(19) OFICINA ESPAÑOLA DE PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA

(11) Número de publicación: **2 776 730**

(51) Int. CI.:

A01H 5/00 (2008.01)
A01H 1/00 (2006.01)
C07H 21/02 (2006.01)
C07H 21/04 (2006.01)
C12N 15/00 (2006.01)
C07K 14/21 (2006.01)
G01N 33/68 (2006.01)

(12) TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA T3

(86) Fecha de presentación y número de la solicitud internacional: **11.09.2014 PCT/US2014/055128**

(87) Fecha y número de publicación internacional: **19.03.2015 WO15038734**

(96) Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **11.09.2014 E 14843248 (7)**

(97) Fecha y número de publicación de la concesión europea: **12.02.2020 EP 3043635**

(54) Título: **Proteínas insecticidas y métodos para su uso**

(30) Prioridad:

13.09.2013 US 201361877625 P

(45) Fecha de publicación y mención en BOPI de la traducción de la patente:
31.07.2020

(73) Titular/es:

PIONEER HI-BRED INTERNATIONAL, INC. (100.0%)
7100 N.W. 62nd Avenue
Johnston, Iowa 50131-1014, US

(72) Inventor/es:

DIEHN, SCOTT;
ENGLISH, JAMES;
LIU, LU;
ONG, AZALEA;
ORAL, JARRED;
ROSEN, BARBARA;
SCHELLENBERGER, UTE;
UDRANSZKY, INGRID;
WEI, JUN-ZHI;
XIE, WEIPING y
ZHU, GENHAI

(74) Agente/Representante:

PONS ARIÑO, Ángel

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

Proteínas insecticidas y métodos para su uso

Referencia al listado de secuencias enviado electrónicamente

Se presenta un listado de secuencias que tiene el nombre de archivo "5345PCT_sequence_listing.txt", creado el 28 de agosto de 2014 y que tiene un tamaño de 576 kilobytes, en forma legible por ordenador concurrentemente con la memoria descriptiva. El listado de secuencias forma parte de la memoria descriptiva.

Campo de la invención

La divulgación se refiere al campo de la biología molecular. Se proporcionan nuevos genes que codifican proteínas plaguicidas. Estas proteínas plaguicidas y las secuencias de ácido nucleico que las codifican son útiles en la preparación de formulaciones plaguicidas y en la producción de plantas transgénicas resistentes a plagas.

Antecedentes de la invención

El control biológico de plagas de insectos de importancia agrícola usando un agente microbiano, tal como hongos, bacterias u otras especies de insectos proporciona una alternativa respetuosa con el medio ambiente y comercialmente atractiva a los plaguicidas químicos sintéticos. Hablando en general, el uso de bioplaguicidas presenta un menor riesgo de contaminación y de riesgos biológicos y los bioplaguicidas proporcionan una mayor especificidad de diana que la característica de los insecticidas de amplio espectro tradicionales. Además, los bioplaguicidas normalmente tienen un menor coste de producción y por lo tanto, mejoran el rendimiento económico para una gran variedad de cultivos.

Se sabe que ciertas especies de microorganismos del género *Bacillus* poseen actividad plaguicida contra una serie de plagas de insectos, incluyendo lepidópteros, dípteros, coleópteros, hemípteros y otros. *Bacillus thuringiensis (Bt)* y *Bacillus popilliae* se encuentran entre los agentes de control biológico más exitosos descubiertos hasta la fecha. También se ha atribuido patogenicidad en insectos a cepas de *B. larvae, B. lentimorbus, B. sphaericus* y *B. cereus.* Los insecticidas microbianos, particularmente los obtenidos de cepas de *Bacillus*, han desempeñado un papel importante en la agricultura como alternativas al control de plagas químico.

Se han desarrollado plantas de cultivo con resistencia mejorada a los insectos mediante la modificación por ingeniería genética de las plantas para producir proteínas plaguicidas procedentes de *Bacillus.* Por ejemplo, se han modificado por ingeniería genética plantas de maíz y algodón para producir proteínas plaguicidas aisladas de cepas de *Bt.* Estos cultivos modificados por ingeniería genética actualmente se usan ampliamente en agricultura y han dotado a los granjeros de una alternativa respetuosa con el medio ambiente a los métodos de control de insectos tradicionales. Aunque se ha demostrado que tienen éxito comercial, estas plantas modificadas por ingeniería genética resistentes a insectos proporcionan resistencia únicamente frente a una pequeña variedad de las plagas de insectos con importancia económica. En algunos casos, los insectos pueden desarrollar resistencia a diferentes compuestos insecticidas, lo que genera la necesidad de identificar agentes de control biológico alternativos para el control de plagas.

Por consiguiente, sigue habiendo necesidad de nuevas proteínas plaguicidas con diferentes espectros de actividad insecticida contra plagas de insectos, por ejemplo, proteínas insecticidas que son activas contra una variedad de insectos del orden de los lepidópteros y del orden de los coleópteros, incluyendo, pero sin limitación, plagas de insectos que han desarrollado resistencia a los insecticidas existentes.

El documento US 2012/233726 se refiere a un gen de *Bacillus thuringiensis* con actividad contra lepidópteros.

Sumario de la invención

La invención proporciona una construcción de ADN que comprende una molécula de ácido nucleico heteróloga que codifica un polipéptido de PIP-72 que tiene actividad insecticida contra el gusano de la raíz del maíz occidental (*Diabrotica virgifera virgifera*), en donde el polipéptido de PIP-72 codificado comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 80 % de identidad respecto de la SEQ ID NO: 2.

La invención también proporciona un polinucleótido aislado que comprende una molécula de ácido nucleico que codifica un polipéptido de PIP-72 que tiene actividad insecticida contra el gusano de la raíz del maíz occidental (*Diabrotica virgifera virgifera*), en donde el polipéptido de PIP-72 codificado comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 80 % de identidad respecto de la SEQ ID NO: 2.

La invención proporciona además un casete de expresión que comprende el polinucleótido aislado de la invención unido operativamente a un elemento regulador heterólogo; opcionalmente en donde el elemento regulador es un promotor capaz de expresar una proteína en plantas.

La invención proporciona además una planta transgénica: A. que comprende la construcción de ADN de la invención; o B. transformada de manera estable con la construcción de ADN de la invención.

La invención también proporciona una semilla producida por la planta de la invención, en donde la semilla comprende la construcción de ADN de la invención.

La invención proporciona además una planta descendiente producida a partir de la semilla de la invención.

La invención proporciona adicionalmente una célula hospedadora transformada con la construcción de ADN de la invención; opcionalmente en donde la célula hospedadora es una célula bacteriana o una célula vegetal; preferentemente en donde la célula vegetal es una célula vegetal de monocotiledónea o dicotiledónea.

La invención también proporciona un polipéptido de PIP-72 recombinante que tiene actividad insecticida contra el gusano de la raíz del maíz occidental (*Diabrotica virgifera virgifera*), en donde el polipéptido de PIP-72 comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 80 % de identidad respecto de la SEQ ID NO: 2.

La invención proporciona además una composición que comprende el polipéptido de PIP-72 recombinante de la invención; o B. una proteína de fusión que comprende el polipéptido de PIP-72 de la invención.

La invención proporciona adicionalmente un método: A. para controlar una población de plaga de insectos, que comprende poner en contacto la población de plaga de insectos con una cantidad insecticida eficaz del polipéptido de PIP-72 de la invención; o B. para inhibir el crecimiento o eliminar una plaga de insectos, que comprende poner en contacto a la plaga de insectos con una composición que comprende una cantidad insecticida eficaz del polipéptido de PIP-72 de la invención; o C. para controlar una población de plaga de insectos resistente a una proteína plaguicida, que comprende poner en contacto la población de plaga de insectos con una cantidad insecticida eficaz del polipéptido de PIP-72 de la invención; o D. de control de una infestación por insectos en una planta transgénica y proporcionar el manejo de la resistencia a insectos, que comprende expresar en la planta el polipéptido de PIP-72 de la invención.

La invención también proporciona un método para identificar: A. en una muestra biológica, una secuencia de nucleótidos que codifica el polipéptido de PIP-72 de la invención, comprendiendo dicho método poner en contacto dicha muestra con un polinucleótido que hibrida con la secuencia de nucleótidos en condiciones de hibridación rigurosas y detectar la unión de dicho polinucleótido a dicha secuencia de nucleótidos, en donde dicha unión es diagnóstica para dicha secuencia de nucleótidos en dicha muestra; o B. en una muestra, el polipéptido de PIP-72 de la invención, comprendiendo dicho método poner en contacto dicha muestra con un anticuerpo que se une específicamente a dicho polipéptido y detectar la unión, en donde dicha unión es diagnóstica de la presencia de dicho polipéptido en dicha muestra.

Se proporcionan composiciones y métodos para conferir actividad plaguicida a bacterias, plantas, células vegetales, tejidos y semillas. Las composiciones incluyen moléculas de ácido nucleico que codifican secuencias para polipéptidos plaguicidas e insecticidas, vectores que comprenden dichas moléculas de ácido nucleico y células hospedadoras que comprenden los vectores. Las composiciones también incluyen las secuencias de polipéptidos plaguicidas y anticuerpos para estos polipéptidos. Las secuencias de ácido nucleico pueden usarse 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 se han diseñado para su expresión en un organismo que incluye, pero sin limitación, un microorganismo o una planta. Las composiciones también comprenden bacterias transformadas, plantas, células vegetales, tejidos y semillas.

En particular, se proporcionan moléculas de ácido nucleico aisladas o recombinantes que codifican polipéptidos de la proteína insecticida-72 (PIP-72) de *Pseudomonas* que incluyen sustituciones de aminoácidos, eliminaciones, inserciones y fragmentos de los mismos y combinaciones de los mismos. Además, se abarcan secuencias de aminoácidos que corresponden a los polipéptidos de PIP-72. Se proporcionan moléculas de ácido nucleico aisladas o recombinantes capaces de codificar un polipéptido de PIP-72 de SEQ ID NO: 849, así como sustituciones de aminoácidos, eliminaciones, inserciones, fragmentos de los mismos y combinaciones de los mismos. También están abarcadas secuencias de ácido nucleico que son complementarias a una secuencia de ácido nucleico de los aspectos o que hibrida con una secuencia de los aspectos. También se proporcionan polipéptidos de PIP-72 aislados o recombinantes de SEQ ID NO: 849, así como sustituciones de aminoácidos, eliminaciones, inserciones, fragmentos de los mismos y combinaciones de los mismos.

Se proporcionan métodos para producir los polipéptidos y para usar estos polipéptidos para controlar o eliminar a una plaga de lepidópteros, coleópteros, nematodos, hongos y/o dípteros. Las plantas transgénicas de los aspectos expresan una o más de las secuencias plaguicidas divulgadas en el presente documento. En diversos aspectos, la planta transgénica comprende además uno o más genes adicionales de resistencia a insectos, por ejemplo, uno o más genes adicionales para controlar plagas de coleópteros, lepidópteros, hemípteros o nematodos. Un experto en la materia entenderá que la planta transgénica puede comprender cualquier gen que confiera un rasgo agronómico de interés.

También se incluyen métodos para detectar los ácidos nucleicos y polipéptidos de los aspectos en una muestra. Se proporciona un kit para detectar la presencia de un polipéptido de PIP-72 o detectar la presencia de una secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido de PIP-72 en una muestra. El kit puede proporcionarse junto con todos los reactivos y muestras de control necesarios para llevar a cabo un método para detectar el agente previsto, así como instrucciones de uso.

Las composiciones y métodos de los aspectos son útiles para la producción de organismos con resistencia o tolerancia a plagas mejorada. Estos organismos y composiciones que comprenden los organismos son deseables para fines agrícolas. Las composiciones de los aspectos también son útiles para generar proteínas alteradas o mejoradas que tienen actividad plaguicida o para detectar la presencia de polipéptidos o ácidos nucleicos de PIP-72 en productos u organismos.

Breve descripción de las figuras

La figura 1 muestra el alineamiento de la secuencia de aminoácidos de PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2), PIP-72Ba (SEQ ID NO: 4); PIP-72Ca (SEQ ID NO: 6); PIP-72Cb (SEQ ID NO: 8); PIP-72Da (SEQ ID NO: 10); PIP-72Db (SEQ ID NO: 12); PIP-7200 (SEQ ID NO: 14); PIP-72Ea (SEQ ID NO: 16), PIP-72Fa (SEQ ID NO: 18); GBP_A3175 (SEQ ID NO: 20), SRBS_294080 (SEQ ID NO: 22); JG43047 (SEQ ID NO: 24); SwiRh_4910 (SEQ ID NO: 26); PIP-72Ff (SEQ ID NO: 28), PFL_6283 (SEQ ID NO: 30); PIP-72Gb (SEQ ID NO: 32); XBJ1_1078 (SEQ ID NO: 34); plu2373 (SEQ ID NO: 36); y PIP-72Ge (SEQ ID NO: 38). Se resalta la diversidad de secuencias. Se subrayan los aminoácidos 37-51 (motivo 1) en relación con PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2).

La figura 2 muestra un alineamiento de las secuencias de aminoácidos de PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2), PIP-72Ab (SEQ ID NO: 927); PIP-72Ba (SEQ ID NO: 4); PIP-72Bb (SEQ ID NO: 928); PIP-72Ca (SEQ ID NO: 6); PIP-72Cb (SEQ ID NO: 8); WP_030131237 (SEQ ID NO: 929); PIP-72Da (SEQ ID NO: 10); PIP-72Db (SEQ ID NO: 12); PIP-72Dc (SEQ ID NO: 14); PIP-72Fa (SEQ ID NO: 18); y GBP_A3175 (SEQ ID NO: 20). Se indica mediante sombreado la diversidad de aminoácidos entre PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2) y los otros homólogos.

La figura 3 muestra el alineamiento de la secuencia de aminoácidos de PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2), PIP-72Ba (SEQ ID NO: 4); PIP-72Ca (SEQ ID NO: 6); PIP-72Cb (SEQ ID NO: 8); PIP-72Da (SEQ ID NO: 10); PIP-72Db (SEQ ID NO: 12); y PIP-72Dc (SEQ ID NO: 14). Se indica mediante sombreado la diversidad de aminoácidos entre PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2) y los otros homólogos.

La figura 4 muestra el alineamiento de secuencia de aminoácidos de WP_030131237 (SEQ ID NO: 929); PIP-72Ca (SEQ ID NO: 6); PIP-72Cb (SEQ ID NO: 8); PIP-72Da (SEQ ID NO: 10); PIP-72Db (SEQ ID NO: 12); y PIP-72Dc (SEQ ID NO: 14). Se indica mediante sombreado la diversidad de aminoácidos entre PIP-72Da (SEQ ID NO: 10) y los otros homólogos.

La figura 5 muestra un alineamiento de las secuencias de aminoácidos de PIP-72Fh (SEQ ID NO: 932), PIP-72Gi (SEQ ID NO: 941); PIP-72Fi (SEQ ID NO: 933); PIP-72GI (SEQ ID NO: 944); PIP-72Fa (SEQ ID NO: 14). Se indica mediante sombreado la diversidad de aminoácidos entre PIP-72Ca (SEQ ID NO: 2) y los otros homólogos.

La figura 6 muestra los resultados de eficacia de GH en T0 para los eventos generados a partir de las construcciones PHP61664, PHP61666, PHP61668, PHP64465, PHP64468, PHP64471 y PHP69828. Se observó la eficacia para los eventos procedentes de las construcciones en relación con los eventos de control negativo, medida mediante la protección de la raíz frente al gusano de la raíz del maíz occidental. La protección de la raíz se midió de acuerdo con el número de nódulos de las raíces lesionados (CRWNIS = puntuación de lesión de nódulo por el gusano de la raíz del maíz) usando el método desarrollado por Oleson, et al. (2005) [J. Econ Entomol. 98(1):1-8]. La puntuación de lesión de la raíz se mide de "0" a "3", donde "0" indica ausencia de lesión visible, "1" indica 1 nódulo de daño radicular, "2" indica *2* nódulos de daño radicular y "3" indica una puntuación máxima de 3 nódulos de daño radicular. Cada símbolo (triángulo, cuadrado o círculo) representa un solo evento.

Descripción detallada

Ha de entenderse que la presente divulgación no se limita a la metodología particular, los protocolos, las líneas celulares, los géneros y los reactivos descritos, ya que estos pueden variar. También ha de entenderse que la terminología usada en el presente documento tiene la finalidad única de describir aspectos particulares y no pretende limitar el alcance de la presente divulgación.

Como se usan en el presente documento, las formas del singular "un", "una" y "el" o "la" incluyen referentes al plural, a menos que el contexto dicte claramente lo contrario. Por lo tanto, por ejemplo, la referencia a "una célula" incluye una pluralidad de dichas células y la referencia a "la proteína" incluye la referencia a una o más proteínas y equivalentes de las mismas conocidas por los expertos en la técnica y así sucesivamente. Todos los términos técnicos y científicos usados en el presente documento tienen el mismo significado que el que entiende normalmente un experto habitual en la materia a la que pertenece la presente divulgación, a menos que se indique claramente lo contrario.

La presente divulgación se refiere a composiciones y métodos para controlar plagas. Los métodos implican transformar organismos con secuencias de ácido nucleico que codifican un polipéptido de PIP-72. En particular, las secuencias de ácido nucleico de los aspectos son útiles para preparar plantas y microorganismos que poseen actividad plaguicida. Por lo tanto, se proporcionan bacterias transformadas, plantas, células vegetales, tejidos vegetales y semillas. Las

composiciones son proteínas y ácidos nucleicos plaguicidas de especies bacterianas. Las secuencias de ácido nucleico presentan utilidad en la construcción de vectores de expresión para su transformación posterior en organismos de interés, como sondas para el aislamiento de otros genes homólogos (o parcialmente homólogos) y para la generación de polinucleótidos de PIP-72 alterados mediante métodos conocidos en la técnica, tal como mutagénesis dirigida al sitio, intercambio de dominios o reordenamiento de ADN. Los polipéptidos de PIP-72 resultan útiles para controlar o eliminar poblaciones plagas de lepidópteros, coleópteros, dípteros, fúngicas, hemípteros y nematodos y para producir composiciones con actividad plaguicida. Las plagas de insectos de interés incluyen, pero sin limitación, especies de lepidópteros que incluyen, pero sin limitación: polilla de dorso de diamante, por ejemplo, *Helicoverpa zea* Boddie; gusano falso medidor de la soja, por ejemplo, *Pseudoplusia includens* Walker; y oruga de las leguminosas, por ejemplo, *Anticarsia gemmatalis* Hubner y especies de coleópteros, incluyendo, pero sin limitación, el gusano de la raíz del maíz occidental (*Diabrotica virgifera*) - WCRW, gusano de la raíz del maíz del sur (*Diabrotica undecimpunctata howardi*) - SCRW y gusano de la raíz del maíz del norte (*Diabrotica barberi*) - NCRW.

"Toxina plaguicida" o "proteína plaguicida" se usa en el presente documento para hacer referencia a una toxina que tiene actividad tóxica contra una o más plagas, incluyendo, pero sin limitación, miembros del orden de los lepidópteros, dípteros, hemípteros y coleópteros o del filo de los nematodos o una proteína que tiene homología con dicha proteína. Se han aislado proteínas plaguicidas de organismos que incluyen, por ejemplo, *Bacillus* sp., *Pseudomonas* sp., *Photorhabdus* sp., *Xenorhabdus* sp., *Clostridium bifermentans* y *Paenibacillus popilliae.* Las proteínas plaguicidas incluyen, pero sin limitación: proteínas insecticidas de *Pseudomonas* sp. tales como PSEEN3174 (Monalisina; (2011) PLoS Pathogens 7:1-13); de *Pseudomonas protegens* cepa CHAO y Pf-5 (anteriormente *fluorescens)* (Pechy-Tarr, (2008) Environmental Microbiology 10:2368-2386; n.º de referencia de GenBank EU400157); de *Pseudomonas Taiwanensis* (Liu, et al., (2010) J. Agric. Food Chem., 58:12343-12349) y de *Pseudomonas pseudoalcligenes* (Zhang, et al., (2009) Annals of Microbiology 59:45-50 y Li, et al., (2007) Plant Cell Tiss. Organ Cult. 89:159-168); proteínas insecticidas de *Photorhabdus* sp. y *Xenorhabdus* sp. (Hinchliffe, et al., (2010) The Open Toxicology Journal, 3:101-118 y Morgan, et al., (2001) Applied and Envir. Micro. 67:2062-2069); Patente de los Estados Unidos número 6.048.838 y Patente de los Estados Unidos número 6.379.946; un polipéptido de PIP-1 del número de serie de los Estados Unidos 13/792861; polipéptidos AflP-1A y/o AflP-1B del número de serie de los Estados Unidos 13/800233; polipéptidos PHI-4 del número de serie de los Estados Unidos 13/839702; polipéptidos PIP-47 del número de serie de los Estados Unidos 61/866747; las proteínas insecticidas del número de serie de los Estados Unidos 61/863761 y 61/863763; y δ-endotoxinas que incluyen, pero sin limitación: las clases Cry1, Cry2, Cry3, Cry4, Cry5, Cry6, Cry7, Cry8, Cry9, Cry10, Cry11, Cry12, Cry13, Cry14, Cry15, Cry16, Cry17, Cry18, Cry19, Cry20, Cry21, Cry22, Cry23, Cry24, Cry25, Cry26, Cry27, Cry 28, Cry 29, Cry 30, Cry31, Cry32, Cry33, Cry34, Cry35, Cry36, Cry37, Cry38, Cry39, Cry40, Cry41, Cry42, Cry43, Cry44, Cry45, Cry 46, Cry47, Cry49, Cry 51, Cry52, Cry 53, Cry 54, Cry55, Cry56, Cry57, Cry58, Cry59, Cry60, Cry61, Cry62, Cry63, Cry64, Cry65, Cry66, Cry67, Cry68, Cry69, Cry70 y Cry71 de genes de δ-endotoxina y los genes citolíticos cyt1 y cyt2 de *B. thuringiensis*. Los miembros de estas clases de proteínas insecticidas de *B. thuringiensis* incluyen, pero sin limitación, Cry1Aa1 (n.º de registro AAA22353); Cry1Aa2 (n.º de registro AAA22552); Cry1Aa3 (n.º de registro BAA00257); Cry1Aa4 (n.º de registro CAA31886); Cry1Aa5 (n.º de registro BAA04468); Cry1Aa6 (n.º de registro AAA86265); Cry1Aa7 (n.º de registro AAD46139); Cry1Aa8 (n.º de registro 126149); Cry1Aa9 (n.º de registro BAA77213); Cry1Aa10 (n.º de registro AAD55382); Cry1Aa11 (n.º de registro CAA70856); Cry1Aa12 (n.º de registro AAP80146); Cry1Aa13 (n.º de registro AAM44305); Cry1Aa14 (n.º de registro AAP40639); Cry1Aa15 (n.º de registro AAY66993); Cry1Aa16 (n.º de registro HQ439776); Cry1Aa17 (n.º de registro HQ439788); Cry1Aa18 (n.º de registro HQ439790); Cry1Aa19 (n.º de registro HQ685121); Cry1Aa20 (n.º de registro JF340156); Cry1Aa21 (n.º de registro JN651496); Cry1Aa22 (n.º de registro KC158223); Cry1Ab1 (n.º de registro AAA22330); Cry1Ab2 (n.º de registro AAA22613); Cry1Ab3 (n.º de registro AAA22561); Cry1Ab4 (n.º de registro BAA00071); Cry1Ab5 (n.º de registro CAA28405); Cry1Ab6 (n.º de registro AAA22420); Cry1Ab7 (n.º de registro CAA31620); Cry1Ab8 (n.º de registro AAA22551); Cry1Ab9 (n.º de registro CAA38701); Cry1Ab10 (n.º de registro A29125); Cry1Ab11 (n.º de registro 112419); Cry1Ab12 (n.º de registro AAC64003); Cry1Ab13 (n.º de registro AAN76494); Cry1Ab14 (n.º de registro AAG16877); Cry1Ab15 (n.º de registro AAO13302); Cry1Ab16 (n.º de registro AAK55546); Cry1Ab17 (n.º de registro AAT46415); Cry1Ab18 (n.º de registro AAQ88259); Cry1 Ab19 (n.º de registro AAW31761); Cry1Ab20 (n.º de registro ABB72460); Cry1Ab21 (n.º de registro ABS18384); Cry1Ab22 (n.º de registro ABW87320); Cry1Ab23 (n.º de registro HQ439777); Cry1Ab24 (n.º de registro HQ439778); Cry1Ab25 (n.º de registro HQ685122); Cry1Ab26 (n.º de registro HQ847729); Cry1Ab27 (n.º de registro JN135249); Cry1Ab28 (n.º de registro JN135250); Cry1Ab29 (n.º de registro JN135251); Cry1Ab30 (n.º de registro JN135252); Cry1Ab31 (n.º de registro JN135253); Cry1Ab32 (n.º de registro JN135254); Cry1Ab33 (n.º de registro AAS93798); Cry1Ab34 (n.º de registro KC156668); Cry1Ablike (n.º de registro AAK14336); Cry1Ab-like (n.º de registro AAK14337); Cry1Ab-like (n.º de registro AAK14338); Cry1Ablike (n.º de registro ABG88858); Cry1Ac1 (n.º de registro AAA22331); Cry1Ac2 (n.º de registro AAA22338); Cry1Ac3 (n.º de registro CAA38098); Cry1Ac4 (n.º de registro AAA73077); Cry1Ac5 (n.º de registro AAA22339); Cry1Ac6 (n.º de registro AAA86266); Cry1Ac7 (n.º de registro AAB46989); Cry1Ac8 (n.º de registro AAC44841); Cry1Ac9 (n.º de registro AAB49768); Cry1Ac10 (n.º de registro CAA05505); Cry1Ac11 (n.º de registro CAA10270); Cry1Ac12 (n.º de registro 112418); Cry1Ac13 (n.º de registro AAD38701); Cry1Ac14 (n.º de registro AAQ06607); Cry1Ac15 (n.º de registro AAN07788); Cry1Ac16 (n.º de registro AAU87037); Cry1Ac17 (n.º de registro AAX18704); Cry1Ac18 (n.º de registro AAY88347); Cry1Ac19 (n.º de registro ABD37053); Cry1Ac20 (n.º de registro ABB89046); Cry1Ac21 (n.º de registro AAY66992); Cry1Ac22 (n.º de registro ABZ01836); Cry1Ac23 (n.º de registro CAQ30431); Cry1Ac24 (n.º de registro ABL01535); Cry1Ac25 (n.º de registro FJ513324); Cry1Ac26 (n.º de registro FJ617446); Cry1Ac27 (n.º de registro FJ617447); Cry1Ac28 (n.º de registro ACM90319); Cry1Ac29 (n.º de registro DQ438941); Cry1Ac30 (n.º de registro GQ227507); Cry1Ac31 (n.º de registro GU446674); Cry1Ac32 (n.º de registro HM061081); Cry1Ac33 (n.º de

registro GQ866913); Cry1Ac34 (n.º de registro HQ230364); Cry1Ac35 (n.º de registro JF340157); Cry1Ac36 (n.º de registro JN387137); Cry1Ac37 (n.º de registro JQ317685); Cry1Ad1 (n.º de registro AAA22340); Cry1Ad2 (n.º de registro CAA01880); Cry1Ae1 (n.º de registro AAA22410); Cry1Af1 (n.º de registro AAB82749); Cry1Ag1 (n.º de registro AAD46137); Cry1Ah1 (n.º de registro AAQ14326); Cry1Ah2 (n.º de registro ABB76664); Cry1Ah3 (n.º de registro HQ439779); Cry1Ai1 (n.º de registro AAO39719); Cry1Ai2 (n.º de registro HQ439780); Cry1A-like (n.º de registro AAK14339); Cry1Ba1 (n.º de registro CAA29898); Cry1Ba2 (n.º de registro CAA65003); Cry1Ba3 (n.º de registro AAK63251); Cry1Ba4 (n.º de registro AAK51084); Cry1Ba5 (n.º de registro ABO20894); Cry1Ba6 (n.º de registro ABL60921); Cry1Ba7 (n.º de registro HQ439781); Cry1Bb1 (n.º de registro AAA22344); Cry1Bb2 (n.º de registro HQ439782); Cry1Bc1 (n.º de registro CAA86568); Cry1Bd1 (n.º de registro AAD10292); Cry1Bd2 (n.º de registro AAM93496); Cry1Be1 (n.º de registro AAC32850); Cry1Be2 (n.º de registro AAQ52387); Cry1Be3 (n.º de registro ACV96720); Cry1Be4 (n.º de registro HM070026); Cry1Bf1 (n.º de registro CAC50778); Cry1Bf2 (n.º de registro AAQ52380); Cry1Bg1 (n.º de registro AAO39720); Cry1Bh1 (n.º de registro HQ589331); Cry1Bi1 (n.º de registro KC156700); Cry1Ca1 (n.º de registro CAA30396); Cry1Ca2 (n.º de registro CAA31951); Cry1Ca3 (n.º de registro AAA22343); Cry1Ca4 (n.º de registro CAA01886); Cry1Ca5 (n.º de registro CAA65457); Cry1Ca6 [1] (n.º de registro AAF37224); Cry1Ca7 (n.º de registro AAG50438); Cry1Ca8 (n.º de registro AAM00264); Cry1Ca9 (n.º de registro AAL79362); Cry1Ca10 (n.º de registro AAN16462); Cry1Ca11 (n.º de registro AAX53094); Cry1Ca12 (n.º de registro HM070027); Cry1Ca13 (n.º de registro HQ412621); Cry1Ca14 (n.º de registro JN651493); Cry1Cb1 (n.º de registro M97880); Cry1Cb2 (n.º de registro AAG35409); Cry1Cb3 (n.º de registro ACD50894); Cry1Cb-like (n.º de registro AAX63901); Cry1Da1 (n.º de registro CAA38099); Cry1Da2 (n.º de registro 176415); Cry1Da3 (n.º de registro HQ439784); Cry1Db1 (n.º de registro CAA80234); Cry1Db2 (n.º de registro AAK48937); Cry1Dc1 (n.º de registro ABK35074); Cry1Ea1 (n.º de registro CAA37933); Cry1Ea2 (n.º de registro CAA39609); Cry1Ea3 (n.º de registro AAA22345); Cry1Ea4 (n.º de registro AAD04732); Cry1Ea5 (n.º de registro A15535); Cry1Ea6 (n.º de registro AAL50330); Cry1Ea7 (n.º de registro AAW72936); Cry1Ea8 (n.º de registro ABX11258); Cry1Ea9 (n.º de registro HQ439785); Cry1Ea10 (n.º de registro ADR00398); Cry1Ea11 (n.º de registro JQ652456); Cry1Eb1 (n.º de registro AAA22346); Cry1Fa1 (n.º de registro AAA22348); Cry1Fa2 (n.º de registro AAA22347); Cry1Fa3 (n.º de registro HM070028); Cry1Fa4 (n.º de registro HM439638); Cry1Fb1 (n.º de registro CAA80235); Cry1Fb2 (n.º de registro BAA25298); Cry1Fb3 (n.º de registro AAF21767); Cry1Fb4 (n.º de registro AAC10641); Cry1Fb5 (n.º de registro AAO13295); Cry1Fb6 (n.º de registro ACD50892); Cry1Fb7 (n.º de registro ACD50893); Cry1Ga1 (n.º de registro CAA80233); Cry1Ga2 (n.º de registro CAA70506); Cry1Gb1 (n.º de registro AAD10291); Cry1Gb2 (n.º de registro AAO13756); Cry1Gc1 (n.º de registro AAQ52381); Cry1 Ha1 (n.º de registro CAA80236); Cry1Hb1 (n.º de registro AAA79694); Cry1Hb2 (n.º de registro HQ439786); Cry1H-like (n.º de registro AAF01213); Cry1Ia1 (n.º de registro CAA44633); Cry1Ia2 (n.º de registro AAA22354); Cry1Ia3 (n.º de registro AAC36999); Cry1Ia4 (n.º de registro AAB00958); Cry1Ia5 (n.º de registro CAA70124); Cry1Ia6 (n.º de registro AAC26910); Cry1Ia7 (n.º de registro AAM73516); Cry1Ia8 (n.º de registro AAK66742); Cry1Ia9 (n.º de registro AAQ08616); Cry1Ia10 (n.º de registro AAP86782); Cry1Ia11 (n.º de registro CAC85964); Cry1Ia12 (n.º de registro AAV53390); Cry1Ia13 (n.º de registro ABF83202); Cry1Ia14 (n.º de registro ACG63871); Cry1Ia15 (n.º de registro FJ617445); Cry1Ia16 (n.º de registro FJ617448); Cry1Ia17 (n.º de registro GU989199); Cry1Ia18 (n.º de registro ADK23801); Cry1Ia19 (n.º de registro HQ439787); Cry1Ia20 (n.º de registro JQ228426); Cry1Ia21 (n.º de registro JQ228424); Cry1Ia22 (n.º de registro JQ228427); Cry1Ia23 (n.º de registro JQ228428); Cry1Ia24 (n.º de registro JQ228429); Cry1Ia25 (n.º de registro JQ228430); Cry1Ia26 (n.º de registro JQ228431); Cry1 Ia27 (n.º de registro JQ228432); Cry1Ia28 (n.º de registro JQ228433); Cry1Ia29 (n.º de registro JQ228434); Cry1Ia30 (n.º de registro JQ317686); Cry1Ia31 (n.º de registro JX944038); Cry1Ia32 (n.º de registro JX944039); Cry1Ia33 (n.º de registro JX944040); Cry1Ib1 (n.º de registro AAA82114); Cry1Ib2 (n.º de registro ABW88019); Cry1Ib3 (n.º de registro ACD75515); Cry1Ib4 (n.º de registro HM051227); Cry1Ib5 (n.º de registro HM070028); Cry1Ib6 (n.º de registro ADK38579); Cry1Ib7 (n.º de registro JN571740); Cry1Ib8 (n.º de registro JN675714); Cry1Ib9 (n.º de registro JN675715); Cry1Ib10 (n.º de registro JN675716); Cry1Ib11 (n.º de registro JQ228423); Cry1Ic1 (n.º de registro AAC62933); Cry1Ic2 (n.º de registro AAE71691); Cry1Id1 (n.º de registro AAD44366); Cry1Id2 (n.º de registro JQ228422); Cry1Ie1 (n.º de registro AAG43526); Cry1Ie2 (n.º de registro HM439636); Cry1Ie3 (n.º de registro KC156647); Cry1Ie4 (n.º de registro KC156681); Cry1If1 (n.º de registro AAQ52382); Cry1Ig1 (n.º de registro KC156701); Cry1I-like (n.º de registro AAC31094); Cry1I-like (n.º de registro ABG88859); Cry1 Ja1 (n.º de registro AAA22341); Cry1Ja2 (n.º de registro HM070030); Cry1Ja3 (n.º de registro JQ228425); Cry1Jb1 (n.º de registro AAA98959); Cry1Jc1 (n.º de registro AAC31092); Cry1Jc2 (n.º de registro AAQ52372); Cry1Jd1 (n.º de registro CAC50779); Cry1Ka1 (n.º de registro AAB00376); Cry1 Ka2 (n.º de registro HQ439783); Cry1 La1 (n.º de registro AAS60191); Cry1La2 (n.º de registro HM070031); Cry1Ma1 (n.º de registro FJ884067); Cry1Ma2 (n.º de registro KC156659); Cry1Na1 (n.º de registro KC156648); Cry1Nb1 (n.º de registro KC156678); Cry1-like (n.º de registro AAC31091); Cry2Aa1 (n.º de registro AAA22335); Cry2Aa2 (n.º de registro AAA83516); Cry2Aa3 (n.º de registro D86064); Cry2Aa4 (n.º de registro AAC04867); Cry2Aa5 (n.º de registro CAA10671); Cry2Aa6 (n.º de registro CAA10672); Cry2Aa7 (n.º de registro CAA10670); Cry2Aa8 (n.º de registro AAO13734); Cry2Aa9 (n.º de registro AAO13750); Cry2Aa10 (n.º de registro AAQ04263); Cry2Aa11 (n.º de registro AAQ52384); Cry2Aa12 (n.º de registro ABI83671); Cry2Aa13 (n.º de registro ABL01536); Cry2Aa14 (n.º de registro ACF04939); Cry2Aa15 (n.º de registro JN426947); Cry2Ab1 (n.º de registro AAA22342); Cry2Ab2 (n.º de registro CAA39075); Cry2Ab3 (n.º de registro AAG36762); Cry2Ab4 (n.º de registro AAO13296); Cry2Ab5 (n.º de registro AAQ04609); Cry2Ab6 (n.º de registro AAP59457); Cry2Ab7 (n.º de registro AAZ66347); Cry2Ab8 (n.º de registro ABC95996); Cry2Ab9 (n.º de registro ABC74968); Cry2Ab10 (n.º de registro EF157306); Cry2Ab11 (n.º de registro CAM84575); Cry2Ab12 (n.º de registro ABM21764); Cry2Ab13 (n.º de registro ACG76120); Cry2Ab14 (n.º de registro ACG76121); Cry2Ab15 (n.º de registro HM037126); Cry2Ab16 (n.º de registro GQ866914); Cry2Ab17 (n.º de registro HQ439789); Cry2Ab18 (n.º de registro JN135255); Cry2Ab19 (n.º de registro

JN135256); Cry2Ab20 (n.º de registro JN135257); Cry2Ab21 (n.º de registro JN135258); Cry2Ab22 (n.º de registro JN135259); Cry2Ab23 (n.º de registro JN135260); Cry2Ab24 (n.º de registro JN135261); Cry2Ab25 (n.º de registro JN415485); Cry2Ab26 (n.º de registro JN426946); Cry2Ab27 (n.º de registro JN415764); Cry2Ab28 (n.º de registro JN651494); Cry2Ac1 (n.º de registro CAA40536); Cry2Ac2 (n.º de registro AAG35410); Cry2Ac3 (n.º de registro AAQ52385); Cry2Ac4 (n.º de registro ABC95997); Cry2Ac5 (n.º de registro ABC74969); Cry2Ac6 (n.º de registro ABC74793); Cry2Ac7 (n.º de registro CAL18690); Cry2Ac8 (n.º de registro CAM09325); Cry2Ac9 (n.º de registro CAM09326); Cry2Ac10 (n.º de registro ABN15104); Cry2Ac11 (n.º de registro CAM83895); Cry2Ac12 (n.º de registro CAM83896); Cry2Ad1 (n.º de registro AAF09583); Cry2Ad2 (n.º de registro ABC86927); Cry2Ad3 (n.º de registro CAK29504); Cry2Ad4 (n.º de registro CAM32331); Cry2Ad5 (n.º de registro CA078739); Cry2Ae1 (n.º de registro AAQ52362); Cry2Af1 (n.º de registro ABO30519); Cry2Af2 (n.º de registro GQ866915); Cry2Ag1 (n.º de registro ACH91610); Cry2Ah1 (n.º de registro EU939453); Cry2Ah2 (n.º de registro ACL80665); Cry2Ah3 (n.º de registro GU073380); Cry2Ah4 (n.º de registro KC156702); Cry2Ai1 (n.º de registro FJ788388); Cry2Aj (n.º de registro); Cry2Ak1 (n.º de registro KC156660); Cry2Ba1 (n.º de registro KC156658); Cry3Aa1 (n.º de registro AAA22336); Cry3Aa2 (n.º de registro AAA22541); Cry3Aa3 (n.º de registro CAA68482); Cry3Aa4 (n.º de registro AAA22542); Cry3Aa5 (n.º de registro AAA50255); Cry3Aa6 (n.º de registro AAC43266); Cry3Aa7 (n.º de registro CAB41411); Cry3Aa8 (n.º de registro AAS79487); Cry3Aa9 (n.º de registro AAW05659); Cry3Aa10 (n.º de registro AAU29411); Cry3Aa11 (n.º de registro AAW82872); Cry3Aa12 (n.º de registro ABY49136); Cry3Ba1 (n.º de registro CAA34983); Cry3Ba2 (n.º de registro CAA00645); Cry3Ba3 (n.º de registro JQ397327); Cry3Bb1 (n.º de registro AAA22334); Cry3Bb2 (n.º de registro AAA74198); Cry3Bb3 (n.º de registro 115475); Cry3Ca1 (n.º de registro CAA42469); Cry4Aa1 (n.º de registro CAA68485); Cry4Aa2 (n.º de registro BAA00179); Cry4Aa3 (n.º de registro CAD30148); Cry4Aa4 (n.º de registro AFB18317); Cry4A-like (n.º de registro AAY96321); Cry4Ba1 (n.º de registro CAA30312); Cry4Ba2 (n.º de registro CAA30114); Cry4Ba3 (n.º de registro AAA22337); Cry4Ba4 (n.º de registro BAA00178); Cry4Ba5 (n.º de registro CAD30095); Cry4Ba-like (n.º de registro ABC47686); Cry4Ca1 (n.º de registro EU646202); Cry4Cb1 (n.º de registro FJ403208); Cry4Cb2 (n.º de registro FJ597622); Cry4Cc1 (n.º de registro FJ403207); Cry5Aa1 (n.º de registro AAA67694); Cry5Ab1 (n.º de registro AAA67693); Cry5Ac1 (n.º de registro 134543); Cry5Ad1 (n.º de registro ABQ82087); Cry5Ba1 (n.º de registro AAA68598); Cry5Ba2 (n.º de registro ABW88931); Cry5Ba3 (n.º de registro AFJ04417); Cry5Ca1 (n.º de registro HM461869); Cry5Ca2 (n.º de registro ZP_04123426); Cry5Da1 (n.º de registro HM461870); Cry5Da2 (n.º de registro ZP_04123980); Cry5Ea1 (n.º de registro HM485580); Cry5Ea2 (n.º de registro ZP_04124038); Cry6Aa1 (n.º de registro AAA22357); Cry6Aa2 (n.º de registro AAM46849); Cry6Aa3 (n.º de registro ABH03377); Cry6Ba1 (n.º de registro AAA22358); Cry7Aa1 (n.º de registro AAA22351); Cry7Ab1 (n.º de registro AAA21120); Cry7Ab2 (n.º de registro AAA21121); Cry7Ab3 (n.º de registro ABX24522); Cry7Ab4 (n.º de registro EU380678); Cry7Ab5 (n.º de registro ABX79555); Cry7Ab6 (n.º de registro ACI44005); Cry7Ab7 (n.º de registro ADB89216); Cry7Ab8 (n.º de registro GU145299); Cry7Ab9 (n.º de registro ADD92572); Cry7Ba1 (n.º de registro ABB70817); Cry7Bb1 (n.º de registro KC156653); Cry7Ca1 (n.º de registro ABR67863); Cry7Cb1 (n.º de registro KC156698); Cry7Da1 (n.º de registro ACQ99547); Cry7Da2 (n.º de registro HM572236); Cry7Da3 (n.º de registro KC156679); Cry7Ea1 (n.º de registro HM035086); Cry7Ea2 (n.º de registro HM132124); Cry7Ea3 (n.º de registro EEM19403); Cry7Fa1 (n.º de registro HM035088); Cry7Fa2 (n.º de registro EEM19090); Cry7Fb1 (n.º de registro HM572235); Cry7Fb2 (n.º de registro KC156682); Cry7Ga1 (n.º de registro HM572237); Cry7Ga2 (n.º de registro KC156669); Cry7Gb1 (n.º de registro KC156650); Cry7Gc1 (n.º de registro KC156654); Cry7Gd1 (n.º de registro KC156697); Cry7Ha1 (n.º de registro KC156651); Cry7Ia1 (n.º de registro KC156665); Cry7Ja1 (n.º de registro KC156671); Cry7Ka1 (n.º de registro KC156680); Cry7Kb1 (n.º de registro BAM99306); Cry7La1 (n.º de registro BAM99307); Cry8Aa1 (n.º de registro AAA21117); Cry8Ab1 (n.º de registro EU044830); Cry8Ac1 (n.º de registro KC156662); Cry8Ad1 (n.º de registro KC156684); Cry8Ba1 (n.º de registro AAA21118); Cry8Bb1 (n.º de registro CAD57542); Cry8Bc1 (n.º de registro CAD57543); Cry8Ca1 (n.º de registro AAA21119); Cry8Ca2 (n.º de registro AAR98783); Cry8Ca3 (n.º de registro EU625349); Cry8Ca4 (n.º de registro ADB54826); Cry8Da1 (n.º de registro BAC07226); Cry8Da2 (n.º de registro BD133574); Cry8Da3 (n.º de registro BD133575); Cry8Db1 (n.º de registro BAF93483); Cry8Ea1 (n.º de registro AAQ73470); Cry8Ea2 (n.º de registro EU047597); Cry8Ea3 (n.º de registro KC855216); Cry8Fa1 (n.º de registro AAT48690); Cry8Fa2 (n.º de registro HQ174208); Cry8Fa3 (n.º de registro AFH78109); Cry8Ga1 (n.º de registro AAT46073); Cry8Ga2 (n.º de registro ABC42043); Cry8Ga3 (n.º de registro FJ198072); Cry8Ha1 (n.º de registro AAW81032); Cry8Ia1 (n.º de registro EU381044); Cry8Ia2 (n.º de registro GU073381); Cry8Ia3 (n.º de registro HM044664); Cry8Ia4 (n.º de registro KC156674); Cry8Ib1 (n.º de registro GU325772); Cry8Ib2 (n.º de registro KC156677); Cry8Ja1 (n.º de registro EU625348); Cry8Ka1 (n.º de registro FJ422558); Cry8Ka2 (n.º de registro ACN87262); Cry8Kb1 (n.º de registro HM123758); Cry8Kb2 (n.º de registro KC156675); Cry8La1 (n.º de registro GU325771); Cry8Ma1 (n.º de registro HM044665); Cry8Ma2 (n.º de registro EEM86551); Cry8Ma3 (n.º de registro HM210574); Cry8Na1 (n.º de registro HM640939); Cry8Pa1 (n.º de registro HQ388415); Cry8Qa1 (n.º de registro HQ441166); Cry8Qa2 (n.º de registro KC152468); Cry8Ra1 (n.º de registro AFP87548); Cry8Sa1 (n.º de registro JQ740599); Cry8Ta1 (n.º de registro KC156673); Cry8-like (n.º de registro FJ770571); Cry8-like (n.º de registro ABS53003); Cry9Aa1 (n.º de registro CAA41122); Cry9Aa2 (n.º de registro CAA41425); Cry9Aa3 (n.º de registro GQ249293); Cry9Aa4 (n.º de registro GQ249294); Cry9Aa5 (n.º de registro JX174110); Cry9Aa like (n.º de registro AAQ52376); Cry9Ba1 (n.º de registro CAA52927); Cry9Ba2 (n.º de registro GU299522); Cry9Bb1 (n.º de registro AAV28716); Cry9Ca1 (n.º de registro CAA85764); Cry9Ca2 (n.º de registro AAQ52375); Cry9Da1 (n.º de registro BAA19948); Cry9Da2 (n.º de registro AAB97923); Cry9Da3 (n.º de registro GQ249293); Cry9Da4 (n.º de registro GQ249297); Cry9Db1 (n.º de registro AAX78439); Cry9Dc1 (n.º de registro KC156683); Cry9Ea1 (n.º de registro BAA34908); Cry9Ea2 (n.º de registro AAO12908); Cry9Ea3 (n.º de registro ABM21765); Cry9Ea4 (n.º de registro ACE88267); Cry9Ea5 (n.º de registro ACF04743); Cry9Ea6 (n.º de registro ACG63872); Cry9Ea7 (n.º de registro FJ380927); Cry9Ea8 (n.º de registro GQ249292); Cry9Ea9 (n.º de registro

JN651495); Cry9Eb1 (n.º de registro CAC50780); Cry9Eb2 (n.º de registro GQ249298); Cry9Eb3 (n.º de registro KC156646); Cry9Ec1 (n.º de registro AAC63366); Cry9Ed1 (n.º de registro AAX78440); Cry9Ee1 (n.º de registro GQ249296); Cry9Ee2 (n.º de registro KC156664); Cry9Fa1 (n.º de registro KC156692); Cry9Ga1 (n.º de registro KC156699); Cry9-like (n.º de registro AAC63366); Cry10Aa1 (n.º de registro AAA22614); Cry10Aa2 (n.º de registro E00614); Cry10Aa3 (n.º de registro CAD30098); Cry10Aa4 (n.º de registro AFB18318); Cry10A-like (n.º de registro DQ167578); Cry11Aa1 (n.º de registro AAA22352); Cry11Aa2 (n.º de registro AAA22611); Cry11Aa3 (n.º de registro CAD30081); Cry11Aa4 (n.º de registro AFB18319); Cry11Aa-like (n.º de registro DQ166531); Cry11Ba1 (n.º de registro CAA60504); Cry11Bb1 (n.º de registro AAC97162); Cry11Bb2 (n.º de registro HM068615); Cry12Aa1 (n.º de registro AAA22355); Cry13Aa1 (n.º de registro AAA22356); Cry14Aa1 (n.º de registro AAA21516); Cry14Ab1 (n.º de registro KC156652); Cry15Aa1 (n.º de registro AAA22333); Cry16Aa1 (n.º de registro CAA63860); Cry17Aa1 (n.º de registro CAA67841); Cry18Aa1 (n.º de registro CAA67506); Cry18Ba1 (n.º de registro AAF89667); Cry18Ca1 (n.º de registro AAF89668); Cry19Aa1 (n.º de registro CAA68875); Cry19Ba1 (n.º de registro BAA32397); Cry19Ca1 (n.º de registro AFM37572); Cry20Aa1 (n.º de registro AAB93476); Cry20Ba1 (n.º de registro ACS93601); Cry20Ba2 (n.º de registro KC156694); Cry20-like (n.º de registro GQ144333); Cry21Aa1 (n.º de registro I32932); Cry21Aa2 (n.º de registro I66477); Cry21Ba1 (n.º de registro BAC06484); Cry21Ca1 (n.º de registro JF521577); Cry21Ca2 (n.º de registro KC156687); Cry21Da1 (n.º de registro JF521578); Cry22Aa1 (n.º de registro 134547); Cry22Aa2 (n.º de registro CAD43579); Cry22Aa3 (n.º de registro ACD93211); Cry22Ab1 (n.º de registro AAK50456); Cry22Ab2 (n.º de registro CAD43577); Cry22Ba1 (n.º de registro CAD43578); Cry22Bb1 (n.º de registro KC156672); Cry23Aa1 (n.º de registro AAF76375); Cry24Aa1 (n.º de registro AAC61891); Cry24Ba1 (n.º de registro BAD32657); Cry24Ca1 (n.º de registro CAJ43600); Cry25Aa1 (n.º de registro AAC61892); Cry26Aa1 (n.º de registro AAD25075); Cry27Aa1 (n.º de registro BAA82796); Cry28Aa1 (n.º de registro AAD24189); Cry28Aa2 (n.º de registro AAG00235); Cry29Aa1 (n.º de registro CAC80985); Cry30Aa1 (n.º de registro CAC80986); Cry30Ba1 (n.º de registro BAD00052); Cry30Ca1 (n.º de registro BAD67157); Cry30Ca2 (n.º de registro ACU24781); Cry30Da1 (n.º de registro EF095955); Cry30Db1 (n.º de registro BAE80088); Cry30Ea1 (n.º de registro ACC95445); Cry30Ea2 (n.º de registro FJ499389); Cry30Fa1 (n.º de registro ACI22625); Cry30Ga1 (n.º de registro ACG60020); Cry30Ga2 (n.º de registro HQ638217); Cry31Aa1 (n.º de registro BAB11757); Cry31Aa2 (n.º de registro AAL87458); Cry31Aa3 (n.º de registro BAE79808); Cry31Aa4 (n.º de registro BAF32571); Cry31Aa5 (n.º de registro BAF32572); Cry31Aa6 (n.º de registro BAI44026); Cry31Ab1 (n.º de registro BAE79809); Cry31Ab2 (n.º de registro BAF32570); Cry31Ac1 (n.º de registro BAF34368); Cry31Ac2 (n.º de registro AB731600); Cry31Ad1 (n.º de registro BAI44022); Cry32Aa1 (n.º de registro AAG36711); Cry32Aa2 (n.º de registro GU063849); Cry32Ab1 (n.º de registro GU063850); Cry32Ba1 (n.º de registro BAB78601); Cry32Ca1 (n.º de registro BAB78602); Cry32Cb1 (n.º de registro KC156708); Cry32Da1 (n.º de registro BAB78603); Cry32Ea1 (n.º de registro GU324274); Cry32Ea2 (n.º de registro KC156686); Cry32Eb1 (n.º de registro KC156663); Cry32Fa1 (n.º de registro KC156656); Cry32Ga1 (n.º de registro KC156657); Cry32Ha1 (n.º de registro KC156661); Cry32Hb1 (n.º de registro KC156666); Cry32Ia1 (n.º de registro KC156667); Cry32Ja1 (n.º de registro KC156685); Cry32Ka1 (n.º de registro KC156688); Cry32La1 (n.º de registro KC156689); Cry32Ma1 (n.º de registro KC156690); Cry32Mb1 (n.º de registro KC156704); Cry32Na1 (n.º de registro KC156691); Cry320a1 (n.º de registro KC156703); Cry32Pa1 (n.º de registro KC156705); Cry32Qa1 (n.º de registro KC156706); Cry32Ra1 (n.º de registro KC156707); Cry32Sa1 (n.º de registro KC156709); Cry32Ta1 (n.º de registro KC156710); Cry32Ua1 (n.º de registro KC156655); Cry33Aa1 (n.º de registro AAL26871); Cry34Aa1 (n.º de registro AAG50341); Cry34Aa2 (n.º de registro AAK64560); Cry34Aa3 (n.º de registro AAT29032); Cry34Aa4 (n.º de registro AAT29030); Cry34Ab1 (n.º de registro AAG41671); Cry34Ac1 (n.º de registro AAG50118); Cry34Ac2 (n.º de registro AAK64562); Cry34Ac3 (n.º de registro AAT29029); Cry34Ba1 (n.º de registro AAK64565); Cry34Ba2 (n.º de registro AAT29033); Cry34Ba3 (n.º de registro AAT29031); Cry35Aa1 (n.º de registro AAG50342); Cry35Aa2 (n.º de registro AAK64561); Cry35Aa3 (n.º de registro AAT29028); Cry35Aa4 (n.º de registro AAT29025); Cry35Ab1 (n.º de registro AAG41672); Cry35Ab2 (n.º de registro AAK64563); Cry35Ab3 (n.º de registro AY536891); Cry35Ac1 (n.º de registro AAG50117); Cry35Ba1 (n.º de registro AAK64566); Cry35Ba2 (n.º de registro AAT29027); Cry35Ba3 (n.º de registro AAT29026); Cry36Aa1 (n.º de registro AAK64558); Cry37Aa1 (n.º de registro AAF76376); Cry38Aa1 (n.º de registro AAK64559); Cry39Aa1 (n.º de registro BAB72016); Cry40Aa1 (n.º de registro BAB72018); Cry40Ba1 (n.º de registro BAC77648); Cry40Ca1 (n.º de registro EU381045); Cry40Da1 (n.º de registro ACF15199); Cry41Aa1 (n.º de registro BAD35157); Cry41Ab1 (n.º de registro BAD35163); Cry41Ba1 (n.º de registro HM461871); Cry41Ba2 (n.º de registro ZP_04099652); Cry42Aa1 (n.º de registro BAD35166); Cry43Aa1 (n.º de registro BAD15301); Cry43Aa2 (n.º de registro BAD95474); Cry43Ba1 (n.º de registro BAD15303); Cry43Ca1 (n.º de registro KC156676); Cry43Cb1 (n.º de registro KC156695); Cry43Cc1 (n.º de registro KC156696); Cry43-like (n.º de registro BAD15305); Cry44Aa (n.º de registro BAD08532); Cry45Aa (n.º de registro BAD22577); Cry46Aa (n.º de registro BAC79010); Cry46Aa2 (n.º de registro BAG68906); Cry46Ab (n.º de registro BAD35170); Cry47Aa (n.º de registro AAY24695); Cry48Aa (n.º de registro CAJ18351); Cry48Aa2 (n.º de registro CAJ86545); Cry48Aa3 (n.º de registro CAJ86546); Cry48Ab (n.º de registro CAJ86548); Cry48Ab2 (n.º de registro CAJ86549); Cry49Aa (n.º de registro CAH56541); Cry49Aa2 (n.º de registro CAJ86541); Cry49Aa3 (n.º de registro CAJ86543); Cry49Aa4 (n.º de registro CAJ86544); Cry49Ab1 (n.º de registro CAJ86542); Cry50Aa1 (n.º de registro BAE86999); Cry50Ba1 (n.º de registro GU446675); Cry50Ba2 (n.º de registro GU446676); Cry51Aa1 (n.º de registro ABI14444); Cry51Aa2 (n.º de registro GU570697); Cry52Aa1 (n.º de registro EF613489); Cry52Ba1 (n.º de registro FJ361760); Cry53Aa1 (n.º de registro EF633476); Cry53Ab1 (n.º de registro FJ361759); Cry54Aa1 (n.º de registro ACA52194); Cry54Aa2 (n.º de registro GQ140349); Cry54Ba1 (n.º de registro GU446677); Cry55Aa1 (n.º de registro ABW88932); Cry54Ab1 (n.º de registro JQ916908); Cry55Aa2 (n.º de registro AAE33526); Cry56Aa1 (n.º de registro ACU57499); Cry56Aa2 (n.º de registro GQ483512); Cry56Aa3 (n.º de registro JX025567); Cry57Aa1 (n.º de registro ANC87261); Cry58Aa1 (n.º de registro ANC87260); Cry59Ba1 (n.º de registro JN790647); Cry59Aa1 (n.º de registro ACR43758); Cry60Aa1 (n.º de registro ACU24782); Cry60Aa2 (n.º de registro EA057254); Cry60Aa3 (n.º de registro EEM99278); Cry60Ba1 (n.º de

registro GU810818); Cry60Ba2 (n.º de registro EA057253); Cry60Ba3 (n.º de registro EEM99279); Cry61Aa1 (n.º de registro HM035087); Cry61Aa2 (n.º de registro HM132125); Cry61Aa3 (n.º de registro EEM19308); Cry62Aa1 (n.º de registro HM054509); Cry63Aa1 (n.º de registro BAI44028); Cry64Aa1 (n.º de registro BAJ05397); Cry65Aa1 (n.º de registro HM461868); Cry65Aa2 (n.º de registro ZP_04123838); Cry66Aa1 (n.º de registro HM485581); Cry66Aa2 (n.º de registro ZP_04099945); Cry67Aa1 (n.º de registro HM485582); Cry67Aa2 (n.º de registro ZP_04148882); Cry68Aa1 (n.º de registro HQ113114); Cry69Aa1 (n.º de registro HQ401006); Cry69Aa2 (n.º de registro JQ821388); Cry69Ab1 (n.º de registro JN209957); Cry70Aa1 (n.º de registro JN646781); Cry70Ba1 (n.º de registro AD051070); Cry70Bb1 (n.º de registro EEL67276); Cry71Aa1 (n.º de registro JX025568); Cry72Aa1 (n.º de registro JX025569); Cyt1Aa (n.º de registro de GenBank X03182); Cyt1Ab (n.º de registro de GenBank X98793); Cyt1B (n.º de registro de GenBank U37196); Cyt2A (n.º de registro de GenBank Z14147); y Cyt2B (n.º de registro de GenBank U52043).

