tca aat tgg agt aga Asn Gln Ile Ser Glu Glu Ile Tyr Lys His Gln Ser Asn Trp Ser Arg 405 410 415	1248
aaa gaa acc aaa gat tca att aca gaa cta tcc tta gct gct aat ccc Lys Glu Thr Lys Asp Ser Ile Thr Glu Leu Ser Leu Ala Ala Asn Pro 420 425 430	1296
cca aca aca ttt gga aat gta gca gaa tac agt cat aga tta gca tat Pro Thr Thr Phe Gly Asn Val Ala Glu Tyr Ser His Arg Leu Ala Tyr 435 440 445	1344
att tca gag gca tac caa agt caa aac cca tca aaa tac cca acc tac Ile Ser Glu Ala Tyr Gln Ser Gln Asn Pro Ser Lys Tyr Pro Thr Tyr 450 455 460	1392

ES 2 864 641 T3

att cct gta ttc ggt tgg acg cat aca agc gta cgt tac gat aat aaa Ile Pro Val Phe Gly Trp Thr His Thr Ser Val Arg Tyr Asp Asn Lys 465 470 475 480	1440
att ttc ccg gac aaa atc act caa att cca gct gtt aaa agc tct tca Ile Phe Pro Asp Lys Ile Thr Gln Ile Pro Ala Val Lys Ser Ser Ser 485 490 495	1488
gct caa ggt gga tca tgg aaa aat ata gtg aaa ggt ccc ggg ttt act Ala Gln Gly Gly Ser Trp Lys Asn Ile Val Lys Gly Pro Gly Phe Thr 500 505 510	1536
gga gga gat gtg aca act gca gtt tgc cca gca act tta acc gac ata Gly Gly Asp Val Thr Thr Ala Val Ser Pro Ala Thr Leu Thr Asp Ile 515 520 525	1584
ata aaa ata caa gtt act cta gat cca aat tca ctt tca caa aaa tat Ile Lys Ile Gln Val Thr Leu Asp Pro Asn Ser Leu Ser Gln Lys Tyr 530 535 540	1632
cgt gca cga ctt cgc tat gct tcc aat gca ttt gta gca gct act ttg Arg Ala Arg Leu Arg Tyr Ala Ser Asn Ala Phe Val Ala Ala Thr Leu 545 550 555 560	1680
tat aca aat aca agt agt aat tat aat ttt gaa ctt aca aaa ggt aca Tyr Thr Asn Thr Ser Ser Asn Tyr Asn Phe Glu Leu Thr Lys Gly Thr 565 570 575	1728
act gaa cag ttt aca aca tat aat tca tac cag tat gta gat atc cca Thr Glu Gln Phe Thr Thr Tyr Asn Ser Tyr Gln Tyr Val Asp Ile Pro 580 585 590	1776
ggt tca ata caa ttt aat aat act tct gat aca gtg tct gtt tat ttg Gly Ser Ile Gln Phe Asn Asn Thr Ser Asp Thr Val Ser Val Tyr Leu 595 600 605	1824
cat atg gat tca aca act aat gca aac gtt cat gta gat aga att gaa His Met Asp Ser Thr Thr Asn Ala Asn Val His Val Asp Arg Ile Glu 610 615 620	1872
ttc att cca gta gat gaa cag tac gat gaa aga gta aca cta gaa aaa Phe Ile Pro Val Asp Glu Gln Tyr Asp Glu Arg Val Thr Leu Glu Lys 625 630 635 640	1920
gca cag aaa gcc gtg aat gcc ttg ttt aca gcg gga aga cat gca ctc Ala Gln Lys Ala Val Asn Ala Leu Phe Thr Ala Gly Arg His Ala Leu 645 650 655	1968
caa aca gat gtg aca gat tac aaa gtg gat caa gtg tca att tta gtg Gln Thr Asp Val Thr Asp Tyr Lys Val Asp Gln Val Ser Ile Leu Val 660 665 670	2016
gat tgt gta tca ggg gag tta tat cca aat gag aaa cgc gaa cta ctc Asp Cys Val Ser Gly Glu Leu Tyr Pro Asn Glu Lys Arg Glu Leu Leu 675 680 685	2064
agt tta gtc aaa tac gca aaa cgt ttg agc tat tct cgt aat tta ctc Ser Leu Val Lys Tyr Ala Lys Arg Leu Ser Tyr Ser Arg Asn Leu Leu 690 695 700	2112
cta gat cca aca ttc gat tct atc aat tca tca gat aag aat ggc tgg Leu Asp Pro Thr Phe Asp Ser Ile Asn Ser Ser Asp Lys Asn Gly Trp	2160

ES 2 864 641 T3

705	710	715	720	
tac ggg agt aat ggt att gca att agc agt ggg aat ttt gta ttc aaa Tyr Gly Ser Asn Gly Ile Ala Ile Ser Ser Gly Asn Phe Val Phe Lys 725 730 735				2208
ggg aac tat tta atc ttc tca ggt aca aat gat gaa caa tat cca acc Gly Asn Tyr Leu Ile Phe Ser Gly Thr Asn Asp Glu Gln Tyr Pro Thr 740 745 750				2256
tat ctc tat caa aaa ata gac gaa tct aag tta aaa gaa tat aca cgt Tyr Leu Tyr Gln Lys Ile Asp Glu Ser Lys Leu Lys Glu Tyr Thr Arg 755 760 765				2304
tat aaa ctg aga ggc ttt ata gaa aat agt caa gat tta gaa gca tat Tyr Lys Leu Arg Gly Phe Ile Glu Asn Ser Gln Asp Leu Glu Ala Tyr 770 775 780				2352
gtc att cgc tat gat gcc aaa cat gaa aca ttg gat gta tcc aat aat Val Ile Arg Tyr Asp Ala Lys His Glu Thr Leu Asp Val Ser Asn Asn 785 790 795 800				2400
cta tta ccg gat att tct cct gta aat gca tgt gga gaa cca aat cgt Leu Leu Pro Asp Ile Ser Pro Val Asn Ala Cys Gly Glu Pro Asn Arg 805 810 815				2448
tgt gtg gca tta caa tac ctg gat gaa aac cca aga tta gaa tgt agt Cys Val Ala Leu Gln Tyr Leu Asp Asn Pro Arg Leu Glu Cys Ser 820 825 830				2496
tcg gtt caa gat ggt att tta tct gat tcg cat tca ttt tct ctc aat Ser Val Gln Asp Gly Ile Leu Ser Asp Ser His Ser Phe Ser Leu Asn 835 840 845				2544
ata gat aca ggt tct att gat ttc aat gag agc gta gga att tgg gtg Ile Asp Thr Gly Ser Ile Asp Phe Asn Glu Ser Val Gly Ile Trp Val 850 855 860				2592
ttg ttt aaa att tcc aca ccg gaa ggg tat gcg aaa ttt gga aac cta Leu Phe Lys Ile Ser Thr Pro Glu Gly Tyr Ala Lys Phe Gly Asn Leu 865 870 875 880				2640
gaa gtg att gaa aat ggc cca gtc atc gga gaa gca tta gcc cgt gtg Glu Val Ile Glu Asn Gly Pro Val Ile Gly Glu Ala Leu Ala Arg Val 885 890 895				2688
aaa cgc caa gaa aca aag tgg aga aac cag ttg aca caa ctg aga acg Lys Arg Gln Glu Thr Lys Trp Arg Asn Gln Leu Thr Gln Leu Arg Thr 900 905 910				2736
gaa aca caa gcg att tat aca cga gca aaa caa gcg ctg gat aat ctt Glu Thr Gln Ala Ile Tyr Thr Arg Ala Lys Gln Ala Leu Asp Asn Leu 915 920 925				2784
ttt gcg aat gca caa gac tct cac tta aaa ata ggt acg aca ttt gcg Phe Ala Asn Ala Gln Asp Ser His Leu Lys Ile Gly Thr Thr Phe Ala 930 935 940				2832
gca att gtg gct gcg cga aag att gtc caa tcc ata cgc gaa gcg tat Ala Ile Val Ala Ala Arg Lys Ile Val Gln Ser Ile Arg Glu Ala Tyr 945 950 955 960				2880
atg tca tgg tta tct gtt gtt cca ggt gta aat tat cct atc ttt aca				2928

ES 2 864 641 T3

```

Met Ser Trp Leu Ser Val Val Pro Gly Val Asn Tyr Pro Ile Phe Thr
      965                      970                      975

gag ttg act gag aga gta cag caa gca ttt caa tta tat gat gta cga      2976
Glu Leu Thr Glu Arg Val Gln Gln Ala Phe Gln Leu Tyr Asp Val Arg
      980                      985                      990

aat gtc gtg cgt aat ggc caa ttc ctt agt ggc tta tcc gat tgg att      3024
Asn Val Val Arg Asn Gly Gln Phe Leu Ser Gly Leu Ser Asp Trp Ile
      995                      1000                      1005

gta aca cct gac gtc aag gta caa gaa gac aat ggg aat aac gta      3069
Val Thr Pro Asp Val Lys Val Gln Glu Asp Asn Gly Asn Asn Val
      1010                      1015                      1020

ttg gtt ctt tct aat tgg gat gcg caa gta tta caa tgt ctg aag      3114
Leu Val Leu Ser Asn Trp Asp Ala Gln Val Leu Gln Cys Leu Lys
      1025                      1030                      1035

ctc tat caa gat cgc ggc tat atc tta cgt gta acg gca cgt aag      3159
Leu Tyr Gln Asp Arg Gly Tyr Ile Leu Arg Val Thr Ala Arg Lys
      1040                      1045                      1050

gaa gga ttg gga gaa gga tac gta aca att acg gat gaa gaa ggg      3204
Glu Gly Leu Gly Glu Gly Tyr Val Thr Ile Thr Asp Glu Glu Gly
      1055                      1060                      1065

aat aca gat caa ttg acg ttt ggt gca tgt gag gag ata gat gca      3249
Asn Thr Asp Gln Leu Thr Phe Gly Ala Cys Glu Glu Ile Asp Ala
      1070                      1075                      1080

tct aat gcg ttc att tcc aca ggt tat att aca aaa gaa ctg gaa      3294
Ser Asn Ala Phe Ile Ser Thr Gly Tyr Ile Thr Lys Glu Leu Glu
      1085                      1090                      1095

ttc ttc cca gat aca gag aaa gtg cgt ata gaa att gga gaa aca      3339
Phe Phe Pro Asp Thr Glu Lys Val Arg Ile Glu Ile Gly Glu Thr
      1100                      1105                      1110

gaa gga aca ttc cag gtg gaa agt gta gaa tta ttc ttg atg gaa      3384
Glu Gly Thr Phe Gln Val Glu Ser Val Glu Leu Phe Leu Met Glu
      1115                      1120                      1125

gat cta tgt      3393
Asp Leu Cys
      1130

```

```

<210>                      23                      <211>                      1131
<212>                      PRT
<213> Bacillus thuringiensis

```

```

5 <400>                      23
Met Asn Gln Lys Asn Tyr Asp Ile Ile Gly Ala Ser Thr Asn Gly Thr
1      5      10      15

```

```

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

```

ES 2 864 641 T3

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

ES 2 864 641 T3

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

ES 2 864 641 T3

Arg Ala Arg Leu Arg Tyr Ala Ser Asn Ala Phe Val Ala Ala Thr Leu
 545 550 555 560
 Tyr Thr Asn Thr Ser Ser Asn Tyr Asn Phe Glu Leu Thr Lys Gly Thr
 565 570 575
 Thr Glu Gln Phe Thr Thr Tyr Asn Ser Tyr Gln Tyr Val Asp Ile Pro
 580 585 590
 Gly Ser Ile Gln Phe Asn Asn Thr Ser Asp Thr Val Ser Val Tyr Leu
 595 600 605
 His Met Asp Ser Thr Thr Asn Ala Asn Val His Val Asp Arg Ile Glu
 610 615 620
 Phe Ile Pro Val Asp Glu Gln Tyr Asp Glu Arg Val Thr Leu Glu Lys
 625 630 635 640
 Ala Gln Lys Ala Val Asn Ala Leu Phe Thr Ala Gly Arg His Ala Leu
 645 650 655
 Gln Thr Asp Val Thr Asp Tyr Lys Val Asp Gln Val Ser Ile Leu Val
 660 665 670
 Asp Cys Val Ser Gly Glu Leu Tyr Pro Asn Glu Lys Arg Glu Leu Leu
 675 680 685
 Ser Leu Val Lys Tyr Ala Lys Arg Leu Ser Tyr Ser Arg Asn Leu Leu
 690 695 700
 Leu Asp Pro Thr Phe Asp Ser Ile Asn Ser Ser Asp Lys Asn Gly Trp
 705 710 715 720
 Tyr Gly Ser Asn Gly Ile Ala Ile Ser Ser Gly Asn Phe Val Phe Lys
 725 730 735
 Gly Asn Tyr Leu Ile Phe Ser Gly Thr Asn Asp Glu Gln Tyr Pro Thr
 740 745 750
 Tyr Leu Tyr Gln Lys Ile Asp Glu Ser Lys Leu Lys Glu Tyr Thr Arg
 755 760 765
 Tyr Lys Leu Arg Gly Phe Ile Glu Asn Ser Gln Asp Leu Glu Ala Tyr
 770 775 780
 Val Ile Arg Tyr Asp Ala Lys His Glu Thr Leu Asp Val Ser Asn Asn

ES 2 864 641 T3

785		790		795		800									
Leu	Leu	Pro	Asp	Ile	Ser	Pro	Val	Asn	Ala	Cys	Gly	Glu	Pro	Asn	Arg
			805						810					815	
Cys	Val	Ala	Leu	Gln	Tyr	Leu	Asp	Glu	Asn	Pro	Arg	Leu	Glu	Cys	Ser
			820					825					830		
Ser	Val	Gln	Asp	Gly	Ile	Leu	Ser	Asp	Ser	His	Ser	Phe	Ser	Leu	Asn
		835					840					845			
Ile	Asp	Thr	Gly	Ser	Ile	Asp	Phe	Asn	Glu	Ser	Val	Gly	Ile	Trp	Val
	850					855					860				
Leu	Phe	Lys	Ile	Ser	Thr	Pro	Glu	Gly	Tyr	Ala	Lys	Phe	Gly	Asn	Leu
865					870				875						880
Glu	Val	Ile	Glu	Asn	Gly	Pro	Val	Ile	Gly	Glu	Ala	Leu	Ala	Arg	Val
				885					890					895	
Lys	Arg	Gln	Glu	Thr	Lys	Trp	Arg	Asn	Gln	Leu	Thr	Gln	Leu	Arg	Thr
			900					905					910		
Glu	Thr	Gln	Ala	Ile	Tyr	Thr	Arg	Ala	Lys	Gln	Ala	Leu	Asp	Asn	Leu
		915					920					925			
Phe	Ala	Asn	Ala	Gln	Asp	Ser	His	Leu	Lys	Ile	Gly	Thr	Thr	Phe	Ala
	930					935					940				
Ala	Ile	Val	Ala	Ala	Arg	Lys	Ile	Val	Gln	Ser	Ile	Arg	Glu	Ala	Tyr
945					950					955					960
Met	Ser	Trp	Leu	Ser	Val	Val	Pro	Gly	Val	Asn	Tyr	Pro	Ile	Phe	Thr
			965						970					975	
Glu	Leu	Thr	Glu	Arg	Val	Gln	Gln	Ala	Phe	Gln	Leu	Tyr	Asp	Val	Arg
			980					985					990		
Asn	Val	Val	Arg	Asn	Gly	Gln	Phe	Leu	Ser	Gly	Leu	Ser	Asp	Trp	Ile
		995					1000					1005			
Val	Thr	Pro	Asp	Val	Lys	Val	Gln	Glu	Asp	Asn	Gly	Asn	Asn	Val	
	1010					1015					1020				
Leu	Val	Leu	Ser	Asn	Trp	Asp	Ala	Gln	Val	Leu	Gln	Cys	Leu	Lys	
	1025					1030					1035				

ES 2 864 641 T3

Leu Tyr Gln Asp Arg Gly Tyr Ile Leu Arg Val Thr Ala Arg Lys
1040 1045 1050

Glu Gly Leu Gly Glu Gly Tyr Val Thr Ile Thr Asp Glu Glu Gly
1055 1060 1065

Asn Thr Asp Gln Leu Thr Phe Gly Ala Cys Glu Glu Ile Asp Ala
1070 1075 1080

Ser Asn Ala Phe Ile Ser Thr Gly Tyr Ile Thr Lys Glu Leu Glu
1085 1090 1095

Phe Phe Pro Asp Thr Glu Lys Val Arg Ile Glu Ile Gly Glu Thr
1100 1105 1110

Glu Gly Thr Phe Gln Val Glu Ser Val Glu Leu Phe Leu Met Glu
1115 1120 1125

Asp Leu Cys
1130

<210> 24 <211> 1002
<212> ADN
<213> Bacillus thuringiensis

5 <220>
<221> CDS
<222> (1)..(1002)

<400> 24
atg gtg aga gtc tat cca gac ttt gat gag atg ata agg gaa gct gct 48
Met Val Arg Val Tyr Pro Asp Phe Asp Glu Met Ile Arg Glu Ala Ala
1 5 10 15

cga aaa tgg tca gaa gca aat gga ttg cta ttt caa aag gtg tcg tat 96
Arg Lys Trp Ser Glu Ala Asn Gly Leu Leu Phe Gln Lys Val Ser Tyr
20 25 30

gcg gat cct tta acc aat gcg gat aca atc agt cta agt gtc aaa ttc 144
Ala Asp Pro Leu Thr Asn Ala Asp Thr Ile Ser Leu Ser Val Lys Phe
35 40 45

aaa gat atc gga tgc cta gaa gaa tgc gtc gaa gta gaa aaa ata agc 192
Lys Asp Ile Gly Cys Leu Glu Glu Cys Val Glu Val Glu Lys Ile Ser
50 55 60

att cca caa aat ttt acg aat aat acg gat caa aaa caa aaa gaa aca 240
Ile Pro Gln Asn Phe Thr Asn Asn Thr Asp Gln Lys Gln Lys Glu Thr
65 70 75 80

ttg gaa act ata aca tat gta gaa aat ctg ttg act tgg gaa aat gac 288
Leu Glu Thr Ile Thr Tyr Val Glu Asn Leu Leu Thr Trp Glu Asn Asp
85 90 95

ES 2 864 641 T3

```

ttt cat ttt gtg ctt cca gga caa aac ttt ctt acg ata cca cgt gtt      336
Phe His Phe Val Leu Pro Gly Gln Asn Phe Leu Thr Ile Pro Arg Val
                100                      105                      110

cct cgt tca gtt cat atg gat att aat cca ggt ttc ctt gtg aat ttt      384
Pro Arg Ser Val His Met Asp Ile Asn Pro Gly Phe Leu Val Asn Phe
                115                      120                      125

ttt ggt aga aat caa cta ttc cat acc aaa ata aga gaa cca cgt ccc      432
Phe Gly Arg Asn Gln Leu Phe His Thr Lys Ile Arg Glu Pro Arg Pro
                130                      135                      140

att cgg gcg gaa gtg ttt tta gaa cca tct agc agt gca tcg att caa      480
Ile Arg Ala Glu Val Phe Leu Glu Pro Ser Ser Ser Ala Ser Ile Gln
                145                      150                      155                      160

ctg caa gtg gaa aaa caa cat gtt tct caa ccg tat caa atg gaa tta      528
Leu Gln Val Glu Lys Gln His Val Ser Pro Tyr Gln Met Glu Leu
                165                      170                      175

tca atg cta gga agt att att gtg acg gca caa gat aga gga cag gaa      576
Ser Met Leu Gly Ser Ile Ile Val Thr Ala Gln Asp Arg Gly Gln Glu
                180                      185                      190

caa ggt acg gat cgc tat gtt gag tta aca gat ctc ata cca ttc ctc      624
Gln Gly Thr Asp Arg Tyr Val Glu Leu Thr Asp Leu Ile Pro Phe Leu
                195                      200                      205

tgc ccg cat aaa aac ttt tct tct aaa ggg cgg gca ttg ata ttc ctt      672
Cys Pro His Lys Asn Phe Ser Ser Lys Gly Arg Ala Leu Ile Phe Leu
                210                      215                      220

gaa cag gga acg ttc aag gga ata ttg agt cga aag ata cgt gca tat      720
Glu Gln Gly Thr Phe Lys Gly Ile Leu Ser Arg Lys Ile Arg Ala Tyr
                225                      230                      235                      240

gcc aca caa atg ctt cat tgc gac gga aaa aca cta gaa tat gaa att      768
Ala Thr Gln Met Leu His Cys Asp Gly Lys Thr Leu Glu Tyr Glu Ile
                245                      250                      255

cct tta aat aat cca tta cct gaa tct gcc cta cga cct aaa cct atg      816
Pro Leu Asn Asn Pro Leu Pro Glu Ser Ala Leu Arg Pro Lys Pro Met
                260                      265                      270

acg att aac gct aca tca tgt gga tgt tct tct gat aga cca tca gtc      864
Thr Ile Asn Ala Thr Ser Cys Gly Cys Ser Ser Asp Arg Pro Ser Val
                275                      280                      285

gta tct act tcc tct cat cca tcg aat cct aca acc tat tcc cag caa      912
Val Ser Thr Ser Ser His Pro Ser Asn Pro Thr Thr Tyr Ser Gln Gln
                290                      295                      300

cct aaa cct atg acg act aac gct aca tca tgt gga tgt tct gcc tgt      960
Pro Lys Pro Met Thr Thr Asn Ala Thr Ser Cys Gly Cys Ser Ala Cys
                305                      310                      315                      320

atg tct gca aca tca aat aaa aat cta tat aca gaa caa taa      1002
Met Ser Ala Thr Ser Asn Lys Asn Leu Tyr Thr Glu Gln
                325                      330