Los ejemplos de δ-endotoxinas también incluyen, pero sin limitación, las proteínas Cry1A de las Patentes de los Estados Unidos n.º 5.880.275, 7.858.849, 8.530.411, 8.575.433 y 8.686.233; una toxina DIG-3 o DIG-11 (variantes de eliminación N-terminal de la α-hélice 1 y/o α-hélice 2 de proteínas cry, tales como Cry1A, Cry3A) de las Patentes de los Estados Unidos n.º 8.304.604, 8.304.605 y 8.476.226; Cry1 B de la Solicitud de Patente de los Estados Unidos con n.º de serie 10/525.318; Cry1C de la Patente de los Estados Unidos n.º 6.033.874; Cry1F de las Patentes de los Estados Unidos n.º 5.188.960 y 6.218.188; quimeras de Cry1A/F de las Patentes de los Estados Unidos n.º 7.070.982; 6.962.705 y 6.713.063); una proteína Cry2, tal como la proteína Cry2Ab de la Patente de los Estados Unidos n.º 7.064.249); una proteína Cry3A que incluye, pero sin limitación, una proteína insecticida híbrida modificada por ingeniería genética (eHIP) creada fusionando combinaciones únicas de regiones variables y bloques conservados de al menos dos proteínas Cry diferentes (Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2010/0017914); una proteína Cry4; una proteína Cry5; una proteína Cry6; proteínas Cry8 de las Patentes de los Estados Unidos n.º 7.329.736, 7.449.552, 7.803.943, 7.476.781, 7.105.332, 7.378.499 y 7.462.760; una proteína Cry9, tal como miembros de las familias Cry9A, Cry9B, Cry9C, Cry9D, Cry9E y Cry9F, incluyendo, pero sin limitación, la proteína Cry9D de la Patente de los Estados Unidos n.º 8.802.933 y la proteína Cry9B de la Patente de los Estados Unidos n.º 8.802.934; una proteína Cry15 de Naimov, et al., (2008) Applied and Environmental Microbiology, 74:7145-7151; una Cry22, una proteína Cry34Ab1 de las Patentes de los Estados Unidos n.º 6.127.180, 6.624.145 y 6.340.593; una proteína CryET33 y cryET34 de las Patentes de los Estados Unidos n.º 6.248.535, 6.326.351, 6.399.330, 6.949.626, 7.385.107 y 7.504.229; una CryET33 y homólogos de CryET34 de las Publicaciones de Patente de los Estados Unidos n.º 2006/0191034, 2012/0278954 y la Publicación PCT n.º WO 2012/139004; una proteína Cry35Ab1 de las Patentes de los Estados Unidos n.º 6.083.499, 6.548.291 y 6.340.593; una proteína Cry46, una proteína Cry 51, una toxina binaria Cry; una TIC901 o una toxina relacionada; TIC807 de la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2008/0295207; ET29, ET37, TIC809, TIC810, TIC812, TIC127, TIC128 del documento PCT US 2006/033867; toxinas TIC853 de la Patente de los Estados Unidos 8.513.494, AXMI-027, AXMI-036 y AXMI-038 de la Patente de los Estados Unidos n.º 8.236.757; AXMI-031, AXMI-039, AXMI-040, AXMI-049 de la Patente de los Estados Unidos n.º 7.923.602; AXMI-018, AXMI-020 y AXMI-021 del documento WO 2006/083891; AXMI-010 del documento WO 2005/038032; AXMI-003 del documento WO 2005/021585; AXMI-008 de la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2004/0250311; AXMI-006 de la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2004/0216186; AXMI-007 de la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2004/0210965; AXMI-009 de la Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2004/0210964; AXMI-014 de la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2004/0197917; AXMI-004 de la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2004/0197916; AXMI-028 y AXMI-029 del documento WO 2006/119457; AXMI-007, AXMI-008, AXMI-0080rf2, AXMI-009, AXMI-014 y AXMI-004 del documento WO 2004/074462; AXMI-150 de la Patente de los Estados Unidos n.º 8.084.416; AXMI-205 de la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2011/0023184; AXMI-011, AXMI-012, AXMI-013, AXMI-015, AXMI-019, AXMI-044, AXMI-037, AXMI-043, AXMI-033, AXMI-034, AXMI-022, AXMI-023, AXMI-041, AXMI-063 y AXMI-064 de la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2011/0263488; AXMI-R1 y proteínas relacionadas de la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2010/0197592; AXMI221Z, AXMI222z, AXMI223z, AXMI224z y AXMI225z del documento WO 2011/103248; AXMI218, AXMI219, AXMI220, AXMI226, AXMI227, AXMI228, AXMI229, AXMI230 y AXMI231 del documento WO 2011/103247 y de la Patente de los Estados Unidos n.º 8.759.619; AXMI-115, AXMI-113, AXMI-005, AXMI-163 y AXMI-184 de la Patente de los Estados Unidos n.º 8.334.431; AXMI-001, AXMI-002, AXMI-030, AXMI-035 y AXMI-045 de la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2010/0298211; AXMI-066 y AXMI-076 de la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2009/0144852; AXMI128, AXMI130, AXMI131, AXMI133, AXMI140, AXMI141, AXMI142, AXMI143, AXMI144, AXMI146, AXMI148, AXMI149, AXMI152, AXMI153, AXMI154, AXMI155, AXMI156, AXMI157, AXMI158, AXMI162, AXMI165, AXMI166, AXMI167, AXMI168, AXMI169, AXMI170, AXMI171, AXMI172, AXMI173, AXMI174, AXMI175, AXMI176, AXMI177, AXMI178, AXMI179, AXMI180, AXMI181, AXMI182, AXMI185, AXMI186, AXMI187, AXMI188, AXMI189 de la Patente de los Estados Unidos n.º 8.318.900; AXMI079, AXMI080, AXMI081, AXMI082, AXMI091, AXMI092, AXMI096, AXMI097, AXMI098, AXMI099, AXMI100, AXMI101, AXMI102, AXMI103, AXMI104, AXMI107, AXMI108, AXMI109, AXMI110, AXMI111, AXMI112, AXMI114, AXMI116, AXMI117, AXMI118, AXMI119, AXMI120, AXMI121, AXMI122, AXMI123, AXMI124, AXMI1257, AXMI1268, AXMI127, AXMI129, AXMI164, AXMI151, AXMI161, AXMI183, AXMI132, AXMI138, AXMI137 de la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2010/0005543, AXMI270 de la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos US20140223598, AXMI279 de la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos US20140223599, proteínas cry, tales como Cry1A y Cry3A que tienen sitios proteolíticos modificados de la Patente de los Estados Unidos n.º 8.319.019; una proteína toxina Cry1Ac, Cry2Aa y Cry1Ca de *Bacillus thuringiensis* cepa VBTS 2528 de la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2011/0064710. Los expertos en

la materia conocen bien otras proteínas Cry (véase, Crickmore, et al., "Bacillus thuringiensis toxin nomenclature" (2011), en lifesci.sussex.ac.uk/home/Neil_Crickmore/Bt/ que puede consultarse en Internet usando el prefijo "www"). La actividad insecticida de las proteínas Cry es de sobra conocida por los expertos en la materia (para una revisión, véase, van Frannkenhuyzen, (2009) J. Invert. Path. 101:1-16). Es bien conocido por los expertos en la materia el uso de proteínas Cry como rasgos de plantas transgénicas y las plantas transgénicas para Cry incluyen, pero sin limitación, plantas que expresan Cry1Ac, Cry1Ac+Cry2Ab, Cry1Ab, Cry1A.105, Cry1F, Cry1Fa2, Cry1F+Cry1Ac, Cry2Ab, Cry3A, mCry3A, Cry3Bb1, Cry34Ab1, Cry35Ab1, Vip3A, mCry3A, Cry9c y CBI-Bt que han recibido la aprobación por las autoridades reguladoras (véase, Sanahuja, (2011) Plant Biotech Journal 9:283-300 y CERA (2010) GM Crop Database Center for Environmental Risk Assessment (CERA), ILSI Research Foundation, Washington D.C. en cera-gmc.org/index.php?action=gm_crop_database, que puede consultarse en Internet usando el prefijo "www"). También puede expresarse en plantas más de una proteína plaguicida bien conocida por los expertos en la materia, tales como Vip3Ab y Cry1Fa (documento US2012/0317682); Cry1BE y Cry1F(documento US2012/0311746); Cry1CA y Cry1AB (documento US2012/0311745);Cry1F y CryCa (documento US2012/0317681); Cry1DA y Cry1BE (documento US2012/0331590); Cry1DA y Cry1Fa (documento US2012/0331589); Cry1AB y Cry1BE (documento US2012/0324606); Cry1Fa y Cry2Aa y Cry1I y Cry1E (documento US2012/0324605); Cry34Ab/35Ab y Cry6Aa (documento US20130167269); Cry34Ab/VCry35Ab y Cry3Aa(documento US20130167268); Cry1Ab y Cry1F (documento US20140182018); y Cry3A y Cry1Ab o Vip3Aa (documento US20130116170). Las proteínas plaguicidas también incluyen lipasas insecticidas que incluyen acil hidrolasas de lípidos de la Patente de los Estados Unidos n.º 7.491.869 y colesterol oxidasas, tal como de *Streptomyces* (Purcell et al. (1993) Biochem Biophys Res Commun 15:1406-1413). Las proteínas plaguicidas también incluyen toxinas VIP (proteínas insecticidas vegetales) de las Patentes de los Estados Unidos n.º 5.877.012, 6.107.279, 6.137.033, 7.244.820, 7.615.686 y 8.237.020 y similares. Los expertos en la materia conocen bien otras proteínas VIP (véase, lifesci.sussex.ac.uk/home/Neil_Crickmore/Bt/vip.html que puede consultarse en Internet usando el prefijo "www"). Las proteínas plaguicidas también incluyen proteínas del complejo de toxinas (TC, por sus siglas en inglés), que se pueden obtener de organismos tales como *Xenorhabdus*, *Photorhabdus* y *Paenibacillus* (véanse, las Patentes de los Estados Unidos n.º 7.491.698 y 8.084.418). Algunas proteínas TC tienen actividad insecticida "individual" y otras proteínas TC potencian la actividad de las toxinas individuales por medio del mismo mecanismo dado. La toxicidad de una proteína TC "individual" (de *Photorhabdus, Xenorhabdus* o *Paenibacillus,* por ejemplo) puede potenciarse mediante uno o más "potenciadores" de proteína TC procedentes de un organismo fuente de un género diferente. Existen tres tipos principales de proteínas TC. Como se cita en el presente documento, las proteínas de clase A ("Proteína A") son toxinas individuales. Las proteínas de clase B ("Proteína B") y las proteínas de clase C ("Proteína C") potencian la toxicidad de las proteínas de clase A. Los ejemplos de proteínas de clase A son TcbA, TcdA, XptA1 y XptA2. Los ejemplos de proteínas de clase B son TcaC, TcdB, XptB1Xb y XptC1Wi. Los ejemplos de proteínas de clase C son TccC, XptC1Xb y XptB1Wi. Las proteínas plaguicidas también incluyen proteínas del veneno de araña, serpiente y escorpión. Los ejemplos de péptidos de veneno de araña incluyen, pero sin limitación, péptidos de licotoxina-1 y mutantes de los mismos (Patente de los Estados Unidos n.º 8.334.366).

En algunos aspectos, los polipéptidos de PIP-72 incluyen secuencias de aminoácidos deducidas de las secuencias de ácido nucleico de longitud completa divulgadas en el presente documento y secuencias de aminoácidos que son más cortas que las secuencias de longitud completa, ya sea debido al uso de un sitio de inicio cadena abajo alternativo o debido al procesamiento que produce una proteína más corta que tiene actividad plaguicida. El procesamiento puede producirse en el organismo en el que se expresa la proteína o en la plaga tras la ingestión de la proteína.

Por lo tanto, en el presente documento se proporcionan secuencias de ácido nucleico aisladas o recombinantes que confieren actividad plaguicida. También se proporcionan las secuencias de aminoácidos de polipéptidos de PIP-72. La proteína resultante de la traducción de estos genes de polipéptido de PIP-72 permite a las células controlar o eliminar a las plagas que las ingieren.

Cepas bacterianas

Un aspecto se refiere a cepas bacterianas que expresan un polipéptido de PIP-72. En algunos aspectos, la cepa bacteriana es una especie de *Halomonas, Photorhabdus, Xenorhabdus, Burkholderia, Paludibacterium* o *Pseudomonas*. En algunos aspectos, la cepa bacteriana es una cepa de *Halomonas anticariensis, Photorhabdus luminescens, Xenorhabdus bovienii, Burkholderia pseudomallei, Burkholderia multivorans, Burkholderia thailandensis, Paludibacterium yongneupense, Pseudomonas rhodesiae; Pseudomonas entomophila, Pseudomonas chlororaphis; Pseudomonas mandelii; Pseudomonas congelans; Pseudomonas mandelii; Pseudomonas plecoglossicida, Pseudomonas protegens, Pseudomonas ficuserectae; Pseudomonas mosselii* o *Pseudomonas brassicacearum*. En algunos aspectos, la cepa bacteriana es un cultivo biológicamente puro de una *Pseudomonas chlororaphis* cepa SS143D5, depositada el 7 de febrero de 2013 con el n.º de registro NRRL B-50810 en el Agricultural Research Service Culture Collection (NRRL), 1815 North University Street, Peoria, Illinois 61604, (nrrl.ncaur.usda.gov, que puede consultarse en Internet usando el prefijo "www"). El depósito se mantendrá bajo los términos del Tratado de Budapest sobre el Reconocimiento Internacional del Depósito de Microorganismos para los fines de Procedimiento de Patentes. Estos depósitos se efectuaron simplemente por comodidad para los expertos en la materia y no como admisión de que sea necesario un depósito, según lo dispuesto en el 35 U.S.C. §112. Se encontrará disponible el acceso a este depósito durante el periodo durante el que esté pendiente la solicitud para el Comisionado de Patentes y Marcas y para las personas que el Comisionado considere con derecho previa solicitud. Tras la autorización de cualquiera de

las reivindicaciones en la solicitud, los solicitantes pondrán a disposición del público, según lo dispuesto en el 37 C.F.R. § 1.808, muestras del depósito en la Agricultural Research Service Culture Collection (NRRL), 1815 North University Street, Peoria, Illinois 61604. Este depósito se mantendrá en el repositorio de la NRRL, que es un depósito público, durante un periodo de 30 años o de 5 años después de la solicitud más reciente o durante el periodo de vigencia de la patente, lo que tenga mayor duración y se repondrá en caso de que quede indisponible durante dicho periodo. Los depósitos estarán disponibles de manera irrevocable y sin restricciones o condiciones al momento de la emisión de una patente. Además, los solicitantes han cumplido con todos los requisitos del 37 C.F.R. §§1.801 -1.809, incluyendo proporcionar una indicación de la viabilidad de la muestra tras su depósito. Los solicitantes no tienen autoridad para renunciar a cualquier restricción impuesta por la ley acerca de la transferencia de material biológico o su transporte comercial. Los solicitantes no renuncian a cualquier infracción de sus derechos concedidos conforme a la presente patente. Sin embargo, debe entenderse que la disponibilidad de un depósito no constituye una licencia para practicar la invención objeto en la derogación de los derechos de patente concedidos por la acción gubernamental.

Moléculas de ácido nucleico y variantes y fragmentos de las mismas

Un aspecto se refiere a moléculas de ácido nucleico aisladas o recombinantes que comprenden secuencias de ácido nucleico que codifican polipéptidos de PIP-72 o porciones biológicamente activas de los mismos, así como moléculas de ácido nucleico suficientes para su uso como sondas de hibridación para identificar moléculas de ácido nucleico que codifican proteínas con regiones de homología de secuencia. Como se usa en el presente documento, el término "molécula de ácido nucleico" se refiere a moléculas de ADN (por ejemplo, ADN recombinante, ADNc, ADN genómico, ADN de plástido, ADN mitocondrial) y moléculas de ARN (por ejemplo, ARNm) y análogos del ADN o ARN generado usando análogos de nucleótidos. La molécula de ácido nucleico puede ser monocatenaria o bicatenaria, pero preferentemente, es ADN bicatenario.

Una molécula de ácido nucleico (o ADN) "aislada" se usa en el presente documento para hacer referencia a una secuencia de ácido nucleico (o ADN) que ya no se encuentra en su ambiente natural, por ejemplo, *in vitro*. Una molécula de ácido nucleico (o ADN) "recombinante" se usa en el presente documento para hacer referencia a una secuencia de ácido nucleico (o ADN) que se encuentra en una célula hospedadora bacteriana o vegetal recombinante. En algunos aspectos, un ácido nucleico "aislado" o "recombinante" se encuentra libre de secuencias (preferentemente secuencias codificantes de proteína) que flanquean naturalmente al ácido nucleico (es decir, secuencias ubicadas en los extremos 5' y 3' del ácido nucleico) en el ADN genómico del organismo del que procede el ácido nucleico. A efectos de la presente divulgación, "aislado" o "recombinante", cuando se usa para hacer referencia a moléculas de ácido nucleico, excluye cromosomas aislados. Por ejemplo, en varios aspectos, la molécula de ácido nucleico recombinante que codifica un polipéptido de PIP-72 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 ácido nucleico que flanquean de manera natural a la molécula de ácido nucleico en el ADN genómico de la célula de la que procede el ácido nucleico.

En algunos aspectos, una molécula de ácido nucleico aislada que codifica un polipéptido de PIP-72 tiene uno o más cambios en la secuencia de ácido nucleico en comparación con la secuencia de ácido nucleico nativa o genómica. En algunos aspectos, el cambio en la secuencia de ácido nucleico nativa o genómica incluye, pero sin limitación: cambios en la secuencia de ácido nucleico a causa de la degeneración del código genético; cambios en la secuencia de ácido nucleico debido a la sustitución, inserción, eliminación y/o adición de aminoácidos en comparación con la secuencia nativa o genómica; la eliminación de uno o más intrones; la eliminación de una o más regiones reguladoras cadena arriba o cadena abajo; y la eliminación de la región 5' y/o 3' no traducida asociada con la secuencia genómica de ácido nucleico. En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico que codifica un polipéptido de PIP-72 es una secuencia no genómica.

Se contemplan diversos polinucleótidos que codifican polipéptidos de PIP-72 o proteínas relacionadas. Dichos polinucleótidos son útiles para la producción de polipéptidos de PIP-72 en células hospedadoras cuando están unidos operativamente a secuencias promotoras, de terminación de la transcripción y/o poliadenilación adecuadas. Dichos polinucleótidos también son útiles como sondas para aislar polinucleótidos homólogos o sustancialmente homólogos que codifican polipéptidos de PIP-72 o proteínas relacionadas.

Las fuentes de polinucleótidos que codifican polipéptidos de PIP-72 o proteínas relacionadas incluyen, pero sin limitación, *Halomonas anticariensis, Photorhabdus luminescens, Xenorhabdus bovienii, Burkholderia pseudomallei, Burkholderia multivorans, Burkholderia thailandensis, Paludibacterium yongneupense, Pseudomonas rhodesiae; Pseudomonas entomophila, Pseudomonas chlororaphis; Pseudomonas mandelii; Pseudomonas congelans; Pseudomonas mandelii; Pseudomonas plecoglossicida, Pseudomonas protegens, Pseudomonas ficuserectae; Pseudomonas mosselii* o *Pseudomonas brassicacearum*. Las fuentes de polinucleótidos que codifican polipéptidos de PIP-72 o proteínas relacionadas incluyen, pero sin limitación: una cepa de *Pseudomonas chlororaphis* que contiene el polinucleótido de PIP-72Aa de SEQ ID NO: 1 que codifica el polipéptido de PIP-72Aa de SEQ ID NO: 2; una cepa de *Pseudomonas rhodesiae* que contiene el polinucleótido de PIP-72Ba de SEQ ID NO: 3 que codifica el polipéptido de PIP-72Ba de SEQ ID NO: 4; una cepa de *Pseudomonas chlororaphis* que contiene el polinucleótido de PIP-72Ca de SEQ ID NO: 5 que codifica el polipéptido de PIP-72Ca de SEQ ID NO: 6; una cepa de *Pseudomonas mandelii* que contiene el polinucleótido de PIP-72Cb de SEQ ID NO: 7 que codifica el polipéptido de PIP-72Cb de SEQ ID NO: 8; una cepa de *Pseudomonas congelans* que contiene el polinucleótido de PIP-72Da de SEQ ID NO: 9 que codifica el

polipéptido de PIP-72Da de SEQ ID NO: 10; una cepa de *Pseudomonas mandelii* que contiene el polinucleótido de PIP-72Db de SEQ ID NO: 11 que codifica el polipéptido de PIP-72Db de SEQ ID NO: 12; una cepa de *Pseudomonas ficuserectae* que contiene el polinucleótido de PIP-72Dc de SEQ ID NO: 13 que codifica el polipéptido de PIP-72Dc de SEQ ID NO: 14; una cepa de *Pseudomonas mosselii* que contiene el polinucleótido de PIP-72Fa de SEQ ID NO: 17 que codifica el polipéptido de PIP-72Fa de SEQ ID NO: 18; una cepa de *Pseudomonas chlororaphis* que contiene el polinucleótido de PIP-72Ff de SEQ ID NO: 27 que codifica el polipéptido de PIP-72Ff de SEQ ID NO: 28; una cepa de *Pseudomonas chlororaphis* que contiene el polinucleótido de PIP-72Gb de SEQ ID NO: 31 que codifica el polipéptido de PIP-72Gb de SEQ ID NO: 32; una cepa de *Pseudomonas chlororaphis* que contiene el polinucleótido de PIP-72Ab de SEQ ID NO: 949 que codifica el polipéptido de PIP-72Ab de SEQ ID NO: 927; una cepa de *Pseudomonas brassicacearum* que contiene el polinucleótido de PIP-72Bb de SEQ ID NO: 950 que codifica el polipéptido de PIP-72Ab de SEQ ID NO: 928; una cepa de *Pseudomonas entomophila* que contiene el polinucleótido de PIP-72Fh de SEQ ID NO: 954 que codifica el polipéptido de PIP-72AFh de SEQ ID NO: 932; una cepa de *Pseudomonas entomophila* que contiene el polinucleótido de PIP-72Fh de SEQ ID NO: 955 que codifica el polipéptido de PIP-72AFh de SEQ ID NO: 933; una cepa de *Pseudomonas chlororaphis* que contiene el polinucleótido de PIP-72Fj de SEQ ID NO: 956 que codifica el polipéptido de PIP-72Fj de SEQ ID NO: 934; una cepa de *Pseudomonas chlororaphis* que contiene el polinucleótido de PIP-72Fk de SEQ ID NO: 957 que codifica el polipéptido de PIP-72Fk de SEQ ID NO: 935; una cepa de *Burkholderia multivorans* que contiene el polinucleótido de PIP-72FI de SEQ ID NO: 958 que codifica el polipéptido de PIP-72FI de SEQ ID NO: 936; una cepa de *Pseudomonas chlororaphis* que contiene el polinucleótido de PIP-72Gg de SEQ ID NO: 961 que codifica el polipéptido de PIP-72Gg de SEQ ID NO: 939; una cepa de *Pseudomonas chlororaphis* que contiene el polinucleótido de PIP-72Gh de SEQ ID NO: 962 que codifica el polipéptido de PIP-72Gh de SEQ ID NO: 940; una cepa de *Pseudomonas mosselii* que contiene el polinucleótido de PIP-72Gi de SEQ ID NO: 963 que codifica el polipéptido de PIP-72Gi de SEQ ID NO: 941; una cepa de *Pseudomonas protegens* que contiene el polinucleótido de PIP-72Gk de SEQ ID NO: 965 que codifica el polipéptido de PIP-72Gk de SEQ ID NO: 943; una cepa de *Pseudomonas plecoglossicida* que contiene el polinucleótido de PIP-72GI de SEQ ID NO: 966 que codifica el polipéptido de PIP-72GI de SEQ ID NO: 944; y una cepa de *Pseudomonas chlororaphis* que contiene el polinucleótido de PIP-72Gn de SEQ ID NO: 968 que codifica el polipéptido de PIP-72Gn de SEQ ID NO: 946. Estas secuencias de polinucleótido se aislaron de un hospedador de *Halomonas, Photorhabdus, Xenorhabdus, Burkholderia, Paludibacterium* o *Pseudomonas* y por lo tanto, son adecuadas para la expresión del polipéptido de PIP-72 codificado en otros hospedadores bacterianos. Por ejemplo, SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 27 y SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 949, SEQ ID NO: 950, SEQ ID NO: 955, SEQ ID NO: 956, SEQ ID NO: 957, SEQ ID NO: 958, SEQ ID NO: 961, SEQ ID NO: 962, SEQ ID NO: 963, SEQ ID NO: 965, SEQ ID NO: 966, SEQ ID NO: 967, la SEQ ID NO: 968 pueden usarse para expresar polipéptidos de PIP-72 en hospedadores bacterianos que incluyen, pero sin limitación, células hospedadoras bacterianas de *Agrobacterium, Bacillus, Escherichia, Salmonella, Pseudomonas* y *Rhizobium*. Los polinucleótidos también son útiles como sondas para aislar polinucleótidos homólogos o sustancialmente homólogos que codifican polipéptidos de PIP-72 o proteínas relacionadas. Dichas sondas pueden usarse para identificar polinucleótidos homólogos o sustancialmente homólogos procedentes de *Halomonas, Photorhabdus, Xenorhabdus, Burkholderia, Paludibacterium, Pseudomonas* u otras bacterias relacionadas.

También pueden sintetizarse polinucleótidos que codifican un polipéptido de PIP-72 *de novo* a partir de una secuencia de polipéptido de PIP-72. La secuencia de polinucleótidos del gen puede deducirse a partir de una secuencia de polipéptido de PIP-72 mediante el uso del código genético. Pueden usarse programas informáticos, tales como "BackTranslate" (GCG™ Package, Acclerys, Inc. San Diego, Calif.) para convertir una secuencia de péptido en la secuencia de nucleótidos correspondiente que codifica el péptido. Los ejemplos de secuencias de polipéptido de PIP-72 que pueden usarse para obtener las secuencias de nucleótidos correspondientes incluyen, pero sin limitación, el polipéptido de PIP-72 con la secuencia de SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 28 y SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 927, SEQ ID NO: 928, SEQ ID NO: 932, SEQ ID NO: 933, SEQ ID NO: 934, SEQ ID NO: 935, SEQ ID NO: 936, SEQ ID NO: 939, SEQ ID NO: 940, SEQ ID NO: 941, SEQ ID NO: 943, SEQ ID NO: 944, SEQ ID NO: 945 o SEQ ID NO: 946. Además, pueden diseñarse secuencias de polinucleótido de PIP-72 sintéticas de la divulgación de tal forma que se expresarán en plantas. La Patente de los Estados Unidos número 5.500.365 describe un método para sintetizar genes vegetales para mejorar el nivel de expresión de la proteína codificada por el gen sintetizado. Este método se refiere a la modificación de las secuencias estructurales del gen del transgén exógeno, para hacer que se transcriban, procesen, traduzcan y expresen más eficientemente por la planta. Las características de genes que se expresan bien en plantas incluyen la eliminación de secuencias que pueden provocar el corte y empalme de intrones no deseados o la poliadenilación en la región codificante de un transcrito génico a la vez que conservan sustancialmente la secuencia de aminoácidos de la porción tóxica de la proteína insecticida. Se divulga un método similar para obtener la expresión potenciada de transgenes en plantas monocotiledóneas en la Patente de los Estados Unidos número 5.689.052.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico que codifica un polipéptido de PIP-72 es un polinucleótido que tiene la secuencia expuesta en SEQ ID NO: 1; SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 949, SEQ ID NO: 950, SEQ ID NO: 955, SEQ ID NO: 956, SEQ ID NO: 957, SEQ ID NO: 958, SEQ ID NO: 961, SEQ ID NO: 962, SEQ ID NO: 963, SEQ ID NO: 965, SEQ ID NO: 966, SEQ ID NO: 967, SEQ ID NO: 968 y variantes, fragmentos y complementos de las mismas. "Complemento" se usa en el presente documento para hacer referencia a una secuencia de ácido nucleico que es suficientemente complementaria a una secuencia de ácido nucleico dada, de tal forma que puede

hibridar con la secuencia de ácido nucleico dada, para formar de este modo un dúplex estable. "Variantes de secuencia de polinucleótidos" se usa en el presente documento para hacer referencia a una secuencia de ácido nucleico que, salvo por la degeneración del código genético, codifica el mismo polipéptido.

En algunos aspectos, una molécula de ácido nucleico que codifica el polipéptido de PIP-72 es una secuencia de ácido nucleico no genómica. Como se usa en el presente documento, una "secuencia de ácido nucleico no genómica" o una "molécula de ácido nucleico no genómica" se refiere a una molécula de ácido nucleico que tiene uno o más cambios en la secuencia de ácido nucleico en comparación con una secuencia de ácido nucleico nativa o genómica. En algunos aspectos, el cambio en una molécula de ácido nucleico nativa o genómica incluye, pero sin limitación: cambios en la secuencia de ácido nucleico a causa de la degeneración del código genético; optimización de codones de la secuencia de ácido nucleico para su expresión en plantas; cambios en la secuencia de ácido nucleico para introducir al menos una sustitución, inserción, eliminación y/o adición de aminoácidos en comparación con la secuencia nativa o genómica; eliminación de uno o más intrones asociados con la secuencia de ácido nucleico genómica; inserción de uno o más intrones heterólogos; eliminación de una o más regiones reguladoras cadena arriba o cadena abajo asociadas con la secuencia de ácido nucleico genómica; inserción de una o más regiones reguladoras heterólogas cadena arriba o cadena abajo; eliminación de la región 5' y/o 3' no traducida asociada con la secuencia de ácido nucleico genómica; inserción de una región heteróloga 5' y/o 3' no traducida; y modificación de un sitio de poliadenilación. En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica es un ADNc. En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica es una secuencia de ácido nucleico sintética. En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómico no es la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 949, SEQ ID NO: 950, SEQ ID NO: 955, SEQ ID NO: 956, SEQ ID NO: 957, SEQ ID NO: 958, SEQ ID NO: 961, SEQ ID NO: 962, SEQ ID NO: 963, SEQ ID NO: 965, SEQ ID NO: 966, SEQ ID NO: 967, SEQ ID NO: 968.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 50 %, 51 %, 52 %, 53 %, 54 %, 55 %, 56 %, 57 %, 58 %, 59 %, 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % o 99 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 927, SEQ ID NO: 928, SEQ ID NO: 932, SEQ ID NO: 933, SEQ ID NO: 934, SEQ ID NO: 935, SEQ ID NO: 936, SEQ ID NO: 939, SEQ ID NO: 940, SEQ ID NO: 941, SEQ ID NO: 943, SEQ ID NO: 944, SEQ ID NO: 945 o SEQ ID NO: 946, en donde el polipéptido tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 50 %, 51 %, 52 %, 53 %, 54 %, 55 %, 56 %, 57 %, 58 %, 59 %, 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % o 99 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 2, en donde el polipéptido tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 50 %, 51 %, 52 %, 53 %, 54 %, 55 %, 56 %, 57 %, 58 %, 59 %, 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % o 99 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 4, en donde el polipéptido tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 50 %, 51 %, 52 %, 53 %, 54 %, 55 %, 56 %, 57 %, 58 %, 59 %, 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % o 99 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 6, en donde el polipéptido tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 50 %, 51 %, 52 %, 53 %, 54 %, 55 %, 56 %, 57 %, 58 %, 59 %, 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % o 99 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 8, en donde el polipéptido tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 50 %, 50 %, 51 %, 52 %, 53 %, 54 %, 55 %, 56 %, 57 %, 58 %, 59 %, 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %,

95 %, 96 %, 97 %, 98 % o 99 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 10, en donde el polipéptido tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 50 %, 51 %, 52 %, 53 %, 54 %, 55 %, 56 %, 57 %, 58 %, 59 %, 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % o 99 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 12, en donde el polipéptido tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 50 %, 51 %, 52 %, 53 %, 54 %, 55 %, 56 %, 57 %, 58 %, 59 %, 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % o 99 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 14, en donde el polipéptido tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 50 %, 51 %, 52 %, 53 %, 54 %, 55 %, 56 %, 57 %, 58 %, 59 %, 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % o 99 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 18, en donde el polipéptido tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 50 %, 51 %, 52 %, 53 %, 54 %, 55 %, 56 %, 57 %, 58 %, 59 %, 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % o 99 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 28, en donde el polipéptido tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 50 %, 51 %, 52 %, 53 %, 54 %, 55 %, 56 %, 57 %, 58 %, 59 %, 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % o 99 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 32, en donde el polipéptido tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 50 %, 51 %, 52 %, 53 %, 54 %, 55 %, 56 %, 57 %, 58 %, 59 %, 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % o 99 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 927, en donde el polipéptido tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 50 %, 51 %, 52 %, 53 %, 54 %, 55 %, 56 %, 57 %, 58 %, 59 %, 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % o 99 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 928, en donde el polipéptido tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 50 %, 51 %, 52 %, 53 %, 54 %, 55 %, 56 %, 57 %, 58 %, 59 %, 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % o 99 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 932, en donde el polipéptido tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 50 %, 51 %, 52 %, 53 %, 54 %, 55 %, 56 %, 57 %, 58 %, 59 %, 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % o 99 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 933, en donde el polipéptido tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 50 %, 51 %, 52 %, 53 %, 54 %, 55 %, 56 %, 57 %, 58 %, 59 %, 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % o 99 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 934, en donde el polipéptido tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 50 %, 51 %, 52 %, 53 %, 54 %, 55 %, 56 %, 57 %, 58 %, 59 %, 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % o 99 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 935, en donde el polipéptido tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 50 %, 51 %, 52 %, 53 %, 54 %, 55 %, 56 %, 57 %, 58 %, 59 %, 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % o 99 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 936, en donde el polipéptido tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 50 %, 51 %, 52 %, 53 %, 54 %, 55 %, 56 %, 57 %, 58 %, 59 %, 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % o 99 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 939, en donde el polipéptido tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 50 %, 51 %, 52 %, 53 %, 54 %, 55 %, 56 %, 57 %, 58 %, 59 %, 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % o 99 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 940, en donde el polipéptido tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 50 %, 51 %, 52 %, 53 %, 54 %, 55 %, 56 %, 57 %, 58 %, 59 %, 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % o 99 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 941, en donde el polipéptido tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 50 %, 51 %, 52 %, 53 %, 54 %, 55 %, 56 %, 57 %, 58 %, 59 %, 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % o 99 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 943, en donde el polipéptido tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 50 %, 51 %, 52 %, 53 %, 54 %, 55 %, 56 %, 57 %, 58 %, 59 %, 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % o 99 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 944, en donde el polipéptido tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 50 %, 51 %, 52 %, 53 %, 54 %, 55 %, 56 %, 57 %, 58 %, 59 %, 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % o 99 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 945, en donde el polipéptido tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 50 %, 51 %, 52 %, 53 %, 54 %, 55 %, 56 %, 57 %, 58 %, 59 %, 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %,

78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % o 99 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 946, en donde el polipéptido tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 50 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 927, SEQ ID NO: 928, SEQ ID NO: 932, SEQ ID NO: 933, SEQ ID NO: 934, SEQ ID NO: 935, SEQ ID NO: 936, SEQ ID NO: 939, SEQ ID NO: 940, SEQ ID NO: 941, SEQ ID NO: 943, SEQ ID NO: 944, SEQ ID NO: 945 o SEQ ID NO: 946, en donde el polipéptido de PIP-72 tiene al menos un cambio de aminoácidos en comparación con la SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 927, SEQ ID NO: 928, SEQ ID NO: 932, SEQ ID NO: 933, SEQ ID NO: 934, SEQ ID NO: 935, SEQ ID NO: 936, SEQ ID NO: 939, SEQ ID NO: 940, SEQ ID NO: 941, SEQ ID NO: 943, SEQ ID NO: 944, SEQ ID NO: 945 o SEQ ID NO: 946 y en donde el polipéptido de PIP-72 tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 50 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 2, en donde el polipéptido de PIP-72 tiene al menos un cambio de aminoácidos en comparación con la SEQ ID NO: 2 y el polipéptido de PIP-72 tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 50 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 4, en donde el polipéptido de PIP-72 tiene al menos un cambio de aminoácidos en comparación con la SEQ ID NO: 4 y el polipéptido de PIP-72 tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 50 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 6, en donde el polipéptido de PIP-72 tiene al menos un cambio de aminoácidos en comparación con la SEQ ID NO: 6 y el polipéptido de PIP-72 tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 50 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 8, en donde el polipéptido de PIP-72 tiene al menos un cambio de aminoácidos en comparación con la SEQ ID NO: 8 y el polipéptido de PIP-72 tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 50 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 10, en donde el polipéptido de PIP-72 tiene al menos un cambio de aminoácidos en comparación con la SEQ ID NO: 10 y el polipéptido de PIP-72 tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 50 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 12, en donde el polipéptido de PIP-72 tiene al menos un cambio de aminoácidos en comparación con la SEQ ID NO: 12 y el polipéptido de PIP-72 tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 50 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 14, en donde el polipéptido de PIP-72 tiene al menos un cambio de aminoácidos en comparación con la SEQ ID NO: 14 y el polipéptido de PIP-72 tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 60 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 18, en donde el polipéptido de PIP-72 tiene al menos un cambio de aminoácidos en comparación con la SEQ ID NO: 18 y el polipéptido de PIP-72 tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 85 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 28, en donde el polipéptido de PIP-72 tiene al menos un cambio de aminoácidos en comparación con la SEQ ID NO: 28 y el polipéptido de PIP-72 tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 95 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 32, en donde el polipéptido de PIP-72 tiene al menos un cambio de aminoácidos en comparación con la SEQ ID NO: 32 y en donde el polipéptido de PIP-72 tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 95 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 927, en donde el polipéptido de PIP-72 tiene al menos un cambio de aminoácidos en comparación con la SEQ ID NO: 927 y en donde el polipéptido de PIP-72 tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 95 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 928, en donde el polipéptido de PIP-72 tiene al menos un cambio de aminoácidos en comparación con la SEQ ID NO: 928 y en donde el polipéptido de PIP-72 tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 95 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 932, en donde el polipéptido de PIP-72 tiene al menos un cambio de aminoácidos en comparación con la SEQ ID NO: 932 y en donde el polipéptido de PIP-72 tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 95 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 933, en donde el polipéptido de PIP-72 tiene al menos un cambio de aminoácidos en comparación con la SEQ ID NO: 933 y en donde el polipéptido de PIP-72 tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 95 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 934, en donde el polipéptido de PIP-72 tiene al menos un cambio de aminoácidos en comparación con la SEQ ID NO: 934 y en donde el polipéptido de PIP-72 tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 95 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 935, en donde el polipéptido de PIP-72 tiene al menos un cambio de aminoácidos en comparación con la SEQ ID NO: 935 y en donde el polipéptido de PIP-72 tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 95 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 936, en donde el polipéptido de PIP-72 tiene al menos un cambio de aminoácidos en comparación con la SEQ ID NO: 936 y en donde el polipéptido de PIP-72 tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 95 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 939, en donde el polipéptido de PIP-72 tiene al menos un cambio de aminoácidos en comparación con la SEQ ID NO: 939 y en donde el polipéptido de PIP-72 tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 95 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 940, en donde el polipéptido de PIP-72 tiene al menos un cambio de aminoácidos en comparación con la SEQ ID NO: 940 y en donde el polipéptido de PIP-72 tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 95 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 941, en donde el polipéptido de PIP-72 tiene al menos un cambio de aminoácidos en comparación con la SEQ ID NO: 941 y en donde el polipéptido de PIP-72 tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 95 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 943, en donde el polipéptido de PIP-72 tiene al menos un cambio de aminoácidos en comparación con la SEQ ID NO: 943 y en donde el polipéptido de PIP-72 tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 95 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 944, en donde el polipéptido de PIP-72 tiene al menos un cambio de aminoácidos en comparación con la SEQ ID NO: 944 y en donde el polipéptido de PIP-72 tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 95 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 945, en donde el polipéptido de PIP-72 tiene al menos un cambio de aminoácidos en comparación con la SEQ ID NO: 945 y en donde el polipéptido de PIP-72 tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómica codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende

una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 95 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 946, en donde el polipéptido de PIP-72 tiene al menos un cambio de aminoácidos en comparación con la SEQ ID NO: 946 y en donde el polipéptido de PIP-72 tiene actividad plaguicida.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómico codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 927, SEQ ID NO: 928, SEQ ID NO: 932, SEQ ID NO: 933, SEQ ID NO: 934, SEQ ID NO: 935, SEQ ID NO: 936, SEQ ID NO: 939, SEQ ID NO: 940, SEQ ID NO: 941, SEQ ID NO: 943, SEQ ID NO: 944, SEQ ID NO: 945 o SEQ ID NO: 946 que tiene 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44 o 45 sustituciones de aminoácidos en comparación con el aminoácido nativo en la posición correspondiente de la SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 927, SEQ ID NO: 928, SEQ ID NO: 932, SEQ ID NO: 933, SEQ ID NO: 934, SEQ ID NO: 935, SEQ ID NO: 936, SEQ ID NO: 939, SEQ ID NO: 940, SEQ ID NO: 941, SEQ ID NO: 943, SEQ ID NO: 944, SEQ ID NO: 945 o SEQ ID NO: 946.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómico codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 2 que tiene 1, 2, 3, *4,* 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44 o 45 sustituciones de aminoácidos en comparación con la secuencia de aminoácidos nativa en la posición correspondiente de la SEQ ID NO: *2.*

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómico codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: *4* que tiene 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44 o 45 sustituciones de aminoácidos en comparación con el aminoácido nativo en la posición correspondiente de la SEQ ID NO: 4.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómico codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 6 que tiene 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44 o 45 sustituciones de aminoácidos en comparación con el aminoácido nativo en la posición correspondiente de la SEQ ID NO: 6.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómico codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 8 que tiene 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44 o 45 sustituciones de aminoácidos en comparación con el aminoácido nativo en la posición correspondiente de la SEQ ID NO: 8.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómico codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 10 que tiene 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44 o 45 sustituciones de aminoácidos en comparación con el aminoácido nativo en la posición correspondiente de la SEQ ID NO: 10.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómico codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 12 que tiene 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44 o 45 sustituciones de aminoácidos en comparación con el aminoácido nativo en la posición correspondiente de la SEQ ID NO: 12.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómico codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 14 que tiene 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44 o 45 sustituciones de aminoácidos en comparación con el aminoácido nativo en la posición correspondiente de la SEQ ID NO: 14.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómico codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 18 que tiene 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35 o 36 sustituciones de aminoácidos en comparación con el aminoácido nativo en la posición correspondiente de la SEQ ID NO: 18.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómico codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 28 que tiene 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13 o 14 sustituciones de aminoácidos en comparación con el aminoácido nativo en la posición correspondiente de la SEQ ID NO: 28.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómico codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 32 que tiene 1, 2, 3, 4 o 5 sustituciones de aminoácidos en comparación con el aminoácido nativo en la posición correspondiente de la SEQ ID NO: 32.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómico codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende

una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 927 que tiene 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44 o 45 sustituciones de aminoácidos en comparación con el aminoácido nativo en la posición correspondiente de la SEQ ID NO: 927.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómico codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 928 que tiene 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44 o 45 sustituciones de aminoácidos en comparación con el aminoácido nativo en la posición correspondiente de la SEQ ID NO: 928.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómico codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 932 que tiene 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44 o 45 sustituciones de aminoácidos en comparación con el aminoácido nativo en la posición correspondiente de la SEQ ID NO: 932.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómico codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 933 que tiene 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44 o 45 sustituciones de aminoácidos en comparación con el aminoácido nativo en la posición correspondiente de la SEQ ID NO: 933.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómico codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 934 que tiene 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44 o 45 sustituciones de aminoácidos en comparación con el aminoácido nativo en la posición correspondiente de la SEQ ID NO: 934.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómico codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 935 que tiene 1, 2, 3, *4,* 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44 o 45 sustituciones de aminoácidos en comparación con el aminoácido nativo en la posición correspondiente de la SEQ ID NO: 935.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómico codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 936 que tiene 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44 o 45 sustituciones de aminoácidos en comparación con el aminoácido nativo en la posición correspondiente de la SEQ ID NO: 936.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómico codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 939 que tiene 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44 o 45 sustituciones de aminoácidos en comparación con el aminoácido nativo en la posición correspondiente de la SEQ ID NO: 939.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómico codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 940 que tiene 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44 o 45 sustituciones de aminoácidos en comparación con el aminoácido nativo en la posición correspondiente de la SEQ ID NO: 940.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómico codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 941 que tiene 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44 o 45 sustituciones de aminoácidos en comparación con el aminoácido nativo en la posición correspondiente de la SEQ ID NO: 941.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómico codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 943 que tiene 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44 o 45 sustituciones de aminoácidos en comparación con el aminoácido nativo en la posición correspondiente de la SEQ ID NO: 943.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómico codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 944 que tiene 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44 o 45 sustituciones de aminoácidos en comparación con el aminoácido nativo en la posición correspondiente de la SEQ ID NO: 944.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómico codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 945 que tiene 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44 o 45 sustituciones de aminoácidos en comparación con el aminoácido nativo en la posición correspondiente de la SEQ ID NO: 945.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómico codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 946 que tiene 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18,

19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44 o 45 sustituciones de aminoácidos en comparación con el aminoácido nativo en la posición correspondiente de la SEQ ID NO: 946.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómico codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 846 que tiene 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31,32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44 o 45 sustituciones de aminoácidos, en posiciones indicadas por Xaa, en comparación con el aminoácido nativo en la posición correspondiente de la SEQ ID NO: *2.*

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómico codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 847 que tiene 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31,32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44 o 45 sustituciones de aminoácidos, en posiciones indicadas por Xaa, en comparación con el aminoácido nativo en la posición correspondiente de la SEQ ID NO: *2.*

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómico codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 848 que tiene 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44 o 45 sustituciones de aminoácidos, en posiciones indicadas por Xaa, en comparación con el aminoácido nativo en la posición correspondiente de la SEQ ID NO: 2.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico no genómico codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 849 que tiene 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44 o 45 sustituciones de aminoácidos, en posiciones indicadas por Xaa, en comparación con el aminoácido nativo en la posición correspondiente de la SEQ ID NO: 2.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 846, en donde Xaa en la posición 2 es Gly, Ala, Cys, Asp, Glu, Ile, Lys, Leu, Asn, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr; Xaa en la posición 3 es Ile o Trp; Xaa en la posición 4 es Thr, Ala, Asp, Glu, His, Ile, Lys, Leu, Arg, Ser, Val, Trp o Tyr; Xaa en la posición 5 es Val, Ala, Cys, Gly, His, Ile o Tyr; Xaa en la posición 6 es Thr, Ala, Cys, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Met, Pro, Gln, Arg, Ser, Trp o Tyr; Xaa en la posición 7 es Asn, Ala o Val; Xaa en la posición 8 es Asn, Ala, Cys, Asp, Glu, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Met, Gln, Arg, Ser, Thr o Val; Xaa en la posición 9 es Ser, Ala, Cys, Gly o Thr; Xaa en la posición 10 es Ser, Ala, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Asn, Pro, Gln, Arg, Thr o Trp; Xaa en la posición 11 es Asn, Ala, Cys, Asp, Glu, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Met, Gln, Ser, Thr, Val o Tyr; Xaa en la posición 12 es Pro, Ala, Cys, Asp, Glu, Gly, His, Lys, Leu, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr; Xaa en la posición 13 es Ile, Asn, Gln o Val; Xaa en la posición 14 es Glu, Ala, Cys, Phe, His, Lys o Gln; Xaa en la posición 15 es Val, Ala, Cys, Ile, Met o Arg; Xaa en la posición 17 es Ile, Glu o Val; Xaa en la posición 18 es Asn o Ser; Xaa en la posición 19 es His, Ala, Glu, Lys, Leu, Pro, Arg, Ser o Tyr; Xaa en la posición 20 es Trp, Ala o Thr; Xaa en la posición 22 es Ser, Ala, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Arg, Thr, Val o Tyr; Xaa en la posición 23 es Asp, Ala, Gly, His, Lys, Met, Asn, Gln, Ser, Thr o Val; Xaa en la posición 24 es Gly, Asp o Phe; Xaa en la posición 25 es Asp, Ala, Glu, Phe, Asn o Gln; Xaa en la posición 26 es Thr, Glu o Pro; Xaa en la posición 27 es Ser, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Asn, Gln, Arg o Thr; Xaa en la posición 28 es Phe, Pro, Trp o Tyr; Xaa en la posición 29 es Phe, Ala, Cys, Ile, Leu, Gln, Arg, Trp o Tyr; Xaa en la posición 30 es Ser, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Lys, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Arg, Thr, Val, Trp o Tyr; Xaa en la posición 31 es Val, Ile o Leu; Xaa en la posición 32 es Gly, Ala, Asp, Glu, Phe, His, Lys, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr; Xaa en la posición 33 es Asn, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Pro, Gln, Arg, Ser, Thr, Val o Tyr; Xaa en la posición 34 es Gly, Glu, Phe, His, Lys, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr o Tyr; Xaa en la posición 35 es Lys, Ala, Cys, Asp, Gly, His, Ile, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr o Val; Xaa en la posición 36 es Gln, Ala, Cys, Glu, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Asn, Pro, Arg, Ser, Thr o Val; Xaa en la posición 37 es Glu, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, Ile, Lys, Leu, Met, Asn, Ser, Thr o Val; Xaa en la posición 38 es Thr, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Val, Trp o Tyr; Xaa en la posición 39 es Trp o Phe; Xaa en la posición 40 es Asp, Ala, Cys, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr; Xaa en la posición 42 es Ser, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, Ile, Lys, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Thr, Val, Trp o Tyr; Xaa en la posición 44 es Ser, Ala, Asp, Glu, Gly, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Thr, Val o Tyr; Xaa en la posición 45 es Arg, Lys o Ser; Xaa en la posición 46 es Gly, Ala o Gln; Xaa en la posición 47 es Phe, Cys, Val o Tyr; Xaa en la posición 48 es Val, Ile o Leu; Xaa en la posición 49 es Leu, Cys, Phe, Met, Arg o Tyr; Xaa en la posición 50 es Ser, Ala, Cys, Asp, Ile, Met, Pro, Gln, Thr o Val; Xaa en la posición 51 es Leu, Ala, Cys, Met o Val; Xaa en la posición 52 es Lys, Cys, Phe, His, Ile, Leu, Met, Asn, Arg, Ser, Thr, Trp o Tyr; Xaa en la posición 53 es Lys, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, His, Ile, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Val o Tyr; Xaa en la posición 54 es Asn, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, Lys, Met, Gln, Arg, Ser o Trp; Xaa en la posición 56 es Ala, Gly, Leu, Asn, Pro, Gln, Arg, Ser o Thr; Xaa en la posición 57 es Gln, Glu, Leu, Met, Ser o Thr; Xaa en la posición 58 es His, Ala, Asp, Phe, Leu, Met, Asn, Arg, Trp o Tyr; Xaa en la posición 60 es Tyr, Glu o Phe; Xaa en la posición 63 es Gln, Cys, Gly, Ile, Leu, Met, Asn, Thr, Val o Tyr; Xaa en la posición 64 es Ala, Phe, Gly, His, Arg, Ser o Tyr; Xaa en la posición 65 es Ser, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Asn, Thr o Val; Xaa en la posición 66 es Ser, Ala o Gly; Xaa en la posición 67 es Lys, Ala, Cys, Asp, Phe, His, Ile, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr; Xaa en la posición 68 es Ile, Asp, Leu o Val; Xaa en la posición 69 es Glu, Ala, Cys, Asp, Phe, His, Ile, Leu, Met, Gln, Arg, Ser, Thr, Val o Tyr; Xaa en la posición 70 es Val, Cys o Ile; Xaa en la posición 71 es Asp, Ala,

Cys, Gly, His, Ile, Leu, Met, Asn, Ser, Thr, Val o Tyr; Xaa en la posición 72 es Asn, Ala, Cys, Asp, Glu, Gly, Lys, Met, Pro, Gln, Arg, Ser, Thr, Val o Trp; Xaa en la posición 73 es Asn, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Ser, Thr, Val o Tyr; Xaa en la posición 74 es Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Val o Tyr; Xaa en la posición 75 es Val, Cys, Ile o Leu; Xaa en la posición 76 es Lys, Ala, Cys, Phe, His, Ile, Leu, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr; Xaa en la posición 77 es Asp o Tyr; Xaa en la posición 78 es Gln, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Met, Asn, Arg, Ser, Thr, Val o Tyr; Xaa en la posición 79 es Gly, Arg, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, His, Lys, Leu, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Trp o Tyr; Xaa en la posición 80 es Arg, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Asn, Ser, Thr, Val o Tyr; Xaa en la posición 81 es Leu, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Asn, Pro, Arg, Ser, Thr o Val; Xaa en la posición 82 es Ile, Ala, Leu, Met, Arg o Val; Xaa en la posición 83 es Glu, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Asn, Pro, Arg, Ser, Thr, Val o Tyr; Xaa en la posición 84 es Pro, Ala, Cys, Glu, Ile, Ser, Val, Trp o Tyr; Xaa en la posición 85 es Leu, Cys, Gly o Val; y Xaa en la posición 86 es Ser, Ala, Ile, Thr o Val y en donde de 1 a 14 aminoácidos se eliminan opcionalmente del extremo N-terminal y/o el extremo C-terminal del polipéptido de PIP-72.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 847, en donde Xaa en la posición 2 es Gly, Lys o Ala; Xaa en la posición 3 es Ile o Leu; Xaa en la posición 4 es Thr o Ser; Xaa en la posición 5 es Val o Ile; Xaa en la posición 6 es Thr o Lys; Xaa en la posición 8 es Asn, Lys, Gly o Ser; Xaa en la posición 9 es Ser o Ala; Xaa en la posición 11 es Asn, Lys, His o Thr; Xaa en la posición 12 es Pro, Thr, Lys o Ser; Xaa en la posición 13 es Ile o Val; Xaa en la posición 14 es Glu o Asp; Xaa en la posición 15 es Val, Ala o Ile; Xaa en la posición 16 es Ala o Ser; Xaa en la posición 17 es Ile o Val; Xaa en la posición 18 es Asn o Ser; Xaa en la posición 19 es His, Lys, Arg, Gln o Ala; Xaa en la posición 21 es Gly o Arg; Xaa en la posición 22 es Ser, Lys, Asn, Asp o Thr; Xaa en la posición 25 es Asp o Asn; Xaa en la posición 26 es Thr o Asp; Xaa en la posición 27 es Ser, Thr, Asn o Lys; Xaa en la posición 28 es Phe, Tyr o Pro; Xaa en la posición 29 es Phe o Tyr; Xaa en la posición 30 es Ser, Gly o Lys; Xaa en la posición 31 es Val, Ile o Met; Xaa en la posición 32 es Gly, Ala o Asp; Xaa en la posición 33 es Asn, Ser, Gln o Pro; Xaa en la posición 35 es Lys, Glu o Ser; Xaa en la posición 36 es Gln, Asn o Ser; Xaa en la posición 37 es Glu o Asp; Xaa en la posición 38 es Thr o Ser; Xaa en la posición 42 es Ser o Asn; Xaa en la posición 44 es Ser, Asp, Ala o Leu; Xaa en la posición 47 es Phe o Tyr; Xaa en la posición 48 es Leu o Met; Xaa en la posición 49 es Leu o Met; Xaa en la posición 50 es Ser, Ala o Tyr; Xaa en la posición 51 es Leu o Val; Xaa en la posición 52 es Lys o Gln; Xaa en la posición 53 es Lys, Arg, Met o Leu; Xaa en la posición 54 es Asn, Lys o Gly; Xaa en la posición 55 es Gly o Ser; Xaa en la posición 56 es Ala, Thr, Gln o Ser; Xaa en la posición 57 es Gln, Val o Ala; Xaa en la posición 58 es His, Ala, Lys, Tyr o Thr; Xaa en la posición 59 es Pro o Thr; Xaa en la posición 62 es Val o Ile; Xaa en la posición 63 es Gln, Ser o Leu; Xaa en la posición 64 es Ala, Gln o Ser; Xaa en la posición 65 es Ser o Thr; Xaa en la posición 67 es Lys, Gln, Arg o Asn; Xaa en la posición 69 es Glu, Lys o Val; Xaa en la posición 70 es Val o Ile; Xaa en la posición 71 es Asp, Glu o Tyr; Xaa en la posición 72 es Asn, His, Ser o Asp; Xaa en la posición 73 es Asn, Ser o Asp; Xaa en la posición 74 es Ala, Thr, Met, Ile o Lys; Xaa en la posición 76 es Lys o Thr; Xaa en la posición 78 es Gln, His o Ser; Xaa en la posición 80 es Arg, Glu o Gln; Xaa en la posición 81 es Leu, Pro, Ala o Thr; Xaa en la posición 82 es Ile o Leu; Xaa en la posición 83 es Glu, His, Asn, Gln o Leu; Xaa en la posición 85 es Leu, Val o Ala; y Xaa en la posición 86 es Ser, Ala, Tyr o Asn y en donde, de 1 a 14 aminoácidos se eliminan opcionalmente del extremo N-terminal y/o el extremo C-terminal del polipéptido de PIP-72 y/o se inserta un aminoácido entre el resto 24 y 25 en relación con la SEQ ID NO: 847.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 848, en donde Xaa en la posición 2 es Gly, Lys, Ala o Arg; Xaa en la posición 3 es Ile, Leu o Val; Xaa en la posición 4 es Thr o Ser; Xaa en la posición 5 es Val, Ile o Leu; Xaa en la posición 6 es Thr, Lys, Ser o Arg; Xaa en la posición 8 es Asn, Lys, Gly, Ser, Gln, Arg, Thr o Ala; Xaa en la posición 9 es Ser, Ala o Thr; Xaa en la posición 11 es Asn, Lys, Thr, Gln, Arg, His o Ser; Xaa en la posición 12 es Pro, Thr, Lys, Ser o Arg; Xaa en la posición 13 es Ile, Val o Leu; Xaa en la posición 14 es Glu o Asp; Xaa en la posición 15 es Val, Ala, Ile o Leu; Xaa en la posición 16 es Ala o Ser; Xaa en la posición 17 es Ile, Val o Leu; Xaa en la posición 18 es Asn, Ser, Gln o Thr; Xaa en la posición 19 es His, Lys, Ala, Gln, Asn o Arg; Xaa en la posición 21 es Gly, Arg o Lys; Xaa en la posición 22 es Ser, Lys, Asn, Thr, Arg, Asp, Glu o Gln; Xaa en la posición 25 es Asp, Asn, Glu o Gln; Xaa en la posición 26 es Thr, Asp, Ser o Glu; Xaa en la posición 27 es Ser, Thr, Lys, Asn, Gln o Arg; Xaa en la posición 28 es Phe, Tyr, Pro o Trp; Xaa en la posición 29 es Phe, Tyr o Trp; Xaa en la posición 30 es Ser, Gly, Lys, Thr o Arg; Xaa en la posición 31 es Val, Ile, Met o Leu; Xaa en la posición 32 es Gly, Ala, Asp o Glu; Xaa en la posición 33 es Asn, Ser, Gln, Pro o Thr; Xaa en la posición 35 es Lys, Glu, Ser, Arg o Thr; Xaa en la posición 36 es Gln, Ser, Asn o Thr; Xaa en la posición 37 es Glu o Asp; Xaa en la posición 38 es Thr o Ser; Xaa en la posición 42 es Ser, Asn, Thr o Gln; Xaa en la posición 44 es Ser, Asp, Ala, Leu, Thr, Glu, Ile o Val; Xaa en la posición 47 es Phe, Tyr o Trp; Xaa en la posición 48 es Leu, Met, Ile o Val; Xaa en la posición 49 es Leu, Met, Ile o Val; Xaa en la posición 50 es Ser, Ala, Tyr o Thr; Xaa en la posición 51 es Leu, Val o Ile; Xaa en la posición 52 es Lys, Gln, Arg o Asn; Xaa en la posición 53 es Lys, Arg, Met, Leu, Ile o Val; Xaa en la posición 54 es Asn, Lys, Gly, Gln o Arg; Xaa en la posición 55 es Gly, Ser o Thr; Xaa en la posición 56 es Ala, Thr, Gln, Ser o Asn; Xaa en la posición 57 es Gln, Val, Ala, Asn, Leu o Ile; Xaa en la posición 58 es His, Ala, Lys, Tyr o Thr; Xaa en la posición 59 es Pro, Thr o Ser; Xaa en la posición 62 es Val, Ile o Leu; Xaa en la posición 63 es Gln, Ser, Leu, Asn, Thr, Ile o Val; Xaa en la posición 64 es Ala, Gln, Ser, Asn o Thr; Xaa en la posición 65 es Ser o Thr; Xaa en la posición 67 es Lys, Gln, Asn o Arg; Xaa en la posición 69 es Glu, Val, Asp, Lys, Arg, Ile o Leu; Xaa en la posición 70 es Val, Ile o Leu; Xaa en la posición 71 es Asp, Glu, Tyr o Trp; Xaa en la posición 72 es Asn, His, Ser, Asp, Gln, Thr o Glu; Xaa en la posición 73 es Asn, Ser, Asp, Gln, Thr o Glu; Xaa en la posición 74 es Ala, Thr, Met, Ile, Lys, Ser, Leu, Val o Arg; Xaa en la posición 76 es Lys, Thr, Arg o Ser; Xaa en la posición 78 es Gln, His, Ser, Asn o Thr; Xaa en la posición 80 es Arg, Glu, Gln, Lys, Asp o Asn; Xaa en la posición 81 es Leu, Pro, Thr, Ile, Val, Ala o

Ser; Xaa en la posición 82 es Ile, Leu o Val; Xaa en la posición 83 es Glu, His, Asn, Leu, Gln, Ile o Val; Xaa en la posición 85 es Leu, Val o Ala; y Xaa en la posición 86 es Ser, Ala, Tyr, Asn o Thr y en donde, de 1 a 14 aminoácidos se eliminan opcionalmente del extremo N-terminal y/o el extremo C-terminal del polipéptido de PIP-72 y/o se inserta un aminoácido entre el resto 24 y 25 en relación con la SEQ ID NO: 848.

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico codifica un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 849, en donde Xaa en la posición 2 es Gly, Ala, Cys, Asp, Glu, Ile, Lys, Leu, Asn, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr; Xaa en la posición 3 es Ile, Leu, Val o Trp; Xaa en la posición 4 es Thr, Ala, Asp, Glu, His, Ile, Lys, Leu, Arg, Ser, Val, Trp o Tyr; Xaa en la posición 5 es Val, Ala, Cys, Gly, His, Ile, Leu o Tyr; Xaa en la posición 6 es Thr, Ala, Cys, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Met, Pro, Gln, Arg, Ser, Trp o Tyr; Xaa en la posición 7 es Asn, Ala o Val; Xaa en la posición 8 es Asn, Lys, Gly, Ser, Gln, Arg, Thr, Ala, Cys, Asp, Glu, His, Ile, Leu, Met o Val; Xaa en la posición 9 es Ser, Ala, Cys, Gly o Thr; Xaa en la posición 11 es Asn, Lys, Thr, Gln, Arg, Ser, Ala, Cys, Asp, Glu, Gly, His, Ile, Leu, Met, Val o Tyr; Xaa en la posición 12 es Pro, Thr, Lys, Ser, Arg, Ala, Cys, Asp, Glu, Gly, His, Leu, Asn, Gln, Arg, Val, Trp o Tyr; Xaa en la posición 13 es Ile, Asn, Gln, Leu o Val; Xaa en la posición 14 es Glu, Ala, Cys, Phe, His, Lys, Asp o Gln; Xaa en la posición 15 es Val, Ala, Ile, Leu, Cys, Met o Arg; Xaa en la posición 16 es Ala o Ser; Xaa en la posición 17 es Ile, Glu, Leu o Val; Xaa en la posición 18 es Asn, Gln, Thr o Ser; Xaa en la posición 19 es His, Lys, Ala, Arg, Glu, Leu, Pro, Ser o Tyr; Xaa en la posición 20 es Trp, Ala o Thr; Xaa en la posición 21 es Gly, Arg o Lys; Xaa en la posición 22 es Ser, Ala, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Arg, Thr, Val o Tyr; Xaa en la posición 23 es Asp, Ala, Gly, His, Lys, Met, Asn, Gln, Ser, Thr o Val; Xaa en la posición 24 es Gly, Asp o Phe; Xaa en la posición 25 es Asp, Ala, Glu, Phe, Asn o Gln; Xaa en la posición 26 es Thr, Glu, Asp, Ser o Pro; Xaa en la posición 27 es Ser, Thr, Lys, Arg, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Asn o Gln; Xaa en la posición 28 es Phe, Tyr, Pro o Trp; Xaa en la posición 29 es Phe, Ala, Cys, Ile, Leu, Gln, Arg, Trp o Tyr; Xaa en la posición 30 es Ser, Gly, Lys, Thr, Arg, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, His, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Val, Trp o Tyr; Xaa en la posición 31 es Val, Ile, Met o Leu; Xaa en la posición 32 es Gly, Ala, Asp, Glu, Phe, His, Lys, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr; Xaa en la posición 33 es Asn, Ser, Gln, Pro, Thr, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Arg, Val o Tyr; Xaa en la posición 34 es Gly, Glu, Phe, His, Lys, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr o Tyr; Xaa en la posición 35 es Lys, Glu, Ala, Cys, Asp, Gly, His, Ile, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr o Val; Xaa en la posición 36 es Gln, Ala, Cys, Glu, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Asn, Pro, Arg, Ser, Thr o Val; Xaa en la posición 37 es Glu, Asp, Ala, Cys, Phe, Gly, Ile, Lys, Leu, Met, Asn, Ser, Thr o Val; Xaa en la posición 38 es Thr, Ser, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Val, Trp o Tyr; Xaa en la posición 39 es Trp o Phe; Xaa en la posición 40 es Asp, Ala, Cys, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr; Xaa en la posición 42 es Ser, Asn, Thr, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, Ile, Lys, Leu, Met, Arg, Val, Trp, Tyr o Gln; Xaa en la posición 44 es Ser, Asp, Ala, Leu, Thr, Glu, Ile, Ala, Gly, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Val, Tyr o Val; Xaa en la posición 45 es Arg, Lys o Ser; Xaa en la posición 46 es Gly, Ala o Gln; Xaa en la posición 47 es Phe, Tyr Cys, Val o Trp; Xaa en la posición 48 es Leu, Met, Ile, Cys, Phe, Met, Arg, Tyr o Val; Xaa en la posición 49 es Leu, Met, Ile o Val; Xaa en la posición 50 es Ser, Ala, Tyr, Cys, Asp, Ile, Met, Pro, Gln, Val o Thr; Xaa en la posición 51 es Leu, Val, Ala, Cys, Met o Ile; Xaa en la posición 52 es Lys, Cys, Phe, His, Ile, Leu, Met, Asn, Arg, Ser, Thr, Gln, Trp o Tyr; Xaa en la posición 53 es Lys, Arg, Met, Leu, Ile, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, His, Asn, Gln, Ser, Thr, Tyr o Val; Xaa en la posición 54 es Asn, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, Lys, Met, Gln, Arg, Ser o Trp; Xaa en la posición 55 es Gly, Ser o Thr; Xaa en la posición 56 es Ala, Thr, Gln, Ser, Gly, Leu, Pro, Arg o Asn; Xaa en la posición 57 es Gln, Glu, Leu, Met, Ser, Val, Ala, Asn, Ile o Thr; Xaa en la posición 58 es His, Ala, Lys, Asp, Phe, Leu, Met, Asn, Arg, Trp, Tyr o Thr; Xaa en la posición 59 es Pro, Thr o Ser; Xaa en la posición 60 es Tyr, Glu o Phe; Xaa en la posición 62 es Val, Ile o Leu; Xaa en la posición 63 es Gln, Ser, Cys, Gly, Ile, Leu, Met, Asn, Thr, Val o Tyr; Xaa en la posición 64 es Ala, Gln, Asn, Phe, Gly, His, Arg, Ser o Tyr; Xaa en la posición 65 es Ser, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Asn, Val o Thr; Xaa en la posición 66 es Ser, Ala o Gly; Xaa en la posición 67 es Lys, Gln, Asn o Arg; Xaa en la posición 68 es Ile, Asp, Leu o Val; Xaa en la posición 69 es Glu, Ala, Cys, Asp, Phe, His, Ile, Leu, Met, Gln, Arg, Ser, Thr, Val o Tyr; Xaa en la posición 70 es Val, Ile, Cys o Leu; Xaa en la posición 71 es Asp, Glu, Tyr, Ala, Cys, Gly, His, Ile, Leu, Met, Asn, Ser, Thr, Val o Trp; Xaa en la posición 72 es Asn, Ala, Cys, Asp, Glu, Gly, Lys, Met, Pro, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, His o Trp; Xaa en la posición 73 es Asn, Ser, Asp, Gln, Thr, Ala, Cys, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Val, Tyr o Glu; Xaa en la posición 74 es Ala, Thr, Met, Ile, Lys, Ser, Leu, Val, Cys, Asp, Phe, Gly, His, Asn, Gln, Tyr o Arg; Xaa en la posición 75 es Val, Cys, Ile o Leu; Xaa en la posición 76 es Lys, Ala, Cys, Phe, His, Ile, Leu, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr; Xaa en la posición 77 es Asp Tyr; Xaa en la posición 78 es Gln, His, Ser, Asn, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, Ile, Leu, Met, Asn, Arg, Val, Tyr o Thr; Xaa en la posición 79 es Gly, Arg, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, His, Lys, Leu, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Trp o Tyr; Xaa en la posición 80 es Arg, Glu, Gln, Lys, Asp, Ala, Cys, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Ser, Thr, Val, Tyr o Asn; Xaa en la posición 81 es Leu, Pro, Thr, Ile, Val, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, His o Ser; Xaa en la posición 82 es Ile, Ala, Leu, Met, Arg y Val; Xaa en la posición 83 es Glu, His, Asn, Leu, Gln, Ile, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, Lys, Pro, Arg, Ser, Thr, Tyr o Val; Xaa en la posición 84 es Pro, Ala, Cys, Glu, Ile, Ser, Val, Trp o Tyr; Xaa en la posición 85 es Leu, Val, Cys, Gly o Ala; y Xaa en la posición 86 es Ser, Ala, Tyr, Asn, Ile, Val o Thr y en donde, de 1 a 14 aminoácidos se eliminan opcionalmente del extremo N-terminal y/o el extremo C-terminal del polipéptido de PIP-72 y/o se inserta un aminoácido entre el resto 24 y 25 en relación con la SEQ ID NO: 849.

En algunos aspectos, las moléculas de ácido nucleico codifican un polipéptido de PIP-72 que comprende un motivo de aminoácidos representado por las posiciones 37-51 de la SEQ ID NO: 846, SEQ ID NO: 847, SEQ ID NO: 848 o SEQ ID NO: 849.

En algunos aspectos, las moléculas de ácido nucleico codifican un polipéptido de PIP-72 que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 50 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos expuesta

en la SEQ ID NO: 2.

En algunos aspectos, las moléculas de ácido nucleico ejemplares codifican un polipéptido de PIP-72 de SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 32, una cualquiera de SEQ ID NO: 528 - SEQ ID NO: 768, una cualquiera de SEQ ID NO: 825 - SEQ ID NO: 844, SEQ ID NO: 771, SEQ ID NO: 772, SEQ ID NO: 852, una cualquiera de SEQ ID NO: 903 - 914, SEQ ID NO: 927, SEQ ID NO: 928, SEQ ID NO: 932, SEQ ID NO: 933, SEQ ID NO: 934, SEQ ID NO: 935, SEQ ID NO: 936, SEQ ID NO: 939, SEQ ID NO: 940, SEQ ID NO: 941, SEQ ID NO: 943, SEQ ID NO: 944, SEQ ID NO: 945 o SEQ ID NO: 946, así como sustituciones, eliminaciones, inserciones y fragmentos de aminoácidos de las mismas y combinaciones de las mismas.

En algunos aspectos, las moléculas de ácido nucleico codifican un polipéptido de PIP-72 de la tabla 14, la tabla 17, la tabla 20, la tabla 23, la tabla 24, la tabla 26, la tabla 28 y/o la tabla 29, combinaciones de las sustituciones de aminoácidos de las mismas y eliminaciones y/o inserciones de las mismas.

También se proporcionan moléculas de ácido nucleico que codifican productos de transcripción y/o traducción que posteriormente se cortan y empalman para en última instancia, producir polipéptidos de PIP-72 funcionales. El corte y empalme puede lograrse *in vitro* o *in vivo* y puede implicar el corte y empalme en cis o en trans. El sustrato para el corte y empalme puede ser polinucleótidos (por ejemplo, transcritos de ARN) o polipéptidos. Un ejemplo de corte y empalme en cis de un polinucleótido es cuando se elimina un intrón insertado en una secuencia codificante y las dos regiones exónicas flanqueantes se cortan y empalman para generar una secuencia codificante del polipéptido de PIP-72. Un ejemplo de corte y empalme en trans podría ser donde un polinucleótido se encripta separando la secuencia codificante en dos o más fragmentos que pueden transcribirse por separado y después se corta y empalma para formar a secuencia codificante plaguicida de longitud completa. El uso de una secuencia potenciadora de corte y empalme, que puede introducirse en una construcción, puede facilitar el corte y empalme en cis o en trans de polipéptidos (Patentes de los Estados Unidos n.º 6.365.377 y 6.531.316). Por lo tanto, en algunos aspectos, los polinucleótidos no codifican directamente un polipéptido de PIP-72 de longitud completa, sino que en cambio, codifican un fragmento o fragmentos de un polipéptido de PIP-72. Estos polinucleótidos pueden usarse para expresar un polipéptido de PIP-72 funcional mediante un mecanismo que implica corte y empalme, donde el corte y empalme puede producirse a nivel del polinucleótido (por ejemplo, intrón/exón) y/o polipéptido (por ejemplo, inteína/exteína). Esto puede ser útil, por ejemplo, para controlar la expresión de la actividad plaguicida, ya que un polipéptido plaguicida funcional se expresará únicamente en caso de se expresen todos los fragmentos necesarios en un ambiente que permita procesos de corte y empalme para generar producto funcional. En otro ejemplo, la introducción de una o más secuencias de inserción en un polinucleótido puede facilitar la recombinación con un polinucleótido de baja homología; el uso de un intrón o inteína para la secuencia de inserción facilita la eliminación de la secuencia intermedia, restaurando de este modo la función de la variante codificada.

Los aspectos también abarcan moléculas de ácido nucleico que son fragmentos de estas secuencias de ácido nucleico que codifican polipéptidos de PIP-72. "Fragmento", como se usa en el presente documento, se refiere a una porción de la secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido de PIP-72. Un fragmento de una secuencia de ácido nucleico puede codificar una porción biológicamente activa de un polipéptido de PIP-72 o puede ser un fragmento que puede usarse como sonda de hibridación o cebador para la PCR usando métodos analizados a continuación. Las moléculas de ácido nucleico que son fragmentos de una secuencia de ácido nucleico que codifican un polipéptido de PIP-72 comprenden al menos aproximadamente 130, 140, 150, 160, 170, 180, 190, 200, 210, 220, 230, 240, 250 o 260, nucleótidos contiguos o hasta el número de nucleótidos presentes en una secuencia de ácido nucleico de longitud completa que codifica un polipéptido de PIP-72 divulgado en el presente documento, dependiendo del uso previsto. "Nucleótidos contiguos" se usa en el presente documento para hacer referencia a restos de nucleótidos que se encuentran inmediatamente adyacentes entre sí. Los fragmentos de las secuencias de ácido nucleico de los aspectos codificarán fragmentos de proteína que conservan la actividad biológica del polipéptido de PIP-72 y, de este modo, conservan actividad insecticida. "Conserva actividad de PIP-72" se usa en el presente documento para hacer referencia a un polipéptido que tiene al menos aproximadamente un 10 %, al menos aproximadamente un 30 %, al menos aproximadamente un 50 %, al menos aproximadamente un 70 %, 80 %, 90 %, 95 % o más de la actividad insecticida del polipéptido de PIP-72Aa de longitud completa de SEQ ID NO: 2. En un aspecto, la actividad insecticida es actividad contra lepidópteros. En un aspecto, la actividad insecticida es contra una especie de coleóptero. En un aspecto, la actividad insecticida es contra una especie de *Diabrotica*. En un aspecto, la actividad insecticida es contra una o más plagas de insectos del complejo del gusano de la raíz del maíz: gusano de la raíz del maíz occidental, *Diabrotica virgifera virgifera;* gusano de la raíz del maíz del norte, *D. barberi:* gusano de la raíz del maíz del sur o escarabajo moteado del pepino; *Diabrotica undecimpunctata howardi* y el gusano de la raíz del maíz mexicano, *D. virgifera zeae.* El polipéptido de PIP-72 de la invención tiene actividad insecticida contra el gusano de la raíz del maíz occidental, *Diabrotica virgifera virgifera*.

En algunos aspectos, un fragmento de una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido de PIP-72 que codifica una porción biológicamente activa de una proteína codificará al menos aproximadamente 15, 20, 30, 40, 50, 60, 70, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 81, 82, 83, 84 u 85, aminoácidos contiguos o hasta el número total de aminoácidos presentes en un polipéptido de PIP-72 de longitud completa de los aspectos. En algunos aspectos, el fragmento es un truncamiento N-terminal y/o C-terminal de al menos aproximadamente 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14 o más

aminoácidos del extremo N-terminal y/o C-terminal en relación con la SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 32, una cualquiera de SEQ ID NO: 528 - SEQ ID NO: 768, una cualquiera de SEQ ID NO: 825 - SEQ ID NO: 844, SEQ ID NO: 771, SEQ ID NO: 772, SEQ ID NO: 852, una cualquiera de SEQ ID NO: 903 - 914, SEQ ID NO: 927, SEQ ID NO: 928, SEQ ID NO: 932, SEQ ID NO: 933, SEQ ID NO: 934, SEQ ID NO: 935, SEQ ID NO: 936, SEQ ID NO: 939, SEQ ID NO: 940, SEQ ID NO: 941, SEQ ID NO: 943, SEQ ID NO: 944, SEQ ID NO: 945 o SEQ ID NO: 946 o variantes de las mismas, por ejemplo, mediante proteólisis, inserción de un codón de inicio, eliminación de los codones que codifican los aminoácidos eliminados con la inserción concomitante de un codón de parada o mediante la inserción de un codón de parada en la secuencia codificante. En algunos aspectos, los fragmentos abarcados en el presente documento son el resultado de la eliminación N-terminal de 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13 o 14 o más aminoácidos del extremo N-terminal en relación con la SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 32, una cualquiera de SEQ ID NO: 528 - SEQ ID NO: 768, una cualquiera de SEQ ID NO: 825 - SEQ ID NO: 844, SEQ ID NO: 771, SEQ ID NO: 772, SEQ ID NO: 852, una cualquiera de SEQ ID NO: 903 - 914, SEQ ID NO: 927, SEQ ID NO: 928, SEQ ID NO: 932, SEQ ID NO: 933, SEQ ID NO: 934, SEQ ID NO: 935, SEQ ID NO: 936, SEQ ID NO: 939, SEQ ID NO: 940, SEQ ID NO: 941, SEQ ID NO: 943, SEQ ID NO: 944, SEQ ID NO: 945 o SEQ ID NO: 946 o variantes de las mismas, por ejemplo, mediante proteólisis o mediante inserción de un codón de inicio en la secuencia codificante. En algunos aspectos, los fragmentos abarcados en el presente documento son el resultado de la eliminación N-terminal de 1,2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14 aminoácidos en relación con la SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 28 o SEQ ID NO: 32, una cualquiera de SEQ ID NO: 528 - SEQ ID NO: 768, una cualquiera de SEQ ID NO: 825 - SEQ ID NO: 844, SEQ ID NO: 771, SEQ ID NO: 772, SEQ ID NO: 852, una cualquiera de SEQ ID NO: 903 - 914, SEQ ID NO: 927, SEQ ID NO: 928, SEQ ID NO: 932, SEQ ID NO: 933, SEQ ID NO: 934, SEQ ID NO: 935, SEQ ID NO: 936, SEQ ID NO: 939, SEQ ID NO: 940, SEQ ID NO: 941, SEQ ID NO: 943, SEQ ID NO: 944, SEQ ID NO: 945 o SEQ ID NO: 946 o variantes de las mismas, por ejemplo, mediante proteólisis o mediante inserción de un codón de inicio en la secuencia codificante.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 está codificado por una secuencia de ácido nucleico suficientemente homóloga a la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 949, SEQ ID NO: 950, SEQ ID NO: 954, SEQ ID NO: 955, SEQ ID NO: 956, SEQ ID NO: 957, SEQ ID NO: 958, SEQ ID NO: 961, SEQ ID NO: 962, SEQ ID NO: 963, SEQ ID NO: 965, SEQ ID NO: 966, SEQ ID NO: 967 o SEQ ID NO: 968. "Suficientemente homóloga" se usa en el presente documento para hacer referencia a una secuencia de aminoácidos o de ácido nucleico que tiene al menos aproximadamente un 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o más de homología de secuencia en comparación con una secuencia de referencia, usando uno de los programas de alineamiento descritos en el presente documento usando parámetros convencionales. Un experto en la materia reconocerá que estos valores pueden ajustarse adecuadamente para determinar la homología correspondiente de proteínas codificadas por dos secuencias de ácido nucleico, teniendo en cuenta la degeneración de codones, la similitud de aminoácidos, el posicionamiento del marco de lectura y similares. En algunos aspectos, la homología de secuencia es frente a la secuencia de longitud completa del polinucleótido que codifica un polipéptido de PIP-72 o contra la secuencia de longitud completa de un polipéptido de PIP-72. En algunos aspectos, el polipéptido de PIP-72 tiene al menos aproximadamente un 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o más de identidad de secuencia en comparación con la SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 28 o SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 927, SEQ ID NO: 928, SEQ ID NO: 932, SEQ ID NO: 933, SEQ ID NO: 934, SEQ ID NO: 935, SEQ ID NO: 936, SEQ ID NO: 939, SEQ ID NO: 940, SEQ ID NO: 941, SEQ ID NO: 943, SEQ ID NO: 944, SEQ ID NO: 945 o SEQ ID NO: 946. En algunos aspectos, la identidad de secuencia es frente a la secuencia de longitud completa del polinucleótido que codifica un polipéptido de PIP-72 o frente a la secuencia de longitud completa de un polipéptido de PIP-72. En algunos aspectos, la identidad de secuencia se calcula usando el algoritmo ClustalW en el módulo ALIGNX® de la suite informática Vector NTI® (Invitrogen Corporation, Carlsbad, Calif.) con todos los parámetros por defecto. En algunos aspectos, la identidad de secuencia es a lo largo de la longitud completa del polipéptido, calculada usando el algoritmo ClustalW en el módulo ALIGNX de la suite informática Vector NTI (Invitrogen Corporation, Carlsbad, Calif.) con todos los parámetros por defecto.

Para determinar el porcentaje de identidad de dos secuencias de aminoácidos o de dos secuencias de ácido nucleico, las secuencias se alinean con el objetivo de realizar una comparación óptima. El porcentaje de identidad entre las dos secuencias es una función del número de posiciones idénticas compartidas por las secuencias (es decir, porcentaje de identidad=número de posiciones idénticas/número total de posiciones (por ejemplo, posiciones solapantes)3100). En un aspecto, las dos secuencias tienen la misma longitud. En otro aspecto, la comparación es a lo largo de la totalidad de la secuencia de referencia (por ejemplo, a lo largo de la totalidad de una de la SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2). El porcentaje de identidad entre dos secuencias puede determinarse usando técnicas similares a las descritas más adelante, permitiendo o no huecos. Al calcular el porcentaje de identidad, normalmente se cuentan las coincidencias exactas.

La determinación del porcentaje de identidad entre dos secuencias puede lograrse usando un algoritmo matemático.

Un ejemplo no limitante de un algoritmo matemático utilizado para la comparación de dos secuencias es el algoritmo de Karlin y Altschul, (1990) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 87:2264, modificado como en Karlin y Altschul, (1993) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 90:5873-5877. Dicho algoritmo se incorpora en los programas BLASTN y BLASTX de Altschul, et al., (1990) J. Mol. Biol. 215:403. Pueden efectuarse búsquedas de nucleótidos BLAST con el programa BLASTN, puntuación=100, longitud de palabra=12, para obtener secuencias de ácido nucleico homólogas a moléculas de ácido nucleico plaguicidas de los aspectos. Pueden efectuarse búsquedas de proteínas BLAST con el programa BLASTX, puntuación=50, longitud de palabra=3, para obtener secuencias de aminoácidos homólogas a las moléculas de proteína plaguicidas de los aspectos. Para obtener alineaciones con huecos con fines de comparación, puede utilizarse Gapped BLAST (en BLAST 2.0) como se describe en Altschul, et al., (1997) Nucleic Acids Res. 25:3389. Como alternativa, puede usarse PSI-Blast para realizar una búsqueda iterada que detecte relaciones distantes entre moléculas. Véase, Altschul, *et al.,* (1997) anteriormente citado. Cuando se utilizan los programas BLAST, Gapped BLAST y PSI-Blast, pueden usarse los parámetros por defecto de los respectivos programas (por ejemplo, BLASTX y BLASTN). El alineamiento también puede llevarse a cabo manualmente mediante inspección.

Otro ejemplo no limitante de un algoritmo matemático utilizado para la comparación de secuencias es el algoritmo ClustalW (Higgins, et al., (1994) Nucleic Acids Res. 22:4673-4680). ClustalW compara secuencias y alinea la totalidad de la secuencia de aminoácidos o de ADN y por tanto, puede proporcionar datos acerca de la conservación de secuencia de la secuencia de aminoácidos completa. El algoritmo ClustalW se usa en varios paquetes informáticos de análisis de ADN/aminoácidos comerciales, tal como el módulo ALIGNX® de la suite informática Vector NTI® (Invitrogen Corporation, Carlsbad, Calif.). Tras el alineamiento de secuencias de aminoácidos con ClustalW, puede evaluarse el porcentaje de identidad de aminoácidos. Un ejemplo no limitante de un programa informático útil para el análisis de alineamientos de ClustalW es GENEDOC™. GENEDOC™ (Karl Nicholas) permite la evaluación de la similitud e identidad de aminoácidos (o de ADN) entre múltiples proteínas. Otro ejemplo no limitante de un algoritmo matemático utilizado para la comparación de secuencias es el algoritmo de Myers y Miller, (1988) CABIOS 4:11-17. Dicho algoritmo se incorpora en el programa ALIGN (versión 2.0), que forma parte del paquete informático GCG Wisconsin Genetics, versión 10 (disponible de Accelrys, Inc., 9685 Scranton Rd., San Diego, Calif., EE. UU.). Cuando se utiliza el programa ALIGN para comparar secuencias de aminoácidos, puede usarse una tabla de ponderación de restos PAM120, una penalización por longitud de hueco de 12 y una penalización por hueco de 4.

Otro ejemplo no limitante de un algoritmo matemático utilizado para la comparación de secuencias es el algoritmo de Needleman y Wunsch, (1970) J. Mol. Biol. 48(3):443-453, usándose el programa informático GAP, versión 10, para determinar la identidad o similitud de secuencia usando los siguientes parámetros por defecto: % de identidad y % de similitud para una secuencia de ácido nucleico usando una ponderación GAP de 50 y una ponderación de longitud de 3 y la matriz de puntuación nwsgapdna.cmpii; % de identidad o % de similitud para una secuencia de aminoácidos usando ponderación GAP de 8 y ponderación de longitud de 2 y el programa de puntuación BLOSUM62. También pueden usarse programas equivalentes. En el presente documento, "programa equivalente" se usa para hacer referencia a cualquier programa de comparación de secuencias que, para dos secuencias cualesquiera en cuestión, genera un alineamiento que tiene coincidencias de restos de nucleótidos idénticos y un porcentaje de identidad de secuencia idéntica cuando se compara con el alineamiento correspondiente generado mediante GAP, versión 10.

Los aspectos también abarcan moléculas de ácido nucleico que codifican variantes de polipéptido de PIP-72. Las "variantes" de las secuencias de ácido nucleico que codifican el polipéptido de PIP-72 incluyen aquellas secuencias que codifican los polipéptidos de PIP-72 divulgados en el presente documento, pero que difieren de manera conservativa debido a la degeneración del código genético, así como aquellas que son suficientemente idénticas, como se ha analizado anteriormente. Se pueden identificar variantes alélicas de origen natural mediante el uso de técnicas de biología molecular bien conocidas, tales como reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y técnicas de hibridación, como se ha indicado anteriormente. Las secuencias de ácido nucleico variantes también incluyen secuencias de ácido nucleico derivadas sintéticamente que se han generado, por ejemplo, usando mutagénesis dirigida al sitio, pero que siguen codificando los polipéptidos de PIP-72 divulgados como se ha analizado anteriormente.

La presente divulgación proporciona polinucleótidos aislados o recombinantes que codifican cualquiera de los polipéptidos de PIP-72 divulgados en el presente documento. Los expertos habituales en la materia apreciarán fácilmente que debido a la degeneración del código genético, existe una multitud de secuencias de nucleótidos que codifican polipéptidos de PIP-72 de la presente divulgación. La tabla 1 es una tabla de codones que proporciona los codones sinónimos para cada aminoácido. Por ejemplo, los codones AGA, AGG, CGA, CGC, CGG y CGU codifican todos el aminoácido arginina. Por lo tanto, en cada posición en los ácidos nucleicos de la divulgación donde se especifica por medio de un codón una arginina, puede alterarse el codón a cualquiera de los codones correspondientes descritos anteriormente, sin alterar el polipéptido codificado. Se entiende que U en una secuencia de ARN corresponde a T en una secuencia de ADN.

Tabla 1

Alanina	Ala	A	GCA	GCC	GCG	GCU		
Cisteína	Cys	C	UGC	UGU				
Acido aspártico	Asp	D	GAC	GAU				
Acido glutámico	Glu	E	GAA	GAG				
Fenilalanina	Phe	F	UUC	UUU				
Glicina	Gly	G	GGA	GGC	GGG	GGU		
Histidina	His		CAC	CAU				
Isoleucina	Ile	I	AUA	AUC	AUU			
Lisina	Lys	K	AAA	AAG				
Leucina	Leu	L	UUA	UUG	CUA	CUC	CUG	CUU
Metionina	Met	M	AUG					
Asparagina	Asn	N	AAC	AAU				
Prolina	Pro	P	CCA	CCC	CCG	CCU		
Glutamina	Gln	Q	CAA	CAG				
Arginina	Arg		AGA	AGG	CGA	CGC	CGG	CGU
Serina	Ser	S	AGC	AGU	UCA	UCC	UCG	UCU
Treonina	Thr	T	ACA	ACC	ACG	ACU		
Valina	Val	V	GUA	GUC	GUG	UU		
Triptófano	Trp	w	UGG					
Tirosina	Tyr	Y	UAC	UAU				

El experto en la materia apreciará además que pueden introducirse cambios mediante mutación de las secuencias de ácido nucleico, dando lugar de este modo a cambios en la secuencia de ácido nucleico de los polipéptidos de PIP-72 codificados, sin alterar la actividad biológica de las proteínas. Por lo tanto, pueden crearse moléculas de ácido nucleico variantes introduciendo una o más sustituciones, adiciones y/o eliminaciones de nucleótidos en la secuencia de ácido nucleico correspondiente divulgada en el presente documento, de tal forma que se introducen una o más sustituciones, adiciones o eliminaciones de aminoácidos en la proteína codificada. Pueden introducirse mutaciones mediante técnicas convencionales, tales como mutagénesis dirigida al sitio y mutagénesis mediada por la PCR. Dichas secuencias de ácido nucleico variantes también están abarcadas por la presente divulgación.

Como alternativa, pueden producirse secuencias de ácido nucleico variantes introduciendo mutaciones aleatoriamente a lo largo de la totalidad o parte de la secuencia codificante, tal como mediante mutagénesis de saturación y pueden explorarse los mutantes resultantes respecto de su capacidad para conferir actividad plaguicida para identificar mutantes que conservan la actividad. Después de la mutagénesis, la proteína codificada puede expresarse recombinantemente y puede determinarse la actividad de la proteína usando técnicas de ensayo convencionales.

Los polinucleótidos de la divulgación y los fragmentos de los mismos se usan opcionalmente como sustratos para una variedad de reacciones de recombinación y de recombinación recursiva, además de métodos de clonación convencionales como se expone en, por ejemplo, Ausubel, Berger y Sambrook, es decir, para producir homólogos de polipéptidos plaguicidas adicionales y fragmentos de los mismos con propiedades deseadas. Se conoce una variedad de dichas reacciones, incluyendo aquellas desarrolladas por los inventores y sus colaboradores. Los métodos para producir una variante de cualquier ácido nucleico listado en el presente documento que comprenden recombinar de manera recursiva dicho polinucleótido con un segundo polinucleótido (o más), formando de este modo una biblioteca de polinucleótidos variantes, también son aspectos de la divulgación, así como las bibliotecas producidas, las células que comprenden las bibliotecas y cualquier polinucleótido recombinante producido mediante dichos métodos. Además, dichos métodos comprenden opcionalmente seleccionar un polinucleótido variante de dichas bibliotecas basándose en la actividad plaguicida, como en donde se efectúa recombinación recursiva *in vitro* o *in vivo*.

Una variedad de protocolos de generación de diversidad, incluyendo protocolos de recombinación recursiva de ácidos nucleicos, se encuentran disponibles y se describen completamente en la técnica. Los procedimientos pueden usarse por separado y/o en combinación para producir una o más variantes de un ácido nucleico o un conjunto de ácidos nucleicos, así como variantes de proteínas codificadas. De manera individual y colectiva, estos procedimientos proporcionan modos robustos ampliamente aplicables para generar ácidos nucleicos y conjuntos de ácidos nucleicos diversificados (incluyendo, por ejemplo, bibliotecas de ácidos nucleicos) útiles, por ejemplo, para la modificación por ingeniería genética o la rápida evolución de ácidos nucleicos, proteínas, vías, células y/u organismos con características nuevas y/o mejoradas.

Aunque se hacen distinciones y clasificaciones a lo largo del presente análisis por claridad, se apreciará que las

técnicas normalmente no son mutuamente excluyentes. De hecho, los diversos métodos pueden usarse individualmente o en combinación, en paralelo o en serie, para obtener diversas variantes de secuencia.

El resultado de cualquiera de los procedimientos de generación de diversidad descritos en el presente documento puede ser la generación de uno o más ácidos nucleicos, que pueden seleccionarse o explorarse respecto de ácidos nucleicos con o que confieren propiedades deseadas o que codifican proteínas con o que confieren propiedades deseables. Después de la diversificación mediante uno o más de los métodos del presente documento o disponibles de otro modo para un experto en la materia, pueden seleccionarse cualquier ácido nucleico que se produzca respecto de una actividad o propiedad deseada, por ejemplo, actividad plaguicida o, dicha actividad a un pH deseado, etc. Esto puede incluir identificar cualquier actividad que pueda detectarse, por ejemplo, en un formato automatizado o susceptible de optimización, mediante cualquiera de los ensayos en la técnica, véase, por ejemplo, el análisis de la exploración de actividad insecticida, más adelante. Puede evaluarse una variedad de propiedades relacionadas (o incluso no relacionadas), en serie o en paralelo, según el criterio del experto.

Las descripciones de una variedad de procedimientos de generación de diversidad para generar secuencias de ácidos nucleicos modificadas, por ejemplo, aquellas que codifican polipéptidos que tienen actividad plaguicida o fragmentos de los mismos, se encuentran en las siguientes publicaciones y las referencias citadas en las mismas: Soong, et al., (2000) Nat Genet 25(4):436-439; Stemmer, et al., (1999) Tumor Targeting 4:1-4; Ness, et al., (1999) Nat Biotechnol 17:893-896; Chang, et al., (1999) Nat Biotechnol 17:793-797; Minshull y Stemmer, (1999) Curr Opin Chem Biol 3:284-290; Christians, et al., (1999) Nat Biotechnol 17:259-264; Crameri, et al., (1998) Nature 391:288-291; Crameri, et al., (1997) Nat Biotechnol 15:436-438; Zhang, et al., (1997) PNAS USA 94:4504-4509; Patten, et al., (1997) Curr Opin Biotechnol 8:724-733; Crameri, et al., (1996) Nat Med 2: 100-103; Crameri, et al., (1996) Nat Biotechnol 14:315-319; Gates, et al., (1996) J Mol Biol 255:373-386; Stemmer, (1996) "Sexual PCR and Assembly PCR" en: The Encyclopedia of Molecular Biology. VCH Publishers, Nueva York. págs. 447-457; Crameri y Stemmer, (1995) BioTechniques 18:194-195; Stemmer, et al., (1995) Gene, 164:49-53; Stemmer, (1995) Science 270: 1510; Stemmer, (1995) Bio/Technology 13:549-553; Stemmer, (1994) Nature 370:389-391 y Stemmer, (1994) PNAS USA 91:10747-10751.

Los métodos mutacionales para generar diversidad incluyen, por ejemplo, mutagénesis dirigida al sitio (Ling, et al., (1997) Anal Biochem 254(2): 157-178; Dale, et al., (1996) Methods Mol Biol 57:369-374; Smith, (1985) Ann Rev Genet 19:423-462; Botstein y Shortle, (1985) Science 229:1193-1201; Carter, (1986) Biochem J 237:1-7 y Kunkel, (1987) "The efficiency of oligonucleotide directed mutagenesis" en Nucleic Acids & Molecular Biology (Eckstein y Lilley, eds., Springer Verlag, Berlín)); mutagénesis usando moldes que contienen uracilo (Kunkel, (1985) PNAS USA 82:488-492; Kunkel, et al., (1987) Methods Enzymol 154:367-382 y Bass, et al., (1988) Science 242:240-245); mutagénesis dirigida con oligonucleótidos (Zoller y Smith, (1983) Methods Enzymol 100:468-500; Zoller y Smith, (1987) Methods Enzymol 154:329-350 (1987); Zoller y Smith, (1982) Nucleic Acids Res 10:6487-6500), mutagénesis de ADN modificado con fosforotioato (Taylor, et al., (1985) Nucl Acids Res 13:8749-8764; Taylor, et al., (1985) Nucl Acids Res 13:8765-8787 (1985); Nakamaye y Eckstein, (1986) Nucl Acids Res 14:9679-9698; Sayers, et al., (1988) Nucl Acids Res 16:791-802 y Sayers, et al., (1988) Nucl Acids Res 16:803-814); mutagénesis usando ADN dúplex con huecos (Kramer, et al., (1984) Nucl Acids Res 12:9441-9456; Kramer y Fritz, (1987) Methods Enzymol 154:350-367; Kramer, et al., (1988) Nucl Acids Res 16:7207 y Fritz, et al., (1988) Nucl Acids Res 16:6987-6999).

Los métodos adecuados adicionales incluyen reparación de emparejamientos erróneos puntuales (Kramer, et al., (1984) Cell 38:879-887), mutagénesis usando cepas hospedadoras con reparación defectuosa (Carter, et al., (1985) Nucl Acids Res 13:4431-4443 y Carter, (1987) Methods in Enzymol 154:382-403), mutagénesis de eliminación (Eghtedarzadeh y Henikoff, (1986) Nucl Acids Res 14:5115), selección de restricción y purificación de restricción (Wells, et al., (1986) Phil Trans R Soc Lond A 317:415-423), mutagénesis mediante síntesis génica total (Nambiar, et al., (1984) Science 223:1299-1301; Sakamar y Khorana, (1988) Nucl Acids Res 14:6361-6372; Wells, et al., (1985) Gene 34:315-323 y Grundström, et al., (1985) Nucl Acids Res 13:3305-3316), reparación de roturas bicatenarias (Mandecki, (1986) PNAS USA, 83:7177-7181 y Arnold, (1993) Curr Opin Biotech 4:450-455). Pueden encontrarse detalles adicionales acerca de varios de los métodos anteriores en Methods Enzymol Volume 154, que también describe controles útiles para resolver problemas con diversos métodos de mutagénesis.

Pueden encontrarse detalles adicionales referentes a varios métodos de generación de diversidad en las siguientes Patentes de los Estados Unidos, Publicaciones y Solicitudes PCT y publicaciones EPO: Patente de los Estados Unidos n.º 5.723.323, Patente de los Estados Unidos n.º 5.763.192, Patente de los Estados Unidos n.º 5.814.476, Patente de los Estados Unidos n.º 5.817.483, Patente de los Estados Unidos n.º 5.824.514, Patente de los Estados Unidos n.º 5.976.862, Patente de los Estados Unidos n.º 5.605.793, Patente de los Estados Unidos n.º 5.811.238, Patente de los Estados Unidos n.º 5.830.721, Patente de los Estados Unidos n.º 5.834.252, Patente de los Estados Unidos n.º 5.837.458, WO 1995/22625, WO 1996/33207, WO 1997/20078, WO 1997/35966, WO 1999/41402, WO 1999/41383, WO 1999/41369, WO 1999/41368, EP 752008, EP 0932670, WO 1999/23107, WO 1999/21979, WO 1998/31837, WO 1998/27230, WO 1998/27230, WO 2000/00632, WO 2000/09679, WO 1998/42832, WO 1999/29902, WO 1998/41653, WO 1998/41622, WO 1998/42727, WO 2000/18906, WO 2000/04190, WO 2000/42561, WO 2000/42559, WO 2000/42560, WO 2001/23401 y PCT/US01/06775.

Las secuencias de nucleótidos de los aspectos también pueden usarse para aislar las secuencias correspondientes de otros organismos, en particular, otras bacterias, en particular, una especie de *Pseudomonas* y más particularmente,

una cepa de *Pseudomonas putida*, de *Pseudomonas fulva* o de *Pseudomonas chlororaphis*. De esta manera, los métodos tales como PCR, hibridación y similares pueden usarse para identificar dichas secuencias basándose en su homología de secuencia respecto de las secuencias expuestas en el presente documento. Los aspectos abarcan secuencias que se seleccionan basándose en su identidad de secuencia respecto de las secuencias completas expuestas en el presente documento o de fragmentos de las mismas. Dichas secuencias incluyen secuencias que son ortólogos de las secuencias divulgadas. El término "ortólogos" se refiere a genes obtenidos de un gen ancestral común y que se encuentran en diferentes especies como resultado del proceso de especiación. Los genes encontrados en diferentes especies se consideran ortólogos cuando sus secuencias de nucleótidos y/o sus secuencias de proteínas codificadas comparten identidad sustancial, como se define en otras partes del presente documento. Las funciones de los ortólogos normalmente se encuentran altamente conservadas entre especies.

En un enfoque de PCR, pueden diseñarse cebadores oligonucleotídicos para su uso en reacciones PCR para amplificar secuencias de ADN correspondientes a partir de ADNc o ADN genómico extraído de cualquier organismo de interés. Se conocen generalmente métodos para diseñar cebadores de PCR y de clonación mediante la PCR y se divulgan en Sambrook, et al., (1989) Molecular Cloning: A Laboratory Manual (2.ª ed., Cold Spring Harbor Laboratory Press, Plainview, Nueva York), en lo sucesivo, "Sambrook". Véase también, Innis, et al., eds. (1990) PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications (Academic Press, Nueva York); Innis y Gelfand, eds. (1995) PCR Strategies (Academic Press, Nueva York); e Innis y Gelfand, eds. (1999) PCR Methods Manual (Academic Press, Nueva York). Los métodos de PCR conocidos incluyen, pero sin limitación, métodos usando cebadores emparejados, cebadores anidados, cebadores específicos individuales, cebadores degenerados, cebadores específicos para genes, cebadores específicos para vectores, cebadores parcialmente desemparejados y similares.

Para identificar polipéptidos de PIP-72 potenciales de colecciones bacterianas, pueden explorarse los lisados celulares bacterianos con anticuerpos generados contra un polipéptido de PIP-72 usando transferencia de Western y/o métodos ELISA. Este tipo de ensayos puede llevarse a cabo en un modo de alto rendimiento. Las muestras positivas pueden analizarse adicionalmente mediante diversas técnicas, tales como purificación e identificación de proteínas a base de anticuerpos. Se conocen bien en la técnica métodos para generar anticuerpos, como se describen más adelante.

Como alternativa, puede usarse un método de identificación de proteínas basado en espectrometría de masas para identificar homólogos de polipéptidos de PIP-72 usando protocolos en las referencias bibliográficas (Scott Patterson, (1998), 10.22, 1-24, Current Protocol in Molecular Biology, publicado por John Wiley & Son Inc). Específicamente, se usa un método de identificación de proteínas basado en CL-EM/EM para asociar los datos de EM de un lisado celular dado o de muestras enriquecidas de peso molecular deseado (cortadas de un gel de SDS-PAGE de bandas de peso molecular relevantes respecto de PIP-72) con información de secuencia de PIP-72 (por ejemplo, SEQ ID NO: 2) y sus homólogos. Cualquier coincidencia en las secuencias peptídicas indica el potencial de tener los homólogos en las muestras. Pueden usarse técnicas adicionales (purificación de proteínas y biología molecular) para aislar la proteína e identificar las secuencias de los homólogos.

En los métodos de hibridación, puede usarse la totalidad o parte de la secuencia de ácido nucleico plaguicida para explorar bibliotecas de ADNc o genómicas. Se conocen de manera general métodos para la construcción de dichas bibliotecas de ADNc y genómicas y se divulgan en Sambrook y Russell, (2001), *anteriormente citado.* Las denominadas sondas de hibridación pueden ser fragmentos de ADN genómico, fragmentos de ADNc, fragmentos de ARN u otros oligonucleótidos y pueden marcarse con un grupo detectable, tal como 32P o cualquier otro marcador detectable, tal como otros radioisótopos, un compuesto fluorescente, una enzima o un cofactor enzimático. Pueden prepararse sondas para hibridación marcando oligonucleótidos sintéticos basándose en la secuencia de ácido nucleico que codifica el polipéptido de PIP-72 divulgada en el presente documento. Además, pueden usarse cebadores degenerados diseñados basándose en nucleótidos conservados o restos de aminoácidos en la secuencia de ácido nucleico o la secuencia de aminoácidos codificada. La sonda comprende normalmente una región de secuencia de ácido nucleico que hibrida en condiciones rigurosas 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 ácido nucleico que codifica un polipéptido de PIP-72 de la divulgación o un fragmento o variante del mismo. Se conocen generalmente en la técnica métodos para la preparación de sondas para hibridación y se divulgan en Sambrook y Russell, (2001), *anteriormente citado.*

Por ejemplo, puede usarse una secuencia de ácido nucleico completa, que codifica un polipéptido de PIP-72, divulgada en el presente documento o una o más porciones de la misma, como sonda capaz de hibridar específicamente con secuencias de ácido nucleico correspondientes que codifican secuencias similares al polipéptido de PIP-72 y ARN mensajeros. Para lograr la hibridación específica en una variedad de condiciones, dichas sondas incluyen secuencias que son únicas y tienen preferentemente al menos aproximadamente 10 nucleótidos de longitud o al menos aproximadamente 20 nucleótidos de longitud. Dichas sondas pueden usarse para amplificar secuencias plaguicidas correspondientes de un organismo mediante la PCR. Esta técnica puede usarse para aislar secuencias codificantes adicionales de un organismo deseado o como un ensayo diagnóstico para determinar la presencia de secuencias codificantes en un organismo. Las técnicas de hibridación incluyen exploración de hibridación de bibliotecas de ADN emplacadas (ya sean placas o colonias; véase, por ejemplo, Sambrook, et al., (1989) Molecular Cloning: A Laboratory Manual (2.ª ed., Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, N.Y.).

La hibridación de dichas secuencias puede llevarse a cabo en condiciones rigurosas. En el presente documento, se usa "condiciones rigurosas" o "condiciones de hibridación rigurosas" para hacer referencia a condiciones en las que una sonda hibridará con su secuencia diana en un grado detectablemente mayor que con otras secuencias (por ejemplo, al menos 2 veces respecto del fondo). Las condiciones rigurosas dependen de la secuencia y serán distintas en circunstancias distintas. Mediante el control de la rigurosidad de las condiciones de hibridación y/o lavado, pueden identificarse secuencias diana que son 100 % complementarias a la sonda (sondado de homólogos). Como alternativa, se pueden ajustar las condiciones de rigurosidad para permitir cierto grado de emparejamiento erróneo en secuencias, de tal forma que se detectan grados de similitud menores (sondado heterólogo). En general, una sonda tiene menos de aproximadamente 1000 nucleótidos de longitud, preferentemente menos de 500 nucleótidos de longitud.

Típicamente, las condiciones rigurosas serán aquellas en las que la concentración salina sea menor de aproximadamente 1,5 M de ion Na, típicamente una concentración de ion Na (u otras sales) de aproximadamente 0,01 a 1,0 M a pH de 7,0 a 8,3 y la temperatura es de al menos aproximadamente 30 °C para sondas cortas (por ejemplo, de 10 a 50 nucleótidos) y al menos aproximadamente 60 °C para sondas largas (por ejemplo, más de 50 nucleótidos). También pueden lograrse condiciones rigurosas con la adición de agentes desestabilizantes, tales como formamida. Las condiciones de baja rigurosidad ejemplares incluyen hibridación con una solución tampón de formamida del 30 al 35 %, NaCl 1 M, SDS (dodecilsulfato de sodio) al 1 % a 37 °C y un lavado en de 13 a 23SSC (203SSC=NaCl 3,0 M/citrato trisódico 0,3 M) a de 50 a 55 °C. Las condiciones de rigurosidad moderada incluyen hibridación en formamida del 40 al 45 %, NaCl 1,0 M, SDS al 1 % a 37 °C y un lavado en de 0,53 a 13SSC a de 55 a 60 °C. Las condiciones de alta rigurosidad ejemplares incluyen hibridación en formamida al 50 %, NaCl 1 M, SDS al 1 % a 37 °C y un lavado en 0,13SSC a de 60 a 65 °C. Opcionalmente, los tampones de lavado pueden comprender de aproximadamente el 0,1 % a aproximadamente el 1 % de SDS. La duración de la hibridación es generalmente menor de aproximadamente 24 horas, normalmente de aproximadamente 4 a aproximadamente 12 horas.