```

<210>

25

<211>

333

<212>

PRT

5 <213> Bacillus thuringiensis

<400>

```

Met Val Arg Val Tyr Pro Asp Phe Asp Glu Met Ile Arg Glu Ala Ala
1          5          10          15

Arg Lys Trp Ser Glu Ala Asn Gly Leu Leu Phe Gln Lys Val Ser Tyr
          20          25          30

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

Lys Asp Ile Gly Cys Leu Glu Glu Cys Val Glu Val Glu Lys Ile Ser
          50          55          60

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

Leu Glu Thr Ile Thr Tyr Val Glu Asn Leu Leu Thr Trp Glu Asn Asp
          85          90          95

Phe His Phe Val Leu Pro Gly Gln Asn Phe Leu Thr Ile Pro Arg Val
          100          105          110

Pro Arg Ser Val His Met Asp Ile Asn Pro Gly Phe Leu Val Asn Phe
          115          120          125

Phe Gly Arg Asn Gln Leu Phe His Thr Lys Ile Arg Glu Pro Arg Pro
          130          135          140

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

Leu Gln Val Glu Lys Gln His Val Ser Gln Pro Tyr Gln Met Glu Leu
          165          170          175

Ser Met Leu Gly Ser Ile Ile Val Thr Ala Gln Asp Arg Gly Gln Glu
          180          185          190

Gln Gly Thr Asp Arg Tyr Val Glu Leu Thr Asp Leu Ile Pro Phe Leu
          195          200          205

Cys Pro His Lys Asn Phe Ser Ser Lys Gly Arg Ala Leu Ile Phe Leu
          210          215          220

Glu Gln Gly Thr Phe Lys Gly Ile Leu Ser Arg Lys Ile Arg Ala Tyr
          225          230          235          240

```

ES 2 864 641 T3

Ala Thr Gln Met Leu His Cys Asp Gly Lys Thr Leu Glu Tyr Glu Ile
245 250 255

Pro Leu Asn Asn Pro Leu Pro Glu Ser Ala Leu Arg Pro Lys Pro Met
260 265 270

Thr Ile Asn Ala Thr Ser Cys Gly Cys Ser Ser Asp Arg Pro Ser Val
275 280 285

Val Ser Thr Ser Ser His Pro Ser Asn Pro Thr Thr Tyr Ser Gln Gln
290 295 300

Pro Lys Pro Met Thr Thr Asn Ala Thr Ser Cys Gly Cys Ser Ala Cys
305 310 315 320

Met Ser Ala Thr Ser Asn Lys Asn Leu Tyr Thr Glu Gln
325 330

<210> 26 <211>

<212>

5 <213> Bacillus thuringiensis

1026
ADN

<220>

<221>

<222> (1)..(1026)

CDS

<400>

atg aaa aag tct tgt aat cca aat gaa gtg aat cca agt gca tat act 48
Met Lys Lys Ser Cys Asn Pro Asn Glu Val Asn Pro Ser Ala Tyr Thr
1 5 10 15

tta tac aac ttt gat gag tat gta att ggc aat ttt ttc aat gca gtg 96
Leu Tyr Asn Phe Asp Glu Tyr Val Ile Gly Asn Phe Phe Asn Ala Val
20 25 30

caa cac cct ata aat ctt tcc ttc aga gaa gat gaa tgg aat ttt gat 144
Gln His Pro Ile Asn Leu Ser Phe Arg Glu Asp Glu Trp Asn Phe Asp
35 40 45

tca gac tat att cct acc cca act tct gac caa cta act agc cct tgt 192
Ser Asp Tyr Ile Pro Thr Pro Thr Ser Asp Gln Leu Thr Ser Pro Cys
50 55 60

aaa tct gtt cca acc agc gca ccg tgt aaa tat ggt cca atc gat cct 240
Lys Ser Val Pro Thr Ser Ala Pro Cys Lys Tyr Gly Pro Ile Asp Pro
65 70 75 80

tat gag tgg ata gaa tgg cta gac ctc gta gca gaa ggg aca gat tta 288
Tyr Glu Trp Ile Glu Trp Leu Asp Leu Val Ala Glu Gly Thr Asp Leu
85 90 95

10 tat gaa gaa atc caa aat gca aat aca aaa acc ccg ttt att aat gat 336
Tyr Glu Glu Ile Gln Asn Ala Asn Thr Lys Thr Pro Phe Ile Asn Asp

ES 2 864 641 T3

100	105	110	
gaa tat tac ttt aat aat aca tca tct gaa aca caa cca tat cag acc Glu Tyr Tyr Phe Asn Asn Thr Ser Ser Glu Thr Gln Pro Tyr Gln Thr 115 120 125			384
att tct cat tca gaa aca ttg acc aca acc acg aca aac aca aca aca Ile Ser His Ser Glu Thr Leu Thr Thr Thr Thr Asn Thr Thr Thr 130 135 140			432
caa gga tgt aaa ata aat cca aaa gtc agt tat tcg aga aaa acg aaa Gln Gly Cys Lys Ile Asn Pro Lys Val Ser Tyr Ser Arg Lys Thr Lys 145 150 155 160			480
ggt aaa gtc aaa att gtt gat gta gaa aag gga ttt aac acg gaa ata Val Lys Val Lys Ile Val Asp Val Glu Lys Gly Phe Asn Thr Glu Ile 165 170 175			528
ggg gca gaa tat aac ttt agc gat aca aac aca tac aca gaa aca gca Gly Ala Glu Tyr Asn Phe Ser Asp Thr Asn Thr Tyr Thr Glu Thr Ala 180 185 190			576
act cgg act gtg aca gtt cca tca atg acg aca tat gtt cca ccc tat Thr Arg Thr Val Thr Val Pro Ser Met Thr Thr Tyr Val Pro Pro Tyr 195 200 205			624
acc tct gcg tat gtg acg gtc gta tta gaa aga gga tat tat gaa gct Thr Ser Ala Tyr Val Thr Val Val Leu Glu Arg Gly Tyr Tyr Glu Ala 210 215 220			672
tat aat att cca atc gac acg aat tta tat gga aga ttt gaa ctc atc Tyr Asn Ile Pro Ile Asp Thr Asn Leu Tyr Gly Arg Phe Glu Leu Ile 225 230 235 240			720
tac acc aac ctc gat ggc agc aac cct cga tcg gcg ggt gtt ctg gat Tyr Thr Asn Leu Asp Gly Ser Asn Pro Arg Ser Ala Gly Val Leu Asp 245 250 255			768
cta tat cct ttc gta gaa tta att aca aca tgt tgt caa aat tgt agt Leu Tyr Pro Phe Val Glu Leu Ile Thr Thr Cys Cys Gln Asn Cys Ser 260 265 270			816
cag tgt gtg cca gac atg att cag cct gat cgt gac aat caa aca gtt Gln Cys Val Pro Asp Met Ile Gln Pro Asp Arg Asp Asn Gln Thr Val 275 280 285			864
cgt ttt act gga aga ggg gat ctt ata tcg gat ttt gca gcg aat act Arg Phe Thr Gly Arg Gly Asp Leu Ile Ser Asp Phe Ala Ala Asn Thr 290 295 300			912
tta acc gta acg act aca ttt gtt gac aat gca aca gga gca acc gtt Leu Thr Val Thr Thr Thr Phe Val Asp Asn Ala Thr Gly Ala Thr Val 305 310 315 320			960
tcg caa cac gta gaa tcc gta cca gtt cag tat gga ccc gct acc aca Ser Gln His Val Glu Ser Val Pro Val Gln Tyr Gly Pro Ala Thr Thr 325 330 335			1008
gta gta aac aca tct aaa Val Val Asn Thr Ser Lys 340			1026

<210>

27

<211>

<212>

342

PRT

5 <213> Bacillus thuringiensis

<400>

```

Met Lys Lys Ser Cys Asn Pro Asn Glu Val Asn Pro Ser Ala Tyr Thr
1          5          10          15

Leu Tyr Asn Phe Asp Glu Tyr Val Ile Gly Asn Phe Phe Asn Ala Val
20          25          30

Gln His Pro Ile Asn Leu Ser Phe Arg Glu Asp Glu Trp Asn Phe Asp
35          40          45

Ser Asp Tyr Ile Pro Thr Pro Thr Ser Asp Gln Leu Thr Ser Pro Cys
50          55          60

Lys Ser Val Pro Thr Ser Ala Pro Cys Lys Tyr Gly Pro Ile Asp Pro
65          70          75          80

Tyr Glu Trp Ile Glu Trp Leu Asp Leu Val Ala Glu Gly Thr Asp Leu
85          90          95

Tyr Glu Glu Ile Gln Asn Ala Asn Thr Lys Thr Pro Phe Ile Asn Asp
100         105         110

Glu Tyr Tyr Phe Asn Asn Thr Ser Ser Glu Thr Gln Pro Tyr Gln Thr
115         120         125

Ile Ser His Ser Glu Thr Leu Thr Thr Thr Thr Thr Asn Thr Thr Thr
130         135         140

Gln Gly Cys Lys Ile Asn Pro Lys Val Ser Tyr Ser Arg Lys Thr Lys
145         150         155         160

Val Lys Val Lys Ile Val Asp Val Glu Lys Gly Phe Asn Thr Glu Ile
165         170         175

Gly Ala Glu Tyr Asn Phe Ser Asp Thr Asn Thr Tyr Thr Glu Thr Ala
180         185         190

Thr Arg Thr Val Thr Val Pro Ser Met Thr Thr Tyr Val Pro Pro Tyr
195         200         205

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

```

ES 2 864 641 T3

Tyr Asn Ile Pro Ile Asp Thr Asn Leu Tyr Gly Arg Phe Glu Leu Ile
225 230 235 240

Tyr Thr Asn Leu Asp Gly Ser Asn Pro Arg Ser Ala Gly Val Leu Asp
245 250 255

Leu Tyr Pro Phe Val Glu Leu Ile Thr Thr Cys Cys Gln Asn Cys Ser
260 265 270

Gln Cys Val Pro Asp Met Ile Gln Pro Asp Arg Asp Asn Gln Thr Val
275 280 285

Arg Phe Thr Gly Arg Gly Asp Leu Ile Ser Asp Phe Ala Ala Asn Thr
290 295 300

Leu Thr Val Thr Thr Thr Phe Val Asp Asn Ala Thr Gly Ala Thr Val
305 310 315 320

Ser Gln His Val Glu Ser Val Pro Val Gln Tyr Gly Pro Ala Thr Thr
325 330 335

Val Val Asn Thr Ser Lys
340

<210> 28 <211>

<212>

5 <213> Bacillus thuringiensis

3009
ADN

<220>

<221>

<222> (1)..(3009)

CDS

<400>

28

atg aaa agg atg aag aaa aag cta gca agt gtt gta acc tgt aca tta 48
Met Lys Arg Met Lys Lys Lys Leu Ala Ser Val Val Thr Cys Thr Leu
1 5 10 15

tta gct cct atg ttt ttg aat ggg aac gta gac act gta ttt gca gat 96
Leu Ala Pro Met Phe Leu Asn Gly Asn Val Asp Thr Val Phe Ala Asp
20 25 30

agt aaa aca aat caa att tct tca aca cag gaa aac caa aag aat gag 144
Ser Lys Thr Asn Gln Ile Ser Ser Thr Gln Glu Asn Gln Lys Asn Glu
35 40 45

atg gat cga aaa gga cta ctt ggt tat tat ttt aaa gga aaa gat ttt 192
Met Asp Arg Lys Gly Leu Leu Gly Tyr Tyr Phe Lys Gly Lys Asp Phe
50 55 60

aat aat ctt act ata ttt gct cca aca cgt gag aat act ctt att tat 240
Asn Asn Leu Thr Ile Phe Ala Pro Thr Arg Glu Asn Thr Leu Ile Tyr
65 70 75 80

10

ES 2 864 641 T3

gat tta gaa aca gcg aat tct tta tta gat aag caa caa caa acc tat Asp Leu Glu Thr Ala Asn Ser Leu Leu Asp Lys Gln Gln Gln Thr Tyr 85 90 95	288
caa tct att cgt tgg atc ggt tta ata aaa agc aaa aaa gct gga gat Gln Ser Ile Arg Trp Ile Gly Leu Ile Lys Ser Lys Lys Ala Gly Asp 100 105 110	336
ttt acc ttt caa tta tcg gat gat gag cat gct att ata gaa atc gat Phe Thr Phe Gln Leu Ser Asp Asp Glu His Ala Ile Ile Glu Ile Asp 115 120 125	384
ggg aaa gtt att tcg caa aaa ggc caa aag aaa caa gtt gtt cat tta Gly Lys Val Ile Ser Gln Lys Gly Gln Lys Lys Gln Val Val His Leu 130 135 140	432
gaa aaa gat aaa tta gtt ccc atc aaa att gaa tat caa tct gat aaa Glu Lys Asp Lys Leu Val Pro Ile Lys Ile Glu Tyr Gln Ser Asp Lys 145 150 155 160	480
gcg tta aac cca gat agt caa atg ttt aaa gaa ttg aaa tta ttt aaa Ala Leu Asn Pro Asp Ser Gln Met Phe Lys Glu Leu Lys Leu Phe Lys 165 170 175	528
ata aat agt caa aaa caa tct cag caa gtg caa caa gac gaa ttg aga Ile Asn Ser Gln Lys Gln Ser Gln Gln Val Gln Gln Asp Glu Leu Arg 180 185 190	576
aat cct gaa ttt ggt aaa gaa aaa act caa aca tat tta aag aaa gca Asn Pro Glu Phe Gly Lys Glu Lys Thr Gln Thr Tyr Leu Lys Lys Ala 195 200 205	624
tcg aaa agc agc ttg ttt agc aat aaa agt aaa cga gat ata gat gaa Ser Lys Ser Ser Leu Phe Ser Asn Lys Ser Lys Arg Asp Ile Asp Glu 210 215 220	672
gat ata gat gag gat aca gat aca gat gga gat gcc att cct gat gta Asp Ile Asp Glu Asp Thr Asp Thr Asp Gly Asp Ala Ile Pro Asp Val 225 230 235 240	720
tggt gaa gaa aat ggg tat acc atc aaa gga aga gta gct gtt aaa tgg Trp Glu Glu Asn Gly Tyr Thr Ile Lys Gly Arg Val Ala Val Lys Trp 245 250 255	768
gac gaa gga tta gct gat aag gga tat aaa aag ttt gtt tcc aat cct Asp Glu Gly Leu Ala Asp Lys Gly Tyr Lys Lys Phe Val Ser Asn Pro 260 265 270	816
ttt aga cag cac act gct ggt gac ccc tat agt gac tat gaa aag gca Phe Arg Gln His Thr Ala Gly Asp Pro Tyr Ser Asp Tyr Glu Lys Ala 275 280 285	864
tca aaa gat ttg gat tta tct aat gca aaa gaa aca ttt aat cca ttg Ser Lys Asp Leu Asp Leu Ser Asn Ala Lys Glu Thr Phe Asn Pro Leu 290 295 300	912
gtg gct gct ttt cca agt gtc aat gtt agc ttg gaa aat gtc acc ata Val Ala Ala Phe Pro Ser Val Asn Val Ser Leu Glu Asn Val Thr Ile 305 310 315 320	960
tca aaa gat gaa aat aaa act gct gaa att gcg tct act tca tcg aat Ser Lys Asp Glu Asn Lys Thr Ala Glu Ile Ala Ser Thr Ser Ser Asn 325 330 335	1008

ES 2 864 641 T3

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

ES 2 864 641 T3

580	585	590	
gaa aaa gtt aaa aaa caa atc gag gat aaa act gga aaa ttt aaa gac Glu Lys Val Lys Lys Gln Ile Glu Asp Lys Thr Gly Lys Phe Lys Asp 595 600 605			1824
gta caa cat ttg tat gat gtg aaa cta aca cct gga atg aat ttt act Val Gln His Leu Tyr Asp Val Lys Leu Thr Pro Gly Met Asn Phe Thr 610 615 620			1872
att aaa tta gct tca ata tac gat agt gtc gat aat ttt agt ggc agt Ile Lys Leu Ala Ser Ile Tyr Asp Ser Val Asp Asn Phe Ser Gly Ser 625 630 635 640			1920
caa tca tta ggg gca tta aat agt ata agt aag gtt gct gga gga aat Gln Ser Leu Gly Ala Leu Asn Ser Ile Ser Lys Val Ala Gly Gly Asn 645 650 655			1968
aca ggg aaa aat caa tat caa tca tca tct tct aat gcg tat att tct Thr Gly Lys Asn Gln Tyr Gln Ser Ser Ser Asn Ala Tyr Ile Ser 660 665 670			2016
tta tct tcg agt aca aaa gga gag ttg aat aaa aat act acg tac tat Leu Ser Ser Ser Thr Lys Gly Leu Asn Lys Asn Thr Thr Tyr Tyr 675 680 685			2064
ctt agc atg tat atg aga gca gat gct gat aca gaa cct acc ata gaa Leu Ser Met Tyr Met Arg Ala Asp Ala Asp Thr Glu Pro Thr Ile Glu 690 695 700			2112
cta aaa gga gaa aaa tcc aca ata aaa agc caa aaa gtt aaa cta aac Leu Lys Gly Glu Lys Ser Thr Ile Lys Ser Gln Lys Val Lys Leu Asn 705 710 715 720			2160
aat aag gga tat cag agg gta gat att tta gta gaa aat act gag tcg Asn Lys Gly Tyr Gln Arg Val Asp Ile Leu Val Glu Asn Thr Glu Ser 725 730 735			2208
aat cca att cat caa att tat gta cac ggt aac aat aag aca aat gtc Asn Pro Ile His Gln Ile Tyr Val His Gly Asn Asn Lys Thr Asn Val 740 745 750			2256
tat tgg gac gat gtg tct ctt aca gag gta tct gct ata aaa caa gaa Tyr Trp Asp Asp Val Ser Leu Thr Glu Val Ser Ala Ile Lys Gln Glu 755 760 765			2304
tta ccc gat ata tca gat aaa gag ata caa agg gct cat aca ttt aag Leu Pro Asp Ile Ser Asp Lys Glu Ile Gln Arg Ala His Thr Phe Lys 770 775 780			2352
aaa gaa cag tta agt tta gat ggt aag tat atg aat gaa ttg aca tta Lys Glu Gln Leu Ser Leu Asp Gly Lys Tyr Met Asn Glu Leu Thr Leu 785 790 795 800			2400
cac gtt gat tcg tta aaa gac aag aac aat aag ccg gtt cag ttc agt His Val Asp Ser Leu Lys Asp Lys Asn Asn Lys Pro Val Gln Phe Ser 805 810 815			2448
tat aaa gtg aaa gat ggt gaa aaa gat tta gga act aaa tcc tat aca Tyr Lys Val Lys Asp Gly Glu Lys Asp Leu Gly Thr Lys Ser Tyr Thr 820 825 830			2496
cct gat aag cag gga aat ata aac att aac ttt cta gat tac aat cgt			2544

ES 2 864 641 T3

Pro Asp Lys Gln Gly Asn Ile Asn Ile Asn Phe Leu Asp Tyr Asn Arg
835 840 845

gga ttt gga att tct aag gat cat aaa att caa att tat gcg gta cgt 2592
Gly Phe Gly Ile Ser Lys Asp His Lys Ile Gln Ile Tyr Ala Val Arg
850 855 860

aaa gac caa gag gtg aaa gta gca gaa cta aaa aac tat aat atg agt 2640
Lys Asp Gln Glu Val Lys Val Ala Glu Leu Lys Asn Tyr Asn Met Ser
865 870 875 880

gga act atc aga ttt agc aat gat gga gaa agt ggc ctt cca gag ata 2688
Gly Thr Ile Arg Phe Ser Asn Asp Gly Glu Ser Gly Leu Pro Glu Ile
885 890 895

tat gga tat att ttc atg act cca gaa ggt caa tat cct gtt tct cct 2736
Tyr Gly Tyr Ile Phe Met Thr Pro Glu Gly Gln Tyr Pro Val Ser Pro
900 905 910

gta gga ggt ata cac caa ata tgg tca aga tat tat aca agc act tac 2784
Val Gly Gly Ile His Gln Ile Trp Ser Arg Tyr Tyr Thr Ser Thr Tyr
915 920 925

aag tgg agt act caa tat agt tat gat ttt gca tcc ttt aat agt gat 2832
Lys Trp Ser Thr Gln Tyr Ser Tyr Asp Phe Ala Ser Phe Asn Ser Asp
930 935 940

ata aaa aca gtt cat ttt aat gga tat gta aag gaa ctg gat gat acg 2880
Ile Lys Thr Val His Phe Asn Gly Tyr Val Lys Glu Leu Asp Asp Thr
945 950 955 960

aat ggc gac gac ata ctg gct tat ctt gaa aat aaa tat gaa tct cat 2928
Asn Gly Asp Asp Ile Leu Ala Tyr Leu Glu Asn Lys Tyr Glu Ser His
965 970 975

ggt tta gag ggg agt gta gtg tta gaa gga gat gaa agg ggc agt aat 2976
Gly Leu Glu Gly Ser Val Val Leu Glu Gly Asp Glu Arg Gly Ser Asn
980 985 990

gtg act gtt gaa tat cat ata aaa ttg aaa taa 3009
Val Thr Val Glu Tyr His Ile Lys Leu Lys
995 1000

<210> 29 <211> 1002
<212> PRT
<213> Bacillus thuringiensis

5 <400> 29
Met Lys Arg Met Lys Lys Lys Leu Ala Ser Val Val Thr Cys Thr Leu
1 5 10 15

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

Ser Lys Thr Asn Gln Ile Ser Ser Thr Gln Glu Asn Gln Lys Asn Glu
35 40 45

ES 2 864 641 T3

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

ES 2 864 641 T3

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

ES 2 864 641 T3

Pro Glu Glu Ile Glu Glu Lys Asn Asp Leu Leu Tyr Tyr Lys Gly Lys
 565 570 575
 Ile Ile Ser Glu Ser Ser Val Met Thr Phe Leu Asp Asn Gly Thr Ser
 580 585 590
 Glu Lys Val Lys Lys Gln Ile Glu Asp Lys Thr Gly Lys Phe Lys Asp
 595 600 605
 Val Gln His Leu Tyr Asp Val Lys Leu Thr Pro Gly Met Asn Phe Thr
 610 615 620
 Ile Lys Leu Ala Ser Ile Tyr Asp Ser Val Asp Asn Phe Ser Gly Ser
 625 630 635 640
 Gln Ser Leu Gly Ala Leu Asn Ser Ile Ser Lys Val Ala Gly Gly Asn
 645 650 655
 Thr Gly Lys Asn Gln Tyr Gln Ser Ser Ser Ser Asn Ala Tyr Ile Ser
 660 665 670
 Leu Ser Ser Ser Thr Lys Gly Glu Leu Asn Lys Asn Thr Thr Tyr Tyr
 675 680 685
 Leu Ser Met Tyr Met Arg Ala Asp Ala Asp Thr Glu Pro Thr Ile Glu
 690 695 700
 Leu Lys Gly Glu Lys Ser Thr Ile Lys Ser Gln Lys Val Lys Leu Asn
 705 710 715 720
 Asn Lys Gly Tyr Gln Arg Val Asp Ile Leu Val Glu Asn Thr Glu Ser
 725 730 735
 Asn Pro Ile His Gln Ile Tyr Val His Gly Asn Asn Lys Thr Asn Val
 740 745 750
 Tyr Trp Asp Asp Val Ser Leu Thr Glu Val Ser Ala Ile Lys Gln Glu
 755 760 765
 Leu Pro Asp Ile Ser Asp Lys Glu Ile Gln Arg Ala His Thr Phe Lys
 770 775 780
 Lys Glu Gln Leu Ser Leu Asp Gly Lys Tyr Met Asn Glu Leu Thr Leu
 785 790 795 800
 His Val Asp Ser Leu Lys Asp Lys Asn Asn Lys Pro Val Gln Phe Ser