La especificidad es normalmente la función de los lavados después de la hibridación, siendo factores críticos la fuerza iónica y la temperatura de la solución de lavado final. Para los híbridos de ADN-ADN, puede calcularse de manera aproximada la Tf a partir de la ecuación de Meinkoth y Wahl, (1984) Anal. Biochem. 138:267-284: Tf=81,5 °C+16,6 (log M)+0,41 (% GC)-0,61 (% form)-500/l; donde M es la molaridad de los cationes monovalentes, % GC es el porcentaje de nucleótidos de guanosina y citosina en el ADN, % form es el porcentaje de formamida en la solución de hibridación y L es la longitud del híbrido en pares de bases. La Tf es la temperatura (en condiciones de fuerza iónica y pH definidas) a la cual hibrida un 50 % de la secuencia diana complementaria con una sonda perfectamente coincidente. La Tf se reduce en aproximadamente 1 °C por cada 1 % de emparejamiento erróneo; por lo tanto, la Tf, la hibridación y/o las condiciones de lavado pueden ajustarse para hibridar con secuencias de la identidad deseada. Por ejemplo, en caso de que se persigan secuencias con un ^90 % de identidad, la Tf puede reducirse en aproximadamente 10 °C. En general, las condiciones rigurosas se seleccionan para que sean aproximadamente 5 °C inferiores a al punto de fusión térmico (Tf) para la secuencia específica y es complementaria en condiciones de fuerza iónica y pH definidas. Sin embargo, las condiciones altamente rigurosas pueden utilizar una hibridación y/o lavado a 1, 2, 3 o 4 °C inferiores al punto de fusión térmico (Tf); las condiciones moderadamente rigurosas pueden utilizar una hibridación y/o lavado a 6, 7, 8, 9 o 10 °C inferiores al punto de fusión térmico (Tf); las condiciones baja rigurosidad pueden utilizar una hibridación y/o lavado a 11, 12, 13, 14, 15 o 20 °C inferiores al punto de fusión térmico (Tf). Usando la ecuación, las composiciones de hibridación y lavado y la Tm deseada, los expertos habituales en la materia entenderán que se describen inherentemente variaciones en la rigurosidad de las soluciones de hibridación y/o lavado. En caso de que el grado de emparejamiento erróneo dé como resultado una Tf de menos de 45 °C (solución acuosa) o 32 °C (solución de formamida), se prefiere aumentar la concentración de SSC, de tal forma que puede usarse una mayor temperatura. Se encuentra una guía extensa para la hibridación de ácidos nucleicos en Tijssen, (1993) Laboratory Techniques in Biochemistry and Molecular Biology-Hybridization with Nucleic Acid Probes, Parte I, Capítulo 2 (Elsevier, N.Y.); y Ausubel, et al., eds. (1995) Current Protocols in Molecular Biology, Capítulo 2 (Greene Publishing y Wiley-Interscience, Nueva York). Véase, Sambrook, et al., (1989) Molecular Cloning: A Laboratory Manual (2.ª ed., Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, N.Y.).

En algunos aspectos, se proporcionan moléculas de ácido nucleico que codifican un polipéptido que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 75 %, al menos un 80 %, al menos un 85 %, al menos un 90 %, al menos un 95 % o una mayor identidad de secuencia respecto de la secuencia de aminoácidos expuesta en SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 34, SEQ ID NO: 36, SEQ ID NO: 929, SEQ ID NO: 930, SEQ ID NO: 931, SEQ ID NO: 937, SEQ ID NO: 938, SEQ ID NO: 942, SEQ ID NO: 947 o SEQ ID NO: 948 en donde el polipéptido tiene actividad plaguicida.

Proteínas y variantes y fragmentos de las mismas

Los polipéptidos de PIP-72 también están abarcados por la divulgación. La "proteína-72 insecticida de *Pseudomonas*", el "polipéptido de PIP-72" o la "proteína PIP-72" como se usa indistintamente en el presente documento, se refiere a un polipéptido que tiene actividad plaguicida que incluye, pero sin limitación, actividad insecticida contra una o más plagas de insectos del orden de los coleópteros y es suficientemente homóloga a la proteína de SEQ ID NO: 2. Se contempla una variedad de polipéptidos de PIP-72. Las fuentes de polinucleótidos que codifican polipéptidos de PIP-72 o proteínas relacionadas incluyen, pero sin limitación: una cepa de *Pseudomonas chlororaphis* que contiene el polinucleótido de PIP-72Aa de SEQ ID NO: 1 que codifica el polipéptido de PIP-72Aa de SEQ ID NO: 2; una cepa de

Pseudomonas rhodesiae que contiene el polinucleótido de PIP-72Ba de SEQ ID NO: 3 que codifica el polipéptido de PIP-72Ba de SEQ ID NO: 4; una cepa de *Pseudomonas chlororaphis* que contiene el polinucleótido de PIP-72Ca de SEQ ID NO: 5 que codifica el polipéptido de PIP-72Ca de SEQ ID NO: 6; una cepa de *Pseudomonas mandelii* que contiene el polinucleótido de PIP-72Cb de SEQ ID NO: 7 que codifica el polipéptido de PIP-72Cb de SEQ ID NO: 8; una cepa de *Pseudomonas congelans* que contiene el polinucleótido de PIP-72Da de SEQ ID NO: 9 que codifica el polipéptido de PIP-72Da de SEQ ID NO: 10; una cepa de *Pseudomonas mandelii* que contiene el polinucleótido de PIP-72Db de SEQ ID NO: 11 que codifica el polipéptido de PIP-72Db de SEQ ID NO: 12; una cepa de *Pseudomonas ficuserectae* que contiene el polinucleótido de PIP-72Dc de SEQ ID NO: 13 que codifica el polipéptido de PIP-72Dc de SEQ ID NO: 14; una cepa de *Pseudomonas mosselii* que contiene el polinucleótido de PIP-72Fa de SEQ ID NO: 17 que codifica el polipéptido de PIP-72Fa de SEQ ID NO: 18; una cepa de *Pseudomonas chlororaphis* que contiene el polinucleótido de PIP-72Ff de SEQ ID NO: 27 que codifica el polipéptido de PIP-72Ff de SEQ ID NO: 28 y una cepa de *Pseudomonas chlororaphis* que contiene el polinucleótido de PIP-72Gb de SEQ ID NO: 31 que codifica el polipéptido de PIP-72Gb de SEQ ID NO: 32; una cepa de *Pseudomonas chlororaphis* que contiene el polinucleótido de PIP-72Ab de SEQ ID NO: 949 que codifica el polipéptido de PIP-72Ab de SEQ ID NO: 927; una cepa de *Pseudomonas brassicacearum* que contiene el polinucleótido de PIP-72Bb de SEQ ID NO: 950 que codifica el polipéptido de PIP-72Ab de SEQ ID NO: 928; una cepa de *Pseudomonas entomophila* que contiene el polinucleótido de PIP-72Fh de SEQ ID NO: 954 que codifica el polipéptido de PIP-72AFh de SEQ ID NO: 932; una cepa de *Pseudomonas entomophila* que contiene el polinucleótido de PIP-72Fh de SEQ ID NO: 955 que codifica el polipéptido de PIP-72AFh de SEQ ID NO: 933; una cepa de *Pseudomonas chlororaphis* que contiene el polinucleótido de PIP-72Fj de SEQ ID NO: 956 que codifica el polipéptido de PIP-72Fj de SEQ ID NO: 934; una cepa de *Pseudomonas chlororaphis* que contiene el polinucleótido de PIP-72Fk de SEQ ID NO: 957 que codifica el polipéptido de PIP-72Fk de SEQ ID NO: 935; una cepa de *Burkholderia multivorans* que contiene el polinucleótido de PIP-72FI de SEQ ID NO: 958 que codifica el polipéptido de PIP-72FI de SEQ ID NO: 936; una cepa de *Pseudomonas chlororaphis* que contiene el polinucleótido de PIP-72Gg de SEQ ID NO: 961 que codifica el polipéptido de PIP-72Gg de SEQ ID NO: 939; una cepa de *Pseudomonas chlororaphis* que contiene el polinucleótido de PIP-72Gh de SEQ ID NO: 962 que codifica el polipéptido de PIP-72Gh de SEQ ID NO: 940; una cepa de *Pseudomonas mosselii* que contiene el polinucleótido de PIP-72Gi de SEQ ID NO: 963 que codifica el polipéptido de PIP-72Gi de SEQ ID NO: 941; una cepa de *Pseudomonas protegens* que contiene el polinucleótido de PIP-72Gk de SEQ ID NO: 965 que codifica el polipéptido de PIP-72Gk de SEQ ID NO: 943; una cepa de *Pseudomonas plecoglossicida* que contiene el polinucleótido de PIP-72GI de SEQ ID NO: 966 que codifica el polipéptido de PIP-72GI de SEQ ID NO: 944; y una cepa de *Pseudomonas chlororaphis* que contiene el polinucleótido de PIP-72Gn de SEQ ID NO: 968 que codifica el polipéptido de PIP-72Gn de SEQ ID NO: 946. En algunos aspectos, la actividad insecticida es contra el gusano de la raíz del maíz occidental, *Diabrotica virgifera virgifera.*

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 es suficientemente homólogo a la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 927, SEQ ID NO: 928, SEQ ID NO: 932, SEQ ID NO: 933, SEQ ID NO: 934, SEQ ID NO: 935, SEQ ID NO: 936, SEQ ID NO: 939, SEQ ID NO: 940, SEQ ID NO: 941, SEQ ID NO: 943, SEQ ID NO: 944, SEQ ID NO: 945 o SEQ ID NO: 946. "Suficientemente homólogo" se usa en el presente documento para hacer referencia a una secuencia de aminoácidos que tiene al menos aproximadamente un 50 %, 51 %, 52 %, 53 %, 54 %, 55 %, 56 %, 57 %, 58 %, 59 %, 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % o 99 % o más de homología de secuencia en comparación con una secuencia de referencia, usando uno de los programas de alineamiento descritos en el presente documento usando parámetros convencionales. Un experto en la materia reconocerá que pueden ajustarse de manera adecuada estos valores para determinar la homología correspondiente de las proteínas, teniendo en cuenta la similitud de aminoácidos y similares. En algunos aspectos, la homología de secuencia es frente a la secuencia de longitud completa de un polipéptido de PIP-72. En algunos aspectos, el polipéptido de PIP-72 tiene al menos aproximadamente un 50 %, 51 %, 52 %, 53 %, 54 %, 55 %, 56 %, 57 %, 58 %, 59 %, 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % o 99 % o más de identidad de secuencia en comparación con la SEQ ID NO: *2,* SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 927, SEQ ID NO: 928, SEQ ID NO: 932, SEQ ID NO: 933, SEQ ID NO: 934, SEQ ID NO: 935, SEQ ID NO: 936, SEQ ID NO: 939, SEQ ID NO: 940, SEQ ID NO: 941, SEQ ID NO: 943, SEQ ID NO: 944, SEQ ID NO: 945 o SEQ ID NO: 946. En algunos aspectos, la identidad de secuencia es frente a la secuencia de longitud completa de un polipéptido de PIP-72. En algunos aspectos, la identidad de secuencia se calcula usando el algoritmo ClustalW en el módulo ALIGNX® de la suite informática Vector NTI® (Invitrogen Corporation, Carlsbad, Calif.) con todos los parámetros por defecto. En algunos aspectos, la identidad de secuencia es a lo largo de la longitud completa del polipéptido, calculada usando el algoritmo ClustalW en el módulo ALIGNX® de la suite informática Vector NTI® (Invitrogen Corporation, Carlsbad, Calif.) con todos los parámetros por defecto.

Como se usa en el presente documento, los términos "proteína", "molécula de péptido" o "polipéptido" incluyen cualquier molécula que comprenda cinco o más aminoácidos. Es de sobra conocido en la técnica que las moléculas de proteína, péptido o polipéptido pueden sufrir modificación, incluyendo modificaciones postraduccionales, tales como, pero sin limitación, formación de enlaces disulfuro, glucosilación, fosforilación u oligomerización. Por lo tanto,

como se usa en el presente documento, los términos "proteína", "molécula de péptido" o "polipéptido" incluyen cualquier proteína que se modifica por medio de cualquier proceso biológico o no biológico. Los términos "aminoácido" y "aminoácidos" se refieren a todos los L-aminoácidos de origen natural.

Una "proteína recombinante" se usa en el presente documento para hacer referencia a una proteína que ya no se encuentra en su ambiente natural, por ejemplo, *in vitro* o en una célula hospedadora bacteriana o vegetal recombinante. Un polipéptido de PIP-72 que se encuentra sustancialmente libre de material celular incluye preparaciones de proteína que tienen menos de aproximadamente un 30 %, 20 %, 10 % o 5 % (en peso seco) de proteína no plaguicida (también citada en el presente documento como una "proteína contaminante").

Los "fragmentos" o "porciones biológicamente activas" incluyen fragmentos de polipéptido que comprenden secuencias de aminoácidos suficientemente idénticas a un polipéptido de PIP-72 y que muestran actividad insecticida. Los "fragmentos" o "porciones biológicamente activas" de polipéptidos de PIP-72 incluyen fragmentos que comprenden secuencias de aminoácidos suficientemente idénticas a la secuencia de aminoácidos expuesta en la SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 32, una cualquiera de SEQ ID NO: 528 - SEQ ID NO: 768, una cualquiera de SEQ ID NO: 825 - SEQ ID NO: 844, SEQ ID NO: 771, SEQ ID NO: 772, SEQ ID NO: 852, una cualquiera de SEQ ID NO: 903 - SEQ ID NO: 914, SEQ ID NO: 927, SEQ ID NO: 928, SEQ ID NO: 932, SEQ ID NO: 933, SEQ ID NO: 934, SEQ ID NO: 935, SEQ ID NO: 936, SEQ ID NO: 939, SEQ ID NO: 940, SEQ ID NO: 941, SEQ ID NO: 943, SEQ ID NO: 944, SEQ ID NO: 945 o SEQ ID NO: 946, respectivamente. Una porción biológicamente activa de un polipéptido de PIP-72 puede ser un polipéptido que tiene, por ejemplo, 10, 25, 50, 55, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71,72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 81, 82, 83, 84 u 85 aminoácidos de longitud. Dichas porciones biológicamente activas pueden prepararse mediante técnicas recombinantes y evaluarse respecto de su actividad insecticida. Como se usa en el presente caso, un fragmento comprende al menos 8 aminoácidos contiguos de un polipéptido de PIP-72. En algunos aspectos, un fragmento de polipéptido de PIP-72 comprende al menos 8 aminoácidos contiguos de SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 32, una cualquiera de SEQ ID NO: 528 - SEQ ID NO: 768, una cualquiera de SEQ ID NO: 825 - SEQ ID NO: 844, SEQ ID NO: 771, SEQ ID NO: 772, SEQ ID NO: 852, una cualquiera de SEQ ID NO: 903 - SEQ ID NO: 914, SEQ ID NO: 927, SEQ ID NO: 928, SEQ ID NO: 932, SEQ ID NO: 933, SEQ ID NO: 934, SEQ ID NO: 935, SEQ ID NO: 936, SEQ ID NO: 939, SEQ ID NO: 940, SEQ ID NO: 941, SEQ ID NO: 943, SEQ ID NO: 944, SEQ ID NO: 945 o SEQ ID NO: 946. En algunos aspectos, el fragmento de polipéptido de PIP-72 es un truncamiento N-terminal y/o C-terminal de al menos aproximadamente 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14 o más aminoácidos del extremo N-terminal y/o el extremo C-terminal en relación con la SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 32, una cualquiera de SEQ ID NO: 528 - SEQ ID NO: 768, una cualquiera de SEQ ID NO: 825 - SEQ ID NO: 844, SEQ ID NO: 771, SEQ ID NO: 772, SEQ ID NO: 852, una cualquiera de SEQ ID NO: 903 - SEQ ID NO: 914, SEQ ID NO: 927, SEQ ID NO: 928, SEQ ID NO: 932, SEQ ID NO: 933, SEQ ID NO: 934, SEQ ID NO: 935, SEQ ID NO: 936, SEQ ID NO: 939, SEQ ID NO: 940, SEQ ID NO: 941, SEQ ID NO: 943, SEQ ID NO: 944, SEQ ID NO: 945 o SEQ ID NO: 946, por ejemplo, mediante proteólisis, mediante la inserción de un codón de inicio, mediante la eliminación de los codones que codifican los aminoácidos eliminados y la inserción concomitante de un codón de inicio y/o la inserción de un codón de parada.

En algunos aspectos, los fragmentos del polipéptido de PIP-72 abarcados en el presente documento son el resultado de la eliminación N-terminal de 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10 o más aminoácidos en relación con la SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 32, una cualquiera de SEQ ID NO: 528 - SEQ ID NO: 768, una cualquiera de SEQ ID NO: 825 - SEQ ID NO: 844, SEQ ID NO: 771, SEQ ID NO: 772, SEQ ID NO: 852, una cualquiera de SEQ ID NO: 903 - SEQ ID NO: 914, SEQ ID NO: 927, SEQ ID NO: 928, SEQ ID NO: 932, SEQ ID NO: 933, SEQ ID NO: 934, SEQ ID NO: 935, SEQ ID NO: 936, SEQ ID NO: 939, SEQ ID NO: 940, SEQ ID NO: 941, SEQ ID NO: 943, SEQ ID NO: 944, SEQ ID NO: 945 o SEQ ID NO: 946, por ejemplo, mediante proteólisis o mediante inserción de un codón de inicio, mediante eliminación de los codones que codifican los aminoácidos eliminados y la inserción concomitante de un codón de inicio.

En algunos aspectos, los fragmentos del polipéptido de PIP-72 abarcados en el presente documento son el resultado de la eliminación N-terminal de 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10 aminoácidos en relación con la SEQ ID NO: *2,* SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8 o variantes de los mismos que incluyen, pero sin limitación, una cualquiera de SEQ ID NO: 528 - SEQ ID NO: 768, una cualquiera de SEQ ID NO: 825 - SEQ ID NO: 844, SEQ ID NO: 771, SEQ ID NO: 772, SEQ ID NO: 852, una cualquiera de SEQ ID NO: 903 - SEQ ID NO: 914, SEQ ID NO: 927, SEQ ID NO: 928, SEQ ID NO: 932, SEQ ID NO: 933, SEQ ID NO: 934, SEQ ID NO: 935, SEQ ID NO: 936, SEQ ID NO: 939, SEQ ID NO: 940, SEQ ID NO: 941, SEQ ID NO: 943, SEQ ID NO: 944, SEQ ID NO: 945 o SEQ ID NO: 946. En algunos aspectos, el truncamiento es de los primeros *4* aminoácidos de SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 32 o variantes de los mismos que incluyen, pero sin limitación, una cualquiera de SEQ ID NO: 528 - SEQ ID NO: 768, una cualquiera de SEQ ID NO: 825 - SEQ ID NO: 844, SEQ ID NO: 771, SEQ ID NO: 772, SEQ ID NO: 852, una cualquiera de SEQ ID NO: 903 - SEQ ID NO: 914, SEQ ID NO: 927, SEQ ID NO: 928, SEQ ID NO: 932, SEQ ID NO: 933, SEQ ID NO: 934, SEQ ID NO: 935, SEQ ID NO: 936, SEQ ID NO: 939, SEQ ID NO: 940, SEQ ID NO: 941, SEQ ID NO: 943, SEQ ID NO: 944, SEQ ID NO: 945 o SEQ ID NO: 946.

"Variantes", como se usa en el presente documento, se refiere a proteínas o polipéptidos que tienen una secuencia de aminoácidos que es al menos aproximadamente un 50 %, 51 %, 52 %, 53 %, 54 %, 55 %, 56 %, 57 %, 58 %, 59 %, 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % o 99 % idéntica a la secuencia de aminoácidos precursora. El término "aproximadamente", como se usa en el presente documento con respecto al % de identidad de secuencia, significa hasta e incluyendo 6 0,5 %, en incrementos del 0,1 %. Por ejemplo, "aproximadamente un 90 %" de identidad de secuencia incluye un 89,5 %, 89,6 %, 89,7 %, 89,8 %, 89,9 %, 90 %, 90,1 %, 90,2 %, 90,3 %, 90,4 % y 90,5 %.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 tiene al menos aproximadamente un 50 %, 51 %, 52 %, 53 %, 54 %, 55 %, 56 %, 57 %, 58 %, 59 %, 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % o 99 % de identidad a lo largo de la longitud completa de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 927, SEQ ID NO: 928, SEQ ID NO: 932, SEQ ID NO: 933, SEQ ID NO: 934, SEQ ID NO: 935, SEQ ID NO: 936, SEQ ID NO: 939, SEQ ID NO: 940, SEQ ID NO: 941, SEQ ID NO: 943, SEQ ID NO: 944, SEQ ID NO: 945 o SEQ ID NO: 946.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 tiene al menos aproximadamente un 50 %, 51 %, 52 %, 53 %, 54 %, 55 %, 56 %, 57 %, 58 %, 59 %, 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o más identidad a lo largo de la longitud completa de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 2.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 tiene al menos aproximadamente un 50 %, 51 %, 52 %, 53 %, 54 %, 55 %, 56 %, 57 %, 58 %, 59 %, 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o más identidad a lo largo de la longitud completa de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 4.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 tiene al menos aproximadamente un 50 %, 51 %, 52 %, 53 %, 54 %, 55 %, 56 %, 57 %, 58 %, 59 %, 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o más identidad a lo largo de la longitud completa de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 6.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 tiene al menos aproximadamente un 50 %, 51 %, 52 %, 53 %, 54 %, 55 %, 56 %, 57 %, 58 %, 59 %, 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o más identidad a lo largo de la longitud completa de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 8.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 tiene al menos aproximadamente un 50 %, 51 %, 52 %, 53 %, 54 %, 55 %, 56 %, 57 %, 58 %, 59 %, 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o más identidad a lo largo de la longitud completa de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 10.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 tiene al menos aproximadamente un 50 %, 51 %, 52 %, 53 %, 54 %, 55 %, 56 %, 57 %, 58 %, 59 %, 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o más identidad a lo largo de la longitud completa de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 12.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 tiene al menos aproximadamente un 50 %, 51 %, 52 %, 53 %, 54 %, 55 %, 56 %, 57 %, 58 %, 59 %, 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o más identidad a lo largo de la longitud completa de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 14.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 tiene al menos aproximadamente un 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o más identidad a lo largo de la longitud completa de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 18.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 tiene al menos aproximadamente un 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o más identidad a lo largo de la longitud completa de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 28.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 tiene al menos aproximadamente un 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o más identidad a lo largo de la longitud completa de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 32.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 tiene al menos aproximadamente un 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o más identidad a lo largo de la longitud completa de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 927.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 tiene al menos aproximadamente un 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o más identidad a lo largo de la longitud completa de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 928.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 tiene al menos aproximadamente un 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o más identidad a lo largo de la longitud completa de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 932.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 tiene al menos aproximadamente un 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o más identidad a lo largo de la longitud completa de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 933.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 tiene al menos aproximadamente un 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o más identidad a lo largo de la longitud completa de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 934.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 tiene al menos aproximadamente un 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o más identidad a lo largo de la longitud completa de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 935.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 tiene al menos aproximadamente un 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o más identidad a lo largo de la longitud completa de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 936.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 tiene al menos aproximadamente un 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o más identidad a lo largo de la longitud completa de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 939.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 tiene al menos aproximadamente un 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o más identidad a lo largo de la longitud completa de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 940.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 tiene al menos aproximadamente un 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o más identidad a lo largo de la longitud completa de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 941.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 tiene al menos aproximadamente un 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o más identidad a lo largo de la longitud completa de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 943.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 tiene al menos aproximadamente un 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o más identidad a lo largo de la longitud completa de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 944.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 tiene al menos aproximadamente un 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o más identidad a lo largo de la longitud completa de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 945.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 tiene al menos aproximadamente un 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 78 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o más identidad a lo largo de la longitud completa de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 946.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 50 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO:12 o SEQ ID NO: 14, en donde el polipéptido tiene actividad insecticida.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 70 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO:12 o SEQ ID NO: 14, en donde el polipéptido tiene actividad insecticida.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 50 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 2, en donde el polipéptido tiene actividad insecticida.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 50 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 4, en donde el polipéptido tiene actividad insecticida.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 50 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 6, en donde el polipéptido tiene actividad insecticida.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 50 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 8, en donde el polipéptido tiene actividad insecticida.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 50 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 10, en donde el polipéptido tiene actividad insecticida.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 50 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 12, en donde el polipéptido tiene actividad insecticida.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 50 % de identidad respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 14, en donde el polipéptido tiene actividad insecticida.

En algunos aspectos, la identidad de secuencia es a lo largo de la longitud completa del polipéptido, calculada usando el algoritmo ClustalW en el módulo ALIGNX® de la suite informática Vector NTI® (Invitrogen Corporation, Carlsbad, Calif.) con todos los parámetros por defecto.

En algunos aspectos, el polipéptido de PIP-72 comprende un motivo de aminoácidos como se representa por los restos de aminoácido 37-51 de SEQ ID NO: 846, SEQ ID NO: 847, SEQ ID NO: 848 o SEQ ID NO: 849.

En algunos aspectos, el polipéptido de PIP-72 comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 2 que tiene una sustitución de aminoácidos en uno o más restos seleccionados entre los restos 2, 3, *4,* 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 42, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 56, 57, 58, 59, 60, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 81, 82, 83, 84, 85 u 86, de la SEQ ID NO: *2* en cualquier combinación y opcionalmente, el polipéptido de PIP-72 comprende además una eliminación de 1 a 5 aminoácidos, una inserción de 1 a 5 aminoácidos, la adición de uno o más aminoácidos en el extremo N-terminal y/o la adición de uno o más aminoácidos en el extremo C-terminal en relación con la SEQ ID NO: *2,* en cualquier combinación.

En algunos aspectos, el polipéptido de PIP-72 comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 2 que tiene una sustitución de aminoácidos en uno o más restos seleccionados entre los restos 2, 3, *4,* 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 17, 18, 19, 20, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 42, 44, 45, 46, 47,

48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 56, 58, 60, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 81, 82, 83, 84, 85 u 86 de la SEQ ID NO: 2, en cualquier combinación y opcionalmente, el polipéptido de PIP-72 comprende además una eliminación de 1 a 5 aminoácidos, una inserción de 1 a 5 aminoácidos, la adición de uno o más aminoácidos en el extremo N-terminal o la adición de uno o más aminoácidos en el extremo C-terminal en relación con la SEQ ID NO: 2, en cualquier combinación.

En algunos aspectos, el polipéptido de PIP-72 comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 2 que tiene una sustitución de aminoácidos en 1 a 45 restos seleccionados entre los restos 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 42, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 56, 57, 58, 59, 60, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 81, 82, 83, 84, 85 y 86, de la SEQ ID NO: 2 en cualquier combinación y opcionalmente, el polipéptido de PIP-72 comprende además una eliminación de 1 a 5 aminoácidos, una inserción de 1 a 5 aminoácidos, la adición de uno o más aminoácidos en el extremo N-terminal y/o la adición de uno o más aminoácidos en el extremo C-terminal en relación con la SEQ ID NO: 2, en cualquier combinación.

En algunos aspectos, el polipéptido de PIP-72 comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 2 que tiene una sustitución de aminoácidos en comparación con la secuencia de aminoácidos nativa de SEQ ID NO: 2 en de 1 a 45 restos seleccionados entre los restos 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 17, 18, 19, 20, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 42, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 56, 58, 60, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 81, 82, 83, 84, 85 y 86 de SEQ ID NO: 2, en cualquier combinación y opcionalmente, el polipéptido de PIP-72 comprende además una eliminación de 1 a 5 aminoácidos, una inserción de 1 a 5 aminoácidos, la adición de uno o más aminoácidos en el extremo N-terminal y/o la adición de uno o más aminoácidos en el extremo C-terminal en relación con la SEQ ID NO: 2, en cualquier combinación.

En aspectos específicos, la sustitución es de un aminoácido nativo por alanina en la posición o las posiciones citadas. También están abarcadas las secuencias de ácido nucleico que codifican la proteína o el polipéptido variante.

En algunos aspectos, el polipéptido de PIP-72 comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 846, en donde Xaa en la posición 2 es Gly, Ala, Cys, Asp, Glu, Ile, Lys, Leu, Asn, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr; Xaa en la posición 3 es Ile o Trp; Xaa en la posición 4 es Thr, Ala, Asp, Glu, His, Ile, Lys, Leu, Arg, Ser, Val, Trp o Tyr; Xaa en la posición 5 es Val, Ala, Cys, Gly, His, Ile o Tyr; Xaa en la posición 6 es Thr, Ala, Cys, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Met, Pro, Gln, Arg, Ser, Trp o Tyr; Xaa en la posición 7 es Asn, Ala o Val; Xaa en la posición 8 es Asn, Ala, Cys, Asp, Glu, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Met, Gln, Arg, Ser, Thr o Val; Xaa en la posición 9 es Ser, Ala, Cys, Gly o Thr; Xaa en la posición 10 es Ser, Ala, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Asn, Pro, Gln, Arg, Thr o Trp; Xaa en la posición 11 es Asn, Ala, Cys, Asp, Glu, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Met, Gln, Ser, Thr, Val o Tyr; Xaa en la posición 12 es Pro, Ala, Cys, Asp, Glu, Gly, His, Lys, Leu, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr; Xaa en la posición 13 es Ile, Asn, Gln o Val; Xaa en la posición 14 es Glu, Ala, Cys, Phe, His, Lys o Gln; Xaa en la posición 15 es Val, Ala, Cys, Ile, Met o Arg; Xaa en la posición 17 es Ile, Glu o Val; Xaa en la posición 18 es Asn o Ser; Xaa en la posición 19 es His, Ala, Glu, Lys, Leu, Pro, Arg, Ser o Tyr; Xaa en la posición 20 es Trp, Ala o Thr; Xaa en la posición 22 es Ser, Ala, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Arg, Thr, Val o Tyr; Xaa en la posición 23 es Asp, Ala, Gly, His, Lys, Met, Asn, Gln, Ser, Thr o Val; Xaa en la posición 24 es Gly, Asp o Phe; Xaa en la posición 25 es Asp, Ala, Glu, Phe, Asn o Gln; Xaa en la posición 26 es Thr, Glu o Pro; Xaa en la posición 27 es Ser, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Asn, Gln, Arg o Thr; Xaa en la posición 28 es Phe, Pro, Trp o Tyr; Xaa en la posición 29 es Phe, Ala, Cys, Ile, Leu, Gln, Arg, Trp o Tyr; Xaa en la posición 30 es Ser, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Lys, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Arg, Thr, Val, Trp o Tyr; Xaa en la posición 31 es Val, Ile o Leu; Xaa en la posición 32 es Gly, Ala, Asp, Glu, Phe, His, Lys, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr; Xaa en la posición 33 es Asn, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Pro, Gln, Arg, Ser, Thr, Val o Tyr; Xaa en la posición 34 es Gly, Glu, Phe, His, Lys, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr o Tyr; Xaa en la posición 35 es Lys, Ala, Cys, Asp, Gly, His, Ile, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr o Val; Xaa en la posición 36 es Gln, Ala, Cys, Glu, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Asn, Pro, Arg, Ser, Thr o Val; Xaa en la posición 37 es Glu, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, Ile, Lys, Leu, Met, Asn, Ser, Thr o Val; Xaa en la posición 38 es Thr, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Val, Trp o Tyr; Xaa en la posición 39 es Trp o Phe; Xaa en la posición 40 es Asp, Ala, Cys, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr; Xaa en la posición 42 es Ser, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, Ile, Lys, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Thr, Val, Trp o Tyr; Xaa en la posición 44 es Ser, Ala, Asp, Glu, Gly, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Thr, Val o Tyr; Xaa en la posición 45 es Arg, Lys o Ser; Xaa en la posición 46 es Gly, Ala o Gln; Xaa en la posición 47 es Phe, Cys, Val o Tyr; Xaa en la posición 48 es Val, Ile o Leu; Xaa en la posición 49 es Leu, Cys, Phe, Met, Arg o Tyr; Xaa en la posición 50 es Ser, Ala, Cys, Asp, Ile, Met, Pro, Gln, Thr o Val; Xaa en la posición 51 es Leu, Ala, Cys, Met o Val; Xaa en la posición 52 es Lys, Cys, Phe, His, Ile, Leu, Met, Asn, Arg, Ser, Thr, Trp o Tyr; Xaa en la posición 53 es Lys, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, His, Ile, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Val o Tyr; Xaa en la posición 54 es Asn, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, Lys, Met, Gln, Arg, Ser o Trp; Xaa en la posición 56 es Ala, Gly, Leu, Asn, Pro, Gln, Arg, Ser o Thr; Xaa en la posición 57 es Gln, Glu, Leu, Met, Ser o Thr; Xaa en la posición 58 es His, Ala, Asp, Phe, Leu, Met, Asn, Arg, Trp o Tyr; Xaa en la posición 60 es Tyr, Glu o Phe; Xaa en la posición 63 es Gln, Cys, Gly, Ile, Leu, Met, Asn, Thr, Val o Tyr; Xaa en la posición 64 es Ala, Phe, Gly, His, Arg, Ser o Tyr; Xaa en la posición 65 es Ser, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Asn, Thr o Val; Xaa en la posición 66 es Ser, Ala o Gly; Xaa en la posición 67 es Lys, Ala, Cys, Asp, Phe, His, Ile, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr; Xaa en la posición 68 es Ile, Asp, Leu o Val; Xaa en la posición 69 es Glu, Ala, Cys, Asp, Phe, His, Ile, Leu, Met, Gln, Arg, Ser, Thr, Val o Tyr; Xaa en la posición 70 es Val, Cys o Ile; Xaa en la posición 71 es Asp, Ala, Cys, Gly, His, Ile, Leu, Met,

Asn, Ser, Thr, Val o Tyr; Xaa en la posición 72 es Asn, Ala, Cys, Asp, Glu, Gly, Lys, Met, Pro, Gln, Arg, Ser, Thr, Val o Trp; Xaa en la posición 73 es Asn, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Ser, Thr, Val o Tyr; Xaa en la posición 74 es Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Val o Tyr; Xaa en la posición 75 es Val, Cys, Ile o Leu; Xaa en la posición 76 es Lys, Ala, Cys, Phe, His, Ile, Leu, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr; Xaa en la posición 77 es Asp Tyr; Xaa en la posición 78 es Gln, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Met, Asn, Arg, Ser, Thr, Val o Tyr; Xaa en la posición 79 es Gly, Arg, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, His, Lys, Leu, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Trp o Tyr; Xaa en la posición 80 es Arg, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Asn, Ser, Thr, Val o Tyr; Xaa en la posición 81 es Leu, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Asn, Pro, Arg, Ser, Thr o Val; Xaa en la posición 82 es Ile, Ala, Leu, Met, Arg o Val; Xaa en la posición 83 es Glu, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Asn, Pro, Arg, Ser, Thr, Val o Tyr; Xaa en la posición 84 es Pro, Ala, Cys, Glu, Ile, Ser, Val, Trp o Tyr; Xaa en la posición 85 es Leu, Cys, Gly o Val; y Xaa en la posición 86 es Ser, Ala, Ile, Thr o Val y en donde de 1 a 14 aminoácidos se eliminan opcionalmente del extremo N-terminal y/o el extremo C-terminal del polipéptido de PIP-72.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 846 que tiene 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44 o 45, sustituciones de aminoácidos, en cualquier combinación, en restos indicados por Xaa en la SEQ ID NO: 846 en comparación con el aminoácido nativo en la posición correspondiente de la SEQ ID NO: 2.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 846 que tiene 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7,8,9,10 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28 o 29 sustituciones de aminoácidos, en cualquier combinación, en restos indicados por Xaa en la SEQ ID NO: 846 en comparación con el aminoácido nativo en la posición correspondiente de la SEQ ID NO: 2.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 847, en donde Xaa en la posición 2 es Gly, Lys o Ala; Xaa en la posición 3 es Ile o Leu; Xaa en la posición 4 es Thr o Ser; Xaa en la posición 5 es Val o Ile; Xaa en la posición 6 es Thr o Lys; Xaa en la posición 8 es Asn, Lys, Gly o Ser; Xaa en la posición 9 es Ser o Ala; Xaa en la posición 11 es Asn, Lys, His o Thr; Xaa en la posición 12 es Pro, Thr, Lys o Ser; Xaa en la posición 13 es Ile o Val; Xaa en la posición 14 es Glu o Asp; Xaa en la posición 15 es Val, Ala o Ile; Xaa en la posición 16 es Ala o Ser; Xaa en la posición 17 es Ile o Val; Xaa en la posición 18 es Asn o Ser; Xaa en la posición 19 es His, Lys, Arg, Gln o Ala; Xaa en la posición 21 es Gly o Arg; Xaa en la posición 22 es Ser, Lys, Asn, Asp o Thr; Xaa en la posición 25 es Asp o Asn; Xaa en la posición 26 es Thr o Asp; Xaa en la posición 27 es Ser, Thr, Asn o Lys; Xaa en la posición 28 es Phe, Tyr o Pro; Xaa en la posición 29 es Phe o Tyr; Xaa en la posición 30 es Ser, Gly o Lys; Xaa en la posición 31 es Val, Ile o Met; Xaa en la posición 32 es Gly, Ala o Asp; Xaa en la posición 33 es Asn, Ser, Gln o Pro; Xaa en la posición 35 es Lys, Glu o Ser; Xaa en la posición 36 es Gln, Asn o Ser; Xaa en la posición 37 es Glu o Asp; Xaa en la posición 38 es Thr o Ser; Xaa en la posición 42 es Ser o Asn; Xaa en la posición 44 es Ser, Asp, Ala o Leu; Xaa en la posición 47 es Phe o Tyr; Xaa en la posición 48 es Leu o Met; Xaa en la posición 49 es Leu o Met; Xaa en la posición 50 es Ser, Ala o Tyr; Xaa en la posición 51 es Leu o Val; Xaa en la posición 52 es Lys o Gln; Xaa en la posición 53 es Lys, Arg, Met o Leu; Xaa en la posición 54 es Asn, Lys o Gly; Xaa en la posición 55 es Gly o Ser; Xaa en la posición 56 es Ala, Thr, Gln o Ser; Xaa en la posición 57 es Gln, Val o Ala; Xaa en la posición 58 es His, Ala, Lys, Tyr o Thr; Xaa en la posición 59 es Pro o Thr; Xaa en la posición 62 es Val o Ile; Xaa en la posición 63 es Gln, Ser o Leu; Xaa en la posición 64 es Ala, Gln o Ser; Xaa en la posición 65 es Ser o Thr; Xaa en la posición 67 es Lys, Gln, Arg o Asn; Xaa en la posición 69 es Glu, Lys o Val; Xaa en la posición 70 es Val o Ile; Xaa en la posición 71 es Asp, Glu o Tyr; Xaa en la posición 72 es Asn, His, Ser o Asp; Xaa en la posición 73 es Asn, Ser o Asp; Xaa en la posición 74 es Ala, Thr, Met, Ile o Lys; Xaa en la posición 76 es Lys o Thr; Xaa en la posición 78 es Gln, His o Ser; Xaa en la posición 80 es Arg, Glu o Gln; Xaa en la posición 81 es Leu, Pro, Ala o Thr; Xaa en la posición 82 es Ile o Leu; Xaa en la posición 83 es Glu, His, Asn, Gln o Leu; Xaa en la posición 85 es Leu, Val o Ala; y Xaa en la posición 86 es Ser, Ala, Tyr o Asn y en donde de 1 a 14 aminoácidos se eliminan opcionalmente del extremo N-terminal y/o el extremo C-terminal del polipéptido de PIP-72 y/o se inserta un aminoácido entre el resto 24 y 25 en relación con la SEQ ID NO: 847.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 847 que tiene 1, 2, 3, *4,* 5, 6, 7, 8, 9, 10 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44 o 45 sustituciones de aminoácidos, en cualquier combinación, en restos indicados por Xaa en la SEQ ID NO: 847 en comparación con el aminoácido nativo en la posición correspondiente de la SEQ ID NO: *2.*

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 847 que tiene 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7,8,9,10 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28 o 29 sustituciones de aminoácidos, en cualquier combinación, en restos indicados por Xaa en la SEQ ID NO: 847 en comparación con el aminoácido nativo en la posición correspondiente de la SEQ ID NO: *2.*

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 848, en donde Xaa en la posición 2 es Gly, Lys, Ala o Arg; Xaa en la posición 3 es Ile, Leu o Val; Xaa en la posición 4 es Thr o Ser; Xaa en la posición 5 es Val, Ile o Leu; Xaa en la posición 6 es Thr, Lys, Ser o Arg; Xaa en la posición 8 es Asn, Lys, Gly, Ser, Gln, Arg, Thr o Ala; Xaa en la posición 9 es Ser, Ala o Thr; Xaa en la posición 11 es Asn, Lys, Thr, Gln,

Arg, His o Ser; Xaa en la posición 12 es Pro, Thr, Lys, Ser o Arg; Xaa en la posición 13 es Ile, Val o Leu; Xaa en la posición 14 es Glu o Asp; Xaa en la posición 15 es Val, Ala, Ile o Leu; Xaa en la posición 16 es Ala o Ser; Xaa en la posición 17 es Ile, Val o Leu; Xaa en la posición 18 es Asn, Ser, Gln o Thr; Xaa en la posición 19 es His, Lys, Ala, Gln, Asn o Arg; Xaa en la posición 21 es Gly, Arg o Lys; Xaa en la posición 22 es Ser, Lys, Asn, Thr, Arg, Asp, Glu o Gln; Xaa en la posición 25 es Asp, Asn, Glu o Gln; Xaa en la posición 26 es Thr, Asp, Ser o Glu; Xaa en la posición 27 es Ser, Thr, Lys, Asn, Gln o Arg; Xaa en la posición 28 es Phe, Tyr, Pro o Trp; Xaa en la posición 29 es Phe, Tyr o Trp; Xaa en la posición 30 es Ser, Gly, Lys, Thr o Arg; Xaa en la posición 31 es Val, Ile, Met o Leu; Xaa en la posición 32 es Gly, Ala, Asp o Glu; Xaa en la posición 33 es Asn, Ser, Gln, Pro o Thr; Xaa en la posición 35 es Lys, Glu, Ser, Arg o Thr; Xaa en la posición 36 es Gln, Ser, Asn o Thr; Xaa en la posición 37 es Glu o Asp; Xaa en la posición 38 es Thr o Ser; Xaa en la posición 42 es Ser, Asn, Thr o Gln; Xaa en la posición 44 es Ser, Asp, Ala, Leu, Thr, Glu, Ile o Val; Xaa en la posición 47 es Phe, Tyr o Trp; Xaa en la posición 48 es Leu, Met, Ile o Val; Xaa en la posición 49 es Leu, Met, Ile o Val; Xaa en la posición 50 es Ser, Ala, Tyr o Thr; Xaa en la posición 51 es Leu, Val o Ile; Xaa en la posición 52 es Lys, Gln, Arg o Asn; Xaa en la posición 53 es Lys, Arg, Met, Leu, Ile o Val; Xaa en la posición 54 es Asn, Lys, Gly, Gln o Arg; Xaa en la posición 55 es Gly, Ser o Thr; Xaa en la posición 56 es Ala, Thr, Gln, Ser o Asn; Xaa en la posición 57 es Gln, Val, Ala, Asn, Leu o Ile; Xaa en la posición 58 es His, Ala, Lys, Tyr o Thr; Xaa en la posición 59 es Pro, Thr o Ser; Xaa en la posición 62 es Val, Ile o Leu; Xaa en la posición 63 es Gln, Ser, Leu, Asn, Thr, Ile o Val; Xaa en la posición 64 es Ala, Gln, Ser, Asn o Thr; Xaa en la posición 65 es Ser o Thr; Xaa en la posición 67 es Lys, Gln, Asn o Arg; Xaa en la posición 69 es Glu, Val, Asp, Lys, Arg, Ile o Leu; Xaa en la posición 70 es Val, Ile o Leu; Xaa en la posición 71 es Asp, Glu, Tyr o Trp; Xaa en la posición 72 es Asn, His, Ser, Asp, Gln, Thr o Glu; Xaa en la posición 73 es Asn, Ser, Asp, Gln, Thr o Glu; Xaa en la posición 74 es Ala, Thr, Met, Ile, Lys, Ser, Leu, Val o Arg; Xaa en la posición 76 es Lys, Thr, Arg o Ser; Xaa en la posición 78 es Gln, His, Ser, Asn o Thr; Xaa en la posición 80 es Arg, Glu, Gln, Lys, Asp o Asn; Xaa en la posición 81 es Leu, Pro, Thr, Ile, Val, Ala o Ser; Xaa en la posición 82 es Ile, Leu o Val; Xaa en la posición 83 es Glu, His, Asn, Leu, Gln, Ile o Val; Xaa en la posición 85 es Leu, Val o Ala; y Xaa en la posición 86 es Ser, Ala, Tyr, Asn o Thr y en donde de 1 a 14 aminoácidos se eliminan opcionalmente del extremo N-terminal y/o el extremo C-terminal del polipéptido de PIP-72 y/o se inserta un aminoácido entre el resto 24 y 25 en relación con la SEQ ID NO: 848.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 848 que tiene 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44 o 45 sustituciones de aminoácidos, en cualquier combinación, en restos indicados por Xaa en la SEQ ID NO: 848 en comparación con el aminoácido nativo en la posición correspondiente de la SEQ ID NO: 2.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 848 que tiene 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7,8,9,10 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28 o 29 sustituciones de aminoácidos, en cualquier combinación, en restos indicados por Xaa en la SEQ ID NO: 848 en comparación con el aminoácido nativo en la posición correspondiente de la SEQ ID NO: 2.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 849 en donde Xaa en la posición 2 es Gly, Ala, Cys, Asp, Glu, Ile, Lys, Leu, Asn, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr; Xaa en la posición 3 es Ile, Leu, Val o Trp; Xaa en la posición 4 es Thr, Ala, Asp, Glu, His, Ile, Lys, Leu, Arg, Ser, Val, Trp o Tyr; Xaa en la posición 5 es Val, Ala, Cys, Gly, His, Ile, Leu o Tyr; Xaa en la posición 6 es Thr, Ala, Cys, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Met, Pro, Gln, Arg, Ser, Trp o Tyr; Xaa en la posición 7 es Asn, Ala o Val; Xaa en la posición 8 es Asn, Lys, Gly, Ser, Gln, Arg, Thr, Ala, Cys, Asp, Glu, His, Ile, Leu, Met o Val; Xaa en la posición 9 es Ser, Ala, Cys, Gly o Thr; Xaa en la posición 11 es Asn, Lys, Thr, Gln, Arg, Ser, Ala, Cys, Asp, Glu, Gly, His, Ile, Leu, Met, Val o Tyr; Xaa en la posición 12 es Pro, Thr, Lys, Ser, Arg, Ala, Cys, Asp, Glu, Gly, His, Leu, Asn, Gln, Arg, Val, Trp o Tyr; Xaa en la posición 13 es Ile, Asn, Gln, Leu o Val; Xaa en la posición 14 es Glu, Ala, Cys, Phe, His, Lys, Asp o Gln; Xaa en la posición 15 es Val, Ala, Ile, Leu, Cys, Met o Arg; Xaa en la posición 16 es Ala o Ser; Xaa en la posición 17 es Ile, Glu, Leu o Val; Xaa en la posición 18 es Asn, Gln, Thr o Ser; Xaa en la posición 19 es His, Lys, Ala, Arg, Glu, Leu, Pro, Ser o Tyr; Xaa en la posición 20 es Trp, Ala o Thr; Xaa en la posición 21 es Gly, Arg o Lys; Xaa en la posición 22 es Ser, Ala, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Arg, Thr, Val o Tyr; Xaa en la posición 23 es Asp, Ala, Gly, His, Lys, Met, Asn, Gln, Ser, Thr o Val; Xaa en la posición 24 es Gly, Asp o Phe; Xaa en la posición 25 es Asp, Ala, Glu, Phe, Asn o Gln; Xaa en la posición 26 es Thr, Glu, Asp, Ser o Pro; Xaa en la posición 27 es Ser, Thr, Lys, Arg, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Asn o Gln; Xaa en la posición 28 es Phe, Tyr, Pro o Trp; Xaa en la posición 29 es Phe, Ala, Cys, Ile, Leu, Gln, Arg, Trp o Tyr; Xaa en la posición 30 es Ser, Gly, Lys, Thr, Arg, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, His, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Val, Trp o Tyr; Xaa en la posición 31 es Val, Ile, Met o Leu; Xaa en la posición 32 es Gly, Ala, Asp, Glu, Phe, His, Lys, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr; Xaa en la posición 33 es Asn, Ser, Gln, Pro, Thr, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Arg, Val o Tyr; Xaa en la posición 34 es Gly, Glu, Phe, His, Lys, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr o Tyr; Xaa en la posición 35 es Lys, Glu, Ala, Cys, Asp, Gly, His, Ile, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr o Val; Xaa en la posición 36 es Gln, Ala, Cys, Glu, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Asn, Pro, Arg, Ser, Thr o Val; Xaa en la posición 37 es Glu, Asp, Ala, Cys, Phe, Gly, Ile, Lys, Leu, Met, Asn, Ser, Thr o Val; Xaa en la posición 38 es Thr, Ser, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Val, Trp o Tyr; Xaa en la posición 39 es Trp o Phe; Xaa en la posición 40 es Asp, Ala, Cys, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr; Xaa en la posición 42 es Ser, Asn, Thr, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, Ile, Lys, Leu, Met, Arg, Val, Trp, Tyr o Gln; Xaa en la posición 44 es Ser, Asp, Ala, Leu, Thr, Glu, Ile, Ala, Gly, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Val, Tyr o Val; Xaa en la posición 45 es Arg, Lys o Ser; Xaa en la posición 46 es Gly, Ala o Gln; Xaa en la posición 47 es

Phe, Tyr Cys, Val o Trp; Xaa en la posición 48 es Leu, Met, Ile, Cys, Phe, Met, Arg, Tyr o Val; Xaa en la posición 49 es Leu, Met, Ile o Val; Xaa en la posición 50 es Ser, Ala, Tyr, Cys, Asp, Ile, Met, Pro, Gln, Val o Thr; Xaa en la posición 51 es Leu, Val, Ala, Cys, Met o Ile; Xaa en la posición 52 es Lys, Cys, Phe, His, Ile, Leu, Met, Asn, Arg, Ser, Thr, Gln, Trp o Tyr; Xaa en la posición 53 es Lys, Arg, Met, Leu, Ile, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, His, Asn, Gln, Ser, Thr, Tyr o Val; Xaa en la posición 54 es Asn, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, Lys, Met, Gln, Arg, Ser o Trp; Xaa en la posición 55 es Gly, Ser o Thr; Xaa en la posición 56 es Ala, Thr, Gln, Ser, Gly, Leu, Pro, Arg o Asn; Xaa en la posición 57 es Gln, Glu, Leu, Met, Ser, Val, Ala, Asn, Ile o Thr; Xaa en la posición 58 es His, Ala, Lys, Asp, Phe, Leu, Met, Asn, Arg, Trp, Tyr o Thr; Xaa en la posición 59 es Pro, Thr o Ser; Xaa en la posición 60 es Tyr, Glu o Phe; Xaa en la posición 62 es Val, Ile o Leu; Xaa en la posición 63 es Gln, Ser, Cys, Gly, Ile, Leu, Met, Asn, Thr, Val o Tyr; Xaa en la posición 64 es Ala, Gln, Asn, Phe, Gly, His, Arg, Ser o Tyr; Xaa en la posición 65 es Ser, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Asn, Val o Thr; Xaa en la posición 66 es Ser, Ala o Gly; Xaa en la posición 67 es Lys, Gln, Asn o Arg; Xaa en la posición 68 es Ile, Asp, Leu o Val; Xaa en la posición 69 es Glu, Ala, Cys, Asp, Phe, His, Ile, Leu, Met, Gln, Arg, Ser, Thr, Val o Tyr; Xaa en la posición 70 es Val, Ile, Cys o Leu; Xaa en la posición 71 es Asp, Glu, Tyr, Ala, Cys, Gly, His, Ile, Leu, Met, Asn, Ser, Thr, Val o Trp; Xaa en la posición 72 es Asn, Ala, Cys, Asp, Glu, Gly, Lys, Met, Pro, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, His o Trp; Xaa en la posición 73 es Asn, Ser, Asp, Gln, Thr, Ala, Cys, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Val, Tyr o Glu; Xaa en la posición 74 es Ala, Thr, Met, Ile, Lys, Ser, Leu, Val, Cys, Asp, Phe, Gly, His, Asn, Gln, Tyr o Arg; Xaa en la posición 75 es Val, Cys, Ile o Leu; Xaa en la posición 76 es Lys, Ala, Cys, Phe, His, Ile, Leu, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr; Xaa en la posición 77 es Asp Tyr; Xaa en la posición 78 es Gln, His, Ser, Asn, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, Ile, Leu, Met, Asn, Arg, Val, Tyr o Thr; Xaa en la posición 79 es Gly, Arg, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, His, Lys, Leu, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Trp o Tyr; Xaa en la posición 80 es Arg, Glu, Gln, Lys, Asp, Ala, Cys, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Ser, Thr, Val, Tyr o Asn; Xaa en la posición 81 es Leu, Pro, Thr, Ile, Val, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, His o Ser; Xaa en la posición 82 es Ile, Ala, Leu, Met, Arg y Val; Xaa en la posición 83 es Glu, His, Asn, Leu, Gln, Ile, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, Lys, Pro, Arg, Ser, Thr, Tyr o Val; Xaa en la posición 84 es Pro, Ala, Cys, Glu, Ile, Ser, Val, Trp o Tyr; Xaa en la posición 85 es Leu, Val, Cys, Gly o Ala; y Xaa en la posición 86 es Ser, Ala, Tyr, Asn, Ile, Val o Thr y en donde, de 1 a 14 aminoácidos se eliminan opcionalmente del extremo N-terminal y/o el extremo C-terminal del polipéptido de PIP-72 y/o se inserta un aminoácido entre el resto 24 y 25 en relación con la SEQ ID NO: 849.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 849 que tiene 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44 o 45 sustituciones de aminoácidos, en cualquier combinación, en restos indicados por Xaa en la SEQ ID NO: 849 en comparación con el aminoácido nativo en la posición correspondiente de la SEQ ID NO: 2.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 849 que tiene 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7,8,9,10 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28 o 29 sustituciones de aminoácidos, en cualquier combinación, en restos indicados por Xaa en la SEQ ID NO: 849 en comparación con el aminoácido nativo en la posición correspondiente de la SEQ ID NO: 2.

En algunos aspectos, los polipéptidos de PIP-72 ejemplares están codificados por la secuencia de polinucleótido expuesta en la SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 31, una cualquiera de SEQ ID NO: 287 - SEQ ID NO: 527, una cualquiera de SEQ ID NO: 796 - SEQ ID NO: 815, SEQ ID NO: 769, SEQ ID NO: 770, SEQ ID NO: 850, SEQ ID NO: 852, una cualquiera de SEQ ID NO: 853 - SEQ ID NO: 864, una cualquiera de SEQ ID NO: 915 - SEQ ID NO: 926, SEQ ID NO: 949, SEQ ID NO: 950, SEQ ID NO: 954, SEQ ID NO: 955, SEQ ID NO: 956, SEQ ID NO: 957, SEQ ID NO: 958, SEQ ID NO: 961, SEQ ID NO: 962, SEQ ID NO: 963, SEQ ID NO: 965, SEQ ID NO: 966, SEQ ID NO: 967 o SEQ ID NO: 968.

En algunos aspectos, el polipéptido de PIP-72 está codificado por el polinucleótido de SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 769, SEQ ID NO: 770, SEQ ID NO: 850, SEQ ID NO: 852, SEQ ID NO: 949, SEQ ID NO: 950, SEQ ID NO: 954, SEQ ID NO: 955, SEQ ID NO: 956, SEQ ID NO: 957, SEQ ID NO: 958, SEQ ID NO: 961, SEQ ID NO: 962, SEQ ID NO: 963, SEQ ID NO: 965, SEQ ID NO: 966, SEQ ID NO: 967 o SEQ ID NO: 968.