ES 2 864 641 T3

805 810 815
 Tyr Lys Val Lys Asp Gly Glu Lys Asp Leu Gly Thr Lys Ser Tyr Thr
 820 825 830
 Pro Asp Lys Gln Gly Asn Ile Asn Ile Asn Phe Leu Asp Tyr Asn Arg
 835 840 845
 Gly Phe Gly Ile Ser Lys Asp His Lys Ile Gln Ile Tyr Ala Val Arg
 850 855 860
 Lys Asp Gln Glu Val Lys Val Ala Glu Leu Lys Asn Tyr Asn Met Ser
 865 870 875 880
 Gly Thr Ile Arg Phe Ser Asn Asp Gly Glu Ser Gly Leu Pro Glu Ile
 885 890 895
 Tyr Gly Tyr Ile Phe Met Thr Pro Glu Gly Gln Tyr Pro Val Ser Pro
 900 905 910
 Val Gly Gly Ile His Gln Ile Trp Ser Arg Tyr Tyr Thr Ser Thr Tyr
 915 920 925
 Lys Trp Ser Thr Gln Tyr Ser Tyr Asp Phe Ala Ser Phe Asn Ser Asp
 930 935 940
 Ile Lys Thr Val His Phe Asn Gly Tyr Val Lys Glu Leu Asp Asp Thr
 945 950 955 960
 Asn Gly Asp Asp Ile Leu Ala Tyr Leu Glu Asn Lys Tyr Glu Ser His
 965 970 975
 Gly Leu Glu Gly Ser Val Val Leu Glu Gly Asp Glu Arg Gly Ser Asn
 980 985 990
 Val Thr Val Glu Tyr His Ile Lys Leu Lys
 995 1000

<210> 30 <211> 1347
 <212> ADN
 <213> Bacillus thuringiensis
 5 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1347)
 <400> 30
 atg cat aaa caa aca ata aaa aat tta tct att tgc ata gca act gta 48

10

ES 2 864 641 T3

Met 1	His	Lys	Gln	Thr 5	Ile	Lys	Asn	Leu	Ser 10	Ile	Cys	Ile	Ala	Thr 15	Val		
tca	cta	tta	gga	caa	tac	ttt	ata	tcc	tct	act	acg	gta	tac	gct	gct		96
Ser	Leu	Leu	Gly 20	Gln	Tyr	Phe	Ile	Ser 25	Ser	Thr	Thr	Val	Tyr	Ala	Ala		
gaa	aat	caa	att	aac	tca	tta	aat	cta	aaa	gta	gag	caa	att	cta	gat		144
Glu	Asn	Gln	Ile	Asn	Ser	Leu	Asn 40	Leu	Lys	Val	Glu	Gln	Ile	Leu	Asp		
ttt	gga	aga	gat	aaa	gag	aaa	gca	aaa	gaa	tgg	gcc	gat	act	tac	ttt		192
Phe	Gly 50	Arg	Asp	Lys	Glu	Lys 55	Ala	Lys	Glu	Trp	Ala	Asp	Thr	Tyr	Phe		
aaa	gat	tgg	aag	aaa	aca	att	aat	aat	gaa	caa	aaa	aaa	ctt	tta	aat		240
Lys	Asp	Trp	Lys	Lys	Thr 70	Ile	Asn	Asn	Glu	Gln	Lys	Lys	Leu	Leu	Asn 80		
gat	att	aaa	cgc	tta	aca	caa	tta	aat	gaa	aaa	ata	ggt	aaa	ttc	gat		288
Asp	Ile	Lys	Arg	Leu 85	Thr	Gln	Leu	Asn	Glu 90	Lys	Ile	Gly	Lys	Phe	Asp		
caa	aat	tca	gag	atg	ttt	tct	aaa	aaa	gat	aaa	gag	gat	ata	gat	aaa		336
Gln	Asn	Ser	Glu	Met 100	Phe	Ser	Lys	Lys	Asp 105	Lys	Glu	Asp	Ile	Asp	Lys		
ata	gac	aaa	gct	ttg	aat	aat	aaa	aat	gca	aaa	tta	acc	aaa	tct	ttg		384
Ile	Asp 115	Lys	Ala	Leu	Asn	Asn 120	Lys	Asn	Ala	Lys	Leu	Thr	Lys	Ser	Leu		
aat	gtg	tat	aaa	aat	ttg	aat	ggc	aaa	gat	tta	gga	tat	gta	gaa	ggt		432
Asn	Val 130	Tyr	Lys	Asn	Leu	Asn 135	Gly	Lys	Asp	Leu	Gly	Tyr	Val	Glu	Gly		
tat	ttt	aat	gta	ccg	aat	tcc	cca	aat	aaa	ata	gat	aga	aca	aaa	tat		480
Tyr	Phe	Asn	Val	Pro	Asn	Ser 150	Pro	Asn	Lys	Ile	Asp	Arg	Thr	Lys	Tyr 160		
aat	aaa	tta	gtt	aat	gag	ttt	aag	tat	ggg	gct	atc	aat	aca	ttc	atg		528
Asn	Lys	Leu	Val	Asn 165	Glu	Phe	Lys	Tyr	Gly 170	Ala	Ile	Asn	Thr	Phe	Met 175		
aat	aca	gac	tta	aca	caa	gat	act	aca	aat	aaa	tca	aca	cct	att	ttg		576
Asn	Thr	Asp	Leu 180	Thr	Gln	Asp	Thr	Thr 185	Asn	Lys	Ser	Thr	Pro	Ile	Leu		
ctt	tca	ttg	aag	cta	cca	aaa	gga	aca	aaa	ata	gga	caa	tta	aat	gaa		624
Leu	Ser	Leu	Lys 195	Leu	Pro	Lys	Gly 200	Thr	Lys	Ile	Gly	Gln	Leu	Asn	Glu		
gaa	cat	ata	ata	aca	gac	aga	aac	tta	gga	att	gaa	ata	aaa	aaa	aca		672
Glu	His 210	Ile	Ile	Thr	Asp	Arg 215	Asn	Leu	Gly	Ile	Glu	Ile	Lys	Lys	Thr		
agt	att	att	gtt	gaa	aaa	gga	aga	gaa	gtt	att	aaa	cta	gaa	gga	gac		720
Ser	Ile	Ile	Val	Glu	Lys	Gly 230	Arg	Glu	Val	Ile	Lys	Leu	Glu	Gly	Asp 240		
gta	gta	cca	aaa	act	aaa	att	caa	gaa	aaa	gta	aaa	aaa	gca	gaa	agt		768
Val	Val	Pro	Lys	Thr 245	Lys	Ile	Gln	Glu	Lys 250	Val	Lys	Lys	Ala	Glu	Ser 255		

ES 2 864 641 T3

gat ttg aat caa aaa ttt aaa gaa ata acg ggt tta aaa caa aac tta Asp Leu Asn Gln Lys Phe Lys Glu Ile Thr Gly Leu Lys Gln Asn Leu 260 265 270	816
cta agt ctg aaa ata gat aat cta tat aca tca gct agc att gac aga Leu Ser Leu Lys Ile Asp Asn Leu Tyr Thr Ser Ala Ser Ile Asp Arg 275 280 285	864
acg gaa aca gtt ata aaa caa tta gtc agc aat gta cca aac aat tta Thr Glu Thr Val Ile Lys Gln Leu Val Ser Asn Val Pro Asn Asn Leu 290 295 300	912
ttg tta aat ata atg aaa aat atg aat aat aaa aca tta ttt act att Leu Leu Asn Ile Met Lys Asn Met Asn Asn Lys Thr Leu Phe Thr Ile 305 310 315 320	960
aca gat aaa att cta ata ccc ggc aag gaa ggt gta tta ggt tat tat Thr Asp Lys Ile Leu Ile Pro Gly Lys Glu Gly Val Leu Gly Tyr Tyr 325 330 335	1008
gat acc att tct aaa aca tta ttt ata caa att gat cat ttg ggg cat Asp Thr Ile Ser Lys Thr Leu Phe Ile Gln Ile Asp His Leu Gly His 340 345 350	1056
aaa aac aat gaa gga aat gac act aat act ctt ctt cat gaa ttt ggt Lys Asn Asn Glu Gly Asn Asp Thr Asn Thr Leu Leu His Glu Phe Gly 355 360 365	1104
cat gct gta gat cat ttg gca aaa ggg gag ata caa tca aaa tct agt His Ala Val Asp His Leu Ala Lys Gly Glu Ile Gln Ser Lys Ser Ser 370 375 380	1152
aag ttc att gaa ata ttt aat cga gag aga ggt aat att aca ata gaa Lys Phe Ile Glu Ile Phe Asn Arg Glu Arg Gly Asn Ile Thr Ile Glu 385 390 395 400	1200
cca tat att aaa caa gat gca gcg gaa ttt ttt gca ggt gtt ttt aat Pro Tyr Ile Lys Gln Asp Ala Ala Glu Phe Phe Ala Gly Val Phe Asn 405 410 415	1248
tac tta tat tca cct aaa ata tca gat aga gaa caa att caa aaa gaa Tyr Leu Tyr Ser Pro Lys Ile Ser Asp Arg Glu Gln Ile Gln Lys Glu 420 425 430	1296
gca cct gat gct tgt aaa ttt atc cga aat tta ata cat ggt cta cat Ala Pro Asp Ala Cys Lys Phe Ile Arg Asn Leu Ile His Gly Leu His 435 440 445	1344
tga	1347

<210>	31	<211>	448
<212>			PRT
<213> Bacillus thuringiensis			

5	<400>		31
	Met His Lys Gln Thr Ile Lys Asn Leu Ser Ile Cys Ile Ala Thr Val		
	1 5 10 15		

Ser Leu Leu Gly Gln Tyr Phe Ile Ser Ser Thr Thr Val Tyr Ala Ala

ES 2 864 641 T3

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

ES 2 864 641 T3

Leu Ser Leu Lys Ile Asp Asn Leu Tyr Thr Ser Ala Ser Ile Asp Arg
275 280 285

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

Leu Leu Asn Ile Met Lys Asn Met Asn Asn Lys Thr Leu Phe Thr Ile
305 310 315 320

Thr Asp Lys Ile Leu Ile Pro Gly Lys Glu Gly Val Leu Gly Tyr Tyr
325 330 335

Asp Thr Ile Ser Lys Thr Leu Phe Ile Gln Ile Asp His Leu Gly His
340 345 350

Lys Asn Asn Glu Gly Asn Asp Thr Asn Thr Leu Leu His Glu Phe Gly
355 360 365

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

Lys Phe Ile Glu Ile Phe Asn Arg Glu Arg Gly Asn Ile Thr Ile Glu
385 390 395 400

Pro Tyr Ile Lys Gln Asp Ala Ala Glu Phe Phe Ala Gly Val Phe Asn
405 410 415

Tyr Leu Tyr Ser Pro Lys Ile Ser Asp Arg Glu Gln Ile Gln Lys Glu
420 425 430

Ala Pro Asp Ala Cys Lys Phe Ile Arg Asn Leu Ile His Gly Leu His
435 440 445

<210> 32 <211>

<212>

<213> Paenibacillus popilliae

1113
ADN

5 <220>

<221>

<222> (1)..(1113)

CDS

<400>

atg aat aaa tta att aaa gta gaa gaa aat aaa aca cct caa acc caa
Met Asn Lys Leu Ile Lys Val Glu Glu Asn Lys Thr Pro Gln Thr Gln
1 5 10 15

48

act ata tac act agt ttt aac gca acc gat att ggt ttt gca tcg aat
Thr Ile Tyr Thr Ser Phe Asn Ala Thr Asp Ile Gly Phe Ala Ser Asn
20 25 30

96

10

ES 2 864 641 T3

tca gat ata aaa gat gga ttt cta aat ttt gat gag caa aaa ata aat Ser Asp Ile Lys Asp Gly Phe Leu Asn Phe Asp Glu Gln Lys Ile Asn 35 40 45	144
aca att ata aaa tat tta aaa atg gga aat ttc cca gat ttt cga gtg Thr Ile Ile Lys Tyr Leu Lys Met Gly Asn Phe Pro Asp Phe Arg Val 50 55 60	192
ggg aat ttg tta cca tcc gaa cca cat tcc aca gta aat gct ttc ttt Gly Asn Leu Leu Pro Ser Glu Pro His Ser Thr Val Asn Ala Phe Phe 65 70 75 80	240
aca caa agg cga att tta ata gag tta gag gtt ccg gct ggt act tat Thr Gln Arg Arg Ile Leu Ile Glu Leu Glu Val Pro Ala Gly Thr Tyr 85 90 95	288
ctt gcg cat tta gga aac ggt caa acc att ttc cct tta gat tat gga Leu Ala His Leu Gly Asn Gly Gln Thr Ile Phe Pro Leu Asp Tyr Gly 100 105 110	336
atg aag tta act gat cag gcg gga acg att att gga aag caa gta cta Met Lys Leu Thr Asp Gln Ala Gly Thr Ile Ile Gly Lys Gln Val Leu 115 120 125	384
aaa ttg aaa gca ctt gtt gtc ccg aag gat gat att ctg aaa gaa act Lys Leu Lys Ala Leu Val Val Pro Lys Asp Asp Ile Leu Lys Glu Thr 130 135 140	432
aat gtg cag atg ttc att tta tac aaa tca ata tcc aat ata ttg cgt Asn Val Gln Met Phe Ile Leu Tyr Lys Ser Ile Ser Asn Ile Leu Arg 145 150 155 160	480
tct aag gga ttt gat gaa aag gat ata gaa agc ctg aaa gct cag tgc Ser Lys Gly Phe Asp Glu Lys Asp Ile Glu Ser Leu Lys Ala Gln Cys 165 170 175	528
atg ttt ata ttt tca ggc cct aat gta ttg ttg gca ata gaa aat tct Met Phe Ile Phe Ser Gly Pro Asn Val Leu Leu Ala Ile Glu Asn Ser 180 185 190	576
caa agt gca atg ctt gat tta cta act aat gag tat ata cca aat aat Gln Ser Ala Met Leu Asp Leu Leu Thr Asn Glu Tyr Ile Pro Asn Asn 195 200 205	624
tta tta aga gat aca ttg tta aaa tta aaa caa cac gcg ggg att gct Leu Leu Arg Asp Thr Leu Leu Lys Leu Lys Gln His Ala Gly Ile Ala 210 215 220	672
ttt cta agt gtg cct att tgt atg gat aaa gcg att gcc ggg agt aca Phe Leu Ser Val Pro Ile Cys Met Asp Lys Ala Ile Ala Gly Ser Thr 225 230 235 240	720
tca ttt cct aaa aat ggc gat aaa cct aat atg agt ata atc cca acc Ser Phe Pro Lys Asn Gly Asp Lys Pro Asn Met Ser Ile Ile Pro Thr 245 250 255	768
cat caa tct tta ctg agc cag ttg gat gaa cat ata agt aca tca cgt His Gln Ser Leu Leu Ser Gln Leu Asp Glu His Ile Ser Thr Ser Arg 260 265 270	816
aca tta cat cat gaa ttt ggt cat gta ata gat cga gaa att cta aat Thr Leu His His Glu Phe Gly His Val Ile Asp Arg Glu Ile Leu Asn 275 280 285	864

ES 2 864 641 T3

ggg att tct tcc act cca gag ttt aaa gcg ctg ttt gaa aaa gaa aaa 912
 Gly Ile Ser Ser Thr Pro Glu Phe Lys Ala Leu Phe Glu Lys Glu Lys
 290 295 300

 aat aat att aca gaa ata aat acg tat gcc aac tat gca aaa acg aat 960
 Asn Asn Ile Thr Glu Ile Asn Thr Tyr Ala Asn Tyr Ala Lys Thr Asn
 305 310 315 320

 tca caa gaa ttt ttt gca gag gtt ttt aaa tct atg gtt tcc atg ggg 1008
 Ser Gln Glu Phe Phe Ala Glu Val Phe Lys Ser Met Val Ser Met Gly
 325 330 335

 aat gag aaa tat cca tca agt tat tat cgt gat tct att gag aaa gaa 1056
 Asn Glu Lys Tyr Pro Ser Ser Tyr Tyr Arg Asp Ser Ile Glu Lys Glu
 340 345 350

 gct cct gag act gtg aga ttt ata aaa gat aaa ttg aaa gag aaa gga 1104
 Ala Pro Glu Thr Val Arg Phe Ile Lys Asp Lys Leu Lys Glu Lys Gly
 355 360 365

 tat gta ctt 1113
 Tyr Val Leu
 370

<210> 33 <211> 371
 <212> PRT
 <213> Paenibacillus popilliae

5 <400> 33
 Met Asn Lys Leu Ile Lys Val Glu Glu Asn Lys Thr Pro Gln Thr Gln
 1 5 10 15

Thr Ile Tyr Thr Ser Phe Asn Ala Thr Asp Ile Gly Phe Ala Ser Asn
 20 25 30

Ser Asp Ile Lys Asp Gly Phe Leu Asn Phe Asp Glu Gln Lys Ile Asn
 35 40 45

Thr Ile Ile Lys Tyr Leu Lys Met Gly Asn Phe Pro Asp Phe Arg Val
 50 55 60

Gly Asn Leu Leu Pro Ser Glu Pro His Ser Thr Val Asn Ala Phe Phe
 65 70 75 80

Thr Gln Arg Arg Ile Leu Ile Glu Leu Glu Val Pro Ala Gly Thr Tyr
 85 90 95

Leu Ala His Leu Gly Asn Gly Gln Thr Ile Phe Pro Leu Asp Tyr Gly
 100 105 110

Met Lys Leu Thr Asp Gln Ala Gly Thr Ile Ile Gly Lys Gln Val Leu
 115 120 125

ES 2 864 641 T3

Lys Leu Lys Ala Leu Val Val Pro Lys Asp Asp Ile Leu Lys Glu Thr
 130 135 140
 Asn Val Gln Met Phe Ile Leu Tyr Lys Ser Ile Ser Asn Ile Leu Arg
 145 150 155 160
 Ser Lys Gly Phe Asp Glu Lys Asp Ile Glu Ser Leu Lys Ala Gln Cys
 165 170 175
 Met Phe Ile Phe Ser Gly Pro Asn Val Leu Leu Ala Ile Glu Asn Ser
 180 185 190
 Gln Ser Ala Met Leu Asp Leu Leu Thr Asn Glu Tyr Ile Pro Asn Asn
 195 200 205
 Leu Leu Arg Asp Thr Leu Leu Lys Leu Lys Gln His Ala Gly Ile Ala
 210 215 220
 Phe Leu Ser Val Pro Ile Cys Met Asp Lys Ala Ile Ala Gly Ser Thr
 225 230 235 240
 Ser Phe Pro Lys Asn Gly Asp Lys Pro Asn Met Ser Ile Ile Pro Thr
 245 250 255
 His Gln Ser Leu Leu Ser Gln Leu Asp Glu His Ile Ser Thr Ser Arg
 260 265 270
 Thr Leu His His Glu Phe Gly His Val Ile Asp Arg Glu Ile Leu Asn
 275 280 285
 Gly Ile Ser Ser Thr Pro Glu Phe Lys Ala Leu Phe Glu Lys Glu Lys
 290 295 300
 Asn Asn Ile Thr Glu Ile Asn Thr Tyr Ala Asn Tyr Ala Lys Thr Asn
 305 310 315 320
 Ser Gln Glu Phe Phe Ala Glu Val Phe Lys Ser Met Val Ser Met Gly
 325 330 335
 Asn Glu Lys Tyr Pro Ser Ser Tyr Tyr Arg Asp Ser Ile Glu Lys Glu
 340 345 350
 Ala Pro Glu Thr Val Arg Phe Ile Lys Asp Lys Leu Lys Glu Lys Gly
 355 360 365
 Tyr Val Leu
 370

5 <210> 34 <211>
 <212>
 <213> Bacillus thuringiensis
 <220>
 <221>
 <222> (1)..(987)

987
ADN

CDS

<400>

34

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

ES 2 864 641 T3

Ser Ser Glu Asn Tyr Val Gln Leu Thr Asp Leu Met Pro Leu Leu Cys
195 200 205

cct tgt aaa aac ttt ttt tgt aga ggg cga gcg ttg gta ttc gtt gaa 672
Pro Cys Lys Asn Phe Phe Cys Arg Gly Arg Ala Leu Val Phe Val Glu
210 215 220

cag gga acg ttc aag gga gta ttg agc cga gcg ata cgt gca tac gtc 720
Gln Gly Thr Phe Lys Gly Val Leu Ser Arg Ala Ile Arg Ala Tyr Val
225 230 235 240

aca caa acg ctt cac aaa gac gga aaa acg cta gaa tat gaa att cct 768
Thr Gln Thr Leu Ser His Lys Asp Gly Lys Thr Leu Glu Tyr Glu Ile Pro
245 250 255

tta aac gca tca cct gac agg gaa agc gaa ttc tcc cca caa cct ttg 816
Leu Asn Ala Ser Pro Asp Arg Glu Ser Glu Phe Ser Pro Gln Pro Leu
260 265 270

gca gca aga tgt atc tca gac gaa gaa tcg aat ggg aac cct tcg att 864
Ala Ala Arg Cys Ile Ser Asp Glu Glu Ser Asn Gly Asn Pro Ser Ile
275 280 285

ttg tca tcg aga cca tcg aat cct aca gcc tat tcc cag caa cct atg 912
Leu Ser Ser Arg Pro Ser Asn Pro Thr Ala Tyr Ser Gln Gln Pro Met
290 295 300

aca act gac tct aca tcc tgt gga tgt tct tct tgt atg tct gaa aaa 960
Thr Thr Asp Ser Thr Ser Cys Gly Cys Ser Ser Cys Met Ser Glu Lys
305 310 315 320

tca aat aac aat cta tat ata aat cag 987
Ser Asn Asn Asn Leu Tyr Ile Asn Gln
325

<210> 35 <211> 329
<212> PRT
5 <213> Bacillus thuringiensis

<400> 35
Met Val Arg Asp Tyr Pro Asp Phe Asp Gly Met Ile Arg Lys Ala Ala
1 5 10 15

Arg Lys Trp Ala Glu Ala Asn Arg Leu Thr Phe Gln Asp Ile Ser Tyr
20 25 30

Ala Asp Pro Leu Thr Asn Ser Asp Thr Ile Ser Leu Asn Ala Lys Phe
35 40 45

Lys Asp Ile Gly Cys Pro Glu Glu Cys Val Glu Leu Glu Lys Ile Ser
50 55 60

Val Ala Gln Ala Phe Thr Asn Asn Thr Gly Gln Gln Gln Lys Glu Thr
65 70 75 80

ES 2 864 641 T3

Phe Thr Thr Ala Thr Phe Val Glu Asp Glu Tyr Thr Trp Glu Asn Asp
 85 90 95
 Tyr His Phe Val Leu Pro Gly Gln Asn Phe Leu Ile Met Pro Arg Leu
 100 105 110
 Pro Arg Ser Ala His Arg Asp Ile Asn Pro Gly Phe Leu Val Asn Phe
 115 120 125
 Phe Gly Gln Asn Gln Gln Phe His Thr Lys Met Arg Asp Leu Arg Pro
 130 135 140
 Ile Asn Gly Glu Val Phe Leu Glu Pro Ser Ser Ser Ala Thr Ile Gln
 145 150 155 160
 Leu Gln Val Glu Lys Gln Tyr Ile Ser Gln Pro Tyr Glu Ile Glu Leu
 165 170 175
 Ser Ile Leu Gly Ser Ile Ile Val Ile Ala Arg Asp Gly Gln Asn Arg
 180 185 190
 Ser Ser Glu Asn Tyr Val Gln Leu Thr Asp Leu Met Pro Leu Leu Cys
 195 200 205
 Pro Cys Lys Asn Phe Phe Cys Arg Gly Arg Ala Leu Val Phe Val Glu
 210 215 220
 Gln Gly Thr Phe Lys Gly Val Leu Ser Arg Ala Ile Arg Ala Tyr Val
 225 230 235 240
 Thr Gln Thr Leu His Lys Asp Gly Lys Thr Leu Glu Tyr Glu Ile Pro
 245 250 255
 Leu Asn Ala Ser Pro Asp Arg Glu Ser Glu Phe Ser Pro Gln Pro Leu
 260 265 270
 Ala Ala Arg Cys Ile Ser Asp Glu Glu Ser Asn Gly Asn Pro Ser Ile
 275 280 285
 Leu Ser Ser Arg Pro Ser Asn Pro Thr Ala Tyr Ser Gln Gln Pro Met
 290 295 300
 Thr Thr Asp Ser Thr Ser Cys Gly Cys Ser Ser Cys Met Ser Glu Lys
 305 310 315 320
 Ser Asn Asn Asn Leu Tyr Ile Asn Gln
 325

<210> 36 <211>
 <212>
 5 <213> Bacillus thuringiensis
 <220>
 <221>
 <222> (1)..(1071)

1071
ADN

CDS

<400>

36

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

ES 2 864 641 T3

gtg aca ttt cca tca ttt acg aca aaa gtg cca ccc tat acc act acg 672
Val Thr Phe Pro Ser Phe Thr Thr Lys Val Pro Pro Tyr Thr Thr Thr
210 215 220

att gtg acg gtc ata tta aac aaa gga aca tat gcc aat tat aat gtt 720
Ile Val Thr Val Ile Leu Asn Lys Gly Thr Tyr Ala Asn Tyr Asn Val
225 230 235 240

cca gtc caa acg aat tta ttt ggg aga ttt ctc act cat cac ggc caa 768
Pro Val Gln Thr Asn Leu Phe Gly Arg Phe Leu Thr His His Gly Gln
245 250 255

ggc atg gat cca aac gac tcg cgt acg tac aat tat ttt gac cta tat 816
Gly Met Asp Pro Asn Asp Ser Arg Thr Tyr Asn Tyr Phe Asp Leu Tyr
260 265 270

cct tgc gta gaa tta aat caa aca tgc tgt gca gca tca tct tgt agc 864
Pro Cys Val Glu Leu Asn Gln Thr Cys Cys Ala Ala Ser Ser Cys Ser
275 280 285

gaa tgt gta aca gac atg gtg caa gct ctt cct gac aat ctt acg gtt 912
Glu Cys Val Thr Asp Met Val Gln Ala Leu Pro Asp Asn Leu Thr Val
290 295 300

cgt ttt aat gga aca ggg tca ttt ata gcg gat gtt gca tcg aat aac 960
Arg Phe Asn Gly Thr Gly Ser Phe Ile Ala Asp Val Ala Ser Asn Asn
305 310 315 320

ttt gtc att act act gaa gag gtt gac aat gca aca gga gta acc att 1008
Phe Val Ile Thr Thr Glu Glu Val Asp Asn Ala Thr Gly Val Thr Ile
325 330 335

tcg aaa aaa aca gaa tac gta ccc gct att tac gga ccc ccg acc aca 1056
Ser Lys Lys Thr Glu Tyr Val Pro Ala Ile Tyr Gly Pro Pro Thr Thr
340 345 350

aca gta acc aca tct 1071
Thr Val Thr Thr Ser
355

<210> 37 <211> 357
<212> PRT
5 <213> Bacillus thuringiensis

<400> 37
Met Lys Lys Ser Cys Asn Pro Lys Lys Val Asn Pro Asn Glu Val Asn
1 5 10 15

Pro Thr Glu Phe Ile Leu Tyr Asp Leu Asp Asn Tyr Leu Asn His Ile
20 25 30

Leu His Asn Val Gln Tyr Asp Pro Val Asn Leu Ser Ser Met Tyr Asp
35 40 45

Gly Tyr Lys Pro Ser Gly Gly Trp Asn Phe Asp Gly Lys Phe Tyr Pro
50 55 60

ES 2 864 641 T3

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

ES 2 864 641 T3

305	310	315	320
Phe Val Ile Thr	Thr Glu Glu Val Asp	Asn Ala Thr Gly Val	Thr Ile
	325	330	335

Ser Lys Lys Thr Glu Tyr Val Pro Ala Ile Tyr Gly Pro Pro Thr Thr
340 345 350

Thr Val Thr Thr Ser
355

<210>	38	<211>	292
<212>			PRT
<213>	Bacillus sphaericus		

[illegible]

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

Asn Asn Leu Asp Ile Ile Lys Gln Gln Gly Val Ser Ile Glu Asp Ile
35 40 45

Asp Arg Lys Ile Asp Asn Met Ile Ala Ser Ile Pro Pro Leu Phe Gly
50 55 60

Phe Leu Pro Tyr Ser Arg Phe Pro Tyr Ile Phe Gly Glu Ser Val Asp
65 70 75 80

Val	Ser	Gly	Ile	Asn	Ile	Glu	Asn	Thr	Asn	Val	Thr	Ser	Val	Val	Pro
				85					90					95	

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

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

Thr Gln Thr Leu Asn Gly Phe Lys Thr Ala Phe Glu Ala Ser Gly Lys
130 135 140

Val	Gly	Ile	Pro	Leu	Val	Ala	Glu	Gly	Gln	Ile	Lys	Thr	Thr	Leu	Glu
145					150					155					160

Tyr Asn Phe Ser His Thr Asn Ser Asn Thr Thr Ser Val Thr Thr Thr

ES 2 864 641 T3

	165	170	175	
Tyr Thr Val Pro Pro Gln Pro Ile Pro Val Pro Pro His Thr Lys Thr	180	185	190	
Arg Thr Asp Val Tyr Leu Asn Gln Val Ser Ile Ser Gly Asn Val Glu	195	200	205	
Ile Tyr Ala Asp Ala Ile Thr Gly Ile Lys Ala Glu Ser Ser Gly Thr	210	215	220	
Val Ile Ser Ile Gly Asp Gly Leu Asn Leu Ala Ser Asn Thr Tyr Gly	225	230	235	240
Leu Ile Arg Ser Pro Gln Asp Pro Asp Arg Val Arg Ala Ile Gly Ser	245	250	255	
Gly Lys Phe Asn Leu Ile His Gly Ala Asp Phe Thr Ala Ile Thr Tyr	260	265	270	
Asp Ile Thr Ser Gly Glu Ala Ser Ala Arg Ile Ile Asp Val Lys Glu	275	280	285	
Ile Ser Phe Lys	290			
<210>		39	<211>	362
<212>				PRT
5 <213> Bacillus sphaericus				
<400>				39
Ser Phe Ile Pro Thr Glu Gly Lys Tyr Ile Arg Val Met Asp Phe Tyr	1	5	10	15
Asn Ser Glu Tyr Pro Phe Cys Ile His Ala Pro Ser Ala Pro Asn Gly	20		25	30
Asp Ile Met Thr Glu Ile Cys Ser Arg Glu Asn Asn Gln Tyr Phe Ile	35		40	45
Phe Phe Pro Thr Asp Asp Gly Arg Val Ile Ile Ala Asn Arg His Asn	50		55	60
Gly Ser Val Phe Thr Gly Glu Ala Thr Ser Val Val Ser Asp Ile Tyr	65	70	75	80
Thr Gly Ser Pro Ser Gln Phe Phe Arg Glu Val Lys Arg Thr Met Ser				

ES 2 864 641 T3

85	90	95
Thr Tyr Tyr Leu Ala Ile Gln Asn Pro Glu Ser Ala Thr Asp Val Arg		
100	105	110
Ala Leu Glu Pro Asn Ser His Glu Leu Pro Ser Arg Leu Tyr Phe Thr		
115	120	125
Asn Asn Ile Glu Asn Asn Ser Asn Ile Leu Ile Ser Asn Lys Glu Gln		
130	135	140
Ile Tyr Leu Thr Leu Pro Ser Leu Pro Glu Asn Glu Gln Tyr Pro Lys		
145	150	155
Thr Pro Val Leu Ser Gly Ile Asp Asp Ile Gly Pro Asn Gln Ser Glu		
165	170	175
Lys Ser Ile Ile Gly Ser Thr Leu Ile Pro Cys Ile Met Val Ser Asp		
180	185	190
Phe Ile Ser Leu Gly Glu Arg Met Lys Thr Thr Pro Tyr Tyr Tyr Val		
195	200	205
Lys His Thr Gln Tyr Trp Gln Ser Met Trp Ser Ala Leu Phe Pro Pro		
210	215	220
Gly Ser Lys Glu Thr Lys Thr Glu Lys Ser Gly Ile Thr Asp Thr Ser		
225	230	235
Gln Ile Ser Met Thr Asp Gly Ile Asn Val Ser Ile Gly Ala Asp Phe		
245	250	255
Gly Leu Lys Phe Gly Asn Lys Thr Phe Gly Ile Lys Gly Gly Phe Thr		
260	265	270
Tyr Asp Thr Lys Thr Gln Ile Thr Asn Thr Ser Gln Leu Leu Ile Glu		
275	280	285
Thr Thr Tyr Thr Arg Glu Tyr Thr Asn Thr Glu Asn Phe Pro Val Arg		
290	295	300
Tyr Thr Gly Tyr Val Leu Ala Ser Glu Phe Thr Leu His Arg Ser Asp		
305	310	315
Gly Thr Gln Val Asn Thr Ile Pro Trp Val Ala Leu Asn Asp Asn Tyr		
325	330	335
Thr Thr Ile Ala Arg Tyr Pro His Phe Ala Ser Glu Pro Leu Leu Gly		
340	345	350
Asn Thr Lys Ile Ile Thr Asp Asp Gln Asn		
355	360	

<210>

40

<211>

<212>

<213> Bacillus sphaericus

327
PRT

<400>

Met Met Lys Asn Lys Ala Lys Val Ile Leu Met Gly Ala Thr Ile Gly
 1 5 10 15

Leu Ser Leu Leu Ser Ser Pro Ile Ala Met Ala Ala Asn Gly Asp Ser
 20 25 30

Asn Val Lys Glu Asn Gln Ser Ile Ala Asn Phe Ser Pro Val Lys Asn
 35 40 45

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

Gly Arg Tyr Leu Thr Ser Asn Gly Leu Gly Ser Ile Gly Lys His Pro
 65 70 75 80

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

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

Leu Arg Asn Asp Thr Asp Arg Asp Gln Thr Leu Ser Ser Gln Glu Phe
 115 120 125

Arg Lys Ser Phe Ser Asn Thr Thr Thr Ala Thr Thr Glu His Gly Phe
 130 135 140

Met Phe Gly Thr Glu Thr Ser Leu Ala Thr Gly Ile Pro Phe Leu Ala
 145 150 155 160

Glu Gly Lys Ile Thr Leu Lys Ala Glu Tyr Asn Phe Ser Ser Ser Gln
 165 170 175

Ala Asn Glu Thr Ser Glu Thr Val Glu Tyr Val Ala Pro Ser Gln Ser
 180 185 190

ES 2 864 641 T3

Ile Val Val Pro Pro His Thr Ile Ala Arg Val Val Ala Val Leu Glu
195 200 205

Ile Lys Lys Ile Lys Gly Glu Met Asp Ile Tyr Ala Glu Val Gly Leu
210 215 220

Asn Lys Glu Lys Phe Gly Tyr Glu Glu Leu Pro Ile Ser Ser Met Gly
225 230 235 240

Gly Leu Lys Trp Val Ser Leu Gly Ser Ile Tyr Glu Glu Ala Tyr Asn
245 250 255

Gln Ala Lys Leu Ser Gly Thr His Glu Phe Pro Asp Ile Lys Ile Ile
260 265 270

Ser Arg Ser Val Asn Asn Pro Asp Tyr Phe Leu Ala Ser Gly Lys Gly
275 280 285

Arg Phe Glu Ser Glu Tyr Gly Ser Leu Phe Asn Val Gln Val Glu Tyr
290 295 300

Ile Ser Thr Lys Ser Asn Glu Val Ile Lys Thr Glu Asn Leu Met Val
305 310 315 320

Ser Pro Thr Ile Ile Ser Glu
325

<210> 41 <211>

<212>

79
PRT

5 <213> Bacillus thuringiensis

<400>

41

Met Ser Ala Asp Gly Thr Thr Ser Phe Ser Gln Asn Phe Glu Leu Pro
1 5 10 15

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

Arg Thr Glu Gly Thr Gly Thr Asp Ser Gly Glu Gly Lys Met Val Glu
35 40 45

Thr Lys Val Gly Ser Pro Leu Asn Asn Glu Lys Val Gln Lys Leu Leu
50 55 60

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

<210> 42 <211>

<212>

316
PRT

10 <213> Bacillus thuringiensis

<400>

42

```

Met Tyr Met Ala Glu Ile Lys Arg Leu Asp Tyr Tyr Leu Gly Ala Leu
1          5          10          15

Pro Phe Gly Asn Phe Tyr Val Asp Asp Cys Asp Thr Leu Lys Asn Phe
          20          25          30

Ile Asp Ser Leu Leu Asp Gly Lys Pro Ser Thr Met Asn Asn Thr Pro
          35          40          45

Leu Thr Gly Asn Val Asn Val Thr Asn Gln Ser Val Thr Ile Leu Asp
          50          55          60

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

Tyr Phe Ser Asn Asp Thr Ser Thr Glu Lys Thr Tyr Gln Thr Leu Ser
          85          90          95

Phe Glu Lys Asp Val Gln Thr Thr Val Ser Thr Thr Val Thr His Gly
          100          105          110

Phe Gln Ile Gly Gly Lys Leu Gly Ala Glu Val Lys Gly Ser Val Ser
          115          120          125

Ile Pro Phe Val Ala Asp Gly Gly Val Thr Val Ser Ala Glu Ile Ser
          130          135          140

Gly Gln Tyr Asn Phe Ser Ser Ala Asp Thr Glu Thr Thr Thr Thr Ser
145          150          155          160

Gln Lys Leu Ile Ile Pro Ser Gln Ser Gly Asn Ile Arg Pro Gly Tyr
          165          170          175

Thr Thr Arg Val Gln Ile Met Leu Ala Lys Ile Asn Ile Pro Gln Thr
          180          185          190

Ala Val His Phe Ser Gly Ser Met Ser Gly Thr Val His Arg Asp Pro
          195          200          205

Ile Pro Ser Ser Val Ile Gly Leu Val Asp Tyr Asp Leu Tyr Asp Glu
210          215          220

```

ES 2 864 641 T3

Val Arg Ser Leu Glu Asn Asn Cys Ser Asn Ser Thr Val Gly Arg Asp
225 230 235 240

Thr Gly Leu Val Leu Asn Asn Ala Asn Gln Ser Val Asp Phe Ser Gly
245 250 255

Ser Gly Phe Phe Thr Gly Ser Ile Thr Ala Phe Asn Phe Tyr Val Lys
260 265 270

Ile Thr Glu Tyr Pro Ile Asn Asn Ser Ser Gln Glu Asn Ile Arg Trp
275 280 285

Tyr Ser Ile Glu Pro Lys Val Leu Asn Gln Ser Ile Ile Arg His Arg
290 295 300

Phe Pro Ser Asn Ser Ser Val Asn Thr Cys Asn Cys
305 310 315

<210> 43 <211>

<212>

525
PRT

5 <213> Bacillus thuringiensis

<400>

43

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

Arg Ala Arg Val Ile Ile Leu Arg Val Asn Asn Pro Gly Tyr Asn Thr
20 25 30

Asn Thr Leu Asp Ile Ala Asp Ile Glu Asp Ile Ile His Leu Pro Gln
35 40 45

Ala Ile Glu Leu Ala Asn Ala Phe Gln Ser Ala Leu Val Pro Thr Thr
50 55 60

Ser Asn Phe Gly Glu Asp Thr Leu Arg Phe Asp Val Glu Arg Gly Leu
65 70 75 80

Gly Ile Ala Thr His Val Tyr Pro Arg Ala Ile Asn Val Asn Tyr Val
85 90 95

Thr Arg Thr Leu Ser Gln Thr Asn Asn Gln Val Gln Ser Met Ile Asn
100 105 110

Lys Val Ile Glu Glu Leu Lys Ser Leu Leu Gly Ile Asn Leu Ala Asn
115 120 125

ES 2 864 641 T3

Ser	Val	Leu	Gln	Gln	Leu	Thr	Val	Ile	Thr	Glu	Thr	Phe	Thr	Asn	
130						135				140					
Leu	Tyr	Val	Gln	Gln	Gln	Ser	Ala	Trp	Leu	Phe	Trp	Gly	Arg	Gln	Thr
145						150				155		160			
Ser	Ser	Gln	Thr	Asn	Tyr	Thr	Tyr	Asn	Ile	Val	Phe	Ala	Ile	Gln	Asn
		165						170				175			
Ala	Gln	Thr	Gly	Ser	Phe	Met	Lys	Ala	Ile	Pro	Ile	Gly	Phe	Glu	Ile
		180						185				190			
Ser	Ala	Tyr	Ile	Ala	Arg	Glu	Arg	Leu	Leu	Phe	Phe	Asn	Ile	Gln	Asp
		195				200						205			
Tyr	Ala	Ser	Tyr	Ser	Val	Lys	Ile	His	Ala	Ile	Gln	Val	Met	Gln	Pro
210						215				220					
Leu	Ile	His	Glu	Ser	Phe	Gln	Pro	Leu	Arg	Gly	Ile	Phe	Asn	Ile	Ile
225						230				235		240			
Thr	Ser	Val	Asn	Asn	Arg	Ser	Ala	Ile	Gln	Ile	Thr	Glu	Tyr	Tyr	Asp
		245						250				255			
Glu	Asn	Thr	His	Asp	Tyr	Pro	Val	Lys	Leu	Trp	Asp	Tyr	Asn	Asn	Ile
		260						265				270			
Ile	Asn	Gln	Lys	Trp	Ile	Leu	Val	Phe	Asn	Gln	Thr	Thr	Arg	Ala	Tyr
		275				280						285			
Ser	Ile	Gln	Asn	Leu	Ile	Ala	Arg	Tyr	Leu	Val	Leu	Thr	Trp	Asp	Ser
290						295				300					
Thr	Pro	Gly	Ser	Asn	Lys	Val	Phe	Ala	Ser	Thr	Asn	Arg	Trp	Asn	Asp
305						310				315		320			
Ser	Gln	Phe	Trp	Ile	Leu	Glu	Ser	Thr	Ala	Asp	Gly	Ser	Ile	Phe	Leu
		325						330				335			
Thr	Asn	Met	Lys	Asp	Thr	Gln	Phe	Val	Leu	Glu	Ile	Glu	Asn	Ser	Ser
		340						345				350			
Thr	Thr	Asn	Gly	Thr	Asn	Val	Ile	Val	Asn	Arg	Lys	Asn	Asn	Asn	Ala
		355				360						365			
Gln	Gln	Lys	Phe	Tyr	Leu	Asn	Lys	Val	Asn	Gln	Glu	Phe	Gln	Asp	Gly
370						375				380					