En algunos aspectos, los polipéptidos de PIP-72 ejemplares se exponen en la SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14; SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 528, SEQ ID NO: 529, SEQ ID NO: 530, SEQ ID NO: 531, SEQ ID NO: 532, SEQ ID NO: 533, SEQ ID NO: 534, SEQ ID NO: 535, SEQ ID NO: 536, SEQ ID NO: 537, SEQ ID NO: 538, SEQ ID NO: 539, SEQ ID NO: 540, SEQ ID NO: 541, SEQ ID NO: 542, SEQ ID NO: 543, SEQ ID NO: 544, SEQ ID NO: 545, SEQ ID NO: 546, SEQ ID NO: 547, SEQ ID NO: 548, SEQ ID NO: 549, SEQ ID NO: 550, SEQ ID NO: 551, SEQ ID NO: 552, SEQ ID NO: 553, SEQ ID NO: 554, SEQ ID NO: 555, SEQ ID NO: 556, SEQ ID NO: 557, SEQ ID NO: 558, SEQ ID NO: 559, SEQ ID NO: 560, SEQ ID NO: 561, SEQ ID NO: 562, SEQ ID NO: 563, SEQ ID NO: 564, SEQ ID NO: 565, SEQ ID NO: 566, SEQ ID NO: 567, SEQ ID NO: 568, SEQ ID NO: 569, SEQ ID NO: 570, SEQ ID NO: 571, SEQ ID NO: 572, SEQ ID NO: 573, SEQ ID NO: 574, SEQ ID NO: 575, SEQ ID NO: 576, SEQ ID NO: 577, SEQ ID NO: 578, SEQ ID NO: 579, SEQ ID NO: 580, SEQ ID NO: 581, SEQ ID NO: 582, SEQ ID NO: 583, SEQ ID NO: 584, SEQ ID NO: 585, SEQ ID NO: 586, SEQ ID NO: 587, SEQ ID NO: 588, SEQ ID NO: 589, SEQ ID NO: 590, SEQ ID NO: 591, SEQ ID NO: 592, SEQ ID NO: 593, SEQ ID NO: 594, SEQ ID NO: 595, SEQ ID NO: 596, SEQ ID NO: 597, SEQ ID NO: 598, SEQ

ID NO: 599, SEQ ID NO: 600, SEQ ID NO: 601, SEQ ID NO: 602, SEQ ID NO: 603, SEQ ID NO: 604, SEQ ID NO: 605, SEQ ID NO: 606, SEQ ID NO: 607, SEQ ID NO: 608, SEQ ID NO: 609, SEQ ID NO: 610, SEQ ID NO: 611, SEQ ID NO: 612, SEQ ID NO: 613, SEQ ID NO: 614, SEQ ID NO: 615, SEQ ID NO: 616, SEQ ID NO: 617, SEQ ID NO: 618, SEQ ID NO: 619, SEQ ID NO: 620, SEQ ID NO: 621, SEQ ID NO: 622, SEQ ID NO: 623, SEQ ID NO: 624, SEQ ID NO: 625, SEQ ID NO: 626, SEQ ID NO: 627, SEQ ID NO: 628, SEQ ID NO: 629, SEQ ID NO: 630, SEQ ID NO: 631, SEQ ID NO: 632, SEQ ID NO: 633, SEQ ID NO: 634, SEQ ID NO: 635, SEQ ID NO: 636, SEQ ID NO: 637, SEQ ID NO: 638, SEQ ID NO: 639, SEQ ID NO: 640, SEQ ID NO: 641, SEQ ID NO: 642, SEQ ID NO: 643, SEQ ID NO: 644, SEQ ID NO: 645, SEQ ID NO: 646, SEQ ID NO: 647, SEQ ID NO: 648, SEQ ID NO: 649, SEQ ID NO: 650, SEQ ID NO: 651, SEQ ID NO: 652, SEQ ID NO: 653, SEQ ID NO: 654, SEQ ID NO: 655, SEQ ID NO: 656, SEQ ID NO: 657, SEQ ID NO: 658, SEQ ID NO: 659, SEQ ID NO: 660, SEQ ID NO: 661, SEQ ID NO: 662, SEQ ID NO: 663, SEQ ID NO: 664, SEQ ID NO: 665, SEQ ID NO: 666, SEQ ID NO: 667, SEQ ID NO: 668, SEQ ID NO: 669, SEQ ID NO: 670, SEQ ID NO: 671, SEQ ID NO: 672, SEQ ID NO: 673, SEQ ID NO: 674, SEQ ID NO: 675, SEQ ID NO: 676, SEQ ID NO: 677, SEQ ID NO: 678, SEQ ID NO: 679, SEQ ID NO: 680, SEQ ID NO: 681, SEQ ID NO: 682, SEQ ID NO: 683, SEQ ID NO: 684, SEQ ID NO: 685, SEQ ID NO: 686, SEQ ID NO: 687, SEQ ID NO: 688, SEQ ID NO: 689, SEQ ID NO: 690, SEQ ID NO: 691, SEQ ID NO: 692, SEQ ID NO: 693, SEQ ID NO: 694, SEQ ID NO: 695, SEQ ID NO: 696, SEQ ID NO: 697, SEQ ID NO: 698, SEQ ID NO: 699, SEQ ID NO: 700, SEQ ID NO: 701, SEQ ID NO: 702, SEQ ID NO: 703, SEQ ID NO: 704, SEQ ID NO: 705, SEQ ID NO: 706, SEQ ID NO: 707, SEQ ID NO: 708, SEQ ID NO: 709, SEQ ID NO: 710, SEQ ID NO: 711, SEQ ID NO: 712, SEQ ID NO: 713, SEQ ID NO: 714, SEQ ID NO: 715, SEQ ID NO: 716, SEQ ID NO: 717, SEQ ID NO: 718, SEQ ID NO: 719, SEQ ID NO: 720, SEQ ID NO: 721, SEQ ID NO: 722, SEQ ID NO: 723, SEQ ID NO: 724, SEQ ID NO: 725, SEQ ID NO: 726, SEQ ID NO: 727, SEQ ID NO: 728, SEQ ID NO: 729, SEQ ID NO: 730, SEQ ID NO: 731, SEQ ID NO: 732, SEQ ID NO: 733, SEQ ID NO: 734, SEQ ID NO: 735, SEQ ID NO: 736, SEQ ID NO: 737, SEQ ID NO: 738, SEQ ID NO: 739, SEQ ID NO: 740, SEQ ID NO: 741, SEQ ID NO: 742, SEQ ID NO: 743, SEQ ID NO: 744, SEQ ID NO: 745, SEQ ID NO: 746, SEQ ID NO: 747, SEQ ID NO: 748, SEQ ID NO: 749, SEQ ID NO: 750, SEQ ID NO: 751, SEQ ID NO: 752, SEQ ID NO: 753, SEQ ID NO: 754, SEQ ID NO: 755, SEQ ID NO: 756, SEQ ID NO: 757, SEQ ID NO: 758, SEQ ID NO: 759, SEQ ID NO: 760, SEQ ID NO: 761, SEQ ID NO: 762, SEQ ID NO: 763, SEQ ID NO: 764, SEQ ID NO: 765, SEQ ID NO: 766, SEQ ID NO: 767, SEQ ID NO: 768, SEQ ID NO: 771, SEQ ID NO: 772, SEQ ID NO: 825, SEQ ID NO: 826, SEQ ID NO: 827, SEQ ID NO: 828, SEQ ID NO: 829, SEQ ID NO: 830, SEQ ID NO: 831, SEQ ID NO: 832, SEQ ID NO: 833, SEQ ID NO: 834, SEQ ID NO: 835, SEQ ID NO: 836, SEQ ID NO: 837, SEQ ID NO: 838, SEQ ID NO: 839, SEQ ID NO: 840, SEQ ID NO: 841, SEQ ID NO: 842, SEQ ID NO: 843, SEQ ID NO: 844, SEQ ID NO: 852, SEQ ID NO: 853, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NO: 855, SEQ ID NO: 856, SEQ ID NO: 857, SEQ ID NO: 858, SEQ ID NO: 859, SEQ ID NO: 860, SEQ ID NO: 861, SEQ ID NO: 862, SEQ ID NO: 863, SEQ ID NO: 864, SEQ ID NO: 903, SEQ ID NO: 904, SEQ ID NO: 905, SEQ ID NO: 906, SEQ ID NO: 907, SEQ ID NO: 908, SEQ ID NO: 909, SEQ ID NO: 910, SEQ ID NO: 911, SEQ ID NO: 912, SEQ ID NO: 913, SEQ ID NO: 914, SEQ ID NO: 927, SEQ ID NO: 928, SEQ ID NO: 932, SEQ ID NO: 933, SEQ ID NO: 934, SEQ ID NO: 935, SEQ ID NO: 936, SEQ ID NO: 939, SEQ ID NO: 940, SEQ ID NO: 941, SEQ ID NO: 943, SEQ ID NO: 944, SEQ ID NO: 945 y SEQ ID NO: 946.

En algunos aspectos, el polipéptido de PIP-72 comprende una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14; SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 927, SEQ ID NO: 928, SEQ ID NO: 932, SEQ ID NO: 933, SEQ ID NO: 934, SEQ ID NO: 935, SEQ ID NO: 936, SEQ ID NO: 939, SEQ ID NO: 940, SEQ ID NO: 941, SEQ ID NO: 943, SEQ ID NO: 944, SEQ ID NO: 945 o SEQ ID NO: 946.

En algunos aspectos, los polipéptidos de PIP-72 ejemplares son los polipéptidos mostrados en la tabla 14, la tabla 17, la tabla 20, la tabla 23, la tabla 24, la tabla 26, la tabla 28 y/o la tabla 29 y cualquier combinación de las sustituciones de aminoácidos de los mismos, así como eliminaciones o inserciones y fragmentos de los mismos.

En algunos aspectos, un polipéptido de PIP-72 tiene un peso molecular calculado de entre aproximadamente 6 kDa y aproximadamente 13 kDa, entre aproximadamente 7 kDa y aproximadamente 12 kDa, entre aproximadamente 8 kDa y aproximadamente 11 kDa, entre aproximadamente 9 kDa y aproximadamente 10 kDa, aproximadamente 8,75 kDa, aproximadamente 9 kDa, aproximadamente 9,25 kDa, aproximadamente 9,5 kDa, aproximadamente 9,75 kDa, aproximadamente 10 kDa, aproximadamente 10,25 kDa y aproximadamente 10,5 kDa. Como se usa en el presente documento, el término "aproximadamente" usado en el contexto del peso molecular de un polipéptido de PIP-72 significa 6 0,25 kilodalton.

En algunos aspectos, el polipéptido de PIP-72 tiene una propiedad física modificada. Como se usa en el presente documento, la expresión "propiedad física" se refiere a cualquier parámetro adecuado para describir las características fisicoquímicas de una proteína. Como se usa en el presente documento, "propiedad física de interés" y "propiedad de interés" se usan indistintamente para hacer referencia a propiedades físicas de las proteínas que se están investigando y/o modificando. Los ejemplos de propiedades físicas incluyen, pero sin limitación, carga superficial neta y distribución de carga en la superficie de la proteína, hidrofobia neta y distribución de restos hidrófobos en la superficie de la proteína, densidad de carga superficial, densidad de hidrofobia superficial, recuento total de grupos superficiales ionizables, tensión superficial, tamaño de la proteína y su distribución en solución, temperatura de fusión, capacidad térmica y segundo coeficiente del virial. Los ejemplos de propiedades físicas también incluyen, pero sin limitación, solubilidad, plegado, estabilidad y digestibilidad. En algunos aspectos, el polipéptido de PIP-72 tiene una digestibilidad aumentada de los fragmentos proteolíticos en el intestino de un insecto. Los modelos de digestión mediante fluidos

gástricos simulados son conocidos por un experto en la materia (Fuchs, R.L. y J.D. Astwood. Food Technology 50: 83-88, 1996; Astwood, J.D., et al Nature Biotechnology 14: 1269-1273, 1996; Fu TJ et al J. Agric Food Chem. 50: 7154-7160, 2002).

En algunos aspectos, las variantes incluyen polipéptidos que difieren en la secuencia de aminoácidos debido a mutagénesis. Las proteínas variantes abarcadas por la divulgación son biológicamente activas, es decir, siguen poseyendo la actividad biológica deseada (es decir, actividad plaguicida) de la proteína nativa. En algunos aspectos, la variante tendrá al menos aproximadamente un 10 %, al menos aproximadamente un 30 %, al menos aproximadamente un 50 %, al menos aproximadamente un 70 %, al menos aproximadamente un 80 % o más de la actividad insecticida de la proteína nativa. En algunos aspectos, las variantes pueden tener actividad mejorada con respecto a la proteína nativa.

Con bastante frecuencia, los genes bacterianos poseen múltiples codones de inicio de metionina próximos al inicio de la fase abierta de lectura. A menudo, el inicio de la traducción en uno o más de estos codones de inicio dará lugar a la generación de una proteína funcional. Estos codones de inicio pueden incluir codones de ATG. Sin embargo, las bacterias, tales como *Bacillus* sp., también reconocen el codón GTG como codón de inicio y las proteínas que inician la traducción en codones de GTG contienen una metionina en el primer aminoácido. En raras ocasiones, la traducción en sistemas bacterianos puede iniciarse en un codón TTG, aunque en este caso, el TTG codifica una metionina. Además, normalmente no se determina *a priori* cuáles de estos codones se usan naturalmente en la bacteria. Por lo tanto, se entiende que el uso de uno de los codones de metionina alternativos también puede dar lugar a la generación de proteínas plaguicidas. Estas proteínas plaguicidas están abarcadas en la presente divulgación y pueden usarse en los métodos de la presente divulgación. Se entenderá que, cuando se expresa en plantas, será necesario alterar el codón de inicio alternativo a ATG para una traducción adecuada.

En otro aspecto, el polipéptido de PIP-72 puede expresarse como una proteína precursora con una secuencia intermedia que cataliza el corte y empalme de proteínas postraduccional en múltiples etapas. El corte y empalme de proteínas implica la escisión de una secuencia intermedia de un polipéptido, con la unión concomitante de las secuencias flanqueantes para proporcionar un nuevo polipéptido (Chong, et al., (1996) J. Biol. Chem., 271:22159-22168). Esta secuencia intermedia o elemento de corte y empalme de proteína, citado como inteínas, que cataliza su propia escisión mediante tres reacciones coordinadas en las uniones de corte y empalme N-terminales y C-terminales: un reordenamiento de acilo de la cisteína o serina N-terminal; una reacción de transesterificación entre los dos extremos para formar un intermedio de éster o tioéster ramificado y escisión de enlace peptídico acoplado a ciclación de la asparagina C-terminal de la inteína para liberar la inteína (Evans, et al., (2000) J. Biol. Chem., 275:9091-9094. La dilucidación del mecanismo de corte y empalme de proteínas ha dado lugar a una serie de solicitudes relacionadas con las inteínas (Comb, et al., Patente de los Estados Unidos n.º 5.496.714; Comb, et al., Patente de los Estados Unidos n.º 5.834.247; Camarero y Muir, (1999) J. Amer. Chem. Soc. 121:5597-5598; Chong, et al., (1997) Gene 192:271-281, Chong, et al., (1998) Nucleic Acids Res. 26:5109-5115; Chong, et al., (1998) J. Biol. Chem. 273:10567-10577; Cotton, et al., (1999) J. Am. Chem. Soc. 121:1100-1101; Evans, et al., (1999) J. Biol. Chem. 274:18359-18363; Evans, et al., (1999) J. Biol. Chem. 274:3923-3926; Evans, et al., (1998) Protein Sci. 7:2256-2264; Evans, et al., (2000) J. Biol. Chem. 275:9091-9094; Iwai y Pluckthun, (1999) FEBS Lett. 459:166-172; Mathys, et al., (1999) Gene 231:1-13; Mills, et al., (1998) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 95:3543-3548; Muir, et al., (1998) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 95:6705-6710; Otomo, et al., (1999) Biochemistry 38:16040-16044; Otomo, et al., (1999) J. Biolmol. NMR 14:105-114; Scott, et al., (1999) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 96:13638-13643; Severinov y Muir, (1998) J. Biol. Chem. 273:16205-16209; Shingledecker, et al., (1998) Gene 207:187-195; Southworth, et al., (1998) EMBO J. 17:918-926; Southworth, et al., (1999) Biotechniques 27:110-120; Wood, et al., (1999) Nat. Biotechnol. 17:889-892; Wu, et al., (1998a) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 95:9226-9231; Wu, et al., (1998b) Biochim Biophys Acta 1387:422-432; Xu, et al., (1999) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 96:388-393; Yamazaki, et al., (1998) J. Am. Chem. Soc., 120:5591-5592). Para la aplicación de inteínas en transgenes de plantas, véase, Yang, et al., (Transgene Res 15:583-593 (2006)) y Evans, et al., (Annu. Rev. Plant Biol. 56:375-392 (2005)).

En otro aspecto, el polipéptido de PIP-72 puede estar codificado por dos genes separados, donde la inteína de la proteína precursora proviene de los dos genes, citada como una inteína dividida y las dos porciones del precursor se unen mediante formación de un enlace peptídico. Esta formación de enlace peptídico se logra mediante el corte y empalme en trans mediado por la inteína. Para este fin, un primer y un segundo casete de expresión que comprende los dos genes separados codifican adicionalmente inteínas capaces de mediar el corte y empalme en trans de la proteína. Mediante corte y empalme en trans, pueden ligarse las proteínas y polipéptidos codificados por los fragmentos primero y segundo mediante formación de enlace peptídico. Las inteínas de corte y empalme en trans pueden seleccionarse de los genomas nucleolares y organulares de diferentes organismos, incluyendo eucariotas, arqueobacterias y eubacterias. Las inteínas que pueden usarse se listan en neb.com/neb/inteins.html, que puede consultarse en Internet usando el prefijo "www"). La secuencia de nucleótidos que codifica una inteína puede dividirse en una parte 5' y una 3' que codifican la parte 5' y 3' de la inteína, respectivamente. Las porciones de secuencia no necesarias para el corte y empalme de la inteína (por ejemplo, dominio de endonucleasa de asentamiento) pueden eliminarse. La secuencia codificante de inteína se divide de tal forma que las partes 5' y 3' tienen la capacidad de cortarse y empalmarse en trans. Para seleccionar un sitio de división adecuado de la secuencia codificante de la inteína, pueden seguirse las consideraciones publicadas por Southworth, et al., (1998) EMBO J. 17:918-926. Al construir los casetes de expresión primero y segundo, la secuencia codificante de inteína 5' está ligada al extremo 3'

del primer fragmento que codifica la parte N-terminal del polipéptido de PIP-72 y la secuencia codificante de inteína 3' se liga al extremo 5' del segundo fragmento que codifica la parte C-terminal del polipéptido de PIP-72.

En general, pueden diseñarse los compañeros de corte y empalme en trans usando cualquier inteína dividida, incluyendo cualquier inteína dividida de origen natural o dividida artificialmente. Se conocen varias inteínas divididas de origen natural, por ejemplo: la inteína dividida del gen DnaE de *Synechocystis sp.* PCC6803 (véase, Wu, et al., (1998) Proc Natl Acad Sci USA. 95(16):9226-31 y Evans, et al., (2000) J Biol Chem. 275(13):9091-4 y del gen DnaE de *Nostoc punctiforme* (véase, Iwai, et al., (2006) FEBS Lett. 580(7): 1853-8). Se han dividido artificialmente inteínas no divididas en el laboratorio para crear nuevas inteínas divididas, por ejemplo: la inteína Ssp DnaB dividida artificialmente (véase, Wu, et al., (1998) Biochim Biophys Acta. 1387:422-32) y la inteína Sce VMA dividida (véase, Brenzel, et al., (2006) Biochemistry. 45(6): 1571-8) y una mini inteína fúngica dividida artificialmente (véase, Elleuche, et al., (2007) Biochem Biophys Res Commun. 355(3):830-4). También hay bases de datos de inteínas disponibles que catalogan inteínas conocidas (véase, por ejemplo, la base de datos en línea disponible en: bioinformatics.weizmann.ac.il/~pietro/inteins/Inteinstable.html, que puede consultarse en Internet usando el prefijo "www").

Las inteínas no divididas de origen natural pueden tener actividades de nucleasa u otras actividades enzimáticas que normalmente pueden eliminarse cuando se diseña una inteína dividida artificialmente dividida. Dichas mini inteínas o inteínas divididas minimizadas se conocen bien en la técnica y normalmente tienen una longitud menor de 200 restos de aminoácidos (véase, Wu, et al., (1998) Biochim Biophys Acta. 1387:422-32). Las inteínas divididas adecuadas pueden tener otros elementos polipeptídicos que posibiliten la purificación añadidos a su estructura, a condición de que dichos elementos no inhiban el corte y empalme de la inteína dividida o se añadan de un modo que les permita retirarse antes del corte y empalme. Se ha informado el corte y empalme de proteínas usando proteínas que comprenden dominios similares a inteínas bacterianos (BIL) (véase, Amitai, et al., (2003) Mol Microbiol. 47:61-73) y dominios de autoprocesamiento de hedgehog (Hog) (combinándose el último con inteínas cuando se cita como la superfamilia de Hog/inteína o la familia de HINT (véase, Dassa, et al., (2004) J Biol Chem. 279:32001-7) y también pueden usarse dominios como estos para preparar inteínas divididas artificialmente. En particular, los miembros no de corte y empalme de dichas familias pueden modificarse mediante metodologías de biología molecular para introducir o restaurar la actividad de corte y empalme en dichas especies relacionadas. Estudios recientes han demostrado que el corte y empalme puede observarse cuando se deja reaccionar un componente de inteína dividida N-terminal con un componente de inteína dividida C-terminal que en la naturaleza no se encuentra como su "compañero"; por ejemplo, se ha observado corte y empalme utilizando compañeros que tienen una homología tan pequeña como del 30 al 50 % con el compañero de corte y empalme "natural" (véase, Dassa, et al., (2007) Biochemistry. 46(1):322-30). Se ha demostrado que otras mezclas similares de compañeros de inteína dividida dispares no son reactivos entre sí (véase, Brenzel, et al., (2006) Biochemistry. 45(6): 1571 -8). Sin embargo, se encuentra dentro de la capacidad de un experto en la materia relevante la determinación de si un par de polipéptidos particulares tiene la capacidad de asociarse entre sí para proporcionar una inteína funcional, usando métodos rutinarios y sin poner en práctica una habilidad inventiva.

En otro aspecto, el polipéptido de PIP-72 es una variante circular permutada. En ciertos aspectos, el polipéptido de PIP-72 es una variante circular permutada del polipéptido de SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 32, una cualquiera de SEQ ID NO: 528 - SEQ ID NO: 768, una cualquiera de SEQ ID NO: 825 - SEQ ID NO: 844, SEQ ID NO: 771, SEQ ID NO: 772, SEQ ID NO: 852, una cualquiera de SEQ ID NO: 903 - SEQ ID NO: 914, SEQ ID NO: 927, SEQ ID NO: 928, SEQ ID NO: 932, SEQ ID NO: 933, SEQ ID NO: 934, SEQ ID NO: 935, SEQ ID NO: 936, SEQ ID NO: 939, SEQ ID NO: 940, SEQ ID NO: 941, SEQ ID NO: 943, SEQ ID NO: 944, SEQ ID NO: 945 o SEQ ID NO: 946.

El desarrollo de métodos de ADN recombinante ha posibilitado el estudio de los efectos de la transposición de secuencias en el plegado, la estructura y la función de proteínas. La estrategia usada en la creación de nuevas secuencias se asemeja a la de pares de origen natural de proteínas que están relacionadas mediante reorganización lineal de sus secuencias de aminoácidos (Cunningham, et al., (1979) Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 76:3218-3222; Teather y Erfle, (1990) J. Bacteriol. 172:3837-3841; Scheming, et al., (1992) Eur. J. Biochem. 204:13-19; Yamiuchi y Minamikawa, (1991) FEBS Lett. 260:127-130; MacGregor, et al., (1996) FEBS Lett. 378:263-266). La primera aplicación in vitro de este tipo de reorganización para proteínas se describió por Goldenberg y Creighton (J. Mol. Biol. 165:407-413,1983). A la hora de crear una variante circular permutada, se selecciona un nuevo extremo N-terminal en un sitio interno (punto de rotura) de la secuencia original, teniendo la nueva secuencia el mismo orden de aminoácidos que la original desde el punto de rotura hasta que alcanza un aminoácido que se encuentra en o próximo al extremo C-terminal. En este punto, se une la nueva secuencia, ya sea directamente o mediante una porción de secuencia adicional (enlazador), a un aminoácido que se encuentra en o próximo al extremo N-terminal original y la nueva secuencia continúa con la misma secuencia que la original hasta que alcanza un punto que se encuentra en o próximo al aminoácido que era N-terminal respecto del sitio de punto de rotura de la secuencia original, formando el resto el nuevo extremo C-terminal de la cadena. La longitud de la secuencia de aminoácidos del enlazador puede seleccionarse empíricamente o mediante orientación a partir de la información estructural o usando una combinación de los dos enfoques. Cuando no hay disponible información estructural, puede prepararse una pequeña serie de enlazadores para ensayo usando un diseño cuya longitud varía a fin de abarcar un intervalo de 0 a 50 Å y cuya secuencia se selecciona para que sea consistente con la exposición superficial (hidrofilia, Hopp y Woods, (1983) Mol.

Immunol. 20:483-489; Kyte y Doolittle, (1982) J. Mol. Biol. 157:105-132; área superficial expuesta al disolvente, Lee y Richards, (1971) J. Mol. Biol. 55:379-400) y la capacidad de adoptar la conformación necesaria sin trastornar la configuración del polipéptido plaguicida (conformacionalmente flexible; Karplus y Schulz, (1985) Naturwissenschaften 72:212-213). Asumiendo una media de traducción de 2,0 a 3,8 Å por resto, esto podría significar que la longitud a ensayar sería de entre 0 a 30 restos, siendo el intervalo preferido de 0 a 15 restos. Un ejemplo de dicha serie empírica podría ser construir enlazadores usando una secuencia de casete, tal como Gly-Gly-Gly-Ser repetida n veces, donde n es 1, 2, 3 o 4. Los expertos en la materia reconocerán que hay muchas secuencias de este tipo que varían en cuanto a su longitud o composición que pueden servir como enlazadores, siendo la principal consideración que no pueden ser ni excesivamente cortas o largas (véase, Sandhu, (1992) Critical Rev. Biotech. 12:437-462); en caso de ser demasiado largas, los efectos de la entropía probablemente desestabilizarán el plegado tridimensional y también harán que el plegado sea cinéticamente impráctico y en caso de que sean demasiado cortas, probablemente desestabilizarán la molécula debido a la tensión torsional o estérica. Los expertos en el análisis de información estructural de proteínas reconocerán que el uso de la distancia entre los extremos de la cadena, definida como la distancia entre los carbonos c-alfa, puede usarse para definir la longitud de la secuencia que se va a usar o al menos para limitar el número de posibilidades que se han de ensayar en una selección empírica de enlazadores. También reconocerán que a veces se da el caso de que las posiciones de los extremos de la cadena de polipéptido están poco definidos en los modelos estructurales obtenidos mediante datos de difracción de rayos X o de espectroscopía de resonancia magnética nuclear y que cuando esto sucede, se necesitará tomar en consideración esta situación para estimar adecuadamente la longitud necesaria del enlazador. De estos restos cuyas posiciones se encuentran bien definidas se seleccionan dos restos que se encuentran próximos en secuencia a los extremos de la cadena y se usa la distancia entre sus carbonos c-alfa para calcular una longitud aproximada para un enlazador entre ellos. Usando como guía la longitud calculada, se seleccionan enlazadores con un intervalo de número de restos (calculados usando de 2 a 3,8 Å por resto). Estos enlazadores pueden estar compuestos por la secuencia original, acortada o alargada según sea necesario y cuando se alarga, los restos adicionales pueden seleccionarse para que sean flexibles e hidrófilos, como se ha descrito anteriormente; u opcionalmente, la secuencia original puede sustituirse usando una serie de enlazadores, siendo un ejemplo el enfoque del casete de Gly-Gly-Gly-Ser mencionado anteriormente; u opcionalmente, puede usarse una combinación de la secuencia original y nueva secuencia que tenga la longitud total adecuada. Pueden prepararse secuencias de polipéptidos plaguicidas capaces de plegarse en estados biológicamente activos mediante la selección adecuada de las posiciones iniciales (extremo amino) y finales (extremo carboxilo) en la cadena de polipéptido original, mientras que se usa la secuencia enlazadora como se ha descrito anteriormente. Los extremos amino y carboxilo se seleccionan entre un tramo de secuencia común, citado como una región de punto de rotura, usando las guías descritas a continuación. De este modo, se genera una nueva secuencia de aminoácidos seleccionando los extremos amino y carboxilo en la misma región de punto de rotura. En muchos casos, la selección de los nuevos extremos será tal que la posición original del extremo carboxilo está precedida inmediatamente por la del extremo amino. Sin embargo, los expertos en la materia reconocerán que pueden funcionar las selecciones de extremos en cualquier parte dentro de la región y que estas darán lugar eficazmente a o bien eliminaciones o adiciones a las porciones amino o carboxilo de la nueva secuencia. Un principio central de la biología molecular es que la secuencia de aminoácidos primaria de una proteína determina el plegamiento de la estructura tridimensional necesaria para la expresión de su función biológica. Los expertos en la materia conocen métodos para obtener e interpretar la información estructural tridimensional usando difracción de rayos X de cristales de proteínas individuales o espectroscopía de resonancia magnética nuclear de soluciones de proteína. Los ejemplos de información estructural que son relevantes para la identificación de regiones de punto de rotura incluyen la ubicación y el tipo de estructura secundaria de la proteína (alfa y 3-10 hélices, beta láminas paralelas y antiparalelas, reversiones y giros de cadena y bucles; Kabsch y Sander, (1983) Biopolymers 22:2577-2637; el grado de exposición a disolvente de los restos de aminoácido, el alcance y el tipo de interacciones de los restos entre sí (Chothia, (1984) Ann. Rev. Biochem. 53:537-572) y la distribución estática y dinámica de las conformaciones a lo largo de la cadena de polipéptido (Alber y Mathews, (1987) Methods Enzymol. 154:511-533). En algunos casos, se dispone de información adicional acerca de la exposición al disolvente de los restos; un ejemplo es un sitio de unión postraduccional de carbohidratos que es necesario en la superficie de la proteína. Cuando no se dispone de información estructural experimental o no es factible obtenerla, también hay disponibles métodos para analizar la secuencia de aminoácidos primaria a fin de efectuar predicciones de la estructura terciaria y secundaria de la proteína, la accesibilidad al disolvente y la aparición de giros y bucles. En ocasiones también son aplicables métodos biológicos para determinar empíricamente la exposición superficial cuando no son factibles los métodos estructurales directos; por ejemplo, usando la identificación de sitios de escisión de la cadena después de la proteólisis limitada a fin de conferir exposición superficial (Gentile y Salvatore, (1993) Eur. J. Biochem. 218:603-621). Por lo tanto, mediante el uso de información estructural obtenida experimentalmente o métodos predictivos (por ejemplo, Srinivisan y Rose, (1995) Proteins: Struct., Funct. & Genetics 22:81-99) se inspecciona la secuencia de aminoácidos precursora para clasificar regiones dependiendo de si son o no integrales para el mantenimiento de la estructura secundaria y terciaria. La aparición de secuencias en las regiones que se sabe que están implicadas en la estructura secundaria periódica (alfa y 3-10 hélices, beta láminas paralelas y antiparalelas) son regiones que se deben evitar. De manera similar, las regiones de secuencia de aminoácidos que se observa o predice que tienen un bajo grado de exposición al disolvente tienen más probabilidades de formar parte del denominado núcleo hidrófobo de la proteína y también deben evitarse para la selección de extremos amino y carboxilo. Por el contrario, aquellas regiones que se sabe o se predice que se encuentran en giros o bucles superficiales y especialmente aquellas regiones que se sabe que no son necesarias para la actividad biológica, son los sitios preferidos para la ubicación de los extremos de la cadena polipeptídica. Los tramos continuos de secuencia de aminoácido que se prefieren basándose en los criterios anteriores se denominan región de punto de rotura. Pueden prepararse polinucleótidos que

codifican polipéptidos de PIP-72 permutados circulares con nuevos extremos N-terminales/C-terminales que contienen una región enlazadora que separa el extremo C-terminal y el extremo N-terminal original, siguiendo esencialmente el método descrito en Mullins, et al., (1994) J. Am. Chem. Soc. 116:5529-5533. Se usan múltiples etapas de reacción en cadena de la polimerasa (PCR) para reordenar la secuencia de ADN que codifica la secuencia de aminoácidos primaria de la proteína. Los polinucleótidos que codifican polipéptidos de PIP-72 permutados circulares con nuevos extremos N-terminales/C-terminales que contienen una región enlazadora que separa el extremo C-terminal el extremo N-terminal original pueden prepararse basándose en el método de duplicación en tándem descrito en Horlick, et al., (1992) Protein Eng. 5:427-431. La amplificación por la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) de los genes de los nuevos extremos N-terminales/C-terminales se lleva a cabo usando un molde de ADN duplicado en tándem.

En otro aspecto, se proporcionan proteínas de fusión que incluyen en su secuencia de aminoácidos una secuencia de aminoácidos que comprende un polipéptido de PIP-72 que incluye, pero sin limitación, el polipéptido de SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 32, una cualquiera de SEQ ID NO: 528 - SEQ ID NO: 768, una cualquiera de SEQ ID NO: 825 - SEQ ID NO: 844, SEQ ID NO: 771, SEQ ID NO: 772, SEQ ID NO: 846, SEQ ID NO: 847, SEQ ID NO: 848, SEQ ID NO: 849, SEQ ID NO: 852, una cualquiera de SEQ ID NO: 903-SEQ ID NO: 914, una cualquiera de SEQ ID NO: 927-SEQ ID NO: 948 y fragmentos activos de las mismas.

Los métodos para el diseño y la construcción de proteínas de fusión (y polinucleótidos que codifican los mismos) son conocidos por un experto en la materia. Los polinucleótidos que codifican un polipéptido de PIP-72 pueden fusionarse a secuencias de señal que dirigirán la localización del polipéptido de PIP-72 a compartimentos particulares de una célula procariota o eucariota y/o dirigirán la secreción del polipéptido de PIP-72 de los aspectos por una célula procariota o eucariota. Por ejemplo, en *E. coli,* se puede desear dirigir la expresión de la proteína al espacio periplasmático. Los ejemplos de secuencias de señal o de proteínas (o fragmentos de las mismas) a las que puede fusionarse el polipéptido de PIP-72 para dirigir la expresión del polipéptido al espacio periplasmático de las bacterias incluyen, pero sin limitación, la secuencia de señal *pelB*, la secuencia de señal de la proteína de unión a maltosa (MBP), MBP, la secuencia de señal *ompA*, la secuencia de señal de la subunidad B de la enterotoxina termolábil periplasmática de *E. coli* y la secuencia de señal de fosfatasa alcalina. Se encuentran disponibles comercialmente varios vectores para la construcción de proteínas de fusión que dirigirán la localización de una proteína, tal como los vectores de la serie pMAL (en particular, la serie pMAL-p) disponibles de New England Biolabs® (240 County Road, Ipswich, MA 01938-2723). En un aspecto específico, el polipéptido de PIP-72 puede fusionarse a la secuencia de señal de pectato liasa de *pelB* para aumentar la eficacia de la expresión y purificación de dichos polipéptidos en bacterias gramnegativas (véanse, las Patentes de los Estados Unidos n.º 5.576.195 y 5.846.818). Se conocen bien en la técnica fusiones de péptido/polipéptido de tránsito plastídico de plantas (véase, la Patente de los Estados Unidos n.º 7.193.133). También se conocen bien en la técnica péptidos de tránsito de apoplastos, tales como la señal de secreción de alfa-amilasa de arroz o cebada. El péptido de tránsito de plástidos se fusiona generalmente en N-terminal al polipéptido que se va a usar como diana (por ejemplo, el compañero de fusión). En un aspecto, la proteína de fusión consiste esencialmente en el péptido de tránsito plastídico y el polipéptido de PIP-72 que se va a usar como diana. En otro aspecto, la proteína de fusión comprende el péptido de tránsito plastídico y el polipéptido que se va a usar como diana. En dichos aspectos, el péptido de tránsito plastídico se encuentra preferentemente en el extremo N-terminal de la proteína de fusión. Sin embargo, los restos de aminoácido adicionales pueden encontrarse en N-terminal respecto del péptido de tránsito plastídico, a condición de que la proteína de fusión se dirija al menos parcialmente a un plástido. En un aspecto específico, el péptido de tránsito plastídico se encuentra en la mitad N-terminal, el tercio N-terminal o el cuarto N-terminal de la proteína de fusión. La mayor parte o la totalidad del péptido de tránsito plastídico se escinde generalmente de la proteína de fusión tras su inserción en el plástido. La posición de escisión puede variar ligeramente entre especies de plantas, en diferentes estadios de desarrollo de la planta, como resultado de condiciones intercelulares específicas o de la combinación particular del péptido de tránsito/compañero de fusión usada. En un aspecto, la escisión del péptido de tránsito plastídico es homogénea, de tal forma que el sitio de escisión es idéntico en una población de proteínas de fusión. En otro aspecto, el péptido de tránsito plastídico es no homogéneo, de tal forma que el sitio de escisión varía en 1-10 aminoácidos en una población de proteínas de fusión. El péptido de tránsito plastídico puede fusionarse recombinantemente a una segunda proteína de una de varias maneras. Por ejemplo, puede introducirse un sitio de reconocimiento de endonucleasa de restricción en la secuencia de nucleótidos del péptido de tránsito en una posición correspondiente a su extremo C-terminal y puede diseñarse por ingeniería genética el mismo sitio o uno compatible en la secuencia de nucleótidos de la proteína que se va a usar como diana en su extremo N-terminal. Se ha de tener cuidado a la hora de diseñar estos sitios para asegurarse de que las secuencias codificantes del péptido de tránsito y la segunda proteína se mantienen "en fase" para permitir la síntesis de la proteína de fusión deseada. En algunos casos, puede ser preferible retirar el codón iniciador de metionina de la segunda proteína cuando se introduce el nuevo sitio de restricción. La introducción de sitios de reconocimiento de endonucleasa de restricción en ambas moléculas precursoras y su posterior unión mediante técnicas de ADN recombinante puede dar como resultado la adición de uno o más aminoácidos adicionales entre el péptido de tránsito y la segunda proteína. Generalmente, esto no afecta a la actividad de direccionamiento, en tanto que el sitio de escisión del péptido de tránsito siga accesible y no se altere la función de la segunda proteína mediante la adición de estos aminoácidos adicionales en su extremo N-terminal. Como alternativa, un experto en la materia puede crear un sitio de escisión preciso entre el péptido de tránsito y la segunda proteína (con o sin su metionina iniciadora) usando síntesis génica (Stemmer, et al., (1995) Gene 164:49-53) o métodos similares. Además, la fusión del péptido de tránsito puede incluir intencionalmente aminoácidos cadena abajo del sitio de escisión. Los aminoácidos en el extremo N-terminal de la proteína madura

pueden afectar a la capacidad del péptido de tránsito para dirigir las proteínas a plástidos y/o la eficacia de la escisión después de importar la proteína. Esto puede depender de la proteína que se va a usar como diana. Véase, por ejemplo, Comai, et al., (1988) J. Biol. Chem. 263(29): 15104-9.

En algunos aspectos, se proporcionan proteínas de fusión que comprenden un polipéptido de PIP-72 y un polipéptido insecticida unidos mediante un enlazador de aminoácidos.

En algunos aspectos, se proporcionan proteínas de fusión representadas por una fórmula seleccionada entre el grupo que consiste en:

R^1-L-R^2, R^2-L-R^1, R^1-R^2 o R^2-R^1

en donde R^1 es un polipéptido de PIP-72 o el polipéptido de SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 32, una cualquiera de SEQ ID NO: 528 - SEQ ID NO: 768, una cualquiera de SEQ ID NO: 825 - SEQ ID NO: 844, SEQ ID NO: 771, SEQ ID NO: 772, SEQ ID NO: 852, una cualquiera de SEQ ID NO: 903 - SEQ ID NO: 914, SEQ ID NO: 927, SEQ ID NO: 928, SEQ ID NO: 932, SEQ ID NO: 933, SEQ ID NO: 934, SEQ ID NO: 935, SEQ ID NO: 936, SEQ ID NO: 939, SEQ ID NO: 940, SEQ ID NO: 941, SEQ ID NO: 943, SEQ ID NO: 944, SEQ ID NO: 945 o SEQ ID NO: 946, R^2 es un polipéptido insecticida. El polipéptido de R^1 se fusiona o bien directamente o mediante un segmento enlazador (L) al polipéptido R^2. El término "directamente" define fusiones en las que los polipéptidos se ligan sin un enlazador peptídico. Por lo tanto, "L" representa un agente químico unido o un segmento de polipéptido al que se fusionan en fase tanto R^1 como R^2, más comúnmente, L es un péptido lineal al que se unen R^1 y R^2 mediante enlaces amida que ligan el extremo carboxilo de R^1 al extremo amino de L y el extremo carboxilo de L al extremo amino de R^2. Por "fusionado en fase" se entiende que no hay terminación o interrupción de la traducción entre las fases de lectura de R^1 y R^2. El grupo enlazador (L) es generalmente un polipéptido de entre 1 y 500 aminoácidos de longitud. Los enlazadores que unen las dos moléculas se diseñan preferentemente para (1) permitir que las dos moléculas se plieguen y actúen de manera independiente entre sí, (2) que no tengan propensión a desarrollar una estructura secundaria ordenada que pudiera interferir con los dominios funcionales de las dos proteínas, (3) que tengan características hidrófobas o cargadas mínimas que puedan interactuar con los dominios de proteína funcionales y (4) proporcionar separación estérica de R^1 y R^2, de tal forma que R^1 y R^2 pueden interactuar simultáneamente con sus receptores correspondientes en una sola célula. Los aminoácidos superficiales típicos en las regiones de proteína flexibles incluyen Gly, Asn y Ser. Puede esperarse que cualquier permutación de secuencias de aminoácidos que contengan Gly, Asn y Ser satisfaga los criterios anteriores para una secuencia enlazadora. Otros aminoácidos neutros, tales como Thr y Ala, también pueden usarse en la secuencia enlazadora. También pueden incluirse aminoácidos adicionales en los enlazadores debido a la adición de sitios de restricción únicos en la secuencia enlazadora para facilitar la construcción de las fusiones.

En algunos aspectos, los enlazadores comprenden secuencias seleccionadas entre el grupo de fórmulas: $(Gly_3Ser)_n$, $(Gly_4Ser)_n$, $(Gly_5Ser)_n$, $(Gly_nSer)_n$ o $(AlaGlySer)_n$ donde *n* es un número entero. Un ejemplo de un enlazador altamente flexible es la región espaciadora rica en (GlySer) presente en la proteína pIII de los bacteriófagos filamentosos, por ejemplo, los bacteriófagos M13 o fd (Schaller, *et al.,* 1975). Esta región proporciona una región espaciadora larga y flexible entre dos dominios de la proteína de superficie pIII. También se incluyen enlazadores en los que se incluye la secuencia de reconocimiento de endopeptidasa. Dicho sitio de escisión puede ser valioso para separar los componentes individuales de la fusión para determinar si están plegados de manera adecuada y activos *in vitro*. Los ejemplos de diversas endopeptidasas incluyen, pero sin limitación, plasmina, enterocinasa, calicreína, urocinasa, activador de plasminógeno tisular, clostripaína, quimiosina, colagenasa, proteína de veneno de la víbora de Russell, enzima de escisión de posprolina, proteasa V8, trombina y factor Xa. En algunos aspectos, el enlazador comprende los aminoácidos EEKKN (SEQ ID NO: 488) del vehículo de expresión multigénico (MGEV), que se escinde por proteasas vacuolares, como se divulga en la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º US 2007/0277263. En otros aspectos, los segmentos enlazadores peptídicos desde la región bisagra de la cadena pesada de inmunoglobulinas IgG, IgA, IgM, IgD o IgE proporcionan una relación angular entre los polipéptidos unidos. Son especialmente útiles aquellas regiones bisagra donde las cisteínas se reemplazan por serinas. Los enlazadores de la presente divulgación incluyen secuencias procedentes de la región bisagra de IgG gamma 2b murina, en la que las cisteínas se han cambiado a serinas. Las proteínas de fusión no se limitan por la forma, el tamaño o el número de secuencias enlazadoras empleadas y el único requisito del enlazador es que no interfiera de manera adversa funcionalmente con el plegamiento y la función de las moléculas individuales de la fusión.

En otro aspecto, se proporcionan polipéptidos de PIP-72 quiméricos que se crean uniendo dos o más porciones de genes de PIP-72, que originalmente codificaron proteínas PIP-72 separadas para crear un gen quimérico. La traducción del gen quimérico da como resultado un solo polipéptido de PIP-72 quimérico con regiones, motivos o dominios procedentes de cada uno de los polipéptidos originales. En ciertos aspectos, la proteína quimérica comprende porciones, motivos o dominios de PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2), PIP-72Ba (SEQ ID NO: 4), PIP-72Ca (SEQ ID NO: 6) y PIP-72Cb (SEQ ID NO: 8), PIP-72Da (SEQ ID NO: 10), PIP-72Db (SEQ ID NO: 12), PIP-72Dc (SEQ ID NO: 14), PIP-72Fa (SEQ ID NO: 18), PIP-72Ff (SEQ ID NO: 28) y PIP-72Gb (SEQ ID NO: 32), PIP-72Ab (SEQ ID NO: 927), PIP-72Bb (SEQ ID NO: 928), PIP-72Fh (SEQ ID NO: 932), PIP-72Fi (SEQ ID NO: 933), PIP-72Fj (SEQ ID NO: 934), PIP-72Fk (SEQ ID NO: 935), PIP-72FI (SEQ ID NO: 936), PIP-72Gg (SEQ ID NO: 939), PIP-72Gh (SEQ ID NO:

940), PIP-72Gi (SEQ ID NO: 941), PIP-72Gk (SEQ ID NO: 943), PIP-72Gl (SEQ ID NO: 944), PIP-72Gm (SEQ ID NO: 945) o PIP-72Gn (SEQ ID NO: 946) en cualquier combinación.

Se reconoce que las secuencias de ADN pueden alterarse mediante diversos métodos y que estas alteraciones pueden dar como resultado secuencias de ADN que codifican proteínas con secuencias de aminoácidos diferentes a las codificadas por la proteína plaguicida de tipo silvestre (o nativa). En algunos aspectos, puede alterarse de varias maneras un polipéptido de PIP-72, incluyendo sustituciones de aminoácidos, eliminaciones, truncamientos e inserciones de uno o más aminoácidos, incluyendo hasta 2, 3, 4, 5, 6, 7,8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45 o más sustituciones de aminoácidos, eliminaciones y/o inserciones o combinaciones de los mismos en comparación con la SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 32, una cualquiera de SEQ ID NO: 528 - SEQ ID NO: 768, una cualquiera de SEQ ID NO: 825 - SEQ ID NO: 844, SEQ ID NO: 771, SEQ ID NO: 772, SEQ ID NO: 852, SEQ ID NO: 846, SEQ ID NO: 847, SEQ ID NO: 848, SEQ ID NO: 849, una cualquiera de SEQ ID NO: 903 - SEQ ID NO: 914, SEQ ID NO: 927, SEQ ID NO: 928, SEQ ID NO: 932, SEQ ID NO: 933, SEQ ID NO: 934, SEQ ID NO: 935, SEQ ID NO: 936, SEQ ID NO: 939, SEQ ID NO: 940, SEQ ID NO: 941, SEQ ID NO: 943, SEQ ID NO: 944, SEQ ID NO: 945 o SEQ ID NO: 946.

Los métodos para dichas manipulaciones son generalmente conocidos en la técnica. Por ejemplo, pueden prepararse variantes de secuencia de aminoácidos de un polipéptido de PIP-72 mediante mutaciones en el ADN. Esto también puede lograrse mediante una de varias formas de mutagénesis y/o en evolución dirigida. En algunos aspectos, los cambios codificados en la secuencia de aminoácidos no afectarán sustancialmente a la función de la proteína. Dichas variantes poseerán la actividad plaguicida deseada. Sin embargo, se entiende que puede mejorarse la capacidad de un polipéptido de PIP-72 para conferir actividad plaguicida mediante el uso de dichas técnicas en las composiciones de la presente divulgación.

Por ejemplo, pueden efectuarse sustituciones de aminoácidos conservativas en uno o más restos de aminoácido predichos no esenciales. Un resto de aminoácido "no esencial" es un resto que puede alterarse respecto de la secuencia de tipo silvestre de un polipéptido de PIP-72 sin alterar la actividad biológica. Una "sustitución de aminoácidos conservativa" es una en la que se reemplaza el resto de aminoácido por un resto de aminoácido que tenga una cadena lateral similar. Se han definido en la técnica familias de restos de aminoácidos que tienen cadenas laterales similares. Estas familias incluyen: aminoácidos con cadenas laterales básicas (por ejemplo, lisina, arginina, histidina); cadenas laterales ácidas (por ejemplo, ácido aspártico, ácido glutámico); restos polares cargados negativamente y sus amidas (por ejemplo, ácido aspártico, asparagina, ácido glutámico, glutamina; cadenas laterales polares no cargadas (por ejemplo, glicina, asparagina, glutamina, serina, treonina, tirosina, cisteína); restos alifáticos, no polares o ligeramente polares pequeños (por ejemplo, alanina, serina, treonina, prolina, glicina); cadenas laterales no polares (por ejemplo, alanina, valina, leucina, isoleucina, prolina, fenilalanina, metionina, triptófano); restos alifáticos no polares grandes (por ejemplo, metionina, leucina, isoleucina, valina, cisteína); cadenas laterales beta-ramificadas (por ejemplo, treonina, valina, isoleucina); cadenas laterales aromáticas (por ejemplo, tirosina, fenilalanina, triptófano, histidina); cadenas laterales aromáticas grandes (por ejemplo, tirosina, fenilalanina, triptófano).

Pueden efectuarse sustituciones de aminoácidos en regiones no conservadas que conservan la función. En general, dichas sustituciones no se efectuarían para restos de aminoácidos conservados o para restos de aminoácido que residen en un motivo conservado, donde dichos restos son esenciales para la actividad de la proteína. Los ejemplos de restos que están conservados y que pueden ser esenciales para la actividad de la proteína incluyen, por ejemplo, restos que son idénticos entre todas las proteínas contenidas en un alineamiento de toxinas similares o relacionadas con las secuencias de los aspectos (por ejemplo, restos que son idénticos en un alineamiento de homólogos). Los ejemplos de restos que se encuentran conservados pero que pueden permitir sustituciones de aminoácidos conservativas y seguir conservando la actividad incluyen, por ejemplo, restos que tienen únicamente sustituciones conservativas entre todas las proteínas contenidas en un alineamiento de toxinas similares o relacionadas con las secuencias de los aspectos (por ejemplo, restos que tienen únicamente sustituciones conservativas entre todas las proteínas contenidas en el alineamiento de los homólogos). Sin embargo, un experto en la materia entenderá que las variantes funcionales pueden tener alteraciones conservadas o no conservadas menores en los restos conservados. Puede encontrarse orientación acerca de las sustituciones de aminoácidos adecuadas que no afectan a la actividad biológica de la proteína de interés en el modelo de Dayhoff, et al., (1978) Atlas of Protein Sequence and Structure (Natl. Biomed. Res. Found., Washington, D.C.).

Al hacer dichos cambios, puede considerarse el índice hidropático de los aminoácidos. Se entiende de manera general en la técnica la importancia del índice hidropático de aminoácidos a la hora de conferir una función biológica interactiva en una proteína (Kyte y Doolittle, (1982) J Mol Biol. 157(1): 105-32). Se acepta que el carácter hidropático relativo del aminoácido contribuye a la estructura secundaria de la proteína resultante, lo que a su vez define la interacción de la proteína con otras moléculas, por ejemplo, enzimas, sustratos, receptores, ADN, anticuerpos, antígenos y similares.

Se sabe en la técnica que ciertos aminoácidos pueden sustituirse por otros aminoácidos que tengan un índice o una puntuación hidropática similar y seguir dando como resultado una proteína con una actividad biológica similar, es decir, seguir obteniendo una proteína biológica funcionalmente equivalente. A cada aminoácido se le ha asignado un índice hidropático basándose en sus características de hidrofobia y de carga (Kyte y Doolittle, anteriormente citado). Estos

son: isoleucina (+4,5); valina (+4,2); leucina (+3,8); fenilalanina (+2,8); cisteína/cistina (+2,5); metionina (+1,9); alanina (+1,8); glicina (-0,4); treonina (-0,7); serina (-0,8); triptófano (-0,9); tirosina (-1,3); prolina (-1,6); histidina (-3,2); glutamato (-3,5); glutamina (-3,5); aspartato (-3,5); asparagina (-3,5); lisina (-3,9) y arginina (-4,5). Al hacer dichos cambios, se prefiere la sustitución de aminoácidos cuyos índices hidropáticos sean de +2, prefiriéndose particularmente aquellos que sean de +1 y prefiriéndose aún más aquellos que sean de +0,5.

También se entiende en la técnica que la sustitución de aminoácidos similares puede efectuarse eficazmente basándose en la hidrofilia. La Patente de los Estados Unidos n.º 4.554.101, afirma que la mayor hidrofilia media local de una proteína, regida por la hidrofilia de sus aminoácidos adyacentes, se correlaciona con una propiedad biológica de la proteína.

Como se detalla en la Patente de los Estados Unidos n.º 4.554.101, se han asignado los siguientes valores de hidrofilia a restos de aminoácido: arginina (+3,0); lisina (+3,0); aspartato (+3,0, +0,1); glutamato (+3,0,+0,1); serina (+0,3); asparagina (+0,2); glutamina (+0,2); glicina (0); treonina (-0,4); prolina (-0,5,+0,1); alanina (-0,5); histidina (-0,5); cisteína (-1,0); metionina (-1,3); valina (-1,5); leucina (-1,8); isoleucina (-1,8); tirosina (-2,3); fenilalanina (-2,5); triptófano (-3,4).

Como alternativa, pueden efectuarse alteraciones en la secuencia de proteína de diversas proteínas en el extremo amino o carboxilo sin afectar sustancialmente a la actividad. Esto puede incluir inserciones, eliminaciones o alteraciones introducidas mediante métodos moleculares modernos, tales como PCR, incluyendo amplificaciones mediante la PCR que alteran o extienden la secuencia codificante de la proteína por medio de la inclusión de secuencias codificantes de aminoácidos en los oligonucleótidos utilizados en la amplificación por la PCR. Como alternativa, las secuencias de proteína añadidas pueden incluir secuencias codificantes de proteína completas, tales como aquellas usadas comúnmente en la técnica para generar fusiones de proteínas. Dichas proteínas de fusión normalmente se usan para (1) aumentar la expresión de una proteína de interés; (2) introducir un dominio de unión, actividad enzimática o epítopo para facilitar o bien la purificación de proteínas, la detección de proteínas u otros usos experimentales conocidos en la técnica; (3) secreción de la diana o transporte de una proteína a un orgánulo subcelular, tal como el espacio periplasmático de una bacteria gramnegativa, a las mitocondrias o cloroplastos de plantas o al retículo endoplasmático de células eucariotas, dando estos últimos como resultado la glucosilación de la proteína.

Las secuencias de nucleótidos y aminoácidos variantes de la divulgación también abarcan secuencias obtenidas de procedimientos mutagénicos y recombinagénicos, tales como reordenamiento de ADN. Con dicho procedimiento, se pueden usar una o más regiones codificantes del polipéptido de PIP-72 para crear un nuevo polipéptido de PIP-72 que posea las propiedades deseadas. De esta manera, se generan bibliotecas de polinucleótidos recombinantes a partir de una población de polinucleótidos de secuencia relacionada que comprenden regiones de secuencia que tienen una identidad de secuencia sustancial y pueden recombinarse de manera homóloga *in vitro* o *in vivo*. Por ejemplo, usando esta estrategia, pueden reordenarse motivos de secuencia que codifican un dominio de interés entre un gen plaguicida y otros genes plaguicidas conocidos para obtener un nuevo gen que codifica una proteína con una propiedad de interés mejorada, tal como una actividad insecticida aumentada. Se conocen en la técnica estrategias para dicho reordenamiento de ADN. Véanse, por ejemplo, Stemmer, (1994) Proc. Natl. Acad. Sci. USA91:10747-10751; Stemmer, (1994) Nature 370:389-391; Crameri, 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; Crameri, et al., (1998) Nature 391:288-291; y las Patentes de los Estados Unidos n.º 5.605.793 y 5.837.458.

El intercambio o reordenamiento de dominios es otro mecanismo para generar polipéptidos de PIP-72 alterados. Pueden intercambiarse dominios entre polipéptidos de PIP-72, dando como resultado toxinas híbridas o quiméricas con actividad insecticida o espectro diana mejorados. Los métodos para generar proteínas recombinantes y evaluar su actividad plaguicida se conocen bien 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., 91999) Appl. Environ. Microbiol. 65:2918-2925).