ES 2 864 641 T3

Val Tyr Lys Ile Lys Thr Ala Leu Asn Asn Ser Ser Val Leu Gln Met
385 390 395 400

Ser Glu Asp Tyr Phe Gly Tyr Thr Ser Asp Tyr Phe Val Lys Leu Trp
405 410 415

Thr Asn Asn Asn Asn Asp Ile Asn Gln Lys Trp Ile Phe Glu Phe Asp
420 425 430

Ser Thr Lys Ser Ala Tyr Gln Ile Lys Ser Gln Arg Asp Pro Ser Leu
435 440 445

Val Leu Ala Trp Thr Trp Ser Val Pro Thr Val Lys Leu Pro Ile Pro
450 455 460

Asn Asn Asp Asp His Leu Trp Phe Leu Gln Asn Ala Gly Ser Gly Thr
465 470 475 480

Tyr Tyr Phe Val Asn Met Thr Asp Thr Arg Tyr Val Leu Glu Val Ala
485 490 495

Ser Ser Ser Thr Thr Asn Gly Thr Ile Leu Thr Ile Asn Lys Arg Asn
500 505 510

Gly Asn Leu Asn Gln Lys Phe Leu Leu Asp Met Ile Asn
515 520 525

<210> 44 <211>

<212>

<213> Bacillus cereus

340
PRT

5 <400> 44

Met Ala Ile Met Asn Asp Ile Ala Gln Asp Ala Ala Arg Ala Trp Asp
1 5 10 15

Ile Ile Ala Gly Pro Phe Ile Arg Pro Gly Thr Thr Pro Thr Asn Arg
20 25 30

Gln Leu Phe Asn Tyr Gln Ile Gly Asn Ile Glu Val Glu Pro Gly Asn
35 40 45

Leu Asn Phe Ser Val Val Pro Glu Leu Asp Phe Ser Val Ser Gln Asp
50 55 60

Leu Phe Asn Asn Thr Ser Val Gln Gln Ser Gln Thr Ala Ser Phe Asn
65 70 75 80

ES 2 864 641 T3

Glu Ser Arg Thr Glu Thr Thr Ser Thr Ala Val Thr His Gly Val Lys
 85 90 95
 Ser Gly Val Thr Val Ser Ala Ser Ala Lys Phe Asn Ala Lys Ile Leu
 100 105 110
 Val Lys Ser Ile Glu Gln Thr Ile Thr Thr Thr Val Ser Thr Glu Tyr
 115 120 125
 Asn Phe Ser Ser Thr Thr Thr Arg Thr Asn Thr Val Thr Arg Gly Trp
 130 135 140
 Ser Ile Ala Gln Pro Val Leu Val Pro Pro His Ser Arg Val Thr Ala
 145 150 155 160
 Thr Leu Gln Ile Tyr Lys Gly Asp Phe Thr Val Pro Val Leu Leu Ser
 165 170 175
 Leu Arg Val Tyr Gly Gln Thr Gly Thr Leu Ala Gly Asn Pro Ser Phe
 180 185 190
 Pro Ser Leu Tyr Ala Ala Thr Tyr Glu Asn Thr Leu Leu Gly Arg Ile
 195 200 205
 Arg Glu His Ile Ala Pro Pro Ala Leu Phe Arg Ala Ser Asn Ala Tyr
 210 215 220
 Ile Ser Asn Gly Val Gln Ala Ile Trp Arg Gly Thr Ala Thr Thr Arg
 225 230 235 240
 Val Ser Gln Gly Leu Tyr Ser Val Val Arg Ile Asp Glu Arg Pro Leu
 245 250 255
 Ala Gly Tyr Ser Gly Glu Thr Arg Thr Tyr Tyr Leu Pro Val Thr Leu
 260 265 270
 Ser Asn Ser Ser Gln Ile Leu Thr Pro Gly Ser Leu Gly Ser Glu Ile
 275 280 285
 Pro Ile Ile Asn Pro Val Pro Asn Ala Ser Cys Lys Lys Glu Asn Ser
 290 295 300
 Pro Ile Ile Ile His His Asp Arg Glu Lys His Arg Glu Arg Asp Tyr
 305 310 315 320
 Asp Lys Glu His Ile Cys His Asp Gln Ala Glu Lys Tyr Glu Arg Asp
 325 330 335
 Tyr Asp Lys Glu
 340

<210>

45

<211>

1131
PRT

5

<212>

<213> Bacillus thuringiensis

<400>

```

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

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

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

Asp Leu Gly Val Pro Gly Ala Ser Ser Val Ser Leu Leu Leu Asn Lys
50           55           60

Leu Ile Asn Leu Leu Trp Pro Asn Asp Thr Asn Thr Val Trp Gly Thr
65           70           75           80

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

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

Ser Leu Asn Leu Tyr Leu Asn Ala Leu Glu Ile Trp Lys Lys Asp Pro
115          120          125

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

Asn Val Val Phe Thr His Asp Met Pro Ser Phe Ala Val Pro Gly Tyr
145          150          155          160

Glu Thr Lys Leu Leu Thr Ile Tyr Ala Gln Ala Ala Asn Leu His Leu
165          170          175

Leu Leu Leu Arg Asp Ala Ser Arg Phe Gly Glu Gly Trp Gly Leu Thr
180          185          190

Gln Glu Ile Ile Asn Thr Asn Tyr Asn Asp Gln Leu Arg Leu Thr Ala
195          200          205

```

ES 2 864 641 T3

Glu Tyr Thr Asp His Cys Val Lys Trp Tyr Asn Ala Gly Leu Glu Lys
 210 215 220
 Leu Lys Gly Asn Leu Thr Gly Glu Asn Trp Tyr Thr Tyr Asn Arg Phe
 225 230 235 240
 Arg Arg Glu Met Thr Leu Met Val Leu Asp Val Val Ala Leu Phe Pro
 245 250 255
 Asn Tyr Asp Thr Arg Met Tyr Pro Ile Gly Thr Ser Ser Glu Leu Thr
 260 265 270
 Arg Met Ile Tyr Thr Asp Pro Ile Ala Tyr Thr Gln Ser Asp Pro Trp
 275 280 285
 Tyr Lys Ile Thr Ser Leu Ser Phe Ser Asn Ile Glu Asn Ser Ala Ile
 290 295 300
 Pro Ser Pro Ser Phe Phe Arg Trp Leu Lys Ser Val Ser Ile Asn Ser
 305 310 315 320
 Gln Trp Trp Gly Ser Gly Pro Ser Gln Thr Tyr Tyr Trp Val Gly His
 325 330 335
 Glu Leu Val Tyr Ser Asn Ser Asn Ser Asn Gln Ser Leu Lys Val Lys
 340 345 350
 Tyr Gly Asp Pro Asn Ser Phe Ile Glu Pro Pro Asp Ser Phe Ser Phe
 355 360 365
 Ser Ser Thr Asp Val Tyr Arg Thr Ile Ser Val Val Arg Asn Ser Val
 370 375 380
 Ser Asn Tyr Ile Val Ser Glu Val Arg Phe Asn Ser Ile Ser Ser Thr
 385 390 395 400
 Asn Gln Ile Ser Glu Glu Ile Tyr Lys His Gln Ser Asn Trp Ser Arg
 405 410 415
 Gln Glu Thr Lys Asp Ser Ile Thr Glu Leu Ser Leu Ala Ala Asn Pro
 420 425 430
 Pro Thr Thr Phe Gly Asn Val Ala Glu Tyr Ser His Arg Leu Ala Tyr
 435 440 445
 Ile Ser Glu Ala Tyr Gln Ser His Asn Pro Ser Lys Tyr Pro Thr Tyr

ES 2 864 641 T3

450		455		460	
Ile Pro Val Phe Gly Trp Thr His Thr Ser Val Arg Tyr Asp Asn Lys					
465		470		475	480
Ile Phe Pro Asp Lys Ile Thr Gln Ile Pro Ala Val Lys Ser Ser Ser					
	485		490		495
Ala Gln Gly Gly Ser Trp Lys Asn Ile Val Lys Gly Pro Gly Phe Thr					
	500		505		510
Gly Gly Asp Val Thr Thr Ala Val Ser Pro Ala Thr Val Thr Asp Ile					
	515		520		525
Ile Lys Ile Gln Val Thr Leu Asp Pro Asn Ser Leu Ser Gln Lys Tyr					
	530		535		540
Arg Ala Arg Leu Arg Tyr Ala Ser Asn Ala Phe Val Pro Ala Thr Leu					
	545		550		555
Tyr Thr Asn Thr Ser Ser Asn Tyr Asn Phe Glu Leu Lys Lys Gly Thr					
	565		570		575
Thr Glu Gln Phe Thr Thr Tyr Asn Ser Tyr Gln Tyr Val Asp Ile Pro					
	580		585		590
Gly Ser Ile Gln Phe Asn Asn Thr Ser Asp Thr Val Ser Val Tyr Leu					
	595		600		605
His Met Asp Ser Thr Ser Asn Val Asn Val His Val Asp Arg Ile Glu					
	610		615		620
Phe Ile Pro Ile Asp Glu Asn Tyr Asp Glu Arg Phe Gln Leu Glu Lys					
	625		630		635
Ala Gln Lys Ala Val Asn Ala Leu Phe Thr Ala Gly Arg Asn Ala Leu					
	645		650		655
Gln Thr Asp Val Thr Asp Tyr Lys Val Asp Gln Val Ser Ile Leu Val					
	660		665		670
Asp Cys Val Ser Gly Glu Leu Tyr Pro Asn Glu Lys Arg Glu Leu Leu					
	675		680		685
Ser Leu Val Lys Tyr Ala Lys Arg Leu Ser Tyr Ser Arg Asn Leu Leu					
	690		695		700

ES 2 864 641 T3

Leu Asp Pro Thr Phe Asp Ser Ile Asn Ser Pro Glu Glu Asn Gly Trp
 705 710 715 720
 Tyr Gly Ser Asn Gly Ile Ala Ile Gly Ser Gly Asn Ile Val Phe Lys
 725 730 735
 Gly Asn Tyr Leu Ile Phe Ser Gly Thr Asn Asp Glu Gln Tyr Pro Thr
 740 745 750
 Tyr Leu Tyr Gln Lys Ile Asp Glu Thr Lys Leu Lys Glu Tyr Thr Arg
 755 760 765
 Tyr Lys Leu Arg Gly Phe Ile Glu Ser Ser Gln Asp Leu Glu Ala Tyr
 770 775 780
 Val Ile Arg Tyr Asp Ala Lys His Gln Thr Met Asp Val Ser Asn Asn
 785 790 795 800
 Leu Phe Ser Asp Ile Thr Pro Val Asn Ala Cys Gly Glu Pro Asn Arg
 805 810 815
 Cys Ala Ala Leu Pro Tyr Leu Asp Glu Asn Pro Arg Leu Glu Cys Ser
 820 825 830
 Ser Ile Gln Asp Gly Ile Leu Ser Asp Ser His Ser Phe Ser Leu His
 835 840 845
 Ile Asp Thr Gly Ser Ile Asp Phe Asn Glu Asn Val Gly Ile Trp Val
 850 855 860
 Leu Phe Lys Ile Ser Thr Pro Glu Gly Tyr Ala Arg Phe Gly Asn Leu
 865 870 875 880
 Glu Val Ile Glu Asp Gly Pro Val Ile Gly Glu Ala Leu Ala Arg Val
 885 890 895
 Lys Arg Gln Glu Thr Lys Trp Arg Asn Lys Leu Thr Gln Leu Arg Thr
 900 905 910
 Glu Thr Gln Ala Ile Tyr Thr Arg Ala Lys Gln Ala Ile Asp Asn Leu
 915 920 925
 Phe Thr Asn Ala Gln Asp Ser His Leu Lys Ile Gly Ala Thr Phe Ala
 930 935 940
 Ser Ile Val Ala Ala Arg Lys Ile Val Gln Ser Ile Arg Glu Ala Tyr
 945 950 955 960

ES 2 864 641 T3

Met Ser Trp Leu Ser Ile Val Pro Gly Val Asn Tyr Pro Ile Val Thr
965 970 975

Glu Leu Asn Glu Arg Ile Gln Gln Ala Phe Gln Leu Tyr Asp Val Arg
980 985 990

Asn Val Val Arg Asn Gly Arg Phe Gln Ser Gly Thr Ser Asp Trp Ile
995 1000 1005

Val Thr Ser Asp Val Arg Val Gln Glu Glu Asn Gly Asn Asn Val
1010 1015 1020

Leu Val Leu Ser Asn Trp Asp Ala Gln Val Leu Gln Cys Met Thr
1025 1030 1035

Leu Tyr Gln Asp Arg Gly Tyr Ile Leu Arg Val Thr Ala Arg Lys
1040 1045 1050

Glu Gly Leu Gly Glu Gly Tyr Val Thr Ile Thr Asp Glu Glu Gly
1055 1060 1065

Asn Thr Asp Gln Leu Arg Phe Gly Gly Cys Glu Glu Ile Asp Ala
1070 1075 1080

Ser Asn Ser Phe Val Ser Thr Gly Tyr Met Thr Lys Glu Leu Glu
1085 1090 1095

Phe Phe Pro Asp Thr Glu Lys Val Arg Ile Glu Ile Gly Glu Thr
1100 1105 1110

Glu Gly Thr Phe Gln Val Glu Ser Val Glu Leu Phe Leu Met Glu
1115 1120 1125

Asp Leu Cys
1130

<210>

46

<211>

1138

<212>

PRT

<213> Bacillus thuringiensis

5

<400>

46

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
20 25 30

ES 2 864 641 T3

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
 145 150 155 160
 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
 225 230 235 240
 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

ES 2 864 641 T3

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
 305 310 315 320
 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
 385 390 395 400
 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
 465 470 475 480
 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

ES 2 864 641 T3

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				
		580		585
				590
Gly Ser Phe Gly Tyr Ile Glu Tyr Ser Thr Thr Ile Gln Phe Pro Asp				
		595		600
				605
Glu His Pro Lys Ile Thr Leu His Leu Ser Asp Leu Ser Asn Asn Ser				
		610		615
				620
Ser Phe Tyr Val Asp Ser Ile Glu Phe Ile Pro Val Asp Val Asn Tyr				
		625		630
				635
Ala Glu Lys Glu Lys Leu Glu Lys Ala Gln Lys Ala Val Asn Thr Leu				
		645		650
				655
Phe Thr Glu Gly Arg Asn Ala Leu Gln Lys Asp Val Thr Asp Tyr Lys				
		660		665
				670
Val Asp Gln Val Ser Ile Leu Val Asp Cys Ile Ser Gly Asp Leu Tyr				
		675		680
				685
Pro Asn Glu Lys Arg Glu Leu Gln Asn Leu Val Lys Tyr Ala Lys Arg				
		690		695
				700
Leu Ser Tyr Ser Arg Asn Leu Leu Leu Asp Pro Thr Phe Asp Ser Ile				
		705		710
				715
Asn Ser Ser Glu Glu Asn Gly Trp Tyr Gly Ser Asn Gly Ile Val Ile				
		725		730
				735
Gly Asn Gly Asp Phe Val Phe Lys Gly Asn Tyr Leu Ile Phe Ser Gly				
		740		745
				750
Thr Asn Asp Thr Gln Tyr Pro Thr Tyr Leu Tyr Gln Lys Ile Asp Glu				
		755		760
				765
Ser Lys Leu Lys Glu Tyr Thr Arg Tyr Lys Leu Lys Gly Phe Ile Glu				
		770		775
				780

ES 2 864 641 T3

Ser Ser Gln Asp Leu Glu Ala Tyr Val Ile Arg Tyr Asp Ala Lys His
 785 790 795 800
 Arg Thr Leu Asp Val Ser Asp Asn Leu Leu Pro Asp Ile Leu Pro Glu
 805 810 815
 Asn Thr Cys Gly Glu Pro Asn Arg Cys Ala Ala Gln Gln Tyr Leu Asp
 820 825 830
 Glu Asn Pro Ser Pro Glu Cys Ser Ser Met Gln Asp Gly Ile Leu Ser
 835 840 845
 Asp Ser His Ser Phe Ser Leu Asn Ile Asp Thr Gly Ser Ile Asn His
 850 855 860
 Asn Glu Asn Leu Gly Ile Trp Val Leu Phe Lys Ile Ser Thr Leu Glu
 865 870 875 880
 Gly Tyr Ala Lys Phe Gly Asn Leu Glu Val Ile Glu Asp Gly Pro Val
 885 890 895
 Ile Gly Glu Ala Leu Ala Arg Val Lys Arg Gln Glu Thr Lys Trp Arg
 900 905 910
 Asn Lys Leu Ala Gln Leu Thr Thr Glu Thr Gln Ala Ile Tyr Thr Arg
 915 920 925
 Ala Lys Gln Ala Leu Asp Asn Leu Phe Ala Asn Ala Gln Asp Ser His
 930 935 940
 Leu Lys Arg Asp Val Thr Phe Ala Glu Ile Ala Ala Ala Arg Lys Ile
 945 950 955 960
 Val Gln Ser Ile Arg Glu Ala Tyr Met Ser Trp Leu Ser Val Val Pro
 965 970 975
 Gly Val Asn His Pro Ile Phe Thr Glu Leu Ser Gly Arg Val Gln Arg
 980 985 990
 Ala Phe Gln Leu Tyr Asp Val Arg Asn Val Val Arg Asn Gly Arg Phe
 995 1000 1005
 Leu Asn Gly Leu Ser Asp Trp Ile Val Thr Ser Asp Val Lys Val
 1010 1015 1020
 Gln Glu Glu Asn Gly Asn Asn Val Leu Val Leu Asn Asn Trp Asp
 1025 1030 1035

ES 2 864 641 T3

Ala Gln Val Leu Gln Asn Val Lys Leu Tyr Gln Asp Arg Gly Tyr
1040 1045 1050

Ile Leu His Val Thr Ala Arg Lys Ile Gly Ile Gly Glu Gly Tyr
1055 1060 1065

Ile Thr Ile Thr Asp Glu Glu Gly His Thr Asp Gln Leu Arg Phe
1070 1075 1080

Thr Ala Cys Glu Glu Ile Asp Ala Ser Asn Ala Phe Ile Ser Gly
1085 1090 1095

Tyr Ile Thr Lys Glu Leu Glu Phe Phe Pro Asp Thr Glu Lys Val
1100 1105 1110

His Ile Glu Ile Gly Glu Thr Glu Gly Ile Phe Leu Val Glu Ser
1115 1120 1125

Ile Glu Leu Phe Leu Met Glu Glu Leu Cys
1130 1135

<210> 47 <211>

<212>

<213> Bacillus thuringiensis

326
PRT

5 <400> 47

Met Val Arg Glu Tyr Pro Asp Leu Asp Ser Met Ile Arg Glu Ala Ala
1 5 10 15

Gln Lys Trp Ser Glu Asp Asn Gly Leu Gln Phe Gln Lys Val Ser Phe
20 25 30

Lys Asp Pro Phe Thr Asn Arg Asp Thr Ile Arg Met Ser Val Lys Phe
35 40 45

Lys Asp Ile Gly Cys Pro Glu Glu Cys Leu Glu Thr Glu Thr Val Lys
50 55 60

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

Val Asn Thr Val Thr Tyr Val Glu Asn Gln Leu Thr Trp Glu Asn Asp
85 90 95

Phe His Phe Lys Leu Pro Gly Gln Asn Phe Leu Ile Leu Pro Arg Ile
100 105 110

ES 2 864 641 T3

Pro Gln Ser Val Arg Met Asp Ile Asn Pro Gly Phe Leu Val Asn Phe
115 120 125

Phe Gly Asp Asn Glu Leu Phe Ser Thr Asn Met Arg Asp Arg Arg Pro
130 135 140

Ile Gln Ala Asp Val Phe Val Glu Pro Gly Ser Ser Ala Ala Ile Gln
145 150 155 160

Leu Lys Val Glu Lys Leu His Val Thr Gln Pro Tyr Glu Ile Glu Leu
165 170 175

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

Val Asp Val Thr Asp Leu Leu Pro Phe Leu Cys Leu Ser Lys Asn Leu
195 200 205

Ser Ser Arg Gly Arg Ala Leu Ile Phe Leu Glu Gln Gly Thr Phe Lys
210 215 220

Gly Ile Leu Asn Arg Lys Ile Arg Gly Tyr Ala Leu Gln Thr Arg His
225 230 235 240

Cys Asp Gly Lys Thr Ile Glu Tyr Glu Ile Pro Leu Asn Asn Arg Pro
245 250 255

Pro Val Ser Ala Arg Pro Leu Asn Pro Ala Thr Thr Ala Gln Gln Ser
260 265 270

Arg Lys Thr Asn Asp Ser Ser Cys Gly Cys Ser Ser Asp Arg Pro Pro
275 280 285

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

Ala Thr Glu Ala Asp Glu Gly Cys Arg Phe Ile Met Trp Met Cys Cys
305 310 315 320

Leu Phe Val Cys Ile Lys
325

<210>

48

<211>

<212>

335
PRT

5 <213> Bacillus thuringiensis

<400>

```

Met Lys Lys Ser Cys Asp Pro Asn Pro Val Asn Gln Ser Thr Thr Thr
1      5      10      15

Thr Phe Asp Leu Asp Asp Phe Leu Leu Asn Asn Met Phe Asn Val Thr
      20      25      30

Leu Gln Pro Ala Asn Ile Trp Tyr Tyr Gln Asp Glu Trp Pro Tyr Glu
      35      40      45

Ser Pro Tyr Val Pro Thr Pro Thr Ser Asp Asp Leu Ser Lys Gly Cys
      50      55      60

Trp Phe Asp Ala Tyr Val Pro Thr Cys Arg Tyr Asp His Ala Pro Gly
65      70      75      80

Tyr Thr Ala Asn Thr Ser Gly Leu Met Ala Glu Gly Thr Asp Leu Thr
      85      90      95

Glu Glu Ile Asp Ser Val Ala Tyr Ala Thr Pro Tyr Ile Ala Asp Ser
      100      105      110

Tyr Thr Phe Thr Asn Asp Gly Pro Ile Thr Gln Glu Tyr Gln Thr Leu
      115      120      125

Ala Tyr Glu Gln Ala Val Glu Thr Ser Thr Ser Asn Thr Thr Thr His
      130      135      140

Gly Cys Arg Val Gly Ser Thr Phe Gly Tyr Ser Arg Asn Ser Thr Phe
145      150      155      160

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

Ala Glu Tyr Asp Phe Thr Asn Thr Asn Thr Phe Thr Thr Ser Thr Thr
      180      185      190

Thr Asn Val Leu Val Pro Ser Gln Val Ile Thr Val Pro Ser Tyr Cys
      195      200      205

Thr Ala Tyr Val Thr Met Val Leu Asn Lys Ala Thr Tyr Ala Lys Ala
      210      215      220

Asp Val Pro Leu Ile Thr Thr Leu Ser Gly Arg Phe Phe Ile Asp Glu
225      230      235      240

Thr Asp Asn Ser Asp Glu Tyr Phe Asp Ile Tyr Pro Tyr Val Glu Leu
      245      250      255

```

ES 2 864 641 T3

Val Thr Thr Cys Cys Thr Gly Asn Cys Ser Gln Cys Val Thr Asp Gln
260 265 270

Leu Gln Leu Asp Ala Val Asn Arg Thr Val Ile Phe Asp Gly Leu Gly
275 280 285

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

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

Val Pro Val Val Tyr Gly Pro Ser Thr Thr Lys Val Thr Thr Ser
325 330 335

<210> 49 <211>

<212>

5 <213> Clostridium perfringens

875
PRT

<400>

49

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

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

Gln Asn Asp Thr Asn Gln Lys Glu Glu Ile Thr Asn Glu Asn Thr Leu
35 40 45

Ser Ser Asn Gly Leu Met Gly Tyr Tyr Phe Ala Asp Glu His Phe Lys
50 55 60

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

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

Ser Ile Arg Trp Thr Gly Arg Ile Ile Pro Ser Glu Asp Gly Glu Tyr
100 105 110

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

Gly Asp Ile Ala Lys Thr Leu Lys Val Asn Met Lys Lys Gly Gln Ala
130 135 140

ES 2 864 641 T3

Tyr Asn Ile Arg Ile Glu Ile Gln Asp Lys Asn Leu Gly Ser Ile Asp
 145 150 155 160
 Asn Leu Ser Val Pro Lys Leu Tyr Trp Glu Leu Asn Gly Asn Lys Thr
 165 170 175
 Val Ile Pro Glu Glu Asn Leu Phe Phe Arg Asp Tyr Ser Lys Ile Asp
 180 185 190
 Glu Asn Asp Pro Phe Ile Pro Asn Asn Asn Phe Phe Asp Val Arg Phe
 195 200 205
 Phe Ser Ala Ala Trp Glu Asp Glu Asp Leu Asp Thr Asp Asn Asp Asn
 210 215 220
 Ile Pro Asp Ala Tyr Glu Lys Asn Gly Tyr Thr Ile Lys Asp Ser Ile
 225 230 235 240
 Ala Val Lys Trp Asn Asp Ser Phe Ala Glu Gln Gly Tyr Lys Lys Tyr
 245 250 255
 Val Ser Ser Tyr Leu Glu Ser Asn Thr Ala Gly Asp Pro Tyr Thr Asp
 260 265 270
 Tyr Gln Lys Ala Ser Gly Ser Ile Asp Lys Ala Ile Lys Leu Glu Ala
 275 280 285
 Arg Asp Pro Leu Val Ala Ala Tyr Pro Val Val Gly Val Gly Met Glu
 290 295 300
 Asn Leu Ile Ile Ser Thr Asn Glu His Ala Ser Ser Asp Gln Gly Lys
 305 310 315 320
 Thr Val Ser Arg Ala Thr Thr Asn Ser Lys Thr Asp Ala Asn Thr Val
 325 330 335
 Gly Val Ser Ile Ser Ala Gly Tyr Gln Asn Gly Phe Thr Gly Asn Ile
 340 345 350
 Thr Thr Ser Tyr Ser His Thr Thr Asp Asn Ser Thr Ala Val Gln Asp
 355 360 365
 Ser Asn Gly Glu Ser Trp Asn Thr Gly Leu Ser Ile Asn Lys Gly Glu
 370 375 380
 Ser Ala Tyr Ile Asn Ala Asn Val Arg Tyr Tyr Asn Thr Gly Thr Ala

ES 2 864 641 T3

385		390		395		400
Pro Met Tyr Lys Val Thr Pro Thr Thr Asn Leu Val Leu Asp Gly Glu						
		405		410		415
Thr Leu Ala Thr Ile Lys Ala Gln Asp Asn Gln Ile Gly Asn Asn Leu						
		420		425		430
Ser Pro Asn Glu Thr Tyr Pro Lys Lys Gly Leu Ser Pro Leu Ala Leu						
		435		440		445
Asn Thr Met Asp Gln Phe Asn Ala Arg Leu Ile Pro Ile Asn Tyr Asp						
		450		455		460
Gln Leu Lys Lys Leu Asp Ser Gly Lys Gln Ile Lys Leu Glu Thr Thr						
		465		470		475
Gln Val Ser Gly Asn Tyr Gly Thr Lys Asn Ser Gln Gly Gln Ile Ile						
		485		490		495
Thr Glu Gly Asn Ser Trp Ser Asn Tyr Ile Ser Gln Ile Asp Ser Val						
		500		505		510
Ser Ala Ser Ile Ile Leu Asp Thr Gly Ser Gln Thr Phe Glu Arg Arg						
		515		520		525
Val Ala Ala Lys Glu Gln Gly Asn Pro Glu Asp Lys Thr Pro Glu Ile						
		530		535		540
Thr Ile Gly Glu Ala Ile Lys Lys Ala Phe Ser Ala Thr Lys Asn Gly						
		545		550		555
Glu Leu Leu Tyr Phe Asn Gly Ile Pro Ile Asp Glu Ser Cys Val Glu						
		565		570		575
Leu Ile Phe Asp Asp Asn Thr Ser Glu Ile Ile Lys Glu Gln Leu Lys						
		580		585		590
Tyr Leu Asp Asp Lys Lys Ile Tyr Asn Val Lys Leu Glu Arg Gly Met						
		595		600		605
Asn Ile Leu Ile Lys Val Pro Ser Tyr Phe Thr Asn Phe Asp Glu Tyr						
		610		615		620
Asn Asn Phe Pro Ala Ser Trp Ser Asn Ile Asp Thr Lys Asn Gln Asp						
		625		630		635
						640

ES 2 864 641 T3

Gly Leu Gln Ser Val Ala Asn Lys Leu Ser Gly Glu Thr Lys Ile Ile
645 650 655

Ile Pro Met Ser Lys Leu Lys Pro Tyr Lys Arg Tyr Val Phe Ser Gly
660 665 670

Tyr Ser Lys Asp Pro Ser Thr Ser Asn Ser Ile Thr Val Asn Ile Lys
675 680 685

Ser Lys Glu Gln Lys Thr Asp Tyr Leu Val Pro Glu Lys Asp Tyr Thr
690 695 700

Lys Phe Ser Tyr Glu Phe Glu Thr Thr Gly Lys Asp Ser Ser Asp Ile
705 710 715 720

Glu Ile Thr Leu Thr Ser Ser Gly Val Ile Phe Leu Asp Asn Leu Ser
725 730 735

Ile Thr Glu Leu Asn Ser Thr Pro Glu Ile Leu Lys Glu Pro Glu Ile
740 745 750

Lys Val Pro Ser Asp Gln Glu Ile Leu Asp Ala His Asn Lys Tyr Tyr
755 760 765

Ala Asp Ile Lys Leu Asp Thr Asn Thr Gly Asn Thr Tyr Ile Asp Gly
770 775 780

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

Gln Lys Tyr Arg Val Glu Ala Thr Leu Gln Tyr Ser Gly Phe Lys Asp
805 810 815

Ile Gly Thr Lys Asp Lys Glu Ile Arg Asn Tyr Leu Gly Asp Gln Asn
820 825 830

Gln Pro Lys Thr Asn Tyr Ile Asn Phe Arg Ser Tyr Phe Thr Ser Gly
835 840 845

Glu Asn Val Met Thr Tyr Lys Lys Leu Arg Ile Tyr Ala Val Thr Pro
850 855 860

Asp Asn Arg Glu Leu Leu Val Leu Ser Val Asn
865 870 875

<210>

50

<211>

871

<212>

PRT

<213> Brevibacillus laterosporus

<400>

50

```

Met Lys Tyr Met Lys Lys Gly Leu Ser Ser Val Val Ile Gly Thr Leu
1           5           10           15

Phe Ala Ser Met Phe Leu Asn Gly Asn Val Asn Ala Val Tyr Ala Asn
20           25           30

Ser Lys Thr Asn Gln Ile Ala Thr Thr Thr Gln Ala Ser Lys Asp Asn
35           40           45

Gln Ile Asp Arg Glu Gly Leu Leu Gly Tyr Tyr Phe Lys Gly Lys Asp
50           55           60

Phe Asn Asp Leu Thr Leu Phe Ala Pro Thr Arg Asp Asn Thr Leu Ile
65           70           75           80

Tyr Asp Gln Gln Thr Ala Asn Thr Leu Val Asp Gln Lys His Gln Glu
85           90           95

Tyr His Ser Ile Arg Trp Ile Gly Leu Ile Gln Ser Ser Ala Thr Gly
100          105          110

Asp Phe Thr Phe Lys Leu Ser Asp Asp Glu Asn Ala Ile Ile Glu Leu
115          120          125

Asp Gly Lys Val Ile Ser Glu Lys Gly Asn Asn Lys Gln Ser Val His
130          135          140

Leu Glu Lys Gly Gln Leu Val Gln Ile Lys Ile Glu Tyr Gln Ser Asp
145          150          155          160

Asp Ala Leu His Ile Asp Asn Lys Ile Phe Lys Glu Leu Lys Leu Phe
165          170          175

Lys Ile Asp Ser Gln Asn His Ser Gln Gln Val Gln Gln Asp Glu Leu
180          185          190

Arg Asn Pro Glu Phe Asn Lys Lys Glu Thr Gln Val Phe Leu Lys Lys
195          200          205

Ala Ser Lys Thr Asn Leu Phe Thr Gln Lys Thr Lys Arg Asp Ile Asp
210          215          220

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

```

ES 2 864 641 T3

Asn	Gly	Tyr	Thr	Ile	Gln	Asn	Lys	Val	Ala	Val	Lys	Trp	Asp	Asp	Ser	
				245					250					255		
Leu	Ala	Ser	Lys	Gly	Tyr	Gln	Lys	Phe	Thr	Ser	Asn	Pro	Leu	Glu	Ala	
			260					265					270			
His	Thr	Val	Gly	Asp	Pro	Tyr	Ser	Asp	Tyr	Glu	Lys	Ala	Ala	Arg	Asp	
		275					280					285				
Met	Pro	Leu	Ser	Asn	Ala	Lys	Glu	Thr	Phe	Asn	Pro	Leu	Val	Ala	Ala	
	290					295					300					
Phe	Pro	Ser	Val	Asn	Val	Ser	Leu	Glu	Lys	Val	Ile	Leu	Ser	Lys	Asn	
305				310						315					320	
Glu	Asp	Leu	Ser	His	Ser	Val	Glu	Ser	Ser	Gln	Ser	Thr	Asn	Trp	Ser	
				325					330					335		
Tyr	Thr	Asn	Thr	Glu	Gly	Val	Asn	Val	Asn	Ala	Gly	Trp	Ser	Gly	Leu	
			340					345					350			
Gly	Pro	Ser	Phe	Gly	Val	Ser	Val	Asn	Tyr	Gln	His	Ser	Glu	Thr	Val	
		355					360					365				
Ala	Asn	Glu	Trp	Gly	Ser	Ala	Thr	Asn	Asp	Gly	Thr	His	Ile	Asn	Gly	
	370					375					380					
Ala	Glu	Ser	Ala	Tyr	Leu	Asn	Ala	Asn	Val	Arg	Tyr	Asn	Asn	Val	Gly	
385					390				395						400	
Thr	Gly	Ala	Ile	Tyr	Glu	Thr	Lys	Pro	Thr	Thr	Ser	Phe	Ile	Leu	Asp	
			405					410						415		
Gly	Thr	Thr	Ile	Gly	Thr	Ile	Lys	Ala	Lys	Glu	Asn	Thr	Thr	Ala	Leu	
			420					425					430			
Thr	Ile	Leu	Pro	Asp	Gln	Ser	Tyr	Pro	Glu	Lys	Gly	Lys	Asn	Gly	Ile	
		435					440					445				
Ala	Ile	Asn	Thr	Met	Asp	Asp	Phe	Asn	Ser	Arg	Pro	Ile	Pro	Leu	Asn	
	450					455					460					
Lys	Glu	Gln	Leu	Asn	Thr	Tyr	Leu	Ser	Asn	Lys	Lys	Pro	Ile	Leu	Leu	
465					470					475					480	
Glu	Thr	Asp	Gln	Val	Glu	Gly	Lys	Tyr	Ala	Ile	Lys	Asp	Thr	Asn	Gly	
				485					490					495		

ES 2 864 641 T3

Asn Ile Thr Ile Ala Gly Asp Trp Asn Gly Ile Thr Asp Glu Ile Ser
 500 505 510

Ala Lys Thr Ala Ser Ile Ile Val Asp Asn Gly Asn Gln Met Ser Glu
 515 520 525

Lys Arg Val Ala Ala Lys Asp Tyr Thr Asn Pro Glu Asp Lys Thr Pro
 530 535 540

Asn Leu Ser Val Lys Glu Ala Leu Lys Leu Ala Tyr Pro Asp Glu Ile
 545 550 555 560

Glu Glu Lys Asp Gly Leu Leu Phe Tyr Asn Asp Gln Pro Ile Phe Glu
 565 570 575

Ala Ser Val Gln Ser Tyr Val Asp Glu Tyr Thr Ala Lys Gln Ile Arg
 580 585 590

Lys Gln Leu Asn Asp Ser Thr Gly Ser Phe Lys Asp Val Lys Asn Leu
 595 600 605

Tyr Asp Val Lys Leu Glu Pro Lys Met Asn Phe Thr Ile Lys Thr Ser
 610 615 620

Thr Leu Tyr Asp Gly Gly Glu Ser Asp Asn Thr Lys Ile Gly Asn Trp
 625 630 635 640

Tyr Tyr Thr Tyr Val Val Asn Gly Gly Asn Thr Gly Lys Lys Gln Tyr
 645 650 655

Arg Ser Ala Asn Lys Gly Ala Phe Thr Glu Leu Ser Thr Glu Ser Lys
 660 665 670

Asn Lys Leu Lys Lys Asn Ile Asp Tyr Tyr Val Ser Leu Tyr Met Lys
 675 680 685

Ala Asp Ser Lys Val Ser Val Asp Ile Glu Ile Asp Gly Lys Gln Glu
 690 695 700

Ser Ile Val Thr Asp Asn Ile Thr Leu Asp His Val Gly Tyr Gln Arg
 705 710 715 720

Ile Asn Ile Leu Val Pro Asn Leu Glu Gly Asn Glu Ile Asn Thr Ile
 725 730 735

Ser Ile Lys Gly Asp Gly Gln Thr Asn Val Tyr Trp Asp Asp Val Ser

ES 2 864 641 T3

740

745

750

Phe Val Glu Val Gly Ala Glu Glu Ile Glu Tyr Lys Asp Pro Val Pro
755 760 765

Gln Phe Asp Ile Ile Glu Gly Asp Phe Asp Phe Phe Gly Asp Pro Leu
770 775 780

Ala Val Lys Tyr His Asp Ala Thr Tyr Phe Ile Asp Ser Pro Leu Ile
785 790 795 800

Thr Gln Thr Pro Gly Thr Phe Ser Phe Thr Tyr Lys Val Ile Gly Glu
805 810 815

Gln Thr Lys Thr Val Leu Asp Ser Gly Ser Gly Lys Asn Ala Asn Arg
820 825 830

Ile Asn Leu Asp Phe Lys Asn Val Lys Ser Asp Arg Ser Phe Leu Tyr
835 840 845

Thr Leu Ser Cys Lys Asp Asp Leu Trp Gly Ser Thr Arg Thr Ala Val
850 855 860

Val Arg Ile Phe Ala Val Asp
865 870

<210>

51

<211>

785
PRT

<212>

<213> Brevibacillus laterosporus

5

<400>

51

Met Thr Tyr Met Lys Lys Lys Leu Val Ser Val Val Thr Cys Ala Leu
1 5 10 15

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

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

Val Asp Arg Lys Gly Leu Leu Gly Tyr Tyr Phe Lys Gly Lys Glu Phe
50 55 60

Asn His Leu Thr Leu Phe Ala Pro Thr Arg Asp Asn Thr Leu Ile Tyr
65 70 75 80

Asp Gln Gln Thr Val Asp Phe Leu Leu Asp Lys Lys Gln Gln Glu Tyr

ES 2 864 641 T3

85										90					95				
Gln	Ser	Ile	Arg	Trp	Ile	Gly	Leu	Ile	Gln	Ser	Lys	Glu	Thr	Gly	Asp				
			100					105						110					
Phe	Thr	Phe	Asn	Leu	Ser	Asp	Asp	Lys	Asn	Ala	Ile	Ile	Glu	Ile	Asp				
			115				120						125						
Gly	Lys	Thr	Ile	Ser	His	Lys	Gly	Gln	Asn	Lys	Gln	Val	Val	His	Leu				
	130					135					140								
Glu	Lys	Gly	Lys	Leu	Val	Pro	Ile	Lys	Ile	Glu	Tyr	Gln	Ser	Asp	Gln				
145					150					155					160				
Ile	Val	Asn	Arg	Asp	Ser	Lys	Ile	Phe	Lys	Glu	Phe	Lys	Leu	Phe	Lys				
				165					170					175					
Val	Asp	Ser	Gln	Gln	Gln	Ser	His	Gln	Val	Gln	Leu	Asp	Glu	Leu	Arg				
			180					185					190						
Asn	Pro	Glu	Phe	Asn	Lys	Lys	Glu	Thr	Gln	Gln	Phe	Leu	Glu	Lys	Ala				
		195					200					205							
Ser	Lys	Thr	Asn	Ile	Phe	Thr	Gln	Asn	Met	Lys	Arg	Asp	Glu	Asp	Ala				
	210					215					220								
Thr	Asp	Thr	Asp	Gly	Asp	Ser	Ile	Pro	Asp	Leu	Trp	Glu	Glu	Asn	Gly				
225					230					235					240				
Tyr	Thr	Ile	Gln	Asn	Lys	Val	Ala	Val	Lys	Trp	Asp	Asp	Ser	Phe	Ala				
				245					250					255					
Ala	Lys	Gly	Tyr	Thr	Lys	Phe	Val	Ser	Asn	Pro	Phe	Asp	Ser	His	Thr				
			260					265					270						
Val	Gly	Asp	Pro	Tyr	Thr	Asp	Tyr	Glu	Lys	Ala	Ala	Arg	Asp	Leu	Asp				
		275					280					285							
Leu	Ala	Asn	Ala	Lys	Glu	Thr	Phe	Asn	Pro	Leu	Val	Ala	Ala	Phe	Pro				
	290					295					300								
Ser	Val	Asn	Val	Asn	Leu	Glu	Lys	Val	Ile	Leu	Ser	Pro	Asn	Glu	Asp				
305					310					315					320				
Leu	Ser	Asn	Ser	Val	Glu	Ser	His	Ser	Ser	Thr	Asn	Trp	Ser	Tyr	Thr				
				325					330					335					