Tanto el reordenamiento de ADN como la mutagénesis dirigida al sitio se usaron para definir secuencias polipeptídicas que poseen actividad plaguicida. En los ejemplos 8 y 9, se usó reordenamiento de ADN para generar una biblioteca de variantes activas mediante recombinación de la diversidad presente en GBP_A3175 (SEQ ID NO: 20) y PIP-72Da (SEQ ID NO: 10). El experto en la materia será capaz de usar comparaciones con otras proteínas o ensayos funcionales para definir los motivos adicionalmente. Puede usarse exploración de alto rendimiento para evaluar variaciones de estos motivos para determinar el papel de restos específicos. Dado este conocimiento para varios motivos, se pueden definir los requisitos para una proteína funcional. El conocimiento de los motivos permite al experto diseñar variaciones de secuencia que podrían no tener impacto en la función.

El alineamiento de homólogos de homólogos de PIP-72 (figuras 1, 2, 3, 4, y 5) permitió la identificación de restos que se encuentran conservados entre homólogos en esta familia (figura 1). En los ejemplos 10 y 11, se usó mutagénesis de saturación para producir y evaluar sustituciones en posiciones de aminoácidos seleccionadas. Se evaluó la actividad de estos mutantes y se identificó una serie de sustituciones activas no presentes entre los homólogos, lo que

proporcionó una comprensión de las restricciones funcionales en estos restos.

En algunos aspectos, se proporcionan polipéptidos que comprenden una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 75 %, al menos un 80 %, al menos un 85 %, al menos un 90 %, al menos un 95 % o una mayor identidad de secuencia respecto de la secuencia de aminoácidos expuesta en SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 34, SEQ ID NO: 36, SEQ ID NO: 929, SEQ ID NO: 930, SEQ ID NO: 931, SEQ ID NO: 937, SEQ ID NO: 938, SEQ ID NO: 942, SEQ ID NO: 947 o SEQ ID NO: 948, en donde el polipéptido tiene actividad insecticida.

Composiciones

También están abarcadas composiciones que comprenden un polipéptido de PIP-72. En algunos aspectos, la composición comprende un polipéptido de PIP-72. En algunos aspectos, la composición comprende una proteína de fusión de PIP-72.

Anticuerpos

También están abarcados anticuerpos para un polipéptido de PIP-72 de los aspectos o para variantes o fragmentos de los mismos. Los anticuerpos de la divulgación incluyen anticuerpos policlonales y monoclonales, así como fragmentos de los mismos que conservan su capacidad para unirse a proteínas PIP-72 halladas en el intestino del insecto. Se dice que un anticuerpo, anticuerpo monoclonal o fragmento del mismo es capaz de unirse a una molécula en caso de que sea capaz de reaccionar específicamente con la molécula para unir de este modo la molécula al anticuerpo, el anticuerpo monoclonal o el fragmento del mismo. El término "anticuerpo" (Ab) o "anticuerpo monoclonal" (mAb) pretende incluir moléculas intactas, así como fragmentos o regiones de unión o dominios de los mismos (tales como, por ejemplo, fragmentos Fab y F(ab).sub.2) que son capaces de unirse a hapteno. Dichos fragmentos se producen normalmente mediante escisión proteolítica, tal como con papaína o pepsina. Como alternativa, pueden producirse fragmentos de unión a hapteno mediante la aplicación de tecnología de ADN recombinante o mediante química sintética. Se conocen generalmente en la técnica métodos para la preparación de los anticuerpos de la presente divulgación. Por ejemplo, véase, Antibodies, A Laboratory Manual, Ed Harlow y David Lane (eds.) Cold Spring Harbor Laboratory, N.Y. (1988), así como las referencias citadas en el mismo. Los trabajos de referencia estándar que exponen los principios generales de inmunología incluyen: Klein, J. Immunology: The Science of CellNoncell Discrimination, John Wiley & Sons, N.Y. (1982); Dennett, et al., Monoclonal Antibodies, Hybridoma: A New Dimension in Biological Analyses, Plenum Press, N.Y. (1980) y Campbell, "Monoclonal Antibody Technology", en Laboratory Techniques in Biochemistry and Molecular Biology, Vol. 13, Burdon, et al., (eds.), Elsevier, Ámsterdam (1984). Véanse también, las Patentes de los Estados Unidos n.º 4.196.265; 4.609.893; 4.713.325; 4.714.681; 4.716.111; 4.716.117 y 4.720.459. Los anticuerpos dirigidos contra el polipéptido de PIP-72 o las porciones de unión a antígeno de los mismos pueden producirse mediante diversas técnicas, incluyendo la metodología convencional para anticuerpos monoclonales, por ejemplo, la técnica convencional de hibridación de células somáticas de Kohler y Milstein, (1975) Nature 256:495. También pueden emplearse otras técnicas para producir anticuerpos monoclonales, tales como la transformación vírica u oncogénica de linfocitos B. Un sistema animal para preparar hibridomas es un sistema murino. Se conocen en la técnica protocolos de inmunización y técnicas para el aislamiento de esplenocitos inmunizados para fusión. También se conocen compañeros de fusión (por ejemplo, células de mieloma murino) y procedimientos de fusión. El anticuerpo y los anticuerpos monoclonales de la divulgación pueden prepararse utilizando un polipéptido de PIP-72 como antígeno.

Se proporciona un kit para detectar la presencia de un polipéptido de PIP-72 o detectar la presencia de una secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido de PIP-72 en una muestra. En un aspecto, el kit proporciona reactivos a base de anticuerpos para detectar la presencia de un polipéptido de PIP-72 en una muestra de tejido. En otro aspecto, el kit proporciona sondas de ácido nucleico marcadas útiles para detectar la presencia de uno o más polinucleótidos que codifican polipéptidos de PIP-72. El kit se proporciona junto con reactivos y controles adecuados para llevar a cabo un método de detección, así como instrucciones para el uso del kit.

Identificación y aislamiento de receptores

También están abarcados receptores para un polipéptido de PIP-72 de los aspectos o para variantes o fragmentos de los mismos. Se conocen bien en la técnica métodos para identificar receptores (véase, Hofmann, et. al., (1988) Eur. J. Biochem. 173:85-91; Gill, et al., (1995) J. Biol. Chem. 27277-27282) que pueden emplearse para identificar y aislar el receptor que reconoce los polipéptidos de PIP-72 usando las vesículas de membrana de borde en cepillo de insectos susceptibles. Además del método de marcaje radiactivo listado en las referencias bibliográficas citadas, puede marcarse el polipéptido de PIP-72 con tinte fluorescente y otros marcadores comunes, tales como estreptavidina. Las vesículas de la membrana de borde en cepillo (BBMV) de insectos susceptibles, tales como el gusano falso medidor de la soja y chinches, pueden prepararse de acuerdo con los protocolos listados en las referencias y separarse en un gel de SDS-PAGE y transferirse a una membrana adecuada. Pueden incubarse polipéptidos de PIP-72 marcados con la membrana transferida de BBMV y pueden identificarse los polipéptidos de PIP-72 marcados con los indicadores marcados. La identificación de bandas de proteínas que interactúan con los polipéptidos de PIP-72 puede detectarse mediante secuenciación en fase de gas de aminoácidos N-terminales o identificación de proteínas basada en espectrometría de masas (Patterson, (1998) 10.22, 1-24, Current Protocol in Molecular Biology, publicado por John

Wiley & Son Inc). Una vez que se ha identificado la proteína, puede clonarse el gen correspondiente a partir de ADN genómico o una biblioteca de ADNc de los insectos susceptibles y puede medirse la afinidad de unión directamente con los polipéptidos de PIP-72. La función receptora para actividad insecticida mediante los polipéptidos de PIP-72 puede verificarse mediante el método de supresión génica de tipo iARN (Rajagopal, et al., (2002) J. Biol. Chem. 277:46849-46851).

Construcciones de nucleótidos, casetes de expresión y vectores

El uso de la expresión "construcciones de nucleótidos" en el presente documento no pretende limitar los aspectos a construcciones de nucleótidos que comprenden ADN. Los expertos habituales en la materia reconocerán que las construcciones de nucleótidos, en particular polinucleótidos y oligonucleótidos formados por ribonucleótidos y combinaciones de ribonucleótidos y desoxirribonucleótidos también pueden emplearse en los métodos divulgados en el presente documento. Las construcciones de nucleótidos, ácidos nucleicos y secuencias de nucleótidos de los aspectos abarcan adicionalmente todas las formas complementarias de dichas construcciones, moléculas y secuencias. Además, las construcciones de nucleótidos, moléculas de nucleótidos y secuencias de nucleótidos de los aspectos abarcan todas las construcciones de nucleótidos, moléculas y secuencias que pueden emplearse en los métodos de los aspectos para transformar plantas que incluyen, pero sin limitación, los formados por desoxirribonucleótidos, ribonucleótidos y combinaciones de los mismos. Dichos desoxirribonucleótidos y ribonucleótidos incluyen moléculas tanto de origen natural como análogos sintéticos. Las construcciones de nucleótidos, ácidos nucleicos y secuencias de nucleótidos de los aspectos también abarcan todas las formas de construcciones de nucleótidos que incluyen, pero sin limitación, formas monocatenarias, formas bicatenarias, horquillas, estructuras en tallo-bucle y similares.

Un aspecto adicional se refiere a un organismo transformado, tal como un organismo seleccionado entre células vegetales y de insectos, bacterias, levaduras, baculovirus, protozoos, nematodos y algas. El organismo transformado comprende una molécula de ADN de los aspectos, un casete de expresión que comprende la molécula de ADN o un vector que comprende el casete de expresión, que puede incorporarse de manera estable en el genoma del organismo transformado.

Las secuencias de los aspectos se proporcionan en construcciones de ADN para su expresión en el organismo de interés. La construcción incluirá secuencias reguladoras 5' y 3' unidas operativamente a una secuencia de los aspectos. La expresión "unida operativamente", como se usa en el presente documento, se refiere a una unión funcional entre un promotor y una segunda secuencia, en donde la secuencia promotora inicia y media la transcripción de la secuencia de ADN correspondiente a la segunda secuencia. En general, unido operativamente significa que las secuencias de ácido nucleico que se están uniendo son contiguas y cuando es necesario, son para unir dos regiones codificantes de proteína en la misma fase de lectura. La construcción puede contener adicionalmente al menos un gen adicional que se va a cotransformar en el organismo. Como alternativa, los genes adicionales pueden proporcionarse en múltiples construcciones de ADN.

En algunos aspectos, la construcción de ADN comprende un polinucleótido que codifica un polipéptido de PIP-72 de los aspectos, unido operativamente a una secuencia reguladora heteróloga.

En algunas realizaciones, la construcción de ADN comprende un polinucleótido que codifica un polipéptido que tiene al menos un 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o más identidad de secuencia respecto de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 34, SEQ ID NO: 36, SEQ ID NO: 929, SEQ ID NO: 930, SEQ ID NO: 931, SEQ ID NO: 937, SEQ ID NO: 938, SEQ ID NO: 942, SEQ ID NO: 947 o SEQ ID NO: 948, unida operativamente a una secuencia reguladora heteróloga.

En algunas realizaciones, la construcción de ADN comprende un polinucleótido que codifica un polipéptido que comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 34, SEQ ID NO: 36, SEQ ID NO: 929, SEQ ID NO: 930, SEQ ID NO: 931, SEQ ID NO: 937, SEQ ID NO: 938, SEQ ID NO: 942, SEQ ID NO: 947 o SEQ ID NO: 948 unida operativamente a una secuencia reguladora heteróloga.

Dicha construcción de ADN se proporciona con una pluralidad de sitios de restricción para la inserción de la secuencia génica del polipéptido de PIP-72 para que se encuentre bajo la regulación transcripcional de las regiones reguladoras. La construcción de ADN puede contener adicionalmente genes marcadores de selección.

La construcción de ADN incluirá generalmente en la dirección de transcripción de 5' a 3': una región de inicio de la transcripción y la traducción (es decir, un promotor), una secuencia de ADN de los aspectos y una región de terminación de la transcripción y la traducción (es decir, región de terminación) funcional en el organismo que sirve como hospedador. La región de inicio transcripcional (es decir, el promotor) puede ser nativa, análoga, exógena o heteróloga respecto del organismo hospedador y/o respecto de la secuencia de los aspectos. Además, el promotor puede ser la secuencia natural o como alternativa, una secuencia sintética. El término "exógeno", como se usa en el presente documento, indica que el promotor no se encuentra en el organismo nativo en el que se introduce el promotor.

Cuando el promotor es "exógeno" o "heterólogo" respecto de la secuencia de los aspectos, se pretende que el promotor no sea el promotor nativo o de origen natural para la secuencia ligada operativamente de los aspectos. Como se usa en el presente documento, un gen quimérico comprende una secuencia codificante unida operativamente con una región de inicio de la transcripción que es heteróloga de la secuencia codificante. Cuando el promotor es una secuencia nativa o natural, se altera la expresión de la secuencia unida operativamente respecto de la expresión de tipo silvestre, lo que da como resultado una alteración en el fenotipo.

En algunos aspectos, la construcción de ADN también puede incluir una secuencia potenciadora transcripcional. Como se usa en el presente documento, el término "potenciador" se refiere a una secuencia de ADN que puede estimular la actividad promotora y puede encontrarse en un elemento innato del promotor o un elemento heterólogo insertado para potenciar el nivel o la especificidad de tejido de un promotor. Se conocen en la técnica diversos potenciadores que incluyen, por ejemplo, intrones con propiedades potenciadoras de la expresión génica en plantas (Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2009/0144863, el intrón de ubiquitina (es decir, el intrón 1 de ubiquitina de maíz (véase, por ejemplo, la secuencia del NCBI S94464; Christensen y Quail (1996) Transgenic Res. 5:213-218; Christensen et al. (1992) Plant Molecular Biology 18:675-689)), el potenciador omega o el potenciador omega prima (Gallie, et al., (1989) Molecular Biology of RNA ed. Cech (Liss, Nueva York) 237-256 y Gallie, et al., (1987) Gene 60:217-25), el potenciador 35S de CaMV (véase, por ejemplo, Benfey, et al., (1990) EMBO J. 9:1685-96), el intrón Adhl de maíz (Kyozuka et al. (1991) Mol. Gen. Genet. 228:40-48; Kyozuka et al. (1990) Maydica 35:353-357), los potenciadores de la Patente de los Estados Unidos n.º 7.803.992 y el potenciador baciliforme vírico de la caña de azúcar (SCVB) del documento WO2013130813, que también pueden usarse. No se pretende que la lista anterior de potenciadores transcripcionales sea limitante. Puede usarse en los aspectos cualquier potenciador transcripcional adecuado.

La región de terminación puede ser nativa respecto de la región de inicio de la transcripción, puede ser nativa respecto de la secuencia de ADN de interés ligada operativamente, puede ser nativa respecto del hospedador vegetal o puede proceder de otra fuente (es decir, exógena o heteróloga respecto del promotor, la secuencia de interés, el hospedador vegetal o cualquier combinación de los mismos).

Se encuentran disponibles regiones de terminación convenientes del plásmido Ti de *A. tumefaciens,* tales como las regiones de terminación de octopina sintasa y nopalina sintasa. 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, puede optimizarse un ácido nucleico para su expresión aumentada en el organismo hospedador. Por lo tanto, cuando el organismo hospedador es una planta, pueden sintetizarse los ácidos nucleicos sintéticos usando codones preferidos por plantas para una expresión mejorada. Véase, por ejemplo, Campbell y Gowri, (1990) Plant Physiol. 92:1-11 para un análisis del uso de codones preferido para hospedadores. Por ejemplo, aunque las secuencias de ácido nucleico de los aspectos pueden expresarse en especies de plantas tanto monocotiledóneas como dicotiledóneas, pueden modificarse las secuencias para tener en cuenta las preferencias codónicas específicas y las preferencias de contenido de GC de las monocotiledóneas y dicotiledóneas, ya que se ha demostrado que estas preferencias difieren (Murray et al. (1989) Nucleic Acids Res. 17:477-498). Por lo tanto, el codón preferido de maíz para un aminoácido particular puede proceder de secuencias génicas conocidas de maíz. El uso de codones de maíz para 28 genes de plantas de maíz se lista en la tabla 4 de Murray, *et al., anteriormente citado.* Se encuentran disponibles en la técnica métodos para sintetizar genes preferidos para plantas. Véanse, por ejemplo, las Patentes de los Estados Unidos n.º 5.380.831 y 5.436.391 y Murray, et al., (1989) Nucleic Acids Res. 17:477-498 y Liu H et al. Mol Bio Rep 37:677-684, 2010. También puede encontrarse una tabla de uso de codones de *Zea mays* en kazusa.or.jp/codon/cgi-bin/show-codon.cgi?species=4577, que puede consultarse usando el prefijo www. La tabla 2 muestra un análisis de codones óptimos de maíz (adaptada de Liu H et al. Mol Bio Rep 37:677-684, 2010).

Tabla 2

Amino Ácido	Codón	Alta Recuento	RSCU	Baja Recuento	RSCU	Amino Ácido	Codón	Alta Recuento	RSCU	Baja Recuento	RSCU
Phe	UUU	115	0,04	2.301	1,22	Ala	GCU	629	0,17	3.063	1,59
	UUC*	5.269	1,96	1.485	0,78		GCC*	8.057	2,16	1.136	0,59
Ser	UCU	176	0,13	2.498	1,48		GCA	369	0,1	2.872	1,49
	UCC*	3.489	2,48	1.074	0,63		GCG*	5.835	1,57	630	0,33
	UCA	104	0,07	2.610	1,54	Tyr	UAU	71	0,04	1.632	1,22
	UCG*	1.975	1,4	670	0,4		UAC*	3.841	1,96	1.041	0,78

Amino	Codón	Alta	RSCU	Baja	RSCU	Amino	Codón	Alta	RSCU	Baja	RSCU
Ácido		Recuento		Recuento		Ácido		Recuento		Recuento	
	AGU	77	0,05	1.788	1,06	His	CAU	131	0,09	1.902	1,36
	AGC*	2.617	1,86	1.514	0,89		CAC*	2.800	1,91	897	0,64
Leu	UUA	10	0,01	1.326	0,79	Cys	UGU	52	0,04	1.233	1,12
	UUG	174	0,09	2.306	1,37		UGC*	2.291	1,96	963	0,88
	CUU	223	0,11	2.396	1,43	Gln	CAA	99	0,05	2.312	1,04
	CUC*	5.979	3,08	1.109	0,66		CAG*	3.557	1,95	2.130	0,96
	CUA	106	0,05	1.280	0,76	Arg	CGU	153	0,12	751	0,74
	CUG*	5.161	2,66	1.646	0,98		CGC*	4.278	3,25	466	0,46
Pro	CCU	427	0,22	1.900	1,47		CGA	92	0,07	659	0,65
	CCC*	3.035	1,59	601	0,47		CGG*	1.793	1,36	631	0,62
	CCA	311	0,16	2.140	1,66		AGA	83	0,06	1.948	1,91
	CCG*	3.846	2,02	513	0,4		AGG*	1.493	1,14	1.652	1,62
Ile	AUU	138	0,09	2.388	1,3	Asn	AAU	131	0,07	3.074	1,26
	AUC*	4.380	2,85	1.353	0,74		AAC*	3.814	1,93	1.807	0,74
	AUA	88	0,06	1.756	0,96	Lys	AAA	130	0,05	3.215	0,98
Thr	ACU	136	0,09	1.990	1,43		AAG*	5.047	1,95	3.340	1,02
	ACC*	3.398	2,25	991	0,71	Asp	GAU	312	0,09	4.217	1,38
	ACA	133	0,09	2.075	1,5		GAC*	6.729	1,91	1.891	0,62
	ACG*	2.378	1,57	495	0,36	Gly	GGU	363	0,13	2.301	1,35
Val	GUU	182	0,07	2.595	1,51		GGC*	7.842	2,91	1.282	0,75
	GUC*	4.584	1,82	1.096	0,64		GGA	397	0,15	2.044	1,19
	GUA	74	0,03	1.325	0,77		GGG*	2.186	0,81	1.215	0,71
	GUG*	5.257	2,08	1.842	1,07	Glu	GAA	193	0,06	4.080	1,1
							GAG*	6.010	1,94	3.307	0,9

El uso de codones se comparó usando la prueba de contingencia de Chi cuadrado para identificar codones óptimos. Se indican con un asterisco los codones que se producen con una frecuencia significativamente mayor (P/0,01).

En la tabla 3 se muestra una tabla de uso de codones de *Glycine max* y también puede encontrarse en kazusa.or.jp/codon/cgi-bin/show-codon.cgi?species=3847&aa=1&style=N, que puede consultarse usando el prefijo www.

Tabla 3

TTT	F	21,2	(10493)	TCT	S	18,4	(9107)
TTC	F	21,2	(10487)	TCC	S	12,9	(6409)
TTA	L	9,2	(4545)	TCA	S	15,6	(7712)
TTG	L	22,9	(11340)	TCG	S	4,8	(2397)
CTT	L	23,9	(11829)	CCT	P	18,9	(9358)
CTC	L	17,1	(8479)	CCC	P	10,1	(5010)
CTA	L	8,5	(4216)	CCA	P	19,1	(9461)

CTG	L	12,7	(6304)	CCG	P	4,7	(2312)
ATT	I	25,1	(12411)	ACT	T	17,1	(8490)
ATC	I	16,3	(8071)	ACC	T	14,3	(7100)
ATA	I	12,9	(6386)	ACA	T	14,9	(7391)
ATG	M	22,7	(11218)	ACG	T	4,3	(2147)
GTT	V	26,1	(12911)	GCT	A	26,7	(13201)
GTC	V	11,9	(5894)	GCC	A	16,2	(8026)
GTA	V	7,7	(3803)	GCA	A	21,4	(10577)
GTG	V	21,4	(10610)	GCG	A	6,3	(3123)
TAT	Y	15,7	(7779)	TGT	C	8,1	(3995)
TAC	Y	14,9	(7367)	TGC	C	8,0	(3980)
TAA	*	0,9	(463)	TGA	*	1,0	(480)
TAG	*	0,5	(263)	TGG	W	13,0	(6412)
CAT	H	14,0	(6930)	CGT	R	6,6	(3291)
CAC	H	11,6	(5759)	CGC	R	6,2	(3093)
CAA	Q	20,5	(10162)	CGA	R	4,1	(2018)
CAG	Q	16,2	(8038)	CGG	R	3,1	(1510)
AAT	N	22,4	(11088)	AGT	S	12,6	(6237)
AAC	N	22,8	(11284)	AGC	S	11,3	(5594)
AAA	K	26,9	(13334)	AGA	R	14,8	(7337)
AAG	K	35,9	(17797)	AGG	R	13,3	(6574)
GAT	D	32,4	(16040)	GGT	G	20,9	(10353)
GAC	D	20,4	(10097)	GGC	G	13,4	(6650)
GAA	E	33,2	(16438)	GGA	G	22,3	(11022)
GAG	E	33,2	(16426)	GGG	G	13,0	(6431)

En algunos aspectos, la molécula de ácido nucleico recombinante que codifica un polipéptido de PIP-72 tiene codones optimizados de maíz.

Se conocen modificaciones de secuencia adicionales para potenciar la expresión génica en un hospedador celular. Estas incluyen la eliminación de secuencias que codifican señales de poliadenilación espurias, señales de sitio de corte y empalme de exón-intrón, repeticiones similares a transposón y otras secuencias bien caracterizadas que pueden ser perjudiciales para la expresión génica. Puede ajustarse el contenido de GC de la secuencia a niveles medios para un hospedador celular dado, como se calcula por referencia a genes conocidos expresados en la célula hospedadora. La expresión "célula hospedadora", como se usa en el presente documento, se refiere a una célula que contiene un vector y soporta la replicación y/o expresión del vector de expresión. Las células hospedadoras pueden ser células procariotas, tales como *E. coli* o células eucariotas, tales como células de levadura, insecto, anfibio o de mamífero o células de plantas monocotiledóneas o dicotiledóneas. Un ejemplo de una célula hospedadora monocotiledónea es una célula hospedadora de maíz. Cuando sea posible, la secuencia se modifica para evitar estructuras de ARNm secundarias en horquilla predichas.

Los casetes de expresión pueden contener además secuencias líder 5'. Dichas secuencias líder pueden actuar para potenciar la traducción. Se conocen en la técnica líderes de traducción e incluyen: líderes de picornavirus, por ejemplo, líder de EMCV (región no codificante 5' de la encefalomiocarditis) (Elroy-Stein, et al., (1989) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 86:6126-6130); líderes de potivirus, por ejemplo, líder de TEV (virus del grabado del tabaco) (Gallie, et al., (1995) Gene 165(2):233-238), líder de MDMV (virus del mosaico del enanismo del maíz), proteína de unión a la cadena pesada de inmunoglobulina humana (BiP) (Macejak, et al., (1991) Nature 353:90-94); líder no traducido del ARNm de la proteína de la envuelta del virus del mosaico de la alfalfa (AMV RNA 4) (Jobling, et al., (1987) Nature 325:622-625); líder del

virus del mosaico del tabaco (TMV) (Gallie, et al., (1989) en Molecular Biology of RNA, ed. Cech (Liss, Nueva York), págs. 237-256) y líder del virus del moteado clorótico del maíz (MCMV) (Lommel, et al., (1991) Virology 81:382-385). Véase también, Della-Cioppa, et al., (1987) Plant Physiol. 84:965-968. Dichas construcciones también pueden contener una "secuencia de señal" o "secuencia líder" para facilitar el transporte cotraduccional o postraduccional del péptido a ciertas estructuras intracelulares, tales como el cloroplasto (u otro plastidio), el retículo endoplasmático o el aparato de Golgi.

"Secuencia de señal", como se usa en el presente documento, se refiere a una secuencia que se sabe o se sospecha que da como resultado el transporte cotraduccional o postraduccional del péptido a través de la membrana celular. En eucariotas, esto implica normalmente la secreción en el aparato de Golgi, con cierta glucosilación resultante. Las toxinas insecticidas de bacterias normalmente se sintetizan como protoxinas, que se activan prototípicamente en el intestino de la plaga diana (Chang, (1987) Methods Enzymol. 153:507-516). En algunos aspectos, la secuencia de señal se ubica en la secuencia nativa o puede proceder de una secuencia de los aspectos. "Secuencia líder", como se usa en el presente documento, se refiere a cualquier secuencia que cuando se traduce, da como resultado una secuencia de aminoácidos suficiente para desencadenar el transporte cotraduccional de la cadena de péptido a un orgánulo subcelular. Por lo tanto, esto incluye secuencias líder que dirigen el transporte y/o la glucosilación mediante su paso al retículo endoplasmático, su paso a las vacuolas, a plástidos, incluyendo cloroplastos, mitocondrias y similares. Las proteínas codificadas nucleares dirigidas al compartimento luminal de los tilacoides de los cloroplastos tienen un péptido de tránsito bipartito característico, formado por un péptido de señal de direccionamiento estromal y un péptido de señal de direccionamiento luminal. La información de direccionamiento estromal se encuentra en la porción amino-proximal del péptido de tránsito. El péptido de señal de direccionamiento luminal se encuentra en la porción carboxilo proximal del péptido de tránsito y contiene toda la información para el direccionamiento al lumen. Investigaciones recientes de proteómica de los cloroplastos de plantas superiores han logrado la identificación de numerosas proteínas luminales codificadas en el núcleo (Kieselbach et al. FEBS LETT 480:271-276, 2000; Peltier et al. Plant Cell 12:319-341,2000; Bricker et al. Biochim. Biophys Acta 1503:350-356, 2001), cuyo péptido de señal de direccionamiento luminal puede usarse potencialmente de acuerdo con la presente divulgación. Aproximadamente 80 proteínas de *Arabidopsis,* así como proteínas homólogas de espinaca y guisante, se comunican por Kieselbach et al., Photosynthesis Research, 78:249-264, 2003. En particular, la tabla 2 de esta publicación divulga 85 proteínas del lumen de los cloroplastos, identificadas por su número de registro (véase también la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos 2009/09044298). Además, la versión en borrador recientemente publicada del genoma del arroz (Goff et al, Science 296:92-100, 2002) es una fuente adecuada para péptidos de señal de direccionamiento al lumen que puede usarse de acuerdo con la presente divulgación.

Los expertos en la materia conocen bien péptidos de tránsito de cloroplastos (CTP) adecuados y también incluyen CTP quiméricos que comprenden, pero sin limitación, un dominio N-terminal, un dominio central o un dominio C-terminal de un CTP de *Oryza sativa*, 1-desoxi-D xilulosa-5-fosfato sintasa de *Oryza sativa*, superóxido dismutasa de *Oryza sativa*, sintasa de almidón soluble de *Oryza sativa*, enzima del ácido málico dependiente de NADP de *Oryza sativa*, fosfo-2-deshidro-3-desoxiheptanoato aldolasa 2 de *Oryza sativa*, L-ascorbato peroxidasa 5 de *Oryza sativa*, fosfoglucano agua dicinasa, ssRUBISCO de *Zea Mays*, beta-glucosidasa de *Zea mays*, malato deshidrogenasa de *Zea mays*, tiorredoxina de tipo M de *Zea mays* (Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos 2012/0304336). Péptidos de tránsito a cloroplastos de las Publicaciones de Patente de los Estados Unidos US20130205440A1, US20130205441A1 y US20130210114A1.

El gen del polipéptido de PIP-72 que se va a dirigir al cloroplasto puede optimizarse para su expresión en el cloroplasto para tomar en cuenta las diferencias en el uso de codones entre el núcleo de la planta y este orgánulo. De esta manera, los ácidos nucleicos de interés pueden sintetizarse usando codones preferidos para cloroplastos. Véase, por ejemplo, la Patente de los Estados Unidos n.º 5.380.831.

En la preparación del casete de expresión, pueden manipularse los diversos fragmentos de ADN a fin de proporcionar las secuencias de ADN en la orientación adecuada y, según sea adecuado, en la fase de lectura adecuada. Para este fin, pueden emplearse adaptadores o enlazadores para unir los fragmentos de ADN o pueden estar implicadas otras manipulaciones para proporcionar sitios de restricción convenientes, retirada de ADN superfluo, retirada de sitios de restricción o similares. Para este fin, puede estar implicada la mutagénesis *in vitro*, la reparación de cebadores, restricción, hibridación, resustituciones, por ejemplo, transiciones y transversiones.

Puede usarse una serie de promotores en la práctica de los aspectos. Los promotores pueden seleccionarse basándose en el resultado deseado. Los ácidos nucleicos pueden combinarse con promotores constitutivos, preferidos de tejidos, inducibles o de otro tipo para la expresión en el organismo hospedador. Los promotores descritos en el presente documento incluyen homólogos de elementos en cis que se sabe que efectúan la regulación génica que muestran homología con las secuencias promotoras descritas en el presente documento. Estos elementos en cis incluyen, pero sin limitación, elementos en cis sensibles a oxígeno (Cowen et al., J Biol. Chem. 268(36):26904-26910 (1993)), elementos reguladores de luz (Bruce y Quaill, Plant Cell 2 (11):1081-1089 (1990); Bruce et al., EMBO J. 10:3015-3024 (1991); Rocholl et al., Plant Sci. 97:189-198 (1994); Block et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 87:5387-5391 (1990); Giuliano et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85:7089-7093 (1988); Staiger et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 86:6930-6934 (1989); Izawa et al., Plant Cell 6:1277-1287 (1994); Menkens et al., Trends in Biochemistry 20:506-510 (1995); Foster et al., FASEB J. 8:192-200 (1994); Plesse et al., Mol Gen Gene 254:258-266 (1997); Green et al., EMBO

J. 6:2543-2549 (1987); Kuhlemeier et al., Ann. Rev Plant Physiol. 38: 221-257 (1987); Villain et al., J. Biol. Chem. 271: 32593-32598 (1996); Lam et al., Plant Cell 2:857-866 (1990); Gilmartin et al., Plant Cell 2:369-378 (1990); Datta et al., Plant Cell 1:1069-1077(1989); Gilmartin et al., Plant Cell 2:369-378 (1990); Castresana et al., EMBO J. 7:1929-1936 (1988); Ueda et al., Plant Cell 1:217-227 (1989); Terzaghi et al., Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol. 46: 445-474 (1995); Green et al., EMBO J. 6:2543-2549 (1987); Villain et al., J. Biol. Chem. 271: 32593-32598 (1996); Tjaden et al., Plant Cell 6:107-118 (1994); Tjaden et al., Plant Physiol. 108: 1109-1117 (1995); Ngai et al., Plant J. 12:1021-1234(1997); Bruce et al., EMBO J. 10:3015-3024 (1991); Ngai et al., Plant J. 12:1021-1034 (1997)), elementos sensibles a giberelina, (Muller et al., J. Plant Physiol. 145: 606-613 (1995); Croissant et al., Plant Science 116:27-35 (1996); Lohmer et al., EMBO J. 10:617-624(1991); Rogers et al., Plant Cell 4:1443-1451 (1992); Lanahan et al., Plant Cell 4:203-211 (1992); Skriver et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 88:7266-7270 (1991); Gilmartin et al., Plant Cell 2:369-378 (1990); Huang et al., Plant Mol. Biol. 14:655-668 (1990), Gubler et al., Plant Cell 7:1879-1891 (1995)), elementos sensibles al ácido abscísico, (Busk et al., Plant Cell 9:2261-2270 (1997); Guiltinan et al., Science 250:267-270 (1990); Shen et al., Plant Cell 7:295-307(1995); Shen et al., Plant Cell 8:1107-1119 (1996); Seo et al., Plant Mol. Biol. 27: 1119-1131 (1995); Marcotte et al., Plant Cell 1:969-976(1989); Shen et al., Plant Cell 7:295-307 (1995); Iwasaki et al., Mol Gen Genet 247:391-398 (1995); Hattori et al., Genes Dev. 6: 609-618 (1992); Thomas et al., Plant Cell 5:1401-1410 (1993)), elementos similares a elementos sensibles al ácido abscísico, (Ellerstrom et al., Plant Mol. Biol. 32:1019-1027 (1996)), elementos sensibles a la auxina (Liu et al., Plant Cell 6:645-657 (1994); Liu et al., Plant Physiol. 115: 397-407 (1997); Kosugi et al., Plant J. 7:877-886 (1995); Kosugi et al., Plant Cell 9:1607-1619 (1997); Ballas et al., J. Mol. Biol. 233:580-596 (1993)), un elemento en cis sensible al tratamiento con metil jasmonato (Beaudoin y Rothstein, Plant Mol. Biol. 33:835-846 (1997)), un elemento en cis sensible al ácido abscísico y sensible al estrés (Straub et al., Plant Mol. Biol. 26:617-630 (1994)), elementos en cis sensibles al etileno (Itzhaki et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 91:8925-8929 (1994); Montgomery et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 90:5939-5943 (1993); Sessa et al., Plant Mol. Biol. 28: 145-153 (1995); Shinshi et al., Plant Mol. Biol. 27:923-932 (1995)), elementos sensibles en cis al ácido salicílico, (Strange et al., Plant J. 11:1315-1324 (1997); Qin et al., Plant Cell 6:863-874 (1994)), un elemento en cis que responde al estrés hídrico y al ácido abscísico (Lam et al., J. Biol. Chem. 266: 17131-17135 (1991); Thomas et al., Plant Cell 5:1401-1410 (1993); Pla et al., Plant Mol Biol 21:259-266 (1993)), un elemento en cis esencial para la expresión específica en la fase M (Ito et al., Plant Cell 10:331-341 (1998)), elementos sensibles a la sacarosa (Huang et al., Plant Mol. Biol. 14: 655-668 (1990); Hwang et al., Plant Mol Biol 36:331-341 (1998); Grierson et al., Plant J. 5:815-826 (1994)), elementos de respuesta al choque térmico (Pelham et al., Trends Genet. 1:31-35 (1985)), elementos sensibles a la auxina y/o el ácido salicílico y también indicadores para la regulación de la luz (Lam et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 86:7890-7897 (1989); Benfey et al., Science 250:959-966 (1990)), elementos sensibles al etileno y al ácido salicílico (Ohme-Takagi et al., Plant Mol. Biol. 15:941-946 (1990)), elementos sensibles a lesiones y al estrés abiótico (Loake et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 89:9230-9234 (1992); Mhiri et al., Plant Mol. Biol. 33:257-266 (1997)), elementos de respuesta antioxidante (Rushmore et al., J. Biol. Chem. 266:11632-11639; Dalton et al., Nucleic Acids Res. 22:5016-5023 (1994)), elementos Sph (Suzuki et al., Plant Cell 9:799-807 1997)), elementos de respuesta evocadora, (Fukuda et al., Plant Mol. Biol. 34: 81-87 (1997); Rushton et al., EMBO J. 15:5690-5700 (1996)), elementos de respuesta a metales (Stuart et al., Nature 317:828-831 (1985); Westin et al., EMBO J. 7:3763-3770 (1988); Thiele et al., Nucleic Acids Res. 20: 1183-1191 (1992); Faisst et al., Nucleic Acids Res. 20:3-26 (1992)), elementos sensibles a bajas temperaturas, (Baker et al., Plant Mol. Biol. 24: 701-713 (1994); Jiang et al., Plant Mol. Biol. 30: 679-684 (1996); Nordin et al., Plant Mol. Biol. 21: 641-653 (1993); Zhou et al., J. Biol. Chem. 267:23515-23519 (1992)), elementos de respuesta a la sequía, (Yamaguchi et al., Plant Cell 6:251-264 (1994); Wang et al., Plant Mol. Biol. 28: 605-617 (1995); Bray EA, Trends in Plant Science 2:48-54 (1997)), elementos potenciadores para glutenina, (Colot et al., EMBO J. 6:3559-3564 (1987); Thomas et al., Plant Cell 2:1171-1180 (1990); Kreis et al., Philos. Trans. R. Soc. Lond., B314:355-365 (1986)), elementos reguladores independientes de la luz, (Lagrange et al., Plant Cell 9:1469-1479 (1997); Villain et al., J. Biol. Chem. 271:32593-32598 (1996)), elementos potenciadores de OCS, (Bouchez et al., EMBO J. 8:4197-4204 (1989); Foley et al., Plant J. 3:669-679 (1993)), elementos de ACGT, (Foster et al., FASEB J. 8:192-200(1994); Izawa et al., Plant Cell 6:1277-1287 (1994); Izawa et al., J. Mol. Biol. 230:1131-1144 (1993)), elementos en cis negativos en genes relacionados con plástidos, (Zhou et al., J. Biol. Chem. 267: 23515-23519 (1992); Lagrange et al., Mol. Cell Biol. 13: 2614-2622 (1993); Lagrange et al., Plant Cell 9:1469-1479 (1997); Zhou et al., J. Biol. Chem. 267:23515-23519 (1992)), elementos de la caja de prolamina, (Forde et al., Nucleic Acids Res. 13: 7327-7339 (1985); Colot et al., EMBO J. 6:3559-3564(1987); Thomas et al., Plant Cell 2:1171-1180 (1990); Thompson et al., Plant Mol. Biol. 15: 755-764 (1990); Vicente et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 94:7685-7690 (1997)), elementos en potenciadores del gen de cadena pesada de IgM (Gillies et al., Cell 33:717-728 (1983); Whittier et al., Nucleic Acids Res. 15:2515-2535 (1987)). Los ejemplos de promotores incluyen: los descritos en la Patente de los Estados Unidos n.º 6.437.217 (promotor RS81 de maíz), la Patente de los Estados Unidos n.º 5.641.876 (promotor de actina de maíz), la Patente de los Estados Unidos n.º 6.426.446 (promotor RS324 de maíz), la Patente de los Estados Unidos n.º 6.429.362 (promotor PR-1 de maíz), la Patente de los Estados Unidos n.º 6.232.526 (promotor A3 de maíz), la Patente de los Estados Unidos n.º 6.177.611 (promotores constitutivos de maíz), las Patentes de los Estados Unidos n.º 5.322.938, 5.352.605, 5.359.142 y 5.530.196 (promotor de 35S), la Patente de los Estados Unidos n.º 6.433.252 (promotor de oleosina L3 de maíz, P-Zm.L3), la Patente de los Estados Unidos n.º 6.429.357 (promotor de actina 2 del arroz, así como un intrón de actina 2 del arroz), la Patente de los Estados Unidos n.º 5.837.848 (promotor específico de la raíz), la Patente de los Estados Unidos n.º 6.294.714 (promotores inducibles por luz), la Patente de los Estados Unidos n.º 6.140.078 (promotores inducibles por sal), la Patente de los Estados Unidos n.º 6.252.138 (promotores inducibles por patógenos), la Patente de los Estados Unidos n.º 6.175.060 (promotores inducibles por deficiencia de fósforo), la Patente de los Estados Unidos n.º 6.635.806 (promotor de gama-coixina, P-Cl.Gcx), la Solicitud de Patente de los Estados Unidos con n.º de serie 09/757.089 (promotor de aldolasa de cloroplasto de maíz) y la Patente de los

Estados Unidos n.º 8.772.466 (factor nuclear B de factor de transcripción del maíz (NFB2)).

Los promotores constitutivos adecuados para su uso en una célula hospedadora vegetal incluyen, por ejemplo, el promotor central del promotor Rsyn7 y otros promotores constitutivos divulgados en el documento WO 1999/43838 y la Patente de los Estados Unidos n.º 6.072.050; el promotor central 35S de CaMV (Odell, et al., (1985) Nature 313:810-812); actina de arroz (McElroy, et al., (1990) Plant Cell 2:163-171); ubiquitina (Christensen, et al., (1989) Plant Mol. Biol. 12:619-632 y Christensen, et al., (1992) Plant Mol. Biol. 18:675-689); pEMU (Last, et al., (1991) Theor. Appl. Genet. 81:581-588); MAS (Velten, et al., (1984) EMBO J. 3:2723-2730); promotor de ALS (Patente de los Estados Unidos n.º 5.659.026) y similares. Otros promotores constitutivos incluyen, por ejemplo, los analizados en las Patentes de los Estados Unidos n.º 5.608.149; 5.608.144; 5.604.121; 5.569.597; 5.466.785; 5.399.680; 5.268.463; 5.608.142 y 6.177.611. Los promotores constitutivos adecuados también incluyen promotores que tienen una fuerte expresión en prácticamente todos los tejidos pero que tienen baja expresión en el polen, incluyendo, pero sin limitación: promotores del virus del rayado de la banana (*Acuminata Yunnan*) (BSV(AY)) divulgados en la Patente de los Estados Unidos US 8.338.662; promotores del virus del rayado de la banana (*Acuminata Vietnam*) (BSV(AV)) divulgados en la Patente de los Estados Unidos US 8.350.121; y promotores del virus del rayado de la banana (*Mysore*) (BSV(MYS)) divulgados en la Patente de los Estados Unidos US 8.395.022.

Dependiendo del resultado deseado, puede ser beneficioso expresar el gen a partir de un promotor inducible. Son particularmente interesantes para la regulación de la expresión de las secuencias de nucleótidos de los aspectos en plantas los promotores inducibles por heridas. Dichos promotores inducibles por heridas, pueden responder al daño causado por la alimentación por insectos e incluyen el gen del inhibidor de proteinasa de la patata (pin II) (Ryan, (1990) Ann. Rev. Phytopath. 28:425-449; Duan, et al., (1996) Nature Biotechnology 14:494-498); wun1 y wun2, Patente de los Estados Unidos n.º 5.428.148; win1 y win2 (Stanford, et al., (1989) Mol. Gen. Genet. 215:200-208); sistemina (McGurl, et al., (1992) Science 225:1570-1573); WIP1 (Rohmeier, et al., (1993) Plant Mol. Biol. 22:783-792; Eckelkamp, et al., (1993) FEBS Letters 323:73-76); gen MPI (Corderok, et al., (1994) Plant J. 6(2): 141-150) y similares.

Además, pueden emplearse promotores inducibles por patógenos en los métodos y las construcciones de nucleótidos de los aspectos. Dichos promotores inducibles por patógenos incluyen aquellos de proteínas relacionadas con la patogénesis (proteínas PR), que se inducen después de la infección por un patógeno; por ejemplo, proteínas PR, proteínas SAR, beta-1,3-glucanasa, quitinasa, etc. Véase, por ejemplo, Redolfi, et al., (1983) Neth. J. Plant Pathol. 89:245-254; Uknes, et al., (1992) Plant Cell 4: 645-656 y Van Loon, (1985) Plant Mol. Virol. 4:111-116. Véase también, el documento WO 1999/43819.

Son interesantes los promotores que se expresan localmente en o próximos al sitio de infección por el patógeno. Véase, por ejemplo, Marineau, et al., (1987) Plant Mol. Biol. 9:335-342; Matton, et al., (1989) Molecular Plant-Microbe Interactions 2:325-331; Somsisch, et al., (1986) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 83:2427-2430; Somsisch, et al., (1988) Mol. Gen. Genet. 2:93-98 y Yang, (1996) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 93:14972-14977. Véase también, Chen, et al., (1996) Plant J. 10:955-966; Zhang, et al., (1994) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 91:2507-2511; Warner, et al., (1993) Plant J. 3:191-201; Siebertz, et al., (1989) Plant Cell 1:961-968; la Patente de los Estados Unidos n.º 5.750.386 (inducible por nematodos) y las referencias citadas en los mismos. Resulta particularmente interesante el promotor inducible para el gen PRms del maíz, cuya expresión se induce por el patógeno *Fusarium moniliforme* (véase, por ejemplo, Cordero, et al., (1992) Physiol. Mol. Plant Path. 41:189-200).

Pueden usarse promotores regulados por productos químicos para modular la expresión de un gen en una planta mediante la aplicación de un regulador químico exógeno. Dependiendo del objetivo, el promotor puede ser un promotor inducible por productos químicos, donde la aplicación del producto químico induce la expresión génica o un promotor represible por agentes químicos, donde la aplicación del producto génico reprime la expresión génica. Se conocen en la técnica promotores inducibles por productos químicos e incluyen, pero sin limitación, el promotor de In2-2 de maíz, que se activa mediante protectores herbicidas de bencenosulfonamida, el promotor de GST de maíz, que se activa mediante compuestos electrófilos hidrófobos que se usan como herbicidas preemergentes y el promotor de PR-1a del tabaco, que se activa por ácido salicílico. Otros promotores regulados por productos químicos de interés incluyen promotores sensibles a esteroides (véase, por ejemplo, el promotor inducible por glucocorticoides en Schena, et al., (1991) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 88:10421-10425 y McNellis, et al., (1998) Plant J. 14(2):247-257) y promotores inducibles por tetraciclina y represibles por tetraciclina (véase, por ejemplo, Gatz, et al., (1991) Mol. Gen. Genet. 227:229-237 y las Patentes de los Estados Unidos n.º 5.814.618 y 5.789.156).

Pueden utilizarse promotores preferidos de tejido para dirigir la expresión potenciada del polipéptido de PIP-72 en un tejido vegetal particular. Los promotores preferidos de tejido incluyen aquellos analizados en Yamamoto, et al., (1997) Plant J. 12(2)255-265; Kawamata, et al., (1997) Plant Cell Physiol. 38(7):792-803; Hansen, et al., (1997) Mol. Gen Genet. 254(3):337-343; Russell, et al., (1997) Transgenic Res. 6(2): 157-168; Rinehart, et al., (1996) Plant Physiol. 112(3): 1331-1341; Van Camp, et al., (1996) Plant Physiol. 112(2):525-535; Canevascini, et al., (1996) Plant Physiol. 112(2):513-524; Yamamoto, et al., (1994) Plant Cell Physiol. 35(5):773-778; Lam, (1994) Results Probl. Cell Differ. 20:181-196; Orozco, et al., (1993) Plant Mol Biol. 23(6): 1129-1138; Matsuoka, et al., (1993) Proc Natl. Acad. Sci. USA 90(20):9586-9590 y Guevara-Garcia, et al., (1993) Plant J. 4(3):495-505. Dichos promotores pueden modificarse, en caso necesario, para una expresión débil.

Son conocidos en la técnica promotores preferidos en hojas. Véase, por ejemplo, Yamamoto, et al., (1997) Plant J. 12(2):255-265; Kwon, et al., (1994) Plant Physiol. 105:357-67; Yamamoto, et al., (1994) Plant Cell Physiol. 35(5):773-778; Gotor, et al., (1993) Plant J. 3:509-18; Orozco, et al., (1993) Plant Mol. Biol. 23(6): 1129-1138 y Matsuoka, et al., (1993) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 90(20):9586-9590.

Se conocen promotores preferidos para la raíz o específicos para la raíz y pueden seleccionarse de entre los muchos disponibles en la bibliografía o aislarse *de novo* a partir de diversas especies compatibles. Véase, por ejemplo, Hire, et al., (1992) Plant Mol. Biol. 20(2):207-218 (gen de glutamina sintetasa específico de raíz de soja); Keller y Baumgartner, (1991) Plant Cell 3(10):1051-1061 (elemento de control específico de la raíz en el gen GRP 1.8 del haba francesa); Sanger, et al., (1990) Plant Mol. Biol. 14(3):433-443 (promotor específico de raíz del gen de manopina sintasa (MAS) de *Agrobacterium tumefaciens*) y Miao, et al., (1991) Plant Cell 3(1): 11-22 (clon de ADNc de longitud completa que codifica la glutamina sintetasa (GS) citosólica, que se expresa en raíces y nódulos de raíces de soja). Véase también, Bogusz, et al., (1990) Plant Cell 2(7):633-641, donde se describen dos promotores específicos de raíz aislados de los genes de hemoglobina de la no leguminosa fijadora de nitrógeno *Parasponia andersonii* y la no leguminosa no fijadora del nitrógeno *Trema tomentosa*. Los promotores de estos genes se unieron con un gen indicador de β-glucuronidasa y se introdujeron tanto en la no leguminosa *Nicotiana tabacum* como en la leguminosa *Lotus corniculatus,* y en ambos casos se conservó la actividad promotora específica de raíz. Leach y Aoyagi, (1991) describen su análisis de los promotores de los genes inductores de raíces rolC y rolD altamente expresados de *Agrobacterium rhizogenes* (véase, Plant Science (Limerick) 79(1):69-76). Concluyeron que los determinantes de ADN preferidos por tejido y potenciadores se disocian en esos promotores. Teeri, *et al.,* (1989) usaron fusión génica a lacZ para demostrar que el gen de ADN-T de *Agrobacterium* que codifica octopina sintasa es especialmente activo en la epidermis de la punta de la raíz y que el gen TR2' es específico de la raíz en la planta intacta y se estimula por lesiones en el tejido foliar, una combinación especialmente deseable de características para su uso con un gen insecticida o larvicida (véase, EMBO J. 8(2):343-350). El gen TR1' fusionado a *nptII* (neomicina fosfotransferasa II) mostró características similares. Los promotores preferidos de raíz adicionales incluyen el promotor del gen VfENOD-GRP3 (Kuster, et al., (1995) Plant Mol. Biol. 29(4):759-772) y el promotor rolB (Capana, et al., (1994) Plant Mol. Biol. 25(4):681-691. Véanse también, las Patentes de los Estados Unidos n.º 5.837.876; 5.750.386; 5.633.363; 5.459.252; 5.401.836; 5.110.732 y 5.023.179. Se divulgan secuencias reguladoras preferidas de raíz de *Arabidopsis thaliana* en la Solicitud de Patente de los Estados Unidos US20130117883. Se divulgan promotores RCc3 de sorgo (*Sorghum bicolor*) preferidos de raíz en la Solicitud de Patente de los Estados Unidos US20120210463. Los promotores de maíz preferidos de raíz de la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos 20030131377, Patentes de los Estados Unidos n.º 7.645.919 y 8.735.655. Los promotores específicos de la raíz 1 (ZmRCP1) de maíz de la Publicación de la Solicitud de Patente de los Estados Unidos 20130025000. Los promotores preferidos de raíz de maíz de la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos 20130312136.

Los promotores "preferidos de semillas" incluyen promotores tanto "específicos de semillas" (promotores activos durante el desarrollo de las semillas, tales como promotores de las proteínas de almacenamiento de las semillas), así como promotores "germinadores de semillas" (aquellos promotores activos durante la germinación de la semilla). Véase, Thompson, et al., (1989) BioEssays 10:108. Dichos promotores preferidos de semillas incluyen, pero sin limitación, Cim1 (mensaje inducido por citocinina); cZ19B1 (zeína de 19 kDa de maíz); y milps (mioinositol-1-fosfato sintasa) (véase, la Patente de los Estados Unidos n.º 6.225.529). La gamma-zeína y Glb-1 son promotores específicos de endospermo. Para dicotiledóneas, los promotores específicos de semillas incluyen, pero sin limitación, inhibidor 3 de tripsina de Kunitz (KTi3) (Jofuku y Goldberg, (1989) Plant Cell 1:1079-1093), β-faseolina de alubia, napina, β-conglicinina, glicinina 1, lectina de soja, cruciferina y similares. Para monocotiledóneas, los promotores específicos de semillas incluyen, pero sin limitación, zeína de maíz de 15 kDa, zeína de 22 kDa, zeína de 27 kDa, g-zeína, waxy, shrunken 1, shrunken 2, globulina 1, etc. Véase también, el documento WO 2000/12733, donde se divulgan promotores preferidos de semilla de los genes *end1* y *end2*. En dicotiledóneas, los promotores específicos de semillas incluyen, pero sin limitación, el promotor de la envuelta de la semilla de *Arabidopsis,* pBAN; y los promotores tempranos de semillas de *Arabidopsis*, p26, p63 y p63tr (Patentes de los Estados Unidos n.º 7.294.760 y 7.847.153). Un promotor que tiene expresión "preferida" en un tejido particular se expresa en ese tejido en mayor grado que en al menos otro tejido vegetal. Algunos promotores preferidos de tejido muestran expresión casi exclusivamente en el tejido particular.

Cuando se desea un bajo nivel de expresión, se usarán promotores débiles. En general, la expresión "promotor débil", como se usa en el presente documento, se refiere a un promotor que impulsa la expresión de una secuencia codificante a un bajo nivel. Por baja expresión, se entiende expresión a niveles de aproximadamente 1/1000 transcritos a aproximadamente 1/100.000 transcritos a aproximadamente 1/500.000 transcritos. Como alternativa, se reconoce que la expresión "promotores débiles" también abarca promotores que impulsan la expresión solamente en unas pocas células y no en otras para proporcionar un bajo nivel de expresión total. Cuando un promotor impulsa la expresión a niveles inaceptablemente elevados, pueden eliminarse o modificarse porciones de la secuencia promotora para reducir los niveles de expresión.

Dichos promotores constitutivos débiles incluyen, por ejemplo, el promotor central del promotor Rsyn7 (documento WO 1999/43838 y Patente de los Estados Unidos n.º 6.072.050), el promotor central de 35S de CaMV y similares. Otros promotores constitutivos incluyen, por ejemplo, los divulgados en las Patentes de los Estados Unidos n.º 5.608.149; 5.608.144; 5.604.121; 5.569.597; 5.466.785; 5.399.680; 5.268.463; 5.608.142 y 6.177.611.

No se pretende que la lista de promotores anterior sea limitante. Puede usarse cualquier promotor adecuado en los aspectos.

En general, el casete de expresión comprenderá un gen marcador de selección para la selección de células transformadas. Se utilizan genes marcadores de selección para la selección de células o tejidos transformados. Los genes marcadores incluyen genes que codifican resistencia a antibióticos, tales como los que codifican neomicina fosfotransferasa II (NEO) e higromicina fosfotransferasa (HPT), así como genes que confieren resistencia a compuestos herbicidas, tales como glufosinato de amonio, bromoxinilo, imidazolinonas y 2,4-diclorofenoxiacetato (2,4-D). Los ejemplos adicionales de genes marcadores de selección adecuados incluyen, pero sin limitación, genes que codifican resistencia al cloranfenicol (Herrera Estrella, et al., (1983) EMBO J. 2:987-992); metotrexato (Herrera Estrella, et al., (1983) Nature 303:209-213 and Meijer, et al., (1991) Plant Mol. Biol. 16:807-820); estreptomicina (Jones, et al., (1987) Mol. Gen. Genet. 210:86-91); espectinomicina (Bretagne-Sagnard, et al., (1996) Transgenic Res. 5:131-137); bleomicina (Hille, et al., (1990) Plant Mol. Biol. 7:171-176); sulfonamida (Guerineau, et al., (1990) Plant Mol. Biol. 15:127-136); bromoxinilo (Stalker, et al., (1988) Science 242:419-423); glifosato (Shaw, et al., (1986) Science 233:478-481 y las Solicitudes de Patente de los Estados Unidos con n.º de serie 10/004.357 y 10/427.692); fosfinotricina (DeBlock, et al., (1987) EMBO J. 6:2513-2518). Véase, en general, Yarranton, (1992) Curr. Opin. Biotech. 3:506-511; Christopherson, et al., (1992) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 89:6314-6318; Yao, et al., (1992) Cell 71:63-72; Reznikoff, (1992) Mol. Microbiol. 6:2419-2422; Barkley, et al., (1980) en The Operon, págs. 177-220; Hu, et al., (1987) Cell 48:555-566; Brown, et al., (1987) Cell 49:603-612; Figge, et al., (1988) Cell 52:713-722; Deuschle, et al., (1989) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 86:5400-5404; Fuerst, et al., (1989) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 86:2549-2553; Deuschle, et al., (1990) Science 248:480-483; Gossen, (1993) Tesis doctoral, Universidad de Heidelberg; Reines, et al., (1993) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 90:1917-1921; Labow, et al., (1990) Mol. Cell. Biol. 10:3343-3356; Zambretti, et al., (1992) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 89:3952-3956; Bairn, et al., (1991) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 88:5072-5076; Wyborski, et al., (1991) Nucleic Acids Res. 19:4647-4653; Hillenand-Wissman, (1989) Topics Mol. Struc. Biol. 10:143-162; Degenkolb, et al., (1991) Antimicrob. Agents Chemother. 35:1591-1595; Kleinschnidt, et al., (1988) Biochemistry 27:1094-1104; Bonin, (1993) Tesis doctoral, Universidad de Heidelberg; Gossen, et al., (1992) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 89:5547-5551; Oliva, et al., (1992) Antimicrob. Agents Chemother. 36:913-919; Hlavka, et al., (1985) Handbook of Experimental Pharmacology, Vol. 78 (Springer-Verlag, Berlín) y Gill, et al., (1988) Nature 334:721-724.