ES 2 864 641 T3

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

ES 2 864 641 T3

Asn Asp Ile Thr Gly Lys Phe Lys Asp Val Lys Gln Leu Phe Asp Val
595 600 605

Lys Leu Thr Pro Lys Met Asn Phe Thr Ile Lys Leu Ala Thr Leu Tyr
610 615 620

Asp Gly Ala Glu Asp Gly Ser Ser Pro Thr Asp Val Gly Ile Ser Ser
625 630 635 640

Pro Leu Gly Glu Trp Ala Phe Lys Pro Asp Ile Asn Asn Val Glu Gly
645 650 655

Gly Asn Thr Gly Lys Arg Gln Tyr Gln Leu Ser Lys Asn Lys Asp Gly
660 665 670

Tyr Tyr Tyr Gly Met Leu Ala Leu Ser Pro Glu Val Ser Asn Lys Leu
675 680 685

Lys Lys Asn Tyr Gln Tyr Tyr Ile Ser Met Ser Ile Lys Ala Asp Ala
690 695 700

Gly Val Glu Pro Thr Val Thr Val Met Asp Asn Leu Leu Asn Gly Ile
705 710 715 720

Val Asp Lys Lys Leu Lys Leu Ser Ser Asn Gly Tyr Gln Arg Phe Asp
725 730 735

Ile Leu Val Asp Asn Ser Glu Ser His Pro Ile Asn Val Met Val Ile
740 745 750

Asp Leu Gly Val Ser Ser Gln Asp Tyr Asn Asn Tyr Ser Lys Asn Ile
755 760 765

Tyr Ile Asp Asp Ile Thr Ile Thr Glu Val Ser Ala Met Lys Val Lys
770 775 780

Asn
785

<210>

52

<211>

<212>

462
PRT

<213> Bacillus cereus

5

<400>

52

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

ES 2 864 641 T3

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

ES 2 864 641 T3

Asn Ala Glu Ala His Ser Trp Gly Met Lys Asn Tyr Glu Glu Trp Ala
275 280 285

Lys Asp Leu Thr Asp Ser Gln Arg Glu Ala Leu Asp Gly Tyr Ala Arg
290 295 300

Gln Asp Tyr Lys Glu Ile Asn Asn Tyr Leu Arg Asn Gln Gly Gly Ser
305 310 315 320

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

Gly Lys Lys Pro Ile Pro Glu Asn Ile Thr Val Tyr Arg Trp Cys Gly
340 345 350

Met Pro Glu Phe Gly Tyr Gln Ile Ser Asp Pro Leu Pro Ser Leu Lys
355 360 365

Asp Phe Glu Glu Gln Phe Leu Asn Thr Ile Lys Glu Asp Lys Gly Tyr
370 375 380

Met Ser Thr Ser Leu Ser Ser Glu Arg Leu Ala Ala Phe Gly Ser Arg
385 390 395 400

Lys Ile Ile Leu Arg Leu Gln Val Pro Lys Gly Ser Thr Gly Ala Tyr
405 410 415

Leu Ser Ala Ile Gly Gly Phe Ala Ser Glu Lys Glu Ile Leu Leu Asp
420 425 430

Lys Asp Ser Lys Tyr His Ile Asp Lys Val Thr Glu Val Ile Ile Lys
435 440 445

Gly Val Lys Arg Tyr Val Val Asp Ala Thr Leu Leu Thr Asn
450 455 460

<210> 53 <211>

<212>

<213> Bacillus thuringiensis

775
PRT

5 <400> 53

Met Lys Asn Met Lys Lys Lys Leu Ala Ser Val Val Thr Cys Thr Leu
1 5 10 15

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

ES 2 864 641 T3

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

ES 2 864 641 T3

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

ES 2 864 641 T3

Ile Ala Ala Lys Asp Tyr Lys Asn Pro Glu Asp Lys Thr Pro Ser Leu
530 535 540

Thr Ile Lys Glu Gly Leu Lys Ile Ala Tyr Pro Glu Ser Ile Ser Glu
545 550 555 560

Asp Lys Asp Gly Ile Leu Phe Tyr Glu Tyr Lys Asn Asp Glu Gly Lys
565 570 575

Val Thr Lys Lys Gln Leu Ser Glu Glu Asn Ile Met Pro Tyr Leu Asp
580 585 590

Glu Asp Thr Ser Lys Glu Phe Glu Arg Gln Leu Ser Asp Gly Ser Ala
595 600 605

Lys Gly Leu Tyr Asp Ile Lys Leu Thr Pro Lys Met Asn Ile Thr Ile
610 615 620

Arg Leu Ala Thr Val Thr Leu Gly Phe Asp Asp Gln Phe Ser Ala Tyr
625 630 635 640

Pro Trp Glu Asn Ala Thr Trp Ser Asp Lys Phe Gly Asn Leu Arg Leu
645 650 655

Gly Ser Leu Ala Ile Pro Gln Glu Ser Lys Tyr Thr Ile Pro Lys Asp
660 665 670

Lys Val Lys Pro Asn Tyr Asp Tyr Leu Ile Thr Gly Tyr Ile Lys His
675 680 685

Asp Phe Thr Thr Asp Asn Glu Ser Leu Gly Ile Val Ala Phe Thr Lys
690 695 700

Lys Asp Asn Phe Glu Met Trp Asn Met Gly Thr Ser Ile Phe Ser Gln
705 710 715 720

Asn Ser Gly Gly Glu Phe Lys Lys Phe Thr Ile Lys Thr Gln Asn Ile
725 730 735

Ser Gly Asp Tyr Ile Leu Asp Ser Ile Gln Leu Met Lys Arg Asn Asn
740 745 750

Asp Val Asn Lys Ile Asp Ser Tyr Leu Asp Asp Ile Ser Ile Ile Pro
755 760 765

Ile Gly Pro Asn Lys Ser Arg
770 775

<210>

54

<211>

<212>

126
PRT

<213> Bacillus thuringiensis

<400>

54

Met Thr Val Tyr Asn Ala Thr Phe Thr Ile Asn Phe Tyr Asn Glu Gly
1 5 10 15

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

Asn Pro Asp His Asp Phe Glu Ile Trp Lys Gln Asp Asp Trp Gly Lys
35 40 45

Ser Thr Pro Glu Arg Ser Thr Tyr Thr Gln Thr Ile Lys Ile Ser Ser
50 55 60

Asp Thr Gly Ser Pro Ile Asn Gln Met Cys Phe Tyr Gly Asp Val Lys
65 70 75 80

Glu Tyr Asp Val Gly Asn Ala Asp Asp Ile Leu Ala Tyr Pro Ser Gln
85 90 95

Lys Val Cys Ser Thr Pro Gly Val Thr Val Arg Leu Asp Gly Asp Glu
100 105 110

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

<210>

55

<211>

462

<212>

PRT

5 <213> Bacillus cereus

<400>

55

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

Val Val Thr Lys Thr Val Leu Leu Ser Thr Val Phe Ser Ile Ser Leu
20 25 30

Leu Asn Asn Glu Val Ile Lys Ala Glu Gln Leu Asn Ile Asn Ser Gln
35 40 45

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

ES 2 864 641 T3

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

ES 2 864 641 T3

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

Gly Lys Lys Pro Ile Pro Glu Asn Ile Thr Val Tyr Arg Trp Cys Gly
340 345 350

Met Pro Glu Phe Gly Tyr Gln Ile Ser Asp Pro Leu Pro Ser Leu Lys
355 360 365

Asp Phe Glu Glu Gln Phe Leu Asn Thr Ile Lys Glu Asp Lys Gly Tyr
370 375 380

Met Ser Thr Ser Leu Ser Ser Glu Arg Leu Ala Ala Phe Gly Ser Arg
385 390 395 400

Lys Ile Ile Leu Arg Leu Gln Val Pro Lys Gly Ser Thr Gly Ala Tyr
405 410 415

Leu Ser Ala Ile Gly Gly Phe Ala Ser Glu Lys Glu Ile Leu Leu Asp
420 425 430

Lys Asp Ser Lys Tyr His Ile Asp Lys Val Thr Glu Val Ile Ile Lys
435 440 445

Gly Val Lys Arg Tyr Val Val Asp Ala Thr Leu Leu Thr Asn
450 455 460

<210> 56 <211>

<212>

<213> Brevibacillus laterosporus

457
PRT

5 <400> 56

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

Lys Asn Phe Tyr Lys Asn Leu Ile Cys Met Ser Ala Leu Leu Leu Ala
20 25 30

Met Pro Ile Ser Ser Asn Val Thr Tyr Ala Tyr Gly Ser Glu Lys Val
35 40 45

Asp Tyr Leu Val Lys Thr Thr Asn Asn Thr Glu Asp Phe Lys Glu Asp
50 55 60

Lys Glu Lys Ala Lys Glu Trp Gly Lys Glu Lys Glu Lys Glu Trp Lys
65 70 75 80

ES 2 864 641 T3

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

ES 2 864 641 T3

Pro Glu Asn Ile Thr Val Tyr Arg Trp Cys Gly Met Ala Glu Phe Gly
340 345 350

Tyr Gln Ile Ser Asp Pro Leu Pro Ser Leu Lys Glu Met Glu Glu Lys
355 360 365

Phe Leu Asn Thr Met Lys Glu Asp Lys Gly Tyr Met Ser Thr Ser Leu
370 375 380

Ser Ser Glu Arg Leu Ser Ala Phe Gly Ser Arg Lys Phe Ile Leu Arg
385 390 395 400

Leu Gln Val Pro Lys Gly Ser Thr Gly Ala Tyr Leu Ser Ala Ile Gly
405 410 415

Gly Phe Ala Ser Glu Lys Glu Ile Leu Ile Asp Lys Asp Ser Asn Tyr
420 425 430

His Ile Asp Lys Ile Thr Glu Val Val Ile Lys Gly Val Lys Arg Tyr
435 440 445

Val Val Asp Ala Thr Leu Leu Thr Lys
450 455

<210> 57 <211>

<212>

454
PRT

<213> Clostridium perfringens

5 <400> 57

Met Lys Lys Val Asn Lys Ser Ile Ser Val Phe Leu Ile Leu Tyr Leu
1 5 10 15

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

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

Asp Phe Leu Lys Asp Lys Glu Asn Ala Ile Gln Trp Glu Lys Lys Glu
50 55 60

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

Glu Leu Tyr Lys Lys Asp Ser Glu Gln Ile Ser Asn Tyr Ser Gln Thr
85 90 95

ES 2 864 641 T3

Arg	Gln	Tyr	Phe	Tyr	Asp	Tyr	Gln	Ile	Glu	Ser	Asn	Pro	Arg	Glu	Lys	100	105	110
Glu	Tyr	Lys	Asn	Leu	Arg	Asn	Ala	Ile	Ser	Lys	Asn	Lys	Ile	Asp	Lys	115	120	125
Pro	Ile	Asn	Val	Tyr	Tyr	Phe	Glu	Ser	Pro	Glu	Lys	Phe	Ala	Phe	Asn	130	135	140
Lys	Glu	Ile	Arg	Thr	Glu	Asn	Gln	Asn	Glu	Ile	Ser	Leu	Glu	Lys	Phe	145	150	155
Asn	Glu	Leu	Lys	Glu	Thr	Ile	Gln	Asp	Lys	Leu	Phe	Lys	Gln	Asp	Gly	165	170	175
Phe	Lys	Asp	Val	Ser	Leu	Tyr	Glu	Pro	Gly	Asn	Gly	Asp	Glu	Lys	Pro	180	185	190
Thr	Pro	Leu	Leu	Ile	His	Leu	Lys	Leu	Pro	Lys	Asn	Thr	Gly	Met	Leu	195	200	205
Pro	Tyr	Ile	Asn	Ser	Asn	Asp	Val	Lys	Thr	Leu	Ile	Glu	Gln	Asp	Tyr	210	215	220
Ser	Ile	Lys	Ile	Asp	Lys	Ile	Val	Arg	Ile	Val	Ile	Glu	Gly	Lys	Gln	225	230	235
Tyr	Ile	Lys	Ala	Glu	Ala	Ser	Ile	Val	Asn	Ser	Leu	Asp	Phe	Lys	Asp	245	250	255
Asp	Val	Ser	Lys	Gly	Asp	Leu	Trp	Gly	Lys	Glu	Asn	Tyr	Ser	Asp	Trp	260	265	270
Ser	Asn	Lys	Leu	Thr	Pro	Asn	Glu	Leu	Ala	Asp	Val	Asn	Asp	Tyr	Met	275	280	285
Arg	Gly	Gly	Tyr	Thr	Ala	Ile	Asn	Asn	Tyr	Leu	Ile	Ser	Asn	Gly	Pro	290	295	300
Leu	Asn	Asn	Pro	Asn	Pro	Glu	Leu	Asp	Ser	Lys	Val	Asn	Asn	Ile	Glu	305	310	315
Asn	Ala	Leu	Lys	Leu	Thr	Pro	Ile	Pro	Ser	Asn	Leu	Ile	Val	Tyr	Arg	325	330	335
Arg	Ser	Gly	Pro	Gln	Glu	Phe	Gly	Leu	Thr	Leu	Thr	Ser	Pro	Glu	Tyr			

ES 2 864 641 T3

	340	345	350	
	Asp Phe Asn Lys Ile Glu Asn Ile Asp Ala Phe Lys Glu Lys Trp Glu			
	355	360	365	
	Gly Lys Val Ile Thr Tyr Pro Asn Phe Ile Ser Thr Ser Ile Gly Ser			
	370	375	380	
	Val Asn Met Ser Ala Phe Ala Lys Arg Lys Ile Ile Leu Arg Ile Asn			
	385	390	395	400
	Ile Pro Lys Asp Ser Pro Gly Ala Tyr Leu Ser Ala Ile Pro Gly Tyr			
	405	410	415	
	Ala Gly Glu Tyr Glu Val Leu Leu Asn His Gly Ser Lys Phe Lys Ile			
	420	425	430	
	Asn Lys Val Asp Ser Tyr Lys Asp Gly Thr Val Thr Lys Leu Ile Leu			
	435	440	445	
	Asp Ala Thr Leu Ile Asn			
	450			
	<210>	58	<211>	4
	<212>			PRT
	<213> secuencia artificial			
5	<220>			
	<223> secuencia de retención del retículo endoplásmico			
	<400>			58
	Lys Asp Glu Leu			
	1			
	<210>	59	<211>	12
10	<212>			ADN
	<213> secuencia artificial			
	<220>			
	<223> secuencia de nucleótidos corriente arriba del sitio de inicio de ATG de axmi-011			
	<400>			59
15	gtgatgaaa aa 12			
	<210>			60
	<211>			969
	<212>			ADN
	<213> Bacillus thuringiensis			
20	<220>			
	<221>			CDS
	<222> (1)..(969)			

<400>

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

ES 2 864 641 T3

225	230	235	240	
cat act ggg cat atg gga atg cag gag tca aga aaa ttt tct tgg aac				768
His Thr Gly His Met Gly Met Gln Glu Ser Arg Lys Phe Ser Trp Asn	245	250	255	
aaa aat acc att gaa tta ttt aat gga cta aaa caa gag caa aaa aat				816
Lys Asn Thr Ile Glu Leu Phe Asn Gly Leu Lys Gln Glu Gln Lys Asn	260	265	270	
aat ata cat ggg att aaa ttt agt aat ggg aaa atg aat gca aac gga				864
Asn Ile His Gly Ile Lys Phe Ser Asn Gly Lys Met Asn Ala Asn Gly	275	280	285	
aca ggt aaa gtt gaa ggt att ttt ggt agt aat cta gtt gta aag gta				912
Thr Gly Lys Val Glu Gly Ile Phe Gly Ser Asn Leu Val Val Lys Val	290	295	300	
aat gat gtt aca gat cca tta aat cct atc cta gta atg act aaa agt				960
Asn Asp Val Thr Asp Pro Leu Asn Pro Ile Leu Val Met Thr Lys Ser	305	310	315	320
tta aaa taa				969
Leu Lys				
<210>	61	<211>		322
<212>				PRT
5 <213> Bacillus thuringiensis				
<400>				61
Val Met Lys Lys Met Asn Lys Lys Pro Met Val Ala Leu Ile Leu Ala	1	5	10	15
Thr Ser Ile Gly Ile Pro Cys Thr Phe Thr Pro Gly Ser Ala Leu Ala	20	25	30	
Ala Glu Asn Ile Gln Thr Ser Val Asn Glu Asn Val Lys Val Gly Ile	35	40	45	
Thr Asp Val Gln Ser Glu Leu Asn Lys Ile Gly Asp Tyr Tyr Tyr Ser	50	55	60	
Asn Asn Leu Ala Asn Thr Thr Ile Lys Pro Pro His His Trp Asp Tyr	65	70	75	80
Thr Leu Lys Lys Asn Pro Asp Lys Val Gly Thr Asn Leu Asp Phe Ser	85	90	95	
Ile Thr Gly Thr Ala Ser Lys Leu Asn Tyr Asp Ser Val Thr Pro Ile	100	105	110	
Tyr Ile Gly His Asn Glu Phe Asn Asn Asp Ser Asp Gln Pro Gln Lys				

ES 2 864 641 T3

115 120 125

Phe Thr Thr Ser Lys Phe Thr Lys Ala Val Thr Glu Gly Thr Thr Ser
130 135 140

Thr Val Thr Asn Gly Phe Arg Leu Gly Asn Pro Gly Leu Asn Leu Phe
145 150 155 160

Thr Ile Pro Leu Ile Leu Ser Asp Gly Met Lys Ile Asn Ala Glu Phe
165 170 175

Asn Ser Ser Thr Ser Glu Ser Gln Gln Lys Ser Glu Thr Lys Thr Ile
180 185 190

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

Val Asp Val Val Leu Glu Gln Thr Ser Tyr Trp Ala Asp Val Thr Phe
210 215 220

Thr Gly Glu Gly Ile Asn Leu Asn Thr Thr Ile Asn Ala Thr Gly Ile
225 230 235 240

His Thr Gly His Met Gly Met Gln Glu Ser Arg Lys Phe Ser Trp Asn
245 250 255

Lys Asn Thr Ile Glu Leu Phe Asn Gly Leu Lys Gln Glu Gln Lys Asn
260 265 270

Asn Ile His Gly Ile Lys Phe Ser Asn Gly Lys Met Asn Ala Asn Gly
275 280 285

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

Asn Asp Val Thr Asp Pro Leu Asn Pro Ile Leu Val Met Thr Lys Ser
305 310 315 320

Leu Lys

<210> 62 <211>

<212>

5 <213> secuencia artificial

<220>

<223> secuencia de unión ribosomal

<400>

gtgatg 6

62

10 <210>

<211>

<212>

<213> secuencia artificial

63

5

ADN

<220>

15 <223> secuencia de unión ribosomal

<400>
gaga 5

63

5

REIVINDICACIONES

1. Una molécula de ácido nucleico que comprende una secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido que tiene actividad pesticida, en la que dicha secuencia de nucleótidos es seleccionada del grupo que consiste en:
 - a) la secuencia de nucleótidos de SEQ ID NÚM.: 1 o 60, o uno de sus complementos;
 - 5 b) una secuencia de nucleótidos que tiene al menos una identidad de secuencia del 80% con respecto a la secuencia de nucleótidos de SEQ ID NÚM.: 1 o 60, o uno de sus complementos;
 - c) una secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido que comprende la secuencia de aminoácidos de SEQID NÚM.: 2 o 61;
 - 10 d) una secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 80% de identidad de secuencia con la secuencia de aminoácidos de SEQID NÚM.: 2 o 61;
 - e) la secuencia de nucleótidos del inserto de ADN del plásmido depositado como Núm. de Acceso NRRL B-30961, o uno de sus complementos.
- 15 2. La molécula de ácido nucleico de la reivindicación 1, en la que dicha secuencia de nucleótidos es una secuencia sintética que ha sido diseñada para la expresión en una planta.
3. La molécula de ácido nucleico de la reivindicación 1 o 2, en la que dicha molécula de ácido nucleico está operativamente ligada a un promotor capaz de dirigir la expresión de la secuencia de ácido nucleico en una célula vegetal.
- 20 4. Un vector que comprende la molécula de ácido nucleico de la reivindicación 1, 2 o 3, opcionalmente en el que dicho vector comprende además una molécula de ácido nucleico que codifica un polipéptido heterólogo.
5. Una célula huésped que contiene la molécula de ácido nucleico de la reivindicación 1, 2 o 3, o el vector de la reivindicación 4.
6. La célula huésped de la reivindicación 5 que es una célula huésped vegetal o una célula huésped bacteriana.
- 25 7. Una planta transgénica, célula vegetal o semilla vegetal que comprende la molécula de ácido nucleico de las reivindicaciones 1, 2 o 3, el vector de la reivindicación 4 o la célula huésped de la reivindicación 6.
8. La planta transgénica de la reivindicación 7, en la que dicha planta es seleccionada del grupo que consiste en maíz, sorgo, trigo, col, girasol, tomate, crucíferas, pimientos, patata, algodón, arroz, soja, remolacha, caña de azúcar, tabaco, cebada y colza.
9. Un polipéptido aislado con actividad pesticida, seleccionado del grupo que consiste en:
 - 30 a) un polipéptido que comprende la secuencia de aminoácidos de SEQID NÚM.: 2 o 61;
 - b) un polipéptido que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos una identidad de secuencia del 80% con respecto a la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NÚM.: 2 o 61, en el que dicho polipéptido tiene actividad pesticida;
 - c) un polipéptido codificado por la secuencia de nucleótidos de SEQID NÚM.:1 o 60;
 - 35 d) un polipéptido que está codificado por una secuencia de nucleótidos que es al menos 80% idéntica a la secuencia de nucleótidos de SEQ ID NÚM.:1 o 60, en el que dicho polipéptido tiene actividad pesticida;
 - e) un polipéptido codificado por la secuencia de nucleótidos del inserto de ADN del plásmido depositado como Núm. de Acceso NRRL B-30961.
10. El polipéptido de la reivindicación 9 que comprende además secuencias de aminoácidos heterólogos.
- 40 11. Una composición que comprende el polipéptido de la reivindicación 10, opcionalmente en la que dicha composición se selecciona del grupo que consiste en un material pulverulento, polvo, microgránulo, gránulo, aerosol, emulsión, coloide, y solución, y opcionalmente en la que dicha composición es preparada por desecación, liofilización, homogeneización, extracción, filtración, centrifugación, sedimentación o concentración de un cultivo de células bacterianas.
- 45 12. Un procedimiento de control o exterminio de una población de plagas de lepidópteros, coleópteros, nematodos o dípteros que comprende el contacto de dicha población con una cantidad efectiva para uso pesticida de un polipéptido de la reivindicación 9.

13. Un procedimiento de producción de un polipéptido con actividad pesticida, que comprende el cultivo de la célula huésped de las reivindicaciones 5 o 6 en condiciones en las que es expresada la molécula de ácido nucleico que codifica el polipéptido.

5 14. Un procedimiento de protección de una planta de una plaga, que comprende la introducción en dicha planta o célula de al menos un vector de expresión que comprende una secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido pesticida, en el que dicha secuencia de nucleótidos es seleccionada del grupo que consiste en:

a) la secuencia de nucleótidos de SEQ ID NÚM.: 1 o 60;

b) una secuencia de nucleótidos que tiene al menos un 80% de identidad de secuencia con la secuencia de nucleótidos de SEQ ID NÚM.: 1 o 60;

10 c) una secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido que comprende la secuencia de aminoácidos de SEQID NÚM.: 2 o 61;

d) una secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 80% de identidad de secuencia con la secuencia de aminoácidos de SEQID NÚM.: 2 o 61;

15 e) la secuencia de nucleótidos del inserto de ADN del plásmido depositado como Núm. de Acceso NRRL B-30961.

15. El procedimiento de la reivindicación 14, en el que dicha planta produce un polipéptido pesticida que tiene actividad pesticida contra una plaga de lepidópteros, coleópteros, nematodos o dípteros.

20

```

Aaxmi022 : MKRMKKLASVVTCTLLAPMFLNGVNDTVFADSKTNQISSTQENQKN-EMDRKGLLGYFFKGKDFNNLTIFAPTR : 74
iotaB : MNIQIKNVFSFLTLTAMISQITLSYNVYAQTITQNDTNQKEEITNENT--LSSNGLMGYYFADHFKDLELMAPIK : 73
Isp1a : MKYMKKGLSSVIGTTLFASMFNGVNAVYANSKTNQIATITQASKDNQIDREGLLGYFFKGKDFNDLTIFAPTR : 75
Isp1b : MTYMKKKLVSVVTCALLAPMFLNGVNPVYADNQTNLSTAQENQEK-EVDRKGLLGYFFKGKDFNHLTLFAPTR : 74
vipl1a(b) : MKNMKKKLASVVTCTLLAPMFLNGVNAVADSKINQISSTQENQOK-EMDRKGLLGYFFKGKDFNNLTMFAPTR : 74
vipl1a(c) : MKNMKKKLASVVTCTLLAPMFLNGVNAVYADSKTNQISSTQKNQOK-EMDRKGLLGYFFKGKDFNNLTMFAPTR : 74

Aaxmi022 : ENTLIYDLETANSLLDKQQQTYQSIRWIGLIIKSKKAGDFTFQLSDDEHAIIEIDGKVISQKGQKQVVHLEKDKL : 149
iotaB : NGDLKPEEKVDKLLTEDNSSIKSIRWTGRIIPSEDEGEYILST-DRNDVLMQINAKGDIATLK--VNMMKKGQA : 144
Isp1a : DNTLIYDQQTANTLVQKHQYHSIRWIGLIQSSATGDTFFKLSDDENAIIELDGKVISEKGNKQSVHLEKGQL : 150
Isp1b : DNTLIYDQQTVDFLDKKQEQYQSIRWIGLIQSKETGDTFFNLSDDKNAIIEIDGKTIISHKGQKQVVHLEKGKL : 149
vipl1a(b) : DNTILMYDQQTANALLDKKQEQYQSIRWIGLIQKQKQEQYQSIRWIGLIQSKDEQAIIEIDGKIIISNKGKEKQVVHLEKEKL : 149
vipl1a(c) : DNTLIYDQQTANKLLDKKHQEQYQSIRWIGLIQSKQKQEQYQSIRWIGLIQSKDEQAIIEIDGKIIISNKGKEKQVVHLEKEKL : 149

Aaxmi022 : VPIKIEYQSDKALNPDQSOMFKELKLFKINSQKQSQVQVQDELRNPEFGKEKTQTYLKKASKSSLSFNKSKRDIDE : 224
iotaB : YNIRIEIQDKNLGSIDNLSVPKLYWELNGNKTVIP---EENLFFRDYSKIDENDPFI--NNNFFDVRFFSAWE : 214
Isp1a : VQIKIEYQSDDALHIDNKIFKELKLFKIDSQNSHQVQVQDELRNPEFNKKTQVFLKKASKTNLFTQTKRDIDE : 225
Isp1b : VPIKIEYQSDQIVNRDSKIFKEFKLFKVDSSQSQSHQVQVQDELRNPEFNKKTQVFLKKASKTNLFTQNMKRDIDA : 224
vipl1a(b) : VPIKIEYQSDTKFNIDSKTFFKELKLFKIDSQNSQ---QVQLRNPEFNKKSQEQFLAKASKTNLQKQMKRDIDE : 221
vipl1a(c) : VPIKIEYQSDTKFNIDSKTFFKELKLFKIDSQNSQSQVQVQDELRNPEFNKKSQEQFLAKASKTNLFTQNMKRDIDE : 224

```

FIGURA 1A

[illegible]**FIGURA 1B**

```

460      *      480      *      500      *      520
Axmi022 : YPEKGKNGIAITTTMDDFNSHPITLTKQQLDKLLYNVTPLMLETTQVEGTYKKKDVVDGNIITGG-TWSGVTQQIEA : 517
iotaB : YPKKGLSPLALNTMDQFNARLIPINYDQLKKLDGK-QIKLETTQVSGNYGTKNSQSQIITEGNSWSNYSIQIDS : 511
Isp1a : YPEKGKNGIAINTMDDFNSRPIPLNKEQLNTYLSNKKPILLETQVEGKYAIKDTNGNITIAG-DWNGITDEISA : 513
Isp1b : YPKKGQNGIAINTMDDFNSRPIPLNKEQLDQIFNNK-PLMLETNADGVYKIKDTSGNIVTGG-EWNGVIQIQIA : 510
viplA(b) : YPEIGENAIATSMDDFNSHPITLTKQQVNLINNK-PIMLETDQTDGVYKIRDTGNIVTGG-EWNGVTQQIKA : 508
viplA(c) : YPAS-KEGISLKTMDDFNSHPITLTKPQLDAVLNNE-VIKINTDQTDGRYGIIGVDGKAEIGD-RWSPIIDEIKG : 510

      *      540      *      560      *      580      *      600
Axmi022 : QTASIIIVDTGE-GVSEKRIAADYDDPEDKTPSLTLKDALKIGYPEEIEB-KNDLLYYK GK-----IISES : 581
iotaB : VSASIIILDGTS-QTFERRVAAKEQGNPEDKTPETITGEAIKKAFSATKNG--ELLYFN GIP-----IDES : 573
Isp1a : KTASIIIVDNGN-QMSEKRVAADYTNPEDKTPNLSVKEALKLAYPDEIEB-KDGLLFYNDQ-----PIFEA : 577
Isp1b : KTASIIIVDTGE-GVSEKRVAADYDNPEDKTPSLSLKEALKGYPEEIKE-KDGLLYYNDK-----PIYES : 574
viplA(b) : KTASIIIVDDGK-QVAEKRVAAKDYGHPEDKTPPLTLKDTLKSYPDEIKE-TNGLLYYDDK-----PIYES : 572
viplA(c) : RTASIIIDPADGKALETRIAADYKNPEDKTPSLTIKEGLKIAYPESESISEDKDGLIFYEYKNDEGKVTKKQLSEE : 585

      *      620      *      640      *      660      *
Axmi022 : SVMTFLDNGTSEKVKKQIEDKTKGFKDVQHLYDVVKLTGPMNFTIKLASIYDSVDNFSG-----SQ-SLGALN : 647
iotaB : CVELIFDDNTSEIIKEQLKYLLD-----KK-IYNVKLERGMNIIKVP SYFTNFDEYNN-----FPASWSNID : 635
Isp1a : SVQSYVDEYTAQIRKQLNDSTGSKFDVKNLYDVVKLEPKMNFTIKTSTLYDGGESDNT-----KIGNWYTTY : 644
Isp1b : SVMTYLDENTAKEVKEQLNDITGKFKDVKQLFDVKLTGPMNFTIKLATLYDGAEDGSSPTDVGISSPLGEWAFKP : 649
viplA(b) : SVMTYLDENTAKEVKKQINDITGKFKDVNHLVDVKLTGPMNFTIKMASLYDGAENHN-----SLGTWYLT : 639
viplA(c) : NIMPYLDEDTSEKEFERQLSDGS-----AKGLYDIKLTGPMNITIRLATVTTLGFDDQFS-----AYPWEN : 644

```

FIGURA 1C

```

680      *      700      *      720      *      600      *
Axmi022 : SISKVAGGNTGKNQYQSSSN-----AYISLSSSTKGELNKNNTYYLSNYMRADADTEPTIELKGEKS-TIKSQK : 716
iotaB   : TKN-----QDGLQSVANKLSG-----ETKIIIPMSKLPYKRYVFGSKDPSTSNISITVNIKSK--EQKTD : 695
Isp1a   : VVN---GGNTGKKQYRSANKG-----AFTELSTESKNKLKNIDYVSLYMKADSKVSDIEIDGKQE-SIVTDN : 710
Isp1b   : DINNVEGGNTGKRQYQLSKNKDGYYYGMLALSPEVSNKLKKNYQYYISMSIKADAGVEPTVTVMNLLANGIVDKK : 724
viplA(b) : NVA---GGNTGKRQYRSAHS-----CAHVALSSEAKKKLNQNYLMSYMKADSTTEPTIEVAGEKS-AITSKK : 705
viplA(c) : ATWSDKFGNLRGLSLAIPQES-----KYTIPKDKVKPNYDYLITGYIKHDFTTDNESLGIVAFTKKDNFEMWNMG : 714

760      *      780      *      800      *      820
Axmi022 : VKLNNKG---YQVVDILVENTESNPIHQIYVHG-----NNKTNVWDDVSLTEVSAIKQELPDISDKEIQR : 779
iotaB   : YLVPEKD---YTKFSYEFETTKDSSDIEITLT-----SSGVIFLDNLSITELNSTPEILK----- : 748
Isp1a   : ITLDHVG---YQRINILVPLNLEGNEINTISIKG-----DGQTNVWDDVSVFVEVGAEIEY----- : 763
Isp1b   : LKLSSNG---YQRFDILVDNSESHPINVMVIDLGVSQQDYNYSKNYIIDDITITEVSAMKVKN----- : 785
viplA(b) : VKLNNQN---YQVVDILVKNSEPNMDKIYIRG-----NGTTNVYGGDDVTIPEVSAINPAS----- : 758
viplA(c) : TSIFSQNSGGGEFKFTTQNTQNISGDYILDSIQLMK---RNNDVNKIDSYLDDISIIPGPNKSR----- : 775

840      *      860      *      880      *      900
Axmi022 : AHTFKKEQLSLDGKYNMNELTLHVDSLKDKNKPVQFSYKVKDGEKDLGTSYTPDKQGNININFLDYNRGFGISK : 854
iotaB   : -----E-----PEIKVPSDQEIILDAHNKYYADIKLDTN : 776
Isp1a   : -----KDPVPQFDIIEGDFDFFGDPLAVKY : 788
Isp1b   : -----LSDEEIQEIFKDSITIEYGNPSFVAD : 783
viplA(b) : ----- :
viplA(c) : ----- :

```

FIGURA 1D

	*	920	*	940	*	960	*
Axmi022	:	DHKIQIYAVRKDQEVKVAELKNYNMSGTIRFSNDGESGLPEIYGYIFMTPEGQYVPSPVGGIHQIWSRYVTSTYK	:				
iotaB	:	TGNTYIDGIYFEPTQTNKEALDYIQKYRVEATLQYSG	:			-FKDIGTKDKIEIRNYLGDQNQP	929
Isp1a	:	H-----DATYFIDSPILITQTPTGTFSTYKVIQE	:			-----QTKTVLDSGSGK	834
Isp1b	:	-----	:			-----	828
viplA(b)	:	-----AVTFKNIKPLQNVYKVEYEIYHKSHR	:			-----YEKKTVP	815
viplA(c)	:	-----	:			-----	-
		980	*	1000	*	1020	*
Axmi022	:	WSTQSYDFASFNSDIKTVHFGYVKELDDTNGDDILAYLENKYESHGLEGSVVLGEDRGSNVTVEYHIKLG	:			1040	
iotaB	:	KTNYINFRSYFTSGENVMTYKKLRIVAVTPDNRELLVLSVN	:			-----	1002
Isp1a	:	NANRINLDFKNVKSDRSFLYTLSCKDDLWGSTRTAVVRIFAVD	:			-----	875
Isp1b	:	-----	:			-----	871
viplA(b)	:	DIMGVHYEYSIAREQKAA	:			-----	-
viplA(c)	:	-----	:			-----	834

axmi022	:	*	20	*	40	*	50
viplab	:	MKRMKKLASVVTCTLLAPMFINGNVDTVPADSKTNQISSTQENQKNEMD					
	:	MKNMKKLASVVTCTLLAPMFINGNVNAVNDKINQISITTTQENQQKEMD					
	:	MK MKKKLASVVTCLAPMFINGNV1 V ADK NQIS3TQENQ EMD					
axmi022	:	60	*	80	*	100	
viplab	:	RKGLLGYFFKGKDFNNLTIFAPTRENTLIYDLETANSLLDKQQQTYQSIR					100
	:	RKGLLGYFFKGKDFNNLTMFAPTRDNTLMYDQQTANALLDKKKQEQYSIR					
	:	RKGLLGYFFKGKDFNNLT6FAPTR NTL6YD 2TAN LLDK QQ YQSIR					
axmi022	:	*	120	*	140	*	150
viplab	:	WIGLIKSKAGDFTFQLSDDEHAIIEIDGKVISQKGKKQVVHLEKDKLV					
	:	WIGLIQRKETGDTFNLSKDEQAIIEIDGKIISNKGKEKQVVHLEKEKLV					
	:	WIGLI K GDFTF LS DE AIIEIDGK6IS KG KQVVHLEK KLV					
axmi022	:	160	*	180	*	200	
viplab	:	PIKIEYQSDKALNPDQSOMFKELKLFKINSQKQSQVQQDELNPEFGKEK					200
	:	PIKIEYQSDTKFNTDSTFKELKLFKIDSQNSQ---QVQLRNPEFNKKE					
	:	PIKIEYQSD N DS FKELKLFKI1SQ QSQ Q 2LRNPEF K					
axmi022	:	*	220	*	240	*	250
viplab	:	TQTYLKKASKSSLSFNKSKRDIDEDTDGDAIPDVWEEENGYTIKG					
	:	SQEFLAKASKTNLFKQKMK----RDIDEDTDGDSIPDLWEEENGYTIQ					
	:	3Q 5L KASK3 LF K K DIEDTDTDGD IPD6WEEENGYTI					
axmi022	:	260	*	280	*	300	
viplab	:	RVAVKWDEGLADKGYKKFVSNPFRQHTAGDPYSDYEKASKDLDSNAKET					300
	:	KVAVKWDDSLASKGYTKFVSNPLDSTHTVGDPTDYEKAARDLDLSNAKET					
	:	4VAVKWDLA KGY KGVSNP HT GDPY3DYEKA 4DLDSNAKET					

FIG. 2A

```

axmi022      :      *      320      *      340      *      350
viplab       :      FNPLVAAFPPSVNVSLFNVTISKDENKTAEIASTSSNNWSYINTEGASIEA
               :      FNPLVAAFPPSVNVSMKVLSPNENILSNVESHSSTNWSYINTEGASIEA
               :      FNPLVAAFPPSVNVSE V 6S 1EN 3 6 S SS NWSYINTEGASIEA

axmi022      :      360      *      380      *      400
viplab       :      GIGPEGLLSFGVVSANYQHSETVAKWGTTKGDTAQYNTASAGYLNANVRY
               :      GGGP-LGLSFGVSVTYQHSETVAQEWGTSTGNTSQFNTASAGYLNANVRY
               :      G GP LSGVVS YQHSETVA EWGT3 G1 3Q5NTASAGYLNANVRY

axmi022      :      *      420      *      440      *      450
viplab       :      NNVGTAAIYDVVKPTTNFVLDKTTLATIKAKENATADHIIPGNSYPEKGKN
               :      NNVGTGAIYDVVKPTTSFVLNNNTIATITAKSNSTALRISPGDSYFETGEN
               :      NNVGT AIYDVVKPTT FVL1 T6ATI AK N TA I PGISYPE G N

axmi022      :      460      *      480      *      500
viplab       :      GIAITMDDFNSHPITLKNQQLDKLLYNVTPMLLETTQVEGTYKKRDVDG
               :      AIAITSMDDFNSHPITLKNQQVNLNNK-PIMLETDQTDGVYKIRDTH
               :      IAIT3MDDFNSHPITLKNQQ61 L6 N P6MLET Q G YK 4D G

axmi022      :      *      520      *      540      *      550
viplab       :      NIITGGTWSGVTQOIEAQOTASIIIVDTGEGVSEKRIAADYDDPEDKTPSL
               :      NIVTGGEWNGVTQOIKAKTASIIIVDDGKQVAEKRVAAKDYGHPEDKTPPL
               :      NI6TGG W GVTQOI A TASIIVD G V EKR6AAKDY PEDKTP L

axmi022      :      560      *      580      *      600
viplab       :      TLKDALKIGYPEEIEBKNDLLYYKGIISSESSVMFTLDNGTSEKVKKQIE
               :      TLKDTLKLSPDEIKEITNGLLYYKGEPIYESSVMFTYLDENTAKEVKKQIN
               :      TLKD LK6 YP EI E N LYYKG I ESSVMT5LD T VKKQI

```

FIG. 2B

FIG. 2C

axmi022	:	*	920	*	940	*	
viplab	:		FMTPEGQYPVSPVGGIHQIWSRYTSTYKWTQYSYDFASFNSDIKTVHF				950
	:		-----				
axmi022	:	*	960	*	980	*	
cry37aal	:		NGYVKELDDTINGDDILAYLENKYESHGLEGSVLEGDERSNVTVEYHIK				1000
	:		-----				
axmi022	:		LK-				
viplab	:		---				

FIG. 2D

axmi022 CRY37aAL	:	*	20	*	40	*	50
	:	-----					
	:	60	*	80	*	100	
axmi022 CRY37aAL	:	-----					100
	:	*	120	*	140	*	
axmi022 CRY37aAL	:	-----					150
	:	160	*	180	*	200	
axmi022 cry37aal	:	-----					200
	:	*	220	*	240	*	
axmi022 cry37aal	:	-----					250
	:	260	*	280	*	300	
axmi022 cry37aal	:	-----					300
	:	*	320	*	340	*	
axmi022 cry37aal	:	-----					350
	:	360	*	380	*	400	
axmi022 cry37aal	:	-----					400
	:	*	420	*	440	*	
axmi022 cry37aal	:	-----					450
	:	460	*	480	*	500	
axmi022 cry37aal	:	-----					500

FIG. 3A

axmi022	:	*	520	*	540	*	550
cry37aal	:	NIITGGTWSGVTQQIEAQTAIIIVDTGEGVSEKRIAAKDYYDDPEDKTPSL -----					
axmi022	:	560	*	580	*	600	600
cry37aal	:	TLKDALKIGYPEEIEEKNDLLYYKGIIESSVMTFLDNGTSEKVKKQIE -----					
axmi022	:	*	620	*	640	*	650
cry37aal	:	DKTGKFDVQHLYDVKLTPGMNFTIKLASIYDSVDFNFGSQSLGALNSIS -----					
axmi022	:	660	*	680	*	700	700
cry37aal	:	KVAGGNTGKNQYQSSSSNAYISLSSSTKGEIKNNTTYILSMYMRADADTE -----					
axmi022	:	*	720	*	740	*	750
cry37aal	:	PTIELKGEKSTIKSQKVKLNKGYQQRVDILVENTESNPIHQIYVHGNNKT -----					
axmi022	:	760	*	780	*	800	800
cry37aal	:	NVYWDDVSLTEVSAIKQELPDISDKETQRAHTFKKEQLSLDGKYMNELTL -----					
axmi022	:	*	820	*	840	*	850
cry37aal	:	HVDSLKDKNNKPVQFSYKVKDGEKDLGTSYTPDKQGNININFLDYNRGF -----					
axmi022	:	860	*	880	*	900	900
cry37aal	:	GISKDHKIQIYAVRKDQEVKVAELKNYNMSGTIRFNSNDGESGLPETYGYI -----					
		6 YN 3TI F N GE G PE YGYI					

FIG. 3B

axmi022	:		*	920	*	940	*
cry37aal	:	FMTPEGQYPVSPVGGIHIQIWSRYTSTYKWKSTQSYDFASFNSDIKTVHF					950
	:	KAYLTN--PDHDFEIKWKQDDWKSTPEPSTYTQTIKISSDTGSPINQMCF					
		P Q T TQ S I 6 F					
axmi022	:		960	*	980	*	1000
cry37aal	:	NGYVKELDDTNGDDIILAYLENKYESHGLEGSVVLEGDERGNSNVTVEYHIK					1000
	:	YGDVKEYDVGNAADDIILAYPSQKVCST-PGVTVRLDGDEKGSYVTIKYSLT					
		G VKE N DDILAY K S 3V L GDE4GS VT6 Y 6					
axmi022	:	LK-					
cry37aal	:	PA-					

FIG. 3C

```

Axmi023:  *      20      *      40      *      60      *      80
-----MHQTIKNLSICIATVSLGQYFISSTTVYAAENQINSLNKVEQILDFGRDKEKAKEWADTYF:64
---MVIIFTNVKGNELKNFYKNLICMSALLAMPISSNVTYAYGSE---KVDYLVKTTNTNTEDFKEDKEKAKEWGKE---:74
MKRMEGKLFMVSTKLOAVTKAVLLSTVLSISLNNNEVIKABQLNMNSQKYNFENLKITDKVEDFKEDKEKAKEWGKE---:79
-----MKKVNKSISVFLILYLILTSSFPSYTYAQDLQIAS---NYITDRAFIERPEDFLKDKENAIQWEKKEA:65
-----MKNLIKVEENKTPQTQTIYTSFN-A:24

Axmi023:  *      100     *      120     *      140     *      160
KDWKKTINNEQK---KLNDIKRLTQLNKIGKFDQNSEMFSSKDKEDIDKIDKALNNKNAKLTKSILNVYKNLNGKDLGYV:142
KEKEWKLTVTEKTRMNNFLDNKNNDIKKNYKEITFSMAGSFED---EIKDLKEIDKMFDK---ANLSSSTVTYKNVPESTIGFN:151
KEKEWKLTAATEKGKMMNFDNKNNDIKTNKYKEITFSMAGSFED---EIKDLKEIDKIFDK---ANLSSPIITYKNVPEPATIGFN:156
ERVEKNLDTLEKEALELYKKDSEQISNYSQTRQYFYDYQIESNPKEKEYKNLRNAISK---NKIDKPINVYFYESPEKFAFN:144
TDIGFASNSDIKDGFLNDFDEQKINTIIKYLMGMNFPDFRVGNLLPSEPHSTVNAFFTQ---RRILIELEVPAAGTYLAHLGNG:103

Axmi023:  *      180     *      200     *      220     *      240
EGYFNVPNSPNKIDRTKYKNKLVNEFKYGAINTFMNTIDLTQDTNKNSTPILLSLKLPGTK---IG-----QLNEEHIITD:214
KPLTEG---NTINTDVQAQFKEQFLGDKIDKFDSDYLDTHLTAQNVSSKERIILQVTVPSSGKGSTIPTKAGVILNNNEYKMLID:230
KSLTEG---NTINSDAMAQFKEQFLDRDIDKFDSDYLDTHLTVQQVSSKERVILKVVPSSGKGSTPTTKAGIILNNSEYKMLID:235
KEIRTENQNEISLEKFNELKETIQDKLFRQDGFQDVSLYEPGNGDEKPTPLLHLKLPKN---TGMLPYINSNDVKTLE:221
QTIFPLDYGMKLTDAQGTIIIGKQVLKALVWPCKDDILKETNVQMFIYKSISNILRSKG---FDEKDIESLKAQCMFIFSG:182

```

FIGURA 4A

Axmi023:	*	260	*	280	*	300	*	320
isp2a:	RNLGIEIKKTSII	VEKGREVIK	LEGDVVPKTKIQEKVKKAESDLNQKFEITGLKQNLISLKIDNLYTSASIDR-TETVIK:294					
vip2Ab-AA086513:	NGYVLHVDNI	SKVVKGYECLIQGTLKKSIDFKNDINAEAHRWGMKNYEGWAKNLTPQREALDGYARQDYKQINDYLRN:311						
iotaA:	NGYMHVDKVK	SKVVKGYECLQVEGTLKKSIDFKNDINAGAHSWGKMYEAWKDLTDLQREALDGYARQDYKEINNYLRN:316						
axmi041:	QDYSIKIDKIVR	IVIEGKQYIKAEASIVNSLDFKDDVSKG-DLWKENYSDWSNKLTPNELADVNDYMRGGYTAIINNYLIS:301						
	PVLLAIENSQS	AMLDLLTNEYIPNNLLRDTLLKLQKHAGIAFLSVPICMDKAIAGSTS-----FP-----K:244						
Axmi023:	*	340	*	360	*	380	*	400
isp2a:	QLVSNVFNLL	LNIMKNMNNKT-LFTITDKILIPGKEGVLGYDYDTISKTLFQIDHLGHKKNNEGNDTNTLLHEFGHAVDHL:374						
vip2Ab-AA086513:	QG--GSGNEK	LDTIQIKNI	SEALERQPI	PENITVYRWCGMAEFGQISDF-----LPSLKEMEKEKFLNTMKEDRGYMSL:384				
iotaA:	QG--CNGNEK	LDAQIKNIS	DALGKKPI	PENITVYRWCGMPEPGYQISDP-----LPSLKDFFEEQFLNTIKEDKGYMSL:389				
axmi041:	NGPLNPNPE	LDSKVNNI	ENALKLTP	IPSNLIVYRRSGPQEFGLTITSPEYDFNKIENIDAFKEKWEKGVITYPNFISTSI:382				
	NG---DKPN	MSIIPTHQ	SILLSQ	DEHISTSRTLHHEPGHV	IDREILNGISS-----TPEFKALFEKEKNITEINTYANYAK:318			
Axmi023:	*	420	*	440	*	460	*	480
isp2a:	AKGEIQSKSS-KF	IEIFNRERGNITIEPYIKQDAAEFFAGVFNVL	YSPKISDREQIQKEAPDACKFIRNLIHGLH-:448					
vip2Ab-AA086513:	SSERLSAFGSR	KFILRLQVPK	GSTGAYLSAIGGFASEKEILLDKDSNYHIDKITEVIRGVKRYVVDATLLTK-:457					
iotaA:	SSERLA	AFGSRKIILRLQVPK	GSTGAYLSAIGGFANEKEILLDKDSKYHIDKVTEVILKGVKRYVVDATLLTN-:462					
axmi041:	GSVNMSAFAKR	KIILRINIPKDS	PGAYLSAIPGYAGEYEVLLNHGSKFKINKVDSYKDGTVTKLILDATLIN-:454					
	TNSQEFFAEV	FKSMVSMGNEKYPSSYYRDSIEKEAPETVRFIKDKLKEKGYVL-----:371						

FIGURA 4B