No se pretende que la lista de genes marcadores de selección anterior sea limitante. Puede usarse cualquier gen marcador de selección en los aspectos.

Transformación de plantas

Los métodos de los aspectos implican introducir un polipéptido o polinucleótido en una planta. "Introducción", como se usa en el presente documento, significa presentar a la planta el polinucleótido o polipéptido de tal forma que la secuencia accede al interior de una célula de la planta. Los métodos de los aspectos no dependen de un método particular para introducir un polinucleótido o polipéptido en una planta, solo que el polinucleótido o los polipéptidos consiguen acceder al interior de al menos una célula de la planta. Se conocen en la técnica métodos para introducir polinucleótidos o polipéptidos en plantas e incluyen, pero sin limitación, métodos de transformación estable, métodos de transformación transitoria y métodos mediados por virus.

"Transformación estable", como se usa en el presente documento, significa que la construcción de nucleótidos introducida en una planta se integra en el genoma de la planta y puede heredarse por la descendencia de la misma. "Transformación transitoria", como se usa en el presente documento, significa que se introduce un polinucleótido en la planta y no se integra en el genoma de la planta o que se introduce un polipéptido en una planta. "Planta", como se usa en el presente documento, se refiere a plantas completas, órganos de plantas (por ejemplo, hojas, tallos, raíces, etc.), semillas, células vegetales, propágulos, embriones y la descendencia de los mismos. Las células vegetales pueden estar diferenciadas o no diferenciadas (por ejemplo, callos, células en cultivo en suspensión, protoplastos, células foliares, células de la raíz, células de floema y polen).

Los protocolos de transformación así como los protocolos para introducir secuencias de nucleótidos en plantas pueden variar dependiendo del tipo de planta o de célula vegetal, es decir, monocotiledónea o dicotiledónea, usada como diana para transformación. Los métodos adecuados para introducir secuencias de nucleótidos en células vegetales y su posterior inserción en el genoma vegetal incluyen microinyección (Crossway, et al., (1986) Biotechniques 4:320-334), electroporación (Riggs, et al., (1986) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 83:5602-5606), transformación mediada por *Agrobacterium* (Patentes de los Estados Unidos n.º 5.563.055 y 5.981.840), transferencia génica directa (Paszkowski, et al., (1984) EMBO J. 3:2717-2722) y aceleración de partículas balísticas (véase, por ejemplo, las Patentes de los Estados Unidos n.º 4.945.050; 5.879.918; 5.886.244 y 5.932.782; Tomes, et al., (1995) en Plant Cell, Tissue, and Organ Culture: Fundamental Methods, ed. Gamborg y Phillips, (Springer-Verlag, Berlín) y McCabe, et al., (1988) Biotechnology 6:923-926) y transformación por Lecl (documento WO 00/28058). Para la transformación de patata, véase, Tu, et al., (1998) Plant Molecular Biology 37:829-838 y Chong, et al., (2000) Transgenic Research 9:71-78. Pueden encontrarse procedimientos de transformación adicionales en Weissinger, et al., (1988) Ann. Rev. Genet. 22:421-477; Sanford, et al., (1987) Particulate Science and Technology 5:27-37 (cebolla); Christou, et al., (1988) Plant Physiol. 87:671-674 (soja); McCabe, et al., (1988) Bio/Techno/ogy 6:923-926 (soja); Finer y McMullen, (1991) *In Vitro* Cell Dev. Biol. 27P:175-182 (soja); Singh, et al., (1998) Theor. Appl. Genet. 96:319-324 (soja); Datta, et al., (1990)

Biotechnology 8:736-740 (arroz); Klein, et al., (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85:4305-4309 (maíz); Klein, et al., (1988) Biotechnology 6:559-563 (maíz); las Patentes de los Estados Unidos n.º 5.240.855; 5.322.783 y 5.324.646; Klein, et al., (1988) Plant Physiol. 91:440-444 (maíz); Fromm, et al., (1990) Biotechnology 8:833-839 (maíz); Hooykaas-Van Slogteren, et al., (1984) Nature (Londres) 311:763-764; Patente de los Estados Unidos n.º 5.736.369 (cereales); Bytebier, et al., (1987) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 84:5345-5349 (liliáceas); De Wet, et al., (1985) en The Experimental Manipulation of Ovule Tissues, ed. Chapman, et al., (Longman, Nueva York), págs. 197-209 (polen); Kaeppler, et al., (1990) Plant Cell Reports 9:415-418 y Kaeppler, et al., (1992) Theor. Appl. Genet. 84:560-566 (transformación mediada por fibras); D'Halluin, et al., (1992) Plant Cell 4:1495-1505 (electroporación); Li, et al., (1993) Plant Cell Reports 12:250-255 y Christou y Ford, (1995) Annals of Botany 75:407-413 (arroz); Osjoda, et al., (1996) Nature Biotechnology 14:745-750 (maíz mediante *Agrobacterium tumefaciens*).

En aspectos específicos, las secuencias de los aspectos pueden proporcionarse a una planta usando diversos métodos de transformación transitoria. Dichos métodos de transformación transitoria incluyen, pero sin limitación, la introducción del polipéptido de PIP-72 o variantes y fragmentos de los mismos directamente en la planta o la introducción del transcrito del polipéptido de PIP-72 en la planta. Dichos métodos incluyen, por ejemplo, microinyección o bombardeo con partículas. Véase, por ejemplo, Crossway, et al., (1986) Mol Gen. Genet. 202:179-185; Nomura, et al., (1986) Plant Sci. 44:53-58; Hepler, et al., (1994) Proc. Natl. Acad. Sci. 91:2176-2180 y Hush, et al., (1994) The Journal of Cell Science 107:775-784. Como alternativa, el polinucleótido para el polipéptido de PIP-72 puede transformarse de manera transitoria en la planta usando técnicas conocidas en la especialidad. Dichas técnicas incluyen sistemas de vectores víricos y la precipitación del polinucleótido de un modo que impide la posterior liberación del ADN. Por lo tanto, puede producirse la transcripción a partir del ADN unido a la partícula, pero se reduce en gran medida la frecuencia con la que se libera para que quede integrado en el genoma. Dichos métodos incluyen el uso de partículas recubiertas con polietilenimina (PEI; Sigma n.º P3143).

Se conocen en la técnica métodos para la inserción dirigida de un polinucleótido en una localización específica en el genoma vegetal. En un aspecto, la inserción del polinucleótido en una ubicación genómica deseada se consigue usando un sistema de recombinación específica de sitio. Véanse, por ejemplo, los documentos WO 1999/25821, WO 1999/25854, WO 1999/25840, WO 1999/25855 y WO 1999/25853. Brevemente, el polinucleótido de los aspectos puede estar contenido en un casete de transferencia flanqueado por dos sitios de recombinación no idénticos. El casete de transferencia se introduce en una planta que tiene incorporado de manera estable un sitio diana que está flanqueado por dos sitios de recombinación no idénticos que corresponden a los sitios del casete de transferencia. Se proporciona una recombinasa apropiada y el casete de transferencia se integra en el sitio diana. El polinucleótido de interés se integra de este modo en una posición cromosómica específica en el genoma vegetal.

Los vectores de transformación de plantas pueden estar formados por uno o más vectores de ADN necesarios para lograr la transformación de las plantas. Por ejemplo, una práctica común en la técnica es utilizar vectores de transformación de plantas que están formados por más de un segmento de ADN contiguo. Estos vectores normalmente se citan en la técnica como "vectores binarios". Los vectores binarios, así como los vectores con plásmidos auxiliares, se usan con mayor frecuencia para la transformación mediada por *Agrobacterium*, donde el tamaño y la complejidad de los segmentos de ADN necesarios para lograr una transformación eficiente es bastante grande y es ventajoso separar las funciones en moléculas de ADN separadas. Los vectores binarios contienen normalmente un vector plasmídico que contiene las secuencias de acción en cis necesarias para la transferencia de ADN-T (tales como el borde izquierdo y el borde derecho), un marcador de selección que se diseña por ingeniería genética para que sea capaz de expresarse en una célula vegetal y un "gen de interés" (un gen diseñado por ingeniería genética para que tenga la capacidad de expresión en una célula vegetal para la que se desea la generación de plantas transgénicas). Asimismo, en este vector plasmídico se encuentran presentes secuencias necesarias para la replicación bacteriana. Las secuencias de acción en cis están dispuestas de tal modo que permiten una transferencia eficaz en células vegetales y la expresión en las mismas. Por ejemplo, el gen marcador de selección y el gen plaguicida están ubicados entre los bordes izquierdo y derecho. Normalmente, un segundo vector plasmídico contiene los factores de acción en trans que median la transferencia de ADN-T de *Agrobacterium* a células vegetales. Este plásmido contiene normalmente las funciones de virulencia (genes *Vir*) que permiten la infección de células vegetales por *Agrobacterium* y la transferencia del ADN mediante escisión en secuencias borde y la transferencia de ADN mediada por *vir*, como se entiende en la técnica (Hellens y Mullineaux, (2000) Trends in Plant Science 5:446-451). Varios tipos de cepas de *Agrobacterium* (por ejemplo, LBA4404, GV3101, EHA101, EHA105, etc.) pueden usarse para la transformación de plantas. El segundo vector plasmídico no es necesario para transformar las plantas mediante métodos distintos, tales como microproyección, microinyección, electroporación, polietilenglicol, etc.

En general, los métodos de transformación de plantas implican transferir ADN heterólogo en células vegetales diana (por ejemplo, embriones maduros o inmaduros, cultivos en suspensión, callos no diferenciados, protoplastos, etc.), seguido de la aplicación de un nivel umbral máximo de selección adecuada (dependiendo del gen marcador de selección) para recuperar las células vegetales transformadas de un grupo de masa celular no transformada. Después de la integración de ADN exógeno heterólogo en células vegetales, se aplica un nivel umbral máximo de selección adecuada en el medio para eliminar a las células no transformadas y se separan y hacen proliferar las células supuestamente transformadas que sobreviven a este tratamiento de selección mediante su transferencia regular a medio fresco. Mediante pase continuo y exposición a la selección adecuada, se identifican y hacen proliferar las células que se han transformado con el vector plasmídico. Después, pueden usarse métodos moleculares y bioquímicos para

confirmar la presencia del gen heterólogo integrado de interés en el genoma de la planta transgénica.

Los explantes se transfieren normalmente a una fuente fresca del mismo medio y se cultivan de manera convencional. Posteriormente, se diferencian las células transformadas en brotes después de colocarlas en medio de regeneración suplementado con un nivel umbral máximo de agente de selección. Después, se transfieren los brotes a un medio de enraizado selectivo para recuperar el brote enraizado o la plántula. Posteriormente, la plántula transgénica se desarrolla en una planta madura y produce semillas fértiles (por ejemplo, Hiei, et al., (1994) The Plant Journal 6:271-282; Ishida, et al., (1996) Nature Biotechnology 14:745-750). Los explantes se transfieren normalmente a una fuente fresca del mismo medio y se cultivan de manera convencional. Puede encontrarse una descripción general de las técnicas y los métodos para generar plantas transgénicas en Ayres y Park, (1994) Critical Reviews in Plant Science 13:219-239 y Bommineni y Jauhar, (1997) Maydica 42:107-120. Debido a que el material transformado contiene diversas células, hay presencia de células tanto transformadas como no transformadas en cualquier parte de los presentes callos, tejidos o grupos de células diana. La capacidad de eliminar células no transformadas y permitir que las células transformadas proliferen da como resultado cultivos de plantas transformadas. A menudo, la capacidad para eliminar células no transformadas es una limitación para la rápida recuperación de células vegetales transformadas y la generación exitosa de plantas transgénicas.

Las células que se han transformado pueden cultivarse en plantas de acuerdo con modos convencionales. Véase, por ejemplo, McCormick, et al., (1986) Plant Cell Reports 5:81-84. Posteriormente, pueden cultivarse estas plantas y o bien polinizarse con la misma cepa transformada o con diferentes cepas y se identifica el híbrido resultante que tiene expresión constitutiva o inducible de la característica fenotípica deseada. Pueden cultivarse dos o más generaciones para asegurarse de que la expresión de la característica fenotípica deseada se mantiene de manera estable y se hereda y después se recogen semillas para asegurarse de que se ha logrado la expresión de la característica fenotípica deseada.

Las secuencias de nucleótidos de los aspectos pueden proporcionarse a la planta poniendo en contacto la planta con un virus o ácidos nucleicos víricos. En general, dichos métodos implican incorporar la construcción de nucleótido de interés en una molécula de ADN o ARN vírico. Se reconoce que las proteínas recombinantes de los aspectos pueden sintetizarse inicialmente como parte de una poliproteína vírica, que posteriormente puede procesarse mediante proteólisis *in vivo* o *in vitro* para producir el polipéptido de PIP-72. También se reconoce que dicha poliproteína vírica, que comprende al menos una parte de la secuencia de aminoácidos de un polipéptido de PIP-72 de los aspectos, puede tener la actividad plaguicida deseada. Dichas poliproteínas víricas y las secuencias de nucleótidos que las codifican están abarcadas por los aspectos. Se conocen en la técnica métodos para proporcionar plantas con construcciones de nucleótidos y producir las proteínas codificadas en las plantas, que implican moléculas de ADN o ARN vírico. Véanse, por ejemplo, las Patentes de los Estados Unidos n.º 5.889.191; 5.889.190; 5.866.785; 5.589.367 y 5.316.931.

Se conocen en la técnica métodos para la transformación de cloroplastos. Véase, por ejemplo, Svab, et al., (1990) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 87:8526-8530; Svab y Maliga, (1993) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 90:913-917; Svab y Maliga, (1993) EMBO J. 12:601-606. El método se basa en el suministro con una pistola de partículas de ADN que contiene un marcador de selección y en el direccionamiento del ADN al genoma plastídico mediante recombinación de homólogos. Además, la transformación de plástidos puede lograrse mediante la transactivación de un transgén silente portado por el plástido mediante la expresión preferida en tejidos de una ARN polimerasa codificada nuclearmente y dirigida al plástido. Dicho sistema se ha comunicado en McBride, et al., (1994) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 91:7301-7305.

Los aspectos se refieren además a material de propagación de plantas de una planta transformada de los aspectos que incluye, pero sin limitación, semillas, tubérculos, cormos, bulbos, hojas y esquejes de raíces y brotes.

Los aspectos pueden usarse para la transformación de cualquier especie de planta, incluyendo, pero sin limitación, monocotiledóneas o dicotiledóneas. Los ejemplos de plantas de interés incluyen, pero sin limitación, maíz (*Zea mays*), *Brassica* sp. (por ejemplo, *B. napus*, *B. rapa, B. juncea),* particularmente las especies de *Brassica* útiles como fuentes de aceite de semillas, alfalfa (*Medicago sativa*), arroz (*Oryza sativa*), centeno (*Secae cereale*), sorgo (*Sorghum bicolor, Sorghum vulgare*), mijo (por ejemplo, mijo perla (*Pennisetum glaucum*), mijo común (*Panicum miliaceum*), mijo menor (*Setaria italica*), mijo africano (*Eleusine coracana*), girasol (*Helianthus annuus*), cártamo (*Carthamus tinctorius*), trigo (*Triticum aestivum*), soja (*Glycine max*), tabaco (*Nicotiana tabacum*), patata (*Solanum tuberosum*), cacahuetes (*Arachis hypogaea*), algodón (*Gossypium barbadense, Gossypium hirsutum*), boniato (*Ipomoea batatus*), yuca (*Manihot esculenta*), café (*Coffea* spp.), coco (*Cocos nucifera*), piña (*Ananas comosus*), árboles cítricos (*Citrus* spp.), cacao (*Theobroma cacao*), té (*Camellia sinensis*), plátano (*Musa* spp.), aguacate (*Persea americana*), higo (*Ficus casica*), guayaba (*Psidium guajava*), mango (*Mangifera indica*), oliva (*Olea europaea*), papaya (*Carica papaya*), anacardo (*Anacardium occidentale*), macadamia (*Macadamia integrifolia*), almendra (*Prunus amygdalus*), remolacha azucarera (*Beta vulgaris*), caña de azúcar (*Saccharum* spp.), avena, cebada, vegetales ornamentales y coníferas.

Los vegetales incluyen tomates (*Lycopersicon esculentum*), lechuga (por ejemplo, *Lactuca sativa*), judías verdes (*Phaseolus vulgaris*), alubias de lima (*Phaseolus limensis*), guisantes (*Lathyrus* spp.) y miembros del género *Cucumis* tales como el pepino (*C. sativus*), cantalupo (*C. cantalupensis*) y melón (*C. melo*). Las plantas ornamentales incluyen

azalea (*Rhododendron* spp.), hortensia (*Macrophylla hydrangea*), hibisco (*Hibiscus rosasanensis*), rosas (*Rosa* spp.), tulipanes (*Tulipa* spp.), narcisos (*Narcissus* spp.), petunias (*Petunia hybrida*), clavel (*Dianthus caryophyllus*), flor de pascua (*Euphorbia pulcherrima*) y crisantemo. Las coníferas que pueden emplearse en la práctica de los aspectos incluyen, por ejemplo, pinos tales como pino taeda (*Pinus taeda*), pino tea (*Pinus elliotii*), pino ponderosa (*Pinus ponderosa*), pino contorto (*Pinus contorta*) y pino de Monterey (*Pinus radiata*); abeto de Douglas (*Pseudotsuga menziesii*), tsuga de Alberta (*Tsuga canadensis*), pícea de Sitka (*Picea glauca*), secoya (*Sequoia sempervirens*), abies, tales como abeto común (*Abies amabilis*) y abeto balsámico (*Abies balsamea*) y cedros, tales como el cedro rojo del pacífico (*Thuja plicata*) y el falso ciprés de Nootka (*Chamaecyparis nootkatensis*). Las plantas de los aspectos incluyen plantas de cultivo (por ejemplo, maíz, alfalfa, girasol, *Brassica,* soja, algodón, cártamo, cacahuete, sorgo, trigo, mijo, tabaco, etc.), tales como plantas de maíz y soja.

Las hierbas de césped incluyen, pero sin limitación: pastito de invierno (*Poa annua*), raigrás anual (*Lolium multiflorum*), poa comprimida (*Poa compressa*), festuca roja (*Festuca rubra*), yerba fina (*Agrostis tenuis*); bentgrás rastrero (*Agrostis palustris*), pasto trigo crestado (*Agropyron desertorum*), pasto ovillo (*Agropyron cristatum*), festuca dura (*Festuca longifolia*), espiguilla (*Poa pratensis*), zacate de la huerta (*Dactylis glomerata*), raigrás perenne (*Lolium perenne*), festuca roja (*Festuca rubra*), pasto quila (*Agrostis alba*), gamilla (*Poa trivialis*), barcea (*Festuca ovina*), bromo inerme (*Bromus inermis*), cañuela alta (*Festuca arundinacea*), hierba timotea (*Phleum pratense*), hopillo (*Agrostis canina*), hierba de lágrimas alcalinas (*Puccinellia distans*), hierba de trigo occidental (*Agropyron smithii*), pasto Bermuda (*Cynodon* spp.); pasto de San Agustín (*Stenotaphrum secundatum*), pasto zoysia (*Zoysia* spp.); pasto Bahía (*Paspalum notatum*), grama brasileña (*Axonopus affinis*), grama ciempiés (*Eremochloa ophiuroides*), pasto africano (*Pennisetum clandesinum*), grama de agua (*Paspalum vaginatum*), grama azul (*Bouteloua gracilis)*, pasto búfalo (*Buchloe dactyloides*), grama del cerro (*Bouteloua curtipendula*).

Las plantas de interés incluyen plantas de cereales que proporcionan semillas de interés, plantas de semillas oleaginosas y plantas leguminosas. Las semillas de interés incluyen semillas de cereales, tales como maíz, trigo, cebada, arroz, sorgo, centeno, mijo, etc. Las plantas oleaginosas incluyen algodón, soja, cártamo, girasol, *Brassica,* maíz, alfalfa, palma, coco, lino, ricino, oliva, etc. Las plantas leguminosas incluyen alubias y guisantes. Las alubias incluyen guar, algarrobo, fenogreco, soja, alubias, frijol, frijol mungo, alubia de lima, haba, lentejas, garbanzo, etc.

Evaluación de la transformación de plantas

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

El análisis mediante la PCR es un método rápido para explorar células transformadas, tejidos o tallos respecto de la presencia del gen incorporado en un estadio anterior al trasplante al suelo (Sambrook y Russell, (2001) Molecular Cloning: A Laboratory Manual. Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY). La PCR se lleva a cabo usando cebadores oligonucleotídicos específicos para el gen de interés o un vector originario de *Agrobacterium*, etc.

La transformación de plantas puede confirmarse mediante análisis de transferencia de Southern de ADN genómico (Sambrook y Russel, (2001), anteriormente citado). En general, el ADN total se extrae del transformante, se digiere con las enzimas de restricción adecuadas, se fracciona en un gel de agarosa y se transfiere a una membrana de nitrocelulosa o nylon. La membrana o "transferencia" se sonda posteriormente con, por ejemplo, un fragmento de ADN diana radiomarcado con 32P para confirmar la integración del gen introducido en el genoma vegetal mediante técnicas estándar (Sambrook y Russell, (2001), anteriormente citado).

En el análisis de transferencia de Northern, se aísla el ARN de tejidos específicos del transformante, se fracciona en gel de agarosa y formaldehído y se transfiere a una fibra de nylon de acuerdo con procedimientos convencionales que se usan rutinariamente en la técnica (Sambrook y Russell, (2001) anteriormente citado). Después, se evalúa la expresión del ARN codificado por el gen plaguicida hibridando el filtro con una sonda radiactiva procedente del gen plaguicida, mediante métodos conocidos en la técnica (Sambrook y Russell, (2001), anteriormente citado).

Pueden llevarse a cabo transferencia de Western, ensayos bioquímicos y similares en las plantas transgénicas para confirmar la presencia de proteínas codificadas por el gen plaguicida mediante procedimientos convencionales (Sambrook y Russel, 2001, anteriormente citado) usando anticuerpos que se unen a uno o más epítopos presentes en el polipéptido de PIP-72.

Acumulación de rasgos en plantas transgénicas

Las plantas transgénicas pueden comprender un cúmulo de uno o más polinucleótidos insecticidas divulgados en el presente documento con uno o más polinucleótidos que dan como resultado la producción o supresión de múltiples secuencias de polipéptido. Pueden obtenerse plantas transgénicas que comprenden cúmulos de secuencias de polinucleótidos mediante procedimientos de fitomejoramiento o mediante procedimientos de ingeniería genética o mediante ambos. Estos métodos incluyen, pero sin limitación, fitomejoramiento de líneas individuales que comprenden cada una un polinucleótido de interés, transformación de una planta transgénica que comprende un gen divulgado en

el presente documento con un gen posterior y cotransformación de genes en una sola célula vegetal. Como se usa en el presente documento, el término "acumulado" incluye tener los múltiples rasgos presentes en la misma planta (es decir, ambos rasgos se incorporan en el genoma nuclear, un rasgo se incorpora en el genoma nuclear y un rasgo se incorpora en el genoma de un plástido o ambos rasgos se incorporan en el genoma de un plástido). En un ejemplo no limitante, los "rasgos acumulados" comprenden un cúmulo molecular donde las secuencias se encuentran físicamente adyacentes entre sí. Un rasgo, como se usa en el presente documento, se refiere al fenotipo procedente de una secuencia particular o grupos de secuencias. La cotransformación de genes puede llevarse a cabo usando vectores de transformación individuales que comprenden múltiples genes o genes portados por separado en múltiples vectores. En caso de que las secuencias se acumulen transformando genéticamente las plantas, las secuencias polinucleotídicas de interés pueden combinarse en cualquier momento y en cualquier orden. Los rasgos pueden introducirse simultáneamente en un protocolo de cotransformación con los polinucleótidos de interés proporcionado por cualquier combinación de casetes de transformación. Por ejemplo, si se van a introducir dos secuencias, las dos secuencias pueden estar contenidas en casetes de transformación por separado (*trans*) o contenidas en el mismo casete de transformación (*cis*). La expresión de las secuencias puede estar impulsada por el mismo promotor o por diferentes promotores. En determinados casos, puede ser deseable introducir un casete de transformación que suprimirá la expresión del polinucleótido de interés. Este puede combinarse con cualquier combinación de otros casetes de supresión o casetes de sobreexpresión para generar la combinación deseada de rasgos en la planta. Se reconoce además que pueden acumularse secuencias polinucleotídicas en una localización genómica deseada usando un sistema de recombinación específico de sitio. Véanse, por ejemplo, los documentos WO 1999/25821, WO 1999/25854, WO 1999/25840, WO 1999/25855 y WO 1999/25853.

En algunos aspectos, los polinucleótidos que codifican los polipéptidos de PIP-72 divulgados en el presente documento, solos o acumulados con uno o más rasgos de resistencia a insectos adicionales, pueden acumularse con uno o más rasgos introducidos adicionales (por ejemplo, resistencia a herbicidas, resistencia a hongos, resistencia a virus, tolerancia al estrés, resistencia a enfermedades, esterilidad masculina, vigorosidad del tallo y similares) o rasgos de producción (por ejemplo, rendimiento aumentado, almidones modificados, perfil de aceite mejorado, equilibrio de aminoácidos, cantidad elevada de lisina o metionina, digestibilidad aumentada, calidad de la fibra mejorada, resistencia a la sequía y similares). Por lo tanto, los aspectos de polinucleótidos pueden usarse para proporcionar un paquete agronómico completo de calidad de cultivo mejorada con la capacidad para controlar de manera flexible y económica cualquier número de plagas agrícolas.

Los transgenes útiles para su acumulación incluyen, pero sin limitación:

1. Transgenes que confieren resistencia a insectos o enfermedades y que codifican:

(A) Genes de resistencia a enfermedades de plantas. Las defensas de las plantas normalmente se activan mediante la interacción específica entre el producto de un gen de resistencia a enfermedades (R) en la planta y el producto de un gen de avirulencia (Avr) correspondiente en el patógeno. Puede transformarse una variedad de plantas con genes de resistencia clonados para modificar por ingeniería genética plantas que son resistentes a cepas de patógenos específicas. Véase, por ejemplo, Jones, et al., (1994) Science 266:789 (clonación del gen Cf-9 del tomate para la resistencia a *Cladosporium fulvum*), Martin, et al., (1993) Science 262:1432 (gen Pto del tomate para la resistencia a *Pseudomonas syringae* pv. el tomate codifica una proteína cinasa); Mindrinos, et al., (1994) Cell 78:1089 (gen RSP2 de *Arabidopsis* para la resistencia a *Pseudomonas syringae*), McDowell y Woffenden, (2003) Trends Biotechnol. 21(4): 178-83 y Toyoda, et al., (2002) Transgenic Res. 11(6):567-82. Una planta resistente a una enfermedad es una que es más resistente a un patógeno en comparación con la planta de tipo silvestre.

(B) Genes que codifican una proteína de *Bacillus thuringiensis*, un derivado del mismo o un polipéptido sintético modelado a partir del mismo. Véase, por ejemplo, Geiser, et al., (1986) Gene 48:109, que divulga la clonación y la secuencia de nucleótidos de un gen de delta-endotoxina de Bt. Además, pueden adquirirse moléculas de ADN que codifican genes de delta-endotoxina de la Colección Americana de Cultivos Tipo (Rockville, Md.), por ejemplo, con los números de registro de la ATCC® 40098, 67136, 31995 y 31998. Otros ejemplos no limitantes de transgenes de *Bacillus thuringiensis* que se modifican por ingeniería genética se proporcionan en las siguientes patentes y solicitudes de patente: las Patentes de los Estados Unidos n.º 5.188.960; 5.689.052; 5.880.275; 5.986.177; 6.023.013, 6.060.594, 6.063.597, 6.077.824, 6.620.988, 6.642.030, 6.713.259, 6.893.826, 7.105.332; 7.179.965, 7.208.474; 7.227.056, 7.288.643, 7.323.556, 7.329.736, 7.449.552, 7.468.278, 7.510.878, 7.521.235, 7.544.862, 7.605.304, 7.696.412, 7.629.504, 7.705.216, 7.772.465, 7.790.846, 7.858.849 y los documentos WO 1991/14778; WO 1999/31248; WO 2001/12731; WO 1999/24581 y WO 1997/40162.

También pueden acumularse genes que codifican proteínas plaguicidas que incluyen, pero sin limitación: proteínas insecticidas de *Pseudomonas* sp., tales como PSEEN3174 (Monalisina, (2011) PLoS Pathogens, 7:1-13), de *Pseudomonas protegens*, cepa CHAO y Pf-5 (anteriormente *fluorescens*) (Pechy-Tarr, (2008) Environmental Microbiology 10:2368-2386: n.º de referencia de GenBank EU400157); de *Pseudomonas Taiwanensis* (Liu, et al., (2010) J. Agric. Food Chem. 58:12343-12349) y de *Pseudomonas pseudoalcligenes* (Zhang, et al., (2009) Annals of Microbiology 59:45-50 y Li, et al., (2007) Plant Cell Tiss. Organ Cult. 89:159-168); proteínas insecticidas de *Photorhabdus* sp. y *Xenorhabdus* sp. (Hinchliffe, et al., (2010) The Open Toxinology Journal 3:101-118 y Morgan, et

al., (2001) Applied and Envir. Micro. 67:2062-2069), Patente de los Estados Unidos número 6.048.838 y Patente de los Estados Unidos número 6.379.946; un polipéptido de PIP-1 del número de Serie de los Estados Unidos 13792861; polipéptidos AflP-1A y/o AflP-1B del número de serie de los Estados Unidos 13/800233; un polipéptido de PHI-4 del número de serie de los Estados Unidos 13/839702; polipéptidos PIP-47 del número de serie de los Estados Unidos 61/866747; las proteínas insecticidas del número de serie de los Estados Unidos 61/863761 y 61/863763; y δ-endotoxinas que incluyen, pero sin limitación, las clases Cry1, Cry2, Cry3, Cry4, Cry5, Cry6, Cry7, Cry8, Cry9, Cry10, Cry11, Cry12, Cry13, Cry14, Cry15, Cry16, Cry17, Cry18, Cry19, Cry20, Cry21, Cry22, Cry23, Cry24, Cry25, Cry26, Cry27, Cry 28, Cry 29, Cry 30, Cry31, Cry32, Cry33, Cry34, Cry35, Cry36, Cry37, Cry38, Cry39, Cry40, Cry41, Cry42, Cry43, Cry44, Cry45, Cry 46, Cry47, Cry49, Cry 51, Cry52, Cry 53, Cry 54, Cry55, Cry56, Cry57, Cry58, Cry59, Cry60, Cry61, Cry62, Cry63, Cry64, Cry65, Cry66, Cry67, Cry68, Cry69, Cry70 y Cry71 de genes de δ-endotoxina y los genes citolíticos Cyt1 y Cyt2 de *B. thuringiensis*. Los miembros de estas clases de proteínas insecticidas de *B. thuringiensis* incluyen, pero sin limitación, Cry1Aa1 (n.º de registro AAA22353); Cry1Aa2 (n.º de registro AAA22552); Cry1Aa3 (n.º de registro BAA00257); Cry1Aa4 (n.º de registro CAA31886); Cry1Aa5 (n.º de registro BAA04468); Cry1Aa6 (n.º de registro AAA86265); Cry1Aa7 (n.º de registro AAD46139); Cry1Aa8 (n.º de registro 126149); Cry1Aa9 (n.º de registro BAA77213); Cry1Aa10 (n.º de registro AAD55382); Cry1Aa11 (n.º de registro CAA70856); Cry1Aa12 (n.º de registro AAP80146); Cry1Aa13 (n.º de registro AAM44305); Cry1Aa14 (n.º de registro AAP40639); Cry1Aa15 (n.º de registro AAY66993); Cry1Aa16 (n.º de registro HQ439776); Cry1Aa17 (n.º de registro HQ439788); Cry1Aa18 (n.º de registro HQ439790); Cry1Aa19 (n.º de registro HQ685121); Cry1Aa20 (n.º de registro JF340156); Cry1Aa21 (n.º de registro JN651496); Cry1Aa22 (n.º de registro KC158223); Cry1Ab1 (n.º de registro AAA22330); Cry1Ab2 (n.º de registro AAA22613); Cry1Ab3 (n.º de registro AAA22561); Cry1Ab4 (n.º de registro BAA00071); Cry1Ab5 (n.º de registro CAA28405); Cry1Ab6 (n.º de registro AAA22420); Cry1Ab7 (n.º de registro CAA31620); Cry1Ab8 (n.º de registro AAA22551); Cry1Ab9 (n.º de registro CAA38701); Cry1Ab10 (n.º de registro A29125); Cry1Ab11 (n.º de registro 112419); Cry1Ab12 (n.º de registro AAC64003); Cry1Ab13 (n.º de registro AAN76494); Cry1Ab14 (n.º de registro AAG16877); Cry1Ab15 (n.º de registro AAO13302); Cry1Ab16 (n.º de registro AAK55546); Cry1Ab17 (n.º de registro AAT46415); Cry1Ab18 (n.º de registro AAQ88259); Cry1 Ab19 (n.º de registro AAW31761); Cry1Ab20 (n.º de registro ABB72460); Cry1Ab21 (n.º de registro ABS18384); Cry1Ab22 (n.º de registro ABW87320); Cry1Ab23 (n.º de registro HQ439777); Cry1Ab24 (n.º de registro HQ439778); Cry1Ab25 (n.º de registro HQ685122); Cry1Ab26 (n.º de registro HQ847729); Cry1Ab27 (n.º de registro JN135249); Cry1Ab28 (n.º de registro JN135250); Cry1Ab29 (n.º de registro JN135251); Cry1Ab30 (n.º de registro JN135252); Cry1Ab31 (n.º de registro JN135253); Cry1Ab32 (n.º de registro JN135254); Cry1Ab33 (n.º de registro AAS93798); Cry1Ab34 (n.º de registro KC156668); Cry1Ablike (n.º de registro AAK14336); Cry1Ab-like (n.º de registro AAK14337); Cry1Ab-like (n.º de registro AAK14338); Cry1Ablike (n.º de registro ABG88858); Cry1Ac1 (n.º de registro AAA22331); Cry1Ac2 (n.º de registro AAA22338); Cry1Ac3 (n.º de registro CAA38098); Cry1Ac4 (n.º de registro AAA73077); Cry1Ac5 (n.º de registro AAA22339); Cry1Ac6 (n.º de registro AAA86266); Cry1Ac7 (n.º de registro AAB46989); Cry1Ac8 (n.º de registro AAC44841); Cry1Ac9 (n.º de registro AAB49768); Cry1Ac10 (n.º de registro CAA05505); Cry1Ac11 (n.º de registro CAA10270); Cry1Ac12 (n.º de registro 112418); Cry1Ac13 (n.º de registro AAD38701); Cry1Ac14 (n.º de registro AAQ06607); Cry1Ac15 (n.º de registro AAN07788); Cry1Ac16 (n.º de registro AAU87037); Cry1Ac17 (n.º de registro AAX18704); Cry1Ac18 (n.º de registro AAY88347); Cry1Ac19 (n.º de registro ABD37053); Cry1Ac20 (n.º de registro ABB89046); Cry1Ac21 (n.º de registro AAY66992); Cry1Ac22 (n.º de registro ABZ01836); Cry1Ac23 (n.º de registro CAQ30431); Cry1Ac24 (n.º de registro ABL01535); Cry1Ac25 (n.º de registro FJ513324); Cry1Ac26 (n.º de registro FJ617446); Cry1Ac27 (n.º de registro FJ617447); Cry1Ac28 (n.º de registro ACM90319); Cry1Ac29 (n.º de registro DQ438941); Cry1Ac30 (n.º de registro GQ227507); Cry1Ac31 (n.º de registro GU446674); Cry1Ac32 (n.º de registro HM061081); Cry1Ac33 (n.º de registro GQ866913); Cry1Ac34 (n.º de registro HQ230364); Cry1Ac35 (n.º de registro JF340157); Cry1Ac36 (n.º de registro JN387137); Cry1Ac37 (n.º de registro JQ317685); Cry1Ad1 (n.º de registro AAA22340); Cry1Ad2 (n.º de registro CAA01880); Cry1Ae1 (n.º de registro AAA22410); Cry1Af1 (n.º de registro AAB82749); Cry1Ag1 (n.º de registro AAD46137); Cry1Ah1 (n.º de registro AAQ14326); Cry1Ah2 (n.º de registro ABB76664); Cry1Ah3 (n.º de registro HQ439779); Cry1Ai1 (n.º de registro AAO39719); Cry1Ai2 (n.º de registro HQ439780); Cry1A-like (n.º de registro AAK14339); Cry1Ba1 (n.º de registro CAA29898); Cry1Ba2 (n.º de registro CAA65003); Cry1Ba3 (n.º de registro AAK63251); Cry1Ba4 (n.º de registro AAK51084); Cry1Ba5 (n.º de registro ABO20894); Cry1Ba6 (n.º de registro ABL60921); Cry1Ba7 (n.º de registro HQ439781); Cry1Bb1 (n.º de registro AAA22344); Cry1Bb2 (n.º de registro HQ439782); Cry1Bc1 (n.º de registro CAA86568); Cry1Bd1 (n.º de registro AAD10292); Cry1Bd2 (n.º de registro AAM93496); Cry1Be1 (n.º de registro AAC32850); Cry1Be2 (n.º de registro AAQ52387); Cry1Be3 (n.º de registro ACV96720); Cry1Be4 (n.º de registro HM070026); Cry1Bf1 (n.º de registro CAC50778); Cry1Bf2 (n.º de registro AAQ52380); Cry1Bg1 (n.º de registro AAO39720); Cry1Bh1 (n.º de registro HQ589331); Cry1Bi1 (n.º de registro KC156700); Cry1Ca1 (n.º de registro CAA30396); Cry1Ca2 (n.º de registro CAA31951); Cry1Ca3 (n.º de registro AAA22343); Cry1Ca4 (n.º de registro CAA01886); Cry1Ca5 (n.º de registro CAA65457); Cry1Ca6 [1] (n.º de registro AAF37224); Cry1Ca7 (n.º de registro AAG50438); Cry1Ca8 (n.º de registro AAM00264); Cry1Ca9 (n.º de registro AAL79362); Cry1Ca10 (n.º de registro AAN16462); Cry1Ca11 (n.º de registro AAX53094); Cry1Ca12 (n.º de registro HM070027); Cry1Ca13 (n.º de registro HQ412621); Cry1Ca14 (n.º de registro JN651493); Cry1Cb1 (n.º de registro M97880); Cry1Cb2 (n.º de registro AAG35409); Cry1Cb3 (n.º de registro ACD50894); Cry1Cb-like (n.º de registro AAX63901); Cry1Da1 (n.º de registro CAA38099); Cry1Da2 (n.º de registro 176415); Cry1Da3 (n.º de registro HQ439784); Cry1Db1 (n.º de registro CAA80234); Cry1Db2 (n.º de registro AAK48937); Cry1Dc1 (n.º de registro ABK35074); Cry1Ea1 (n.º de registro CAA37933); Cry1Ea2 (n.º de registro CAA39609); Cry1Ea3 (n.º de registro AAA22345); Cry1Ea4 (n.º de registro AAD04732); Cry1Ea5 (n.º de registro A15535); Cry1Ea6 (n.º de registro AAL50330); Cry1Ea7 (n.º de registro AAW72936); Cry1Ea8 (n.º de registro ABX11258); Cry1Ea9 (n.º de registro HQ439785); Cry1Ea10 (n.º de registro ADR00398); Cry1Ea11 (n.º de registro JQ652456); Cry1Eb1 (n.º de registro

AAA22346); Cry1Fa1 (n.º de registro AAA22348); Cry1Fa2 (n.º de registro AAA22347); Cry1Fa3 (n.º de registro HM070028); Cry1Fa4 (n.º de registro HM439638); Cry1Fb1 (n.º de registro CAA80235); Cry1Fb2 (n.º de registro BAA25298); Cry1Fb3 (n.º de registro AAF21767); Cry1Fb4 (n.º de registro AAC10641); Cry1Fb5 (n.º de registro AAO13295); Cry1Fb6 (n.º de registro ACD50892); Cry1Fb7 (n.º de registro ACD50893); Cry1Ga1 (n.º de registro CAA80233); Cry1Ga2 (n.º de registro CAA70506); Cry1Gb1 (n.º de registro AAD10291); Cry1Gb2 (n.º de registro AAO13756); Cry1Gc1 (n.º de registro AAQ52381); Cry1 Ha1 (n.º de registro CAA80236); Cry1Hb1 (n.º de registro AAA79694); Cry1Hb2 (n.º de registro HQ439786); Cry1H-like (n.º de registro AAF01213); Cry1Ia1 (n.º de registro CAA44633); Cry1Ia2 (n.º de registro AAA22354); Cry1Ia3 (n.º de registro AAC36999); Cry1Ia4 (n.º de registro AAB00958); Cry1Ia5 (n.º de registro CAA70124); Cry1Ia6 (n.º de registro AAC26910); Cry1Ia7 (n.º de registro AAM73516); Cry1Ia8 (n.º de registro AAK66742); Cry1Ia9 (n.º de registro AAQ08616); Cry1Ia10 (n.º de registro AAP86782); Cry1Ia11 (n.º de registro CAC85964); Cry1Ia12 (n.º de registro AAV53390); Cry1Ia13 (n.º de registro ABF83202); Cry1Ia14 (n.º de registro ACG63871); Cry1Ia15 (n.º de registro FJ617445); Cry1Ia16 (n.º de registro FJ617448); Cry1Ia17 (n.º de registro GU989199); Cry1Ia18 (n.º de registro ADK23801); Cry1Ia19 (n.º de registro HQ439787); Cry1Ia20 (n.º de registro JQ228426); Cry1Ia21 (n.º de registro JQ228424); Cry1Ia22 (n.º de registro JQ228427); Cry1Ia23 (n.º de registro JQ228428); Cry1Ia24 (n.º de registro JQ228429); Cry1Ia25 (n.º de registro JQ228430); Cry1Ia26 (n.º de registro JQ228431); Cry1 Ia27 (n.º de registro JQ228432); Cry1Ia28 (n.º de registro JQ228433); Cry1Ia29 (n.º de registro JQ228434); Cry1Ia30 (n.º de registro JQ317686); Cry1Ia31 (n.º de registro JX944038); Cry1Ia32 (n.º de registro JX944039); Cry1Ia33 (n.º de registro JX944040); Cry1Ib1 (n.º de registro AAA82114); Cry1Ib2 (n.º de registro ABW88019); Cry1Ib3 (n.º de registro ACD75515); Cry1Ib4 (n.º de registro HM051227); Cry1Ib5 (n.º de registro HM070028); Cry1Ib6 (n.º de registro ADK38579); Cry1Ib7 (n.º de registro JN571740); Cry1Ib8 (n.º de registro JN675714); Cry1Ib9 (n.º de registro JN675715); Cry1Ib10 (n.º de registro JN675716); Cry1Ib11 (n.º de registro JQ228423); Cry1Ic1 (n.º de registro AAC62933); Cry1Ic2 (n.º de registro AAE71691); Cry1Id1 (n.º de registro AAD44366); Cry1Id2 (n.º de registro JQ228422); Cry1Ie1 (n.º de registro AAG43526); Cry1Ie2 (n.º de registro HM439636); Cry1Ie3 (n.º de registro KC156647); Cry1Ie4 (n.º de registro KC156681); Cry1If1 (n.º de registro AAQ52382); Cry1Ig1 (n.º de registro KC156701); Cry1I-like (n.º de registro AAC31094); Cry1I-like (n.º de registro ABG88859); Cry1 Ja1 (n.º de registro AAA22341); Cry1Ja2 (n.º de registro HM070030); Cry1Ja3 (n.º de registro JQ228425); Cry1Jb1 (n.º de registro AAA98959); Cry1Jc1 (n.º de registro AAC31092); Cry1Jc2 (n.º de registro AAQ52372); Cry1Jd1 (n.º de registro CAC50779); Cry1Ka1 (n.º de registro AAB00376); Cry1 Ka2 (n.º de registro HQ439783); Cry1La1 (n.º de registro AAS60191); Cry1La2 (n.º de registro HM070031); Cry1Ma1 (n.º de registro FJ884067); Cry1Ma2 (n.º de registro KC156659); Cry1Na1 (n.º de registro KC156648); Cry1Nb1 (n.º de registro KC156678); Cry1-like (n.º de registro AAC31091); Cry2Aa1 (n.º de registro AAA22335); Cry2Aa2 (n.º de registro AAA83516); Cry2Aa3 (n.º de registro D86064); Cry2Aa4 (n.º de registro AAC04867); Cry2Aa5 (n.º de registro CAA10671); Cry2Aa6 (n.º de registro CAA10672); Cry2Aa7 (n.º de registro CAA10670); Cry2Aa8 (n.º de registro AAO13734); Cry2Aa9 (n.º de registro AAO13750); Cry2Aa10 (n.º de registro AAQ04263); Cry2Aa11 (n.º de registro AAQ52384); Cry2Aa12 (n.º de registro ABI83671); Cry2Aa13 (n.º de registro ABL01536); Cry2Aa14 (n.º de registro ACF04939); Cry2Aa15 (n.º de registro JN426947); Cry2Ab1 (n.º de registro AAA22342); Cry2Ab2 (n.º de registro CAA39075); Cry2Ab3 (n.º de registro AAG36762); Cry2Ab4 (n.º de registro AAO13296); Cry2Ab5 (n.º de registro AAQ04609); Cry2Ab6 (n.º de registro AAP59457); Cry2Ab7 (n.º de registro AAZ66347); Cry2Ab8 (n.º de registro ABC95996); Cry2Ab9 (n.º de registro ABC74968); Cry2Ab10 (n.º de registro EF157306); Cry2Ab11 (n.º de registro CAM84575); Cry2Ab12 (n.º de registro ABM21764); Cry2Ab13 (n.º de registro ACG76120); Cry2Ab14 (n.º de registro ACG76121); Cry2Ab15 (n.º de registro HM037126); Cry2Ab16 (n.º de registro GQ866914); Cry2Ab17 (n.º de registro HQ439789); Cry2Ab18 (n.º de registro JN135255); Cry2Ab19 (n.º de registro JN135256); Cry2Ab20 (n.º de registro JN135257); Cry2Ab21 (n.º de registro JN135258); Cry2Ab22 (n.º de registro JN135259); Cry2Ab23 (n.º de registro JN135260); Cry2Ab24 (n.º de registro JN135261); Cry2Ab25 (n.º de registro JN415485); Cry2Ab26 (n.º de registro JN426946); Cry2Ab27 (n.º de registro JN415764); Cry2Ab28 (n.º de registro JN651494); Cry2Ac1 (n.º de registro CAA40536); Cry2Ac2 (n.º de registro AAG35410); Cry2Ac3 (n.º de registro AAQ52385); Cry2Ac4 (n.º de registro ABC95997); Cry2Ac5 (n.º de registro ABC74969); Cry2Ac6 (n.º de registro ABC74793); Cry2Ac7 (n.º de registro CAL18690); Cry2Ac8 (n.º de registro CAM09325); Cry2Ac9 (n.º de registro CAM09326); Cry2Ac10 (n.º de registro ABN15104); Cry2Ac11 (n.º de registro CAM83895); Cry2Ac12 (n.º de registro CAM83896); Cry2Ad1 (n.º de registro AAF09583); Cry2Ad2 (n.º de registro ABC86927); Cry2Ad3 (n.º de registro CAK29504); Cry2Ad4 (n.º de registro CAM32331); Cry2Ad5 (n.º de registro CA078739); Cry2Ae1 (n.º de registro AAQ52362); Cry2Af1 (n.º de registro ABO30519); Cry2Af2 (n.º de registro GQ866915); Cry2Ag1 (n.º de registro ACH91610); Cry2Ah1 (n.º de registro EU939453); Cry2Ah2 (n.º de registro ACL80665); Cry2Ah3 (n.º de registro GU073380); Cry2Ah4 (n.º de registro KC156702); Cry2Ai1 (n.º de registro FJ788388); Cry2Aj (n.º de registro); Cry2Ak1 (n.º de registro KC156660); Cry2Ba1 (n.º de registro KC156658); Cry3Aa1 (n.º de registro AAA22336); Cry3Aa2 (n.º de registro AAA22541); Cry3Aa3 (n.º de registro CAA68482); Cry3Aa4 (n.º de registro AAA22542); Cry3Aa5 (n.º de registro AAA50255); Cry3Aa6 (n.º de registro AAC43266); Cry3Aa7 (n.º de registro CAB41411); Cry3Aa8 (n.º de registro AAS79487); Cry3Aa9 (n.º de registro AAW05659); Cry3Aa10 (n.º de registro AAU29411); Cry3Aa11 (n.º de registro AAW82872); Cry3Aa12 (n.º de registro ABY49136); Cry3Ba1 (n.º de registro CAA34983); Cry3Ba2 (n.º de registro CAA00645); Cry3Ba3 (n.º de registro JQ397327); Cry3Bb1 (n.º de registro AAA22334); Cry3Bb2 (n.º de registro AAA74198); Cry3Bb3 (n.º de registro 115475); Cry3Ca1 (n.º de registro CAA42469); Cry4Aa1 (n.º de registro CAA68485); Cry4Aa2 (n.º de registro BAA00179); Cry4Aa3 (n.º de registro CAD30148); Cry4Aa4 (n.º de registro AFB18317); Cry4A-like (n.º de registro AAY96321); Cry4Ba1 (n.º de registro CAA30312); Cry4Ba2 (n.º de registro CAA30114); Cry4Ba3 (n.º de registro AAA22337); Cry4Ba4 (n.º de registro BAA00178); Cry4Ba5 (n.º de registro CAD30095); Cry4Ba-like (n.º de registro ABC47686); Cry4Ca1 (n.º de registro EU646202); Cry4Cb1 (n.º de registro FJ403208); Cry4Cb2 (n.º de registro FJ597622); Cry4Cc1 (n.º de registro FJ403207); Cry5Aa1 (n.º de registro

AAA67694); Cry5Ab1 (n.º de registro AAA67693); Cry5Ac1 (n.º de registro 134543); Cry5Ad1 (n.º de registro ABQ82087); Cry5Ba1 (n.º de registro AAA68598); Cry5Ba2 (n.º de registro ABW88931); Cry5Ba3 (n.º de registro AFJ04417); Cry5Ca1 (n.º de registro HM461869); Cry5Ca2 (n.º de registro ZP_04123426); Cry5Da1 (n.º de registro HM461870); Cry5Da2 (n.º de registro ZP_04123980); Cry5Ea1 (n.º de registro HM485580); Cry5Ea2 (n.º de registro ZP_04124038); Cry6Aa1 (n.º de registro AAA22357); Cry6Aa2 (n.º de registro AAM46849); Cry6Aa3 (n.º de registro ABH03377); Cry6Ba1 (n.º de registro AAA22358); Cry7Aa1 (n.º de registro AAA22351); Cry7Ab1 (n.º de registro AAA21120); Cry7Ab2 (n.º de registro AAA21121); Cry7Ab3 (n.º de registro ABX24522); Cry7Ab4 (n.º de registro EU380678); Cry7Ab5 (n.º de registro ABX79555); Cry7Ab6 (n.º de registro ACI44005); Cry7Ab7 (n.º de registro ADB89216); Cry7Ab8 (n.º de registro GU145299); Cry7Ab9 (n.º de registro ADD92572); Cry7Ba1 (n.º de registro ABB70817); Cry7Bb1 (n.º de registro KC156653); Cry7Ca1 (n.º de registro ABR67863); Cry7Cb1 (n.º de registro KC156698); Cry7Da1 (n.º de registro ACQ99547); Cry7Da2 (n.º de registro HM572236); Cry7Da3 (n.º de registro KC156679); Cry7Ea1 (n.º de registro HM035086); Cry7Ea2 (n.º de registro HM132124); Cry7Ea3 (n.º de registro EEM19403); Cry7Fa1 (n.º de registro HM035088); Cry7Fa2 (n.º de registro EEM19090); Cry7Fb1 (n.º de registro HM572235); Cry7Fb2 (n.º de registro KC156682); Cry7Ga1 (n.º de registro HM572237); Cry7Ga2 (n.º de registro KC156669); Cry7Gb1 (n.º de registro KC156650); Cry7Gc1 (n.º de registro KC156654); Cry7Gd1 (n.º de registro KC156697); Cry7Ha1 (n.º de registro KC156651); Cry7Ia1 (n.º de registro KC156665); Cry7Ja1 (n.º de registro KC156671); Cry7Ka1 (n.º de registro KC156680); Cry7Kb1 (n.º de registro BAM99306); Cry7La1 (n.º de registro BAM99307); Cry8Aa1 (n.º de registro AAA21117); Cry8Ab1 (n.º de registro EU044830); Cry8Ac1 (n.º de registro KC156662); Cry8Ad1 (n.º de registro KC156684); Cry8Ba1 (n.º de registro AAA21118); Cry8Bb1 (n.º de registro CAD57542); Cry8Bc1 (n.º de registro CAD57543); Cry8Ca1 (n.º de registro AAA21119); Cry8Ca2 (n.º de registro AAR98783); Cry8Ca3 (n.º de registro EU625349); Cry8Ca4 (n.º de registro ADB54826); Cry8Da1 (n.º de registro BAC07226); Cry8Da2 (n.º de registro BD133574); Cry8Da3 (n.º de registro BD133575); Cry8Db1 (n.º de registro BAF93483); Cry8Ea1 (n.º de registro AAQ73470); Cry8Ea2 (n.º de registro EU047597); Cry8Ea3 (n.º de registro KC855216); Cry8Fa1 (n.º de registro AAT48690); Cry8Fa2 (n.º de registro HQ174208); Cry8Fa3 (n.º de registro AFH78109); Cry8Ga1 (n.º de registro AAT46073); Cry8Ga2 (n.º de registro ABC42043); Cry8Ga3 (n.º de registro FJ198072); Cry8Ha1 (n.º de registro AAW81032); Cry8Ia1 (n.º de registro EU381044); Cry8Ia2 (n.º de registro GU073381); Cry8Ia3 (n.º de registro HM044664); Cry8Ia4 (n.º de registro KC156674); Cry8Ib1 (n.º de registro GU325772); Cry8Ib2 (n.º de registro KC156677); Cry8Ja1 (n.º de registro EU625348); Cry8Ka1 (n.º de registro FJ422558); Cry8Ka2 (n.º de registro ACN87262); Cry8Kb1 (n.º de registro HM123758); Cry8Kb2 (n.º de registro KC156675); Cry8La1 (n.º de registro GU325771); Cry8Ma1 (n.º de registro HM044665); Cry8Ma2 (n.º de registro EEM86551); Cry8Ma3 (n.º de registro HM210574); Cry8Na1 (n.º de registro HM640939); Cry8Pa1 (n.º de registro HQ388415); Cry8Qa1 (n.º de registro HQ441166); Cry8Qa2 (n.º de registro KC152468); Cry8Ra1 (n.º de registro AFP87548); Cry8Sa1 (n.º de registro JQ740599); Cry8Ta1 (n.º de registro KC156673); Cry8-like (n.º de registro FJ770571); Cry8-like (n.º de registro ABS53003); Cry9Aa1 (n.º de registro CAA41122); Cry9Aa2 (n.º de registro CAA41425); Cry9Aa3 (n.º de registro GQ249293); Cry9Aa4 (n.º de registro GQ249294); Cry9Aa5 (n.º de registro JX174110); Cry9Aa like (n.º de registro AAQ52376); Cry9Ba1 (n.º de registro CAA52927); Cry9Ba2 (n.º de registro GU299522); Cry9Bb1 (n.º de registro AAV28716); Cry9Ca1 (n.º de registro CAA85764); Cry9Ca2 (n.º de registro AAQ52375); Cry9Da1 (n.º de registro BAA19948); Cry9Da2 (n.º de registro AAB97923); Cry9Da3 (n.º de registro GQ249293); Cry9Da4 (n.º de registro GQ249297); Cry9Db1 (n.º de registro AAX78439); Cry9Dc1 (n.º de registro KC156683); Cry9Ea1 (n.º de registro BAA34908); Cry9Ea2 (n.º de registro AAO12908); Cry9Ea3 (n.º de registro ABM21765); Cry9Ea4 (n.º de registro ACE88267); Cry9Ea5 (n.º de registro ACF04743); Cry9Ea6 (n.º de registro ACG63872); Cry9Ea7 (n.º de registro FJ380927); Cry9Ea8 (n.º de registro GQ249292); Cry9Ea9 (n.º de registro JN651495); Cry9Eb1 (n.º de registro CAC50780); Cry9Eb2 (n.º de registro GQ249298); Cry9Eb3 (n.º de registro KC156646); Cry9Ec1 (n.º de registro AAC63366); Cry9Ed1 (n.º de registro AAX78440); Cry9Ee1 (n.º de registro GQ249296); Cry9Ee2 (n.º de registro KC156664); Cry9Fa1 (n.º de registro KC156692); Cry9Ga1 (n.º de registro KC156699); Cry9-like (n.º de registro AAC63366); Cry10Aa1 (n.º de registro AAA22614); Cry10Aa2 (n.º de registro E00614); Cry10Aa3 (n.º de registro CAD30098); Cry10Aa4 (n.º de registro AFB18318); Cry10A-like (n.º de registro DQ167578); Cry11Aa1 (n.º de registro AAA22352); Cry11Aa2 (n.º de registro AAA22611); Cry11Aa3 (n.º de registro CAD30081); Cry11Aa4 (n.º de registro AFB18319); Cry11Aa-like (n.º de registro DQ166531); Cry11Ba1 (n.º de registro CAA60504); Cry11Bb1 (n.º de registro AAC97162); Cry11Bb2 (n.º de registro HM068615); Cry12Aa1 (n.º de registro AAA22355); Cry13Aa1 (n.º de registro AAA22356); Cry14Aa1 (n.º de registro AAA21516); Cry14Ab1 (n.º de registro KC156652); Cry15Aa1 (n.º de registro AAA22333); Cry16Aa1 (n.º de registro CAA63860); Cry17Aa1 (n.º de registro CAA67841); Cry18Aa1 (n.º de registro CAA67506); Cry18Ba1 (n.º de registro AAF89667); Cry18Ca1 (n.º de registro AAF89668); Cry19Aa1 (n.º de registro CAA68875); Cry19Ba1 (n.º de registro BAA32397); Cry19Ca1 (n.º de registro AFM37572); Cry20Aa1 (n.º de registro AAB93476); Cry20Ba1 (n.º de registro ACS93601); Cry20Ba2 (n.º de registro KC156694); Cry20-like (n.º de registro GQ144333); Cry21Aa1 (n.º de registro I32932); Cry21Aa2 (n.º de registro I66477); Cry21Ba1 (n.º de registro BAC06484); Cry21Ca1 (n.º de registro JF521577); Cry21Ca2 (n.º de registro KC156687); Cry21Da1 (n.º de registro JF521578); Cry22Aa1 (n.º de registro 134547); Cry22Aa2 (n.º de registro CAD43579); Cry22Aa3 (n.º de registro ACD93211); Cry22Ab1 (n.º de registro AAK50456); Cry22Ab2 (n.º de registro CAD43577); Cry22Ba1 (n.º de registro CAD43578); Cry22Bb1 (n.º de registro KC156672); Cry23Aa1 (n.º de registro AAF76375); Cry24Aa1 (n.º de registro AAC61891); Cry24Ba1 (n.º de registro BAD32657); Cry24Ca1 (n.º de registro CAJ43600); Cry25Aa1 (n.º de registro AAC61892); Cry26Aa1 (n.º de registro AAD25075); Cry27Aa1 (n.º de registro BAA82796); Cry28Aa1 (n.º de registro AAD24189); Cry28Aa2 (n.º de registro AAG00235); Cry29Aa1 (n.º de registro CAC80985); Cry30Aa1 (n.º de registro CAC80986); Cry30Ba1 (n.º de registro BAD00052); Cry30Ca1 (n.º de registro BAD67157); Cry30Ca2 (n.º de registro ACU24781); Cry30Da1 (n.º de registro EF095955); Cry30Db1 (n.º de registro BAE80088); Cry30Ea1 (n.º de registro ACC95445); Cry30Ea2 (n.º de registro FJ499389); Cry30Fa1 (n.º de registro

ACI22625); Cry30Ga1 (n.º de registro ACG60020); Cry30Ga2 (n.º de registro HQ638217); Cry31Aa1 (n.º de registro BAB11757); Cry31Aa2 (n.º de registro AAL87458); Cry31Aa3 (n.º de registro BAE79808); Cry31Aa4 (n.º de registro BAF32571); Cry31Aa5 (n.º de registro BAF32572); Cry31Aa6 (n.º de registro BAI44026); Cry31Ab1 (n.º de registro BAE79809); Cry31Ab2 (n.º de registro BAF32570); Cry31Ac1 (n.º de registro BAF34368); Cry31Ac2 (n.º de registro AB731600); Cry31Ad1 (n.º de registro BAI44022); Cry32Aa1 (n.º de registro AAG36711); Cry32Aa2 (n.º de registro GU063849); Cry32Ab1 (n.º de registro GU063850); Cry32Ba1 (n.º de registro BAB78601); Cry32Ca1 (n.º de registro BAB78602); Cry32Cb1 (n.º de registro KC156708); Cry32Da1 (n.º de registro BAB78603); Cry32Ea1 (n.º de registro GU324274); Cry32Ea2 (n.º de registro KC156686); Cry32Eb1 (n.º de registro KC156663); Cry32Fa1 (n.º de registro KC156656); Cry32Ga1 (n.º de registro KC156657); Cry32Ha1 (n.º de registro KC156661); Cry32Hb1 (n.º de registro KC156666); Cry321a1 (n.º de registro KC156667); Cry32Ja1 (n.º de registro KC156685); Cry32Ka1 (n.º de registro KC156688); Cry32La1 (n.º de registro KC156689); Cry32Ma1 (n.º de registro KC156690); Cry32Mb1 (n.º de registro KC156704); Cry32Na1 (n.º de registro KC156691); Cry320a1 (n.º de registro KC156703); Cry32Pa1 (n.º de registro KC156705); Cry32Qa1 (n.º de registro KC156706); Cry32Ra1 (n.º de registro KC156707); Cry32Sa1 (n.º de registro KC156709); Cry32Ta1 (n.º de registro KC156710); Cry32Ua1 (n.º de registro KC156655); Cry33Aa1 (n.º de registro AAL26871); Cry34Aa1 (n.º de registro AAG50341); Cry34Aa2 (n.º de registro AAK64560); Cry34Aa3 (n.º de registro AAT29032); Cry34Aa4 (n.º de registro AAT29030); Cry34Ab1 (n.º de registro AAG41671); Cry34Ac1 (n.º de registro AAG50118); Cry34Ac2 (n.º de registro AAK64562); Cry34Ac3 (n.º de registro AAT29029); Cry34Ba1 (n.º de registro AAK64565); Cry34Ba2 (n.º de registro AAT29033); Cry34Ba3 (n.º de registro AAT29031); Cry35Aa1 (n.º de registro AAG50342); Cry35Aa2 (n.º de registro AAK64561); Cry35Aa3 (n.º de registro AAT29028); Cry35Aa4 (n.º de registro AAT29025); Cry35Ab1 (n.º de registro AAG41672); Cry35Ab2 (n.º de registro AAK64563); Cry35Ab3 (n.º de registro AY536891); Cry35Ac1 (n.º de registro AAG50117); Cry35Ba1 (n.º de registro AAK64566); Cry35Ba2 (n.º de registro AAT29027); Cry35Ba3 (n.º de registro AAT29026); Cry36Aa1 (n.º de registro AAK64558); Cry37Aa1 (n.º de registro AAF76376); Cry38Aa1 (n.º de registro AAK64559); Cry39Aa1 (n.º de registro BAB72016); Cry40Aa1 (n.º de registro BAB72018); Cry40Ba1 (n.º de registro BAC77648); Cry40Ca1 (n.º de registro EU381045); Cry40Da1 (n.º de registro ACF15199); Cry41Aa1 (n.º de registro BAD35157); Cry41Ab1 (n.º de registro BAD35163); Cry41Ba1 (n.º de registro HM461871); Cry41Ba2 (n.º de registro ZP_04099652); Cry42Aa1 (n.º de registro BAD35166); Cry43Aa1 (n.º de registro BAD15301); Cry43Aa2 (n.º de registro BAD95474); Cry43Ba1 (n.º de registro BAD15303); Cry43Ca1 (n.º de registro KC156676); Cry43Cb1 (n.º de registro KC156695); Cry43Cc1 (n.º de registro KC156696); Cry43-like (n.º de registro BAD15305); Cry44Aa (n.º de registro BAD08532); Cry45Aa (n.º de registro BAD22577); Cry46Aa (n.º de registro BAC79010); Cry46Aa2 (n.º de registro BAG68906); Cry46Ab (n.º de registro BAD35170); Cry47Aa (n.º de registro AAY24695); Cry48Aa (n.º de registro CAJ18351); Cry48Aa2 (n.º de registro CAJ86545); Cry48Aa3 (n.º de registro CAJ86546); Cry48Ab (n.º de registro CAJ86548); Cry48Ab2 (n.º de registro CAJ86549); Cry49Aa (n.º de registro CAH56541); Cry49Aa2 (n.º de registro CAJ86541); Cry49Aa3 (n.º de registro CAJ86543); Cry49Aa4 (n.º de registro CAJ86544); Cry49Ab1 (n.º de registro CAJ86542); Cry50Aa1 (n.º de registro BAE86999); Cry50Ba1 (n.º de registro GU446675); Cry50Ba2 (n.º de registro GU446676); Cry51Aa1 (n.º de registro ABI14444); Cry51Aa2 (n.º de registro GU570697); Cry52Aa1 (n.º de registro EF613489); Cry52Ba1 (n.º de registro FJ361760); Cry53Aa1 (n.º de registro EF633476); Cry53Ab1 (n.º de registro FJ361759); Cry54Aa1 (n.º de registro ACA52194); Cry54Aa2 (n.º de registro GQ140349); Cry54Ba1 (n.º de registro GU446677); Cry55Aa1 (n.º de registro ABW88932); Cry54Ab1 (n.º de registro JQ916908); Cry55Aa2 (n.º de registro AAE33526); Cry56Aa1 (n.º de registro ACU57499); Cry56Aa2 (n.º de registro GQ483512); Cry56Aa3 (n.º de registro JX025567); Cry57Aa1 (n.º de registro ANC87261); Cry58Aa1 (n.º de registro ANC87260); Cry59Ba1 (n.º de registro JN790647); Cry59Aa1 (n.º de registro ACR43758); Cry60Aa1 (n.º de registro ACU24782); Cry60Aa2 (n.º de registro EA057254); Cry60Aa3 (n.º de registro EEM99278); Cry60Ba1 (n.º de registro GU810818); Cry60Ba2 (n.º de registro EA057253); Cry60Ba3 (n.º de registro EEM99279); Cry61Aa1 (n.º de registro HM035087); Cry61Aa2 (n.º de registro HM132125); Cry61Aa3 (n.º de registro EEM19308); Cry62Aa1 (n.º de registro HM054509); Cry63Aa1 (n.º de registro BAI44028); Cry64Aa1 (n.º de registro BAJ05397); Cry65Aa1 (n.º de registro HM461868); Cry65Aa2 (n.º de registro ZP_04123838); Cry66Aa1 (n.º de registro HM485581); Cry66Aa2 (n.º de registro ZP_04099945); Cry67Aa1 (n.º de registro HM485582); Cry67Aa2 (n.º de registro ZP_04148882); Cry68Aa1 (n.º de registro HQ113114); Cry69Aa1 (n.º de registro HQ401006); Cry69Aa2 (n.º de registro JQ821388); Cry69Ab1 (n.º de registro JN209957); Cry70Aa1 (n.º de registro JN646781); Cry70Ba1 (n.º de registro AD051070); Cry70Bb1 (n.º de registro EEL67276); Cry71Aa1 (n.º de registro JX025568); Cry72Aa1 (n.º de registro JX025569).

Los ejemplos de δ-endotoxinas también incluyen, pero sin limitación, las proteínas Cry1A de las Patentes de los Estados Unidos n.º 5.880.275, 7.858.849, 8.530.411, 8.575.433 y 8.686.233; una toxina DIG-3 o DIG-11 (variantes de eliminación N-terminal de la α-hélice 1 y/o α-hélice 2 de proteínas cry, tales como Cry1A, Cry3A) de las Patentes de los Estados Unidos n.º 8.304.604, 8.304,605 y 8.476.226; Cry1 B de la Solicitud de Patente de los Estados Unidos con n.º de serie 10/525.318; Cry1C de la Patente de los Estados Unidos n.º 6.033.874; Cry1F de las Patentes de los Estados Unidos n.º 5.188.960 y 6.218.188; quimeras de Cry1A/F de las Patentes de los Estados Unidos n.º 7.070.982; 6.962.705 y 6.713.063); una proteína Cry2, tal como la proteína Cry2Ab de la Patente de los Estados Unidos n.º 7.064.249); una proteína Cry3A que incluye, pero sin limitación, una proteína insecticida híbrida modificada por ingeniería genética (eHIP) creada fusionando combinaciones únicas de regiones variables y bloques conservados de al menos dos proteínas Cry diferentes (Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2010/0017914); una proteína Cry4; una proteína Cry5; una proteína Cry6; proteínas Cry8 de las Patentes de los Estados Unidos n.º 7.329.736, 7.449.552, 7.803.943, 7.476.781, 7.105.332, 7.378.499 y 7.462.760; una proteína Cry9, tal como miembros de las familias Cry9A, Cry9B, Cry9C, Cry9D, Cry9E y Cry9F, incluyendo, pero sin limitación, la proteína Cry9D de la Patente de los Estados Unidos n.º 8.802.933 y la proteína Cry9B de la Patente de los Estados Unidos n.º 8.802.934; una proteína Cry15 de Naimov, et al., (2008) Applied and Environmental Microbiology, 74:7145-7151; una Cry22, una

proteína Cry34Ab1 de las Patentes de los Estados Unidos n.º 6.127.180, 6.624.145 y 6.340.593; una proteína CryET33 y cryET34 de las Patentes de los Estados Unidos n.º 6.248.535, 6.326.351, 6.399.330, 6.949.626, 7.385.107 y 7.504.229; una CryET33 y homólogos de CryET34 de las Publicaciones de Patente de los Estados Unidos n.º 2006/0191034, 2012/0278954 y la Publicación PCT n.º WO 2012/139004; una proteína Cry35Ab1 de las Patentes de los Estados Unidos n.º 6.083.499, 6.548.291 y 6.340.593; una proteína Cry46, una proteína Cry 51, una toxina binaria Cry; una TIC901 o una toxina relacionada; TIC807 de la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2008/0295207; ET29, ET37, TIC809, TIC810, TIC812, TIC127, TIC128 del documento PCT US 2006/033867; toxinas TIC853 de la Patente de los Estados Unidos 8.513.494, AXMI-027, AXMI-036 y AXMI-038 de la Patente de los Estados Unidos n.º 8.236.757; AXMI-031, AXMI-039, AXMI-040, AXMI-049 de la Patente de los Estados Unidos n.º 7.923.602; AXMI-018, AXMI-020 y AXMI-021 del documento WO 2006/083891; AXMI-010 del documento WO 2005/038032; AXMI-003 del documento WO 2005/021585; AXMI-008 de la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2004/0250311; AXMI-006 de la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2004/0216186; AXMI-007 de la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2004/0210965; AXMI-009 de la Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2004/0210964; AXMI-014 de la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2004/0197917; AXMI-004 de la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2004/0197916; AXMI-028 y AXMI-029 del documento WO 2006/119457; AXMI-007, AXMI-008, AXMI-0080rf2, AXMI-009, AXMI-014 y AXMI-004 del documento WO 2004/074462; AXMI-150 de la Patente de los Estados Unidos n.º 8.084.416; AXMI-205 de la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2011/0023184; AXMI-011, AXMI-012, AXMI-013, AXMI-015, AXMI-019, AXMI-044, AXMI-037, AXMI-043, AXMI-033, AXMI-034, AXMI-022, AXMI-023, AXMI-041, AXMI-063 y AXMI-064 de la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2011/0263488; AXMI-R1 y proteínas relacionadas de la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2010/0197592; AXMI221Z, AXMI222z, AXMI223z, AXMI224z y AXMI225z del documento WO 2011/103248; AXMI218, AXMI219, AXMI220, AXMI226, AXMI227, AXMI228, AXMI229, AXMI230 y AXMI231 del documento WO 2011/103247 y de la Patente de los Estados Unidos n.º 8.759.619; AXMI-115, AXMI-113, AXMI-005, AXMI-163 y AXMI-184 de la Patente de los Estados Unidos n.º 8.334.431; AXMI-001, AXMI-002, AXMI-030, AXMI-035 y AXMI-045 de la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2010/0298211; AXMI-066 y AXMI-076 de la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2009/0144852; AXMI128, AXMI130, AXMI131, AXMI133, AXMI140, AXMI141, AXMI142, AXMI143, AXMI144, AXMI146, AXMI148, AXMI149, AXMI152, AXMI153, AXMI154, AXMI155, AXMI156, AXMI157, AXMI158, AXMI162, AXMI165, AXMI166, AXMI167, AXMI168, AXMI169, AXMI170, AXM 1171, AXMI172, AXMI173, AXMI174, AXMI175, AXMI176, AXMI177, AXMI178, AXMI179, AXMI180, AXMI181, AXMI182, AXMI185, AXMI186, AXMI187, AXMI188, AXMI189 de la Patente de los Estados Unidos n.º 8.318.900; AXMI079, AXMI080, AXMI081, AXMI082, AXMI091, AXMI092, AXMI096, AXMI097, AXMI098, AXMI099, AXMI100, AXMI101, AXMI102, AXMI103, AXMI104, AXMI107, AXMI108, AXMI109, AXMI110, AXMI111, AXMI112, AXMI114, AXMI116, AXMI117, AXMI118, AXMI119, AXMI120, AXMI121, AXMI122, AXMI123, AXMI124, AXMI1257, AXMI1268, AXMI127, AXMI129, AXMI164, AXMI151, AXMI161, AXMI183, AXMI132, AXMI138, AXMI137 de la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2010/0005543, AXMI270 de la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos US20140223598, AXMI279 de la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos US20140223599, proteínas cry, tales como Cry1A y Cry3A que tienen sitios proteolíticos modificados de la Patente de los Estados Unidos n.º 8.319.019; una proteína toxina Cry1Ac, Cry2Aa y Cry1Ca de *Bacillus thuringiensis* cepa VBTS 2528 de la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2011/0064710. Los expertos en la materia conocen bien otras proteínas Cry (véase, Crickmore, et al., "Bacillus thuringiensis toxin nomenclature" (2011), en lifesci.sussex.ac.uk/home/Neil_Crickmore/Bt/ que puede consultarse en Internet usando el prefijo "www"). La actividad insecticida de las proteínas Cry es de sobra conocida por los expertos en la materia (para una revisión, véase, van Frannkenhuyzen, (2009) J. Invert. Path. 101:1-16). Es bien conocido por los expertos en la materia el uso de proteínas Cry como rasgos de plantas transgénicas y las plantas transgénicas para Cry incluyen, pero sin limitación, plantas que expresan Cry1Ac, Cry1Ac+Cry2Ab, Cry1Ab, Cry1A.105, Cry1F, Cry1Fa2, Cry1F+Cry1Ac, Cry2Ab, Cry3A, mCry3A, Cry3Bb1, Cry34Ab1, Cry35Ab1, Vip3A, mCry3A, Cry9c y CBI-Bt que han recibido la aprobación por las autoridades reguladoras (véase, Sanahuja, (2011) Plant Biotech Journal 9:283-300 y CERA (2010) GM Crop Database Center for Environmental Risk Assessment (CERA), I LSI Research Foundation, Washington D.C. en cera-gmc.org/index.php?action=gm_crop_database, que puede consultarse en Internet usando el prefijo "www"). También puede expresarse en plantas más de una proteína plaguicida bien conocida por los expertos en la materia, tales como Vip3Ab y Cry1Fa (documento US2012/0317682); Cry1BE y Cry1F(documento US2012/0311746); Cry1CA y Cry1AB (documento US2012/0311745);Cry1F y CryCa (documento US2012/0317681); Cry1DA y Cry1BE (documento US2012/0331590); Cry1DA y Cry1Fa (documento US2012/0331589); Cry1AB y Cry1BE (documento US2012/0324606); Cry1Fa y Cry2Aa y Cry1I y Cry1E (documento US2012/0324605); Cry34Ab/35Ab y Cry6Aa (documento US20130167269); Cry34Ab/VCry35Ab y Cry3Aa (documento US20130167268); Cry1Ab y Cry1F (documento US20140182018); y Cry3A y Cry1Ab o Vip3Aa (documento US20130116170). Las proteínas plaguicidas también incluyen lipasas insecticidas que incluyen acil hidrolasas de lípidos de la Patente de los Estados Unidos n.º 7.491.869 y colesterol oxidasas, tal como de *Streptomyces* (Purcell et al. (1993) Biochem Biophys Res Commun 15:1406-1413). Las proteínas plaguicidas también incluyen toxinas VIP (proteínas insecticidas vegetales) de las Patentes de los Estados Unidos n.º 5.877.012, 6.107.279, 6.137.033, 7.244.820, 7.615.686 y 8.237.020 y similares. Los expertos en la materia conocen bien otras proteínas VIP (véase, lifesci.sussex.ac.uk/home/Neil_Crickmore/Bt/vip.html que puede consultarse en Internet usando el prefijo "www"). Las proteínas plaguicidas también incluyen proteínas del complejo de toxinas (TC, por sus siglas en inglés), que se pueden obtener de organismos tales como *Xenorhabdus*, *Photorhabdus* y *Paenibacillus* (véanse, las Patentes de los Estados Unidos n.º 7.491.698 y 8.084.418). Algunas proteínas TC tienen actividad insecticida "individual" y otras proteínas TC

potencian la actividad de las toxinas individuales por medio del mismo mecanismo dado. La toxicidad de una proteína TC "individual" (de *Photorhabdus, Xenorhabdus* o *Paenibacillus,* por ejemplo) puede potenciarse mediante uno o más "potenciadores" de proteína TC procedentes de un organismo fuente de un género diferente. Existen tres tipos principales de proteínas TC. Como se cita en el presente documento, las proteínas de clase A ("Proteína A") son toxinas individuales. Las proteínas de clase B ("Proteína B") y las proteínas de clase C ("Proteína C") potencian la toxicidad de las proteínas de clase A. Los ejemplos de proteínas de clase A son TcbA, TcdA, XptA1 y XptA2. Los ejemplos de proteínas de clase B son TcaC, TcdB, XptB1Xb y XptC1Wi. Los ejemplos de proteínas de clase C son TccC, XptC1Xb y XptB1Wi. Las proteínas plaguicidas también incluyen proteínas del veneno de araña, serpiente y escorpión. Los ejemplos de péptidos de veneno de araña incluyen, pero sin limitación, péptidos de licotoxina-1 y mutantes de los mismos (Patente de los Estados Unidos n.º 8.334.366).

(C) Un polinucleótido que codifica una hormona o feromona específica de insecto, tal como ecdisteroide y hormona juvenil, una variante de las mismas, un mimético basado en las mismas o un antagonista o agonista de las mismas. Véase, por ejemplo, la divulgación de Hammock, et al., (1990) Nature 344:458, acerca de la expresión con baculovirus de esterasa de hormona juvenil clonada, un inactivador de la hormona juvenil.

(D) Un polinucleótido que codifica un péptido específico de insecto que, tras la expresión, altera la fisiología de la plaga afectada. Por ejemplo, véanse las divulgaciones de, Regan, (1994) J. Biol. Chem. 269:9 (la clonación de expresión proporciona ADN para el receptor de hormona diurética de insectos); Pratt, et al., (1989) Biochem. Biophys. Res. Comm. 163:1243 (se identifica una alostatina en *Dipioptera puntata*), Chattopadhyay, et al., (2004) Critical Reviews in Microbiology 30(1):33-54; Zjawiony, (2004) J Nat Prod 67(2):300-310; Carlini y Grossi-de-Sa, (2002) Toxicon 40(11):1515-1539; Ussuf, et al., (2001) Curr Sci. 80(7):847-853 y Vasconcelos y Oliveira, (2004) Toxicon 44(4):385-403. Véase también, la Patente de los Estados Unidos n.º 5.266.317 concedida a Tomalski, et al., que divulga genes que codifican toxinas específicas para insectos.

(E) Un polinucleótido que codifica una enzima responsable para una hiperacumulación de un monoterpeno, un sesquiterpeno, un esteroide, ácido hidroxámico, un derivado fenilpropanoide u otra molécula no proteica con actividad insecticida.

(F) Un polinucleótido que codifica una enzima implicada en la modificación, incluyendo la modificación postraduccional, de una molécula biológicamente activa; por ejemplo, una enzima glucolítica, una enzima proteolítica, una enzima lipolítica, una nucleasa, una ciclasa, una transaminasa, una esterasa, una hidrolasa, una fosfatasa, una cinasa, una fosforilasa, una polimerasa, una elastasa, una quitinasa y una glucanasa, ya sean naturales o sintéticas. Véase, la Solicitud PCT WO 1993/02197 a nombre de Scott, *et al.,* que divulga la secuencia de nucleótidos de un gen de acallasa. Pueden obtenerse moléculas de ADN que contienen secuencias codificantes de quitinasa, por ejemplo, de la ATCC® con los números de registro 39637 y 67152. Véase también, Kramer, et al., (1993) Insect Biochem. Molec. Biol. 23:691, que enseña la secuencia de nucleótidos de un ADNc que codifica quitinasa del gusano del tabaco y Kawalleck, et al., (1993) Plant Molec. Biol. 21:673, que proporciona la secuencia de nucleótidos del gen de poliubiquitina ubi4-2 del perejil y las Patentes de los Estados Unidos n.º 6.563.020; 7.145.060 y 7.087.810.

(G) Un polinucleótido que codifica una molécula que estimula la transducción de señales. Por ejemplo, véase la divulgación de Botella, et al., (1994) Plant Molec. Biol. 24:757, de secuencias de nucleótidos para clones de ADNc de calmodulina de frijol mungo y Griess, et al., (1994) Plant Physiol. 104:1467, que proporciona la secuencia de nucleótidos de un clon de ADNc de calmodulina de maíz.

(H) Un polinucleótido que codifica un péptido con momento hidrófobo. Véanse, la Solicitud PCT WO 1995/16776 y la Patente de los Estados Unidos n.º 5.580.852 que divulgan derivados peptídicos de taquiplesina que inhiben patógenos fúngicos de plantas) y la solicitud PCT 1995/18855 y la Patente de los Estados Unidos n.º 5.607.914 (que enseña péptidos antimicrobianos que confieren resistencia a enfermedades).

(I) Un polinucleótido que codifica una permeasa de membranas, un formador de canales o un bloqueador de canales. Por ejemplo, véase la divulgación de Jaynes, et al., (1993) Plant Sci. 89:43, acerca de la expresión heteróloga de un análogo peptídico lítico de cecropina-beta para hacer que las plantas de tabaco transgénicas sean resistentes a *Pseudomonas solanacearum*.

(J) Un gen que codifica una proteína invasiva vírica o una toxina compleja derivada de la misma. Por ejemplo, la acumulación de proteínas de la envuelta vírica en células vegetales transformadas confiere resistencia a la infección vírica y/o el desarrollo de enfermedades causadas por el virus del que procede la proteína de la envuelta, así como por virus relacionados. Véase, Beachy, et al., (1990) Ann. Rev. Phytopathol. 28:451. Se ha conferido resistencia mediada por proteínas de la envuelta en plantas transformadas contra el virus del mosaico de la alfalfa, el virus del mosaico del pepino, el virus del rayado del tabaco, el virus X de la patata, el virus Y de la patata, el virus del grabado del tabaco, el virus del cascabel del tabaco y el virus del mosaico del tabaco. *Id.*

(K) Un gen que codifica un anticuerpo específico de insecto o una inmunotoxina procedente del mismo. Por lo tanto, un anticuerpo dirigido a una función metabólica crítica en el intestino del insecto podría inactivar una enzima afectada, eliminando al insecto. Véase Taylor, et al., Resumen n.º 497, SEVENTH INT' L SYMPOSIUM ON MOLECULAR PLANT-MICROBE INTERACTIONS (Edimburgo, Escocia, 1994) (inactivación enzimática en tabaco transgénico mediante la producción de fragmentos de anticuerpo monocatenarios).

(L) Un gen que codifica un anticuerpo específico para un virus. Véase, por ejemplo, Tavladoraki, et al., (1993) Nature 366:469, que demuestran que las plantas transgénicas que expresan genes de anticuerpo recombinantes están protegidas frente al ataque por virus.

(M) Un polinucleótido que codifica una proteína que detiene el desarrollo producida en la naturaleza por un patógeno o un parásito. Por lo tanto, las endo alfa-1,4-D-poligalacturonasas fúngicas facilitan la colonización

fúngica y la liberación de nutrientes vegetales solubilizando la homo-alfa-1,4-D-galacturonasa de la pared celular vegetal. Véase, Lamb, et al., (1992) Bio/Technology 10:1436. La clonación y caracterización de un gen que codifica una proteína inhibidora de endopoligalacturonasa de alubia se describe en Toubart, et al., (1992) Plant J. 2:367.

(N) Un polinucleótido que codifica una proteína que detiene el desarrollo producida en la naturaleza por una planta. Por ejemplo, Logemann, et al., (1992) Bio/Technology 10:305, han demostrado que plantas transgénicas que expresan el gen inactivador de ribosomas de cebada tienen una resistencia aumentada a la enfermedad fúngica.

(O) Genes implicados en la respuesta de resistencia sistémica adquirida (SAR) y/o genes relacionados con la patogénesis. Briggs, (1995) Current Biology 5(2), Pieterse y Van Loon, (2004) Curr. Opin. Plant Bio. 7(4):456-64 y Somssich, (2003) Cell 113(7):815-6.

(P) Genes antifúngicos (Cornelissen y Melchers, (1993) PI. Physiol. 101:709-712 y Parijs, et al., (1991) Planta 183:258-264 y Bushnell, et al., (1998) Can. J. of Plant Path. 20(2): 137-149. Véanse también las Solicitudes de Patente de los Estados Unidos con n.º de serie 09/950.933; 11/619.645; 11/657.710; 11/748.994; 11/774.121 y las Patentes de los Estados Unidos n.º 6.891.085 y 7.306.946. Cinasas similares a receptor LysM para la percepción de fragmentos de quitina como una primera etapa en la respuesta de defensa de las plantas contra patógenos fúngicos (documento US 2012/0110696).

(Q) Genes de detoxificación, tal como para fumonisina, beauvericina, moniliformina y zearalenona y sus derivados relacionados estructuralmente. Por ejemplo, véanse, las Patentes de los Estados Unidos n.º 5.716.820; 5.792.931; 5.798.255; 5.846.812; 6.083.736; 6.538.177; 6.388.171 y 6.812.380.

(R) Un polinucleótido que codifica una cistatina e inhibidores de cisteína proteinasa. Véase, la Patente de los Estados Unidos n.º 7.205.453.

(S) Genes de defensina. Véanse, el documento WO 2003/000863 y las Patentes de los Estados Unidos n.º 6.911.577; 6.855.865; 6.777.592 y 7.238.781.

(T) Genes que confieren resistencia a los nematodos. Véanse, por ejemplo, la Publicación PCT WO 1996/30517; la Publicación PCT WO 1993/19181, WO 2003/033651 y Urwin, et al., (1998) Planta 204:472-479, Williamson, (1999) Curr Opin Plant Bio. 2(4):327-31; las Patentes de los Estados Unidos n.º 6.284.948 y 7.301.069 y genes de miR164 (documento WO 2012/058266).

(U) Genes que confieren resistencia a la podredumbre de la raíz de *Phytophthora*, tales como Rps 1, Rps 1-a, Rps 1-b, Rps 1-c, Rps 1-d, Rps 1-e, Rps 1-k, Rps 2, Rps 3-a, Rps 3-b, Rps 3-c, Rps 4, Rps 5, Rps 6, Rps 7 y otros genes Rps. Véase, por ejemplo, Shoemaker, et al., Phytophthora Root Rot Resistance Gene Mapping in Soybean, Plant Genome IV Conference, San Diego, Calif. (1995).

(V) Genes que confieren resistencia a la podredumbre parda del tallo, tales como los descritos en la Patente de los Estados Unidos n.º 5.689.035.

(W) Genes que confieren resistencia a *Colletotrichum*, tales como los descritos en la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos US 2009/0035765. Esto incluye el locus de Reg, que puede utilizarse como una conversión de un solo locus.

2. Transgenes que confieren resistencia a un herbicida, por ejemplo:

(A) Un polinucleótido que codifica resistencia a un herbicida que inhibe el punto de crecimiento o meristemo, tal como una imidazolinona o una sulfonilurea. Los genes ejemplares en esta categoría codifican ALS mutante y la enzima AHAS, como se describen, por ejemplo, por Lee, et al., (1988) EMBO J. 7:1241 y Miki, et al., (1990) Theor. Appl. Genet. 80:449, respectivamente. Véanse también, las Patentes de los Estados Unidos n.º 5.605.011; 5.013.659; 5.141.870; 5.767.361; 5.731.180; 5.304.732; 4.761.373; 5.331.107; 5.928.937 y 5.378.824; la Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 11/683.737 y la Publicación Internacional WO 1996/33270.

(B) Un polinucleótido que codifica una proteína de resistencia al glifosato (resistencia conferida por genes mutantes de 5-enolpiruvil-3-fosfoshikimato sintasa (EPSP) y genes aroA, respectivamente) y otros compuestos de fosfono, tales como el glufosinato (fosfinotricina acetil transferasa (PAT) (bar) de *Streptomyces hygroscopicus*) y ácidos piridinoxi o fenoxi propiónicos y ciclohexonas (genes codificantes de inhibidor de ACCasa). Véase, por ejemplo, la Patente de los Estados Unidos n.º 4.940.835 concedida a Shah, et al., que divulga la secuencia de nucleótidos de una forma de EPSPS que puede conferir resistencia al glifosato. La Patente de los Estados Unidos n.º 5.627.061 concedida a Barry, et al., también describe genes que codifican enzimas EPSPS. Véanse también, las Patentes de los Estados Unidos n.º 6.566.587; 6.338.961; 6.248.876 B1; 6.040.497; 5.804.425; 5.633.435; 5.145.783; 4.971.908; 5.312.910; 5.188.642; 5.094.945, 4.940.835; 5.866.775; 6.225.114 B1; 6.130.366; 5.310.667; 4.535.060; 4.769.061; 5.633.448; 5.510.471; Re. 36.449; RE 37.287 E y 5.491.288 y las Publicaciones Internacionales EP 1173580; WO 2001/66704; EP 1173581 y EP 1173582. La resistencia al glifosato también se confiere a plantas que expresan un gen que codifica una enzima glifosato oxido-reductasa, como se describe en más detalle en las Patentes de los Estados Unidos n.º 5.776.760 y 5.463.175. Además, la resistencia al glifosato puede conferirse a plantas mediante la sobreexpresión de genes que codifican glifosato N-acetiltransferasa. Véanse, por ejemplo, las Patentes de los Estados Unidos n.º 7.462.481; 7.405.074 y la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º US 2008/0234130. Puede obtenerse una molécula de ADN que codifica un gen aroA mutante con el n.º de registro de la ATCC® 39256 y la secuencia de nucleótidos del gen mutante se divulga en la Patente de los Estados Unidos n.º 4.769.061 concedida a Comai. La Solicitud EP n.º 0 333 033 concedida a Kumada, et al., y la Patente de los Estados Unidos n.º 4.975.374 concedida a Goodman, et al., divulgan secuencias de nucleótidos de genes de glutamina sintetasa que confieren resistencia a herbicidas, tales como L-fosfinotricina. Se proporciona la secuencia de nucleótidos de un gen de fosfinotricina-acetil-transferasa en las Solicitudes EP n.º 0 242 246 y 0 242 236 concedidas a Leemans, et al.; De Greef, et al., (1989) Bio/Technology 7:61, describen la

producción de plantas transgénicas que expresan genes bar quiméricos que codifican actividad fosfinotricina acetil transferasa. Véanse también, las Patentes de los Estados Unidos n.º 5.969.213; 5.489.520; 5.550.318; 5.874.265; 5.919.675; 5.561.236; 5.648.477; 5.646.024; 6.177.616 B1 y 5.879.903. Los genes ejemplares que confieren resistencia a los ácidos fenoxi propiónicos y ciclohexonas, tales como setoxidim y haloxifop, son los genes Acc1-S1, Acc1-S2 y Acc1-S3 descritos por Marshall, et al., (1992) Theor. Appl. Genet. 83:435.

(C) Un polinucleótido que codifica una proteína para resistencia a herbicidas que inhiben la fotosíntesis, tales como una triazina (genes psbA y gs+) y un benzonitrilo (gen de nitrilasa). Przibilla, et al., (1991) Plant Cell 3:169, describen la transformación de *Chlamydomonas* con plásmidos que codifican genes psbA mutantes. Se divulgan secuencias de nucleótidos para genes de nitrilasa en la Patente de los Estados Unidos n.º 4.810.648 concedida a Stalker y se encuentran disponibles moléculas de ADN que contienen estos genes con los números de registro de la ATCC® 53435, 67441 y 67442. Se describe la clonación y expresión de ADN que codifica una glutatión S-transferasa por Hayes, et al., (1992) Biochem. J. 285:173.

(D) Un polinucleótido que codifica una proteína para resistencia a la acetohidroxi ácido sintasa, que se ha observado que produce plantas que expresan esta enzima resistentes a múltiples tipos de herbicidas, se ha introducido en una variedad de plantas (véase, por ejemplo, Hattori, et al., (1995) Mol Gen Genet. 246:419). Otros genes que confieren resistencia a los herbicidas incluyen: un gen que codifica una proteína quimérica de citocromo P4507A1 de rata y NADPH-citocromo P450 oxidorreductasa de levadura (Shiota, et al., (1994) Plant Physiol 106:17), genes para glutatión reductasa y superóxido dismutasa (Aono, et al., (1995) Plant Cell Physiol 36:1687) y genes para diversas fosfotransferasas (Datta, et al., (1992) Plant Mol Biol 20:619).

(E) Un polinucleótido que codifica resistencia a un herbicida que se dirige a protoporfirinógeno oxidasa (protox), que es necesaria para la producción de clorofila. La enzima protox sirve como diana para una variedad de compuestos herbicidas. Estos herbicidas también inhiben el crecimiento de todas las diferentes especies de plantas presentes, provocando su total destrucción. El desarrollo de plantas que contienen actividad de protox alterada que son resistentes a estos herbicidas se describen en las Patentes de los Estados Unidos n.º 6.288.306 B1; 6.282.837 B1 y 5.767.373 y la Publicación Internacional WO 2001/12825.

(F) El gen aad-1 (originalmente de *Sphingobium herbicidovorans*) codifica la proteína ariloxialcanoato dioxigenasa (AAD-1). El rasgo confiere tolerancia a los herbicidas de ácido 2,4-diclorofenoxiacético y al ariloxifenoxipropionato (comúnmente citados herbicidas "fop", tales como quizalofop). El gen aad-1, en sí mismo, para la tolerancia a herbicidas se divulgó originariamente en el documento WO 2005/107437 (véase también el documento US 2009/0093366). El gen aad-12, procedente de *Delftia acidovorans*, que codifica la proteína ariloxialcanoato dioxigenasa (AAD-12) que confiere tolerancia a los herbicidas de ácido 2,4-diclorofenoxiacético y piridiloxiacetato mediante la desactivación de varios herbicidas con un resto de ariloxialcanoato, incluyendo fenoxi auxina (por ejemplo, 2,4-D, MCPA), así como piridiloxi auxinas (por ejemplo, fluroxipir, triclopir).

(G) Un polinucleótido que codifica una dicamba monooxigenasa resistente a herbicidas divulgada en la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos 2003/0135879 para conferir tolerancia a dicamba;

(H) Una molécula de polinucleótido que codifica bromoxinil nitrilasa (Bxn) divulgada en la Patente de los Estados Unidos n.º 4.810.648 para conferir tolerancia al bromoxinil;

(I) Una molécula de polinucleótido que codifica fitoeno (crtl) descrita en Misawa, et al., (1993) Plant J. 4:833-840 y en Misawa, et al., (1994) Plant J. 6:481-489 para la tolerancia al norflurazol.

3. Transgenes que confieren o contribuyen a características alteradas del grano

Tales como:

(A) Ácidos grasos alterados, por ejemplo, mediante

(1) Regulación negativa de estearoil-ACP para aumentar el contenido de ácido esteárico de la planta. Véanse, Knultzon, et al., (1992) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 89:2624 y el documento WO 1999/64579 (Genes to Alter Lipid Profiles in Corn).

(2) Elevación del ácido oleico mediante la modificación del gen FAD-2 y/o reduciendo el ácido linolénico mediante la modificación del gen FAD-3 (véanse, las Patentes de los Estados Unidos n.º 6.063.947; 6.323.392; 6.372.965 y el documento WO 1993/11245).

(3) Alteración del contenido de ácido linolénico o linoleico conjugado, tal como en el documento WO 2001/12800.

(4) Alteración de LEC1, AGP, Dek1, Superall, mil ps, diversos genes Ipa, tales como Ipal, Ipa3, hptorhggt. Por ejemplo, véanse los documentos WO 2002/42424, WO 1998/22604, WO 2003/011015, WO 2002/057439, WO 2003/011015, las Patentes de los Estados Unidos n.º 6.423.886, 6.197.561, 6.825.397 y las Publicaciones de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º US 2003/0079247, US 2003/0204870 y Rivera-Madrid, et al., (1995) Proc. Natl. Acad. Sci. 92:5620-5624.

(5) Genes que codifican delta-8 desaturasa para producir ácidos grasos poliinsaturados de cadena larga (Patentes de los Estados Unidos n.º 8.058.571 y 8.338.152), delta-9 desaturasa para reducir las grasas saturadas (Patente de los Estados Unidos n.º 8.063.269), Δ6-desaturasa de *Primula* para mejorar los perfiles de ácidos grasos omega-3.

(6) Ácidos nucleicos aislados y proteínas asociadas con la regulación del metabolismo de lípidos y azúcar, en particular, la proteína del metabolismo de los lípidos (LMP, por sus siglas en inglés) utilizada en métodos de producción de plantas transgénicas y modulación de los niveles de compuestos de almacenamiento de

semillas, incluidos lípidos, ácidos grasos, almidones o proteínas de almacenamiento de semillas y su uso en métodos de modulación del tamaño de semilla, número de semillas, peso de las semillas, longitud de la raíz y tamaño foliar de plantas (documento EP 2404499).

(7) Alteración de la expresión de un alto nivel de expresión de proteína inducible por azúcar 2 (HSI2) en la planta para aumentar o reducir la expresión de HSI2 en la planta. El aumento de la expresión de HSI2 aumenta el contenido de aceite, mientras que la reducción de la expresión de HSI2 reduce la sensibilidad al ácido abscísico y/o reduce la resistencia a la sequía (Publicación de la Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2012/0066794).

(8) La expresión de citocromo b5 (Cb5) solo o con FAD2 para modular el contenido de aceite en la semilla de planta, en particular, para aumentar los niveles de ácidos grasos omega-3 y mejorar la relación de ácidos omega-6 a omega-3 (Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2011/0191904).

(9) Moléculas de ácido nucleico que codifican polipéptidos de tipo wrinkled1 para modular el metabolismo de azúcares (Patente de los Estados Unidos n.º 8.217.223).

(B) Contenido de fósforo alterado, por ejemplo, mediante

(1) La introducción de un gen codificante de fitasa podría potenciar la degradación del fitato, añadiendo más fosfato libre a la planta transformada. Por ejemplo, véase, Van Hartingsveldt, et al., (1993) Gene 127:87, para una divulgación de la secuencia de nucleótidos de un gen de fitasa de *Aspergillus niger*.

(2) La modulación de un gen que reduce el contenido de fitato. En el maíz, esto, por ejemplo, podría lograrse, clonando y después reintroduciendo ADN asociado con uno o más de los alelos, tales como los alelos de LPA, identificados en mutantes de maíz caracterizados por bajos niveles de ácido fítico, tal como en el documento WO 2005/113778 y/o alterando la actividad de inositol cinasa, como en el documento WO 2002/059324, la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2003/0009011, el documento WO 2003/027243, la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2003/0079247, el documento WO 1999/05298, Patente de los Estados Unidos n.º 6.197.561, Patente de los Estados Unidos n.º 6.291.224, Patente de los Estados Unidos n.º 6.391.348, WO 2002/059324, la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2003/0079247, el documento WO 1998/45448, el documento WO 1999/55882, el documento WO 2001/04147.

(C) Carbohidratos alterados afectados, por ejemplo, alterando un gen para una enzima que afecta al patrón de ramificación del almidón o, un gen que altera la tiorredoxina, tal como NTR y/o TRX (véase, la Patente de los Estados Unidos n.º 6.531.648) y/o una modificación por supresión génica o mutación de gamma zeína, tal como cs27 o TUSC27 o en27 (véanse, la Patente de los Estados Unidos n.º 6.858.778 y la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2005/0160488, la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2005/0204418). Véase, Shiroza, et al., (1988) J. Bacteriol. 170:810 (secuencia de nucleótidos del gen de fucosiltransferasa mutante de *Streptococcus*), Steinmetz, et al., (1985) Mol. Gen. Genet. 200:220 (secuencia de nucleótidos de levansacarasa de *Bacillus subtilis*), Pen, et al., (1992) Bio/Technology 10:292 (producción de plantas transgénicas que expresan alfa-amilasa de *Bacillus licheniformis*), Elliot, et al., (1993) Plant Molec. Biol. 21:515 (secuencias de nucleótidos de genes de invertasa de tomate), Søgaard, et al., (1993) J. Biol. Chem. 268:22480 (mutagénesis dirigida al sitio del gen de alfa-amilasa de cebada) y Fisher, et al., (1993) Plant Physiol. 102:1045 (enzima ramificadora de almidón II de endospermo de maíz), el documento WO 1999/10498 (digestibilidad mejorada y/o extracción de almidón mediante modificación de UDP-D-xilosa 4-epimerasa, frágil 1 y 2, Ref1, HCHL, C4H), la Patente de los Estados Unidos n.º 6.232.529 (método para producir semillas ricas en aceite mediante la modificación de los niveles de almidón (AGP)). Los genes de modificación de ácidos grasos mencionados en el presente documento también pueden usarse para afectar al contenido y/o la composición de almidón mediante la interrelación de las vías del almidón y el aceite.

(D) Contenido o composición de antioxidantes alterada, tal como la alteración de tocoferol o tocotrienoles. Por ejemplo, véanse, la Patente de los Estados Unidos n.º 6.787.683, la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2004/0034886 y el documento WO 2000/68393, que implican la manipulación de los niveles de antioxidantes y el documento WO 2003/082899 mediante la alteración de una homogentisato geranil geranil transferasa (hggt).

(E) Aminoácidos esenciales de semillas alterados. Por ejemplo, véanse, la Patente de los Estados Unidos n.º 6.127.600 (método para aumentar la acumulación de aminoácidos esenciales en semillas), la Patente de los Estados Unidos n.º 6.080.913 (métodos binarios para aumentar la acumulación de aminoácidos esenciales en semillas), la Patente de los Estados Unidos n.º 5.990.389 (alto contenido de lisina), el documento WO 1999/40209 (alteración de composiciones de aminoácidos en semillas), el documento WO 1999/29882 (métodos para alterar el contenido de aminoácidos de proteínas), la Patente de los Estados Unidos n.º 5.850.016 (alteración de composiciones de aminoácidos en semillas), el documento WO 1998/20133 (proteínas con niveles mejorados de aminoácidos esenciales), la Patente de los Estados Unidos n.º 5.885.802 (alto contenido de metionina), la Patente de los Estados Unidos n.º 5.885.801 (alto contenido de treonina), la Patente de los Estados Unidos n.º 6.664.445 (enzimas biosintéticas de aminoácidos en plantas), la Patente de los Estados Unidos n.º 6.459.019 (aumento del contenido de lisina y treonina), la Patente de los Estados Unidos n.º 6.441.274 (subunidad beta de triptófano sintasa de plantas), la Patente de los Estados Unidos n.º 6.346.403 (enzimas metabólicas de metionina), la Patente de los Estados Unidos n.º 5.939.599 (alto contenido de azufre), la Patente de los Estados Unidos n.º 5.912.414 (aumento del contenido de metionina), el documento WO 1998/56935 (enzimas biosintéticas de aminoácidos en plantas), el

documento WO 1998/45458 (proteínas de semillas modificadas por ingeniería genética que tienen un mayor porcentaje de aminoácidos esenciales), el documento WO 1998/42831 (aumento del contenido de lisina), la Patente de los Estados Unidos n.º 5.633.436 (aumento del contenido de azufre y aminoácidos), la Patente de los Estados Unidos n.º 5.559.223 (proteínas de almacenamiento sintéticas con estructura definida que contienen niveles programables de aminoácidos esenciales para la mejora del valor nutricional de plantas), el documento WO 1996/01905 (aumento del contenido de treonina), el documento WO 1995/15392 (aumento del contenido de lisina), la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2003/0163838, la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2003/0150014, la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2004/0068767, la Patente de los Estados Unidos n.º 6.803.498, el documento WO 2001/79516.

4. Genes que controlan la esterilidad masculina:

Se encuentran disponibles varios métodos para conferir esterilidad masculina genética, tales como múltiples genes mutantes en ubicaciones separadas en el genoma que confieren esterilidad masculina, como se divulga en las Patentes de los Estados Unidos n.º 4.654.465 y 4.727.219 concedidas a Brar, et al., y traslocaciones cromosómicas, como se describen por Patterson en las Patentes de los Estados Unidos n.º 3.861.709 y 3.710.511. Además de estos métodos, Albertsen, et al., Patente de los Estados Unidos n.º 5.432.068, describen un sistema de esterilidad masculina nuclear que incluye: identificar un gen que es crítico para la fertilidad masculina; silenciar este gen nativo que es crítico para la fertilidad masculina; retirar el promotor nativo del gen de fertilidad masculina esencial y reemplazarlo con un promotor inducible; insertar este gen modificado por ingeniería genética de nuevo en la planta; y de este modo, creando una planta que es estéril masculina debido a que el promotor inducible no se encuentra "activado", dando como resultado que no se transcriba el gen de fertilidad masculina. La fertilidad se recupera mediante la introducción o la "activación" del promotor, que a su vez permite que se transcriba el gen que confiere fertilidad masculina.

(A) La introducción de un gen de desacetilasa bajo el control de un promotor específico de tapeto y con la aplicación del compuesto químico N-Ac-PPT (documento WO 2001/29237).
(B) Introducción de diversos promotores específicos de estambre (documento WO 1992/13956, documento WO 1992/13957).
(C) Introducción del gen de barnasa y barstar (Paul, et al., (1992) Plant Mol. Biol. 19:611-622).

Para ejemplos adicionales de sistemas y genes de esterilidad nuclear masculina y femenina, véanse también, las Patentes de los Estados Unidos n.º 5.859.341; 6.297.426; 5.478.369; 5.824.524; 5.850.014 y 6.265.640.

5. Genes que crean un sitio para la integración específica de sitio de ADN.

Esto incluye la introducción de sitios de FRT que pueden usarse en el sistema FLP/FRT y/o sitios de Lox que pueden usarse en el sistema Cre/Loxp. Por ejemplo, véase, Lyznik, et al., (2003) Plant Cell Rep 21:925-932 y el documento WO 1999/25821. Otros sistemas que pueden usarse incluyen la Gin recombinasa del fago Mu (Maeser, et al., (1991) Vicki Chandler, The Maize Handbook cáp. 118 (Springer-Verlag 1994), la Pin recombinasa de *E. coli* (Enomoto, et al., 1983) y el sistema R/RS del plásmido pSRi (Araki, et al., 1992).

6. Genes que afectan a la resistencia al estrés abiótico

Que incluyen, pero sin limitación, la floración, el desarrollo de las mazorcas y las semillas, la mejora de la eficiencia de la utilización de nitrógeno, la respuesta al nitrógeno alterada, la resistencia o tolerancia a la sequía, la resistencia o tolerancia al frío y la resistencia o tolerancia a la sal y el aumento del rendimiento bajo estrés.

(A) Por ejemplo, véanse: el documento WO 2000/73475 donde se altera la eficiencia del uso de agua mediante la alteración del malato; las Patentes de los Estados Unidos n.º 5.892.009, 5.965.705, 5.929.305, 5.891.859, 6.417.428, 6.664.446, 6.706.866, 6.717.034, 6.801.104, WO 2000/060089, WO 2001/026459, WO 2001/035725, WO 2001/034726, WO 2001/035727, WO 2001/036444, WO 2001/036597, WO 2001/036598, WO 2002/015675, WO 2002/017430, WO 2002/077185, WO 2002/079403, WO 2003/013227, WO 2003/013228, WO 2003/014327, WO 2004/031349, WO 2004/076638, el documento WO 199809521.
(B) El documento WO 199938977 que describe genes, incluyendo genes de CBF y factores de transcripción eficaces para mitigar los efectos negativos de la congelación, la alta salinidad y la sequía en plantas, así como para conferir otros efectos positivos en el fenotipo de plantas.
(C) La publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2004/0148654 y el documento WO 2001/36596, donde se altera el ácido abscísico en plantas, dando como resultado un fenotipo de plantas mejorado, tal como rendimiento aumentado y/o tolerancia aumentada al estrés abiótico.
(D) Los documentos WO 2000/006341, WO 2004/090143 y las Patentes de los Estados Unidos n.º 7.531.723 y 6.992.237, donde se modifica la expresión de citocinina, dando como resultado plantas con tolerancia aumentada al estrés, tal como tolerancia a la sequía y/o mayor rendimiento. Véanse también los documentos WO 2002/02776, WO 2003/052063, JP 2002/281975, la Patente de los Estados Unidos n.º 6.084.153, el documento WO 2001/64898, la Patente de los Estados Unidos n.º 6.177.275 y la Patente de los Estados Unidos n.º 6.107.547 (potenciación de la utilización de nitrógeno y sensibilidad alterada al nitrógeno).
(E) Para la alteración del etileno, véase, la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos

n.º 2004/0128719, la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2003/0166197 y el documento WO 2000/32761.

(F) Para factores de transcripción de plantas o reguladores transcripcionales del estrés abiótico, véase, por ejemplo, la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2004/0098764 o la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2004/0078852.

(G) Genes que aumentan la expresión de pirofosfatasa vacuolar, tal como AVP1 (Patente de los Estados Unidos n.º 8.058.515) para un rendimiento aumentado; ácido nucleico que codifica los polipéptidos HSFA4 o HSFA5 (factor de choque térmico de la clase A4 o A5), un polipéptido de proteína transportadora de oligopéptido (similar a OPT4); un polipéptido de similar a plastocromo2 (PLA2-like) o un polipéptido similar a caja homeostática-1 relacionada con Wuschel (WOX1-like) (Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º US 2011/0283420).

(H) Regulación negativa de polinucleótidos que codifican proteínas de poli (ADP-ribosa) polimerasa (PARP) para modular la muerte celular programada (Patente de los Estados Unidos n.º 8.058.510) para un vigor aumentado.

(I) Polinucleótido que codifica polipéptidos de DTP21 para conferir resistencia a la sequía (Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos US 2011/0277181).

(J) Secuencias de nucleótidos que codifican proteínas de ACC sintasa 3 (ACS3) para modular el desarrollo, modular la respuesta al estrés y modular la tolerancia al estrés (Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º US 2010/0287669).

(K) Polinucleótidos que codifican proteínas que confieren un fenotipo de tolerancia a la sequía (DTP) para conferir resistencia a la sequía (documento WO 2012/058528).

(L) Genes de tocoferol ciclasa (TC) para conferir tolerancia a la sequía y la salinidad (Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2012/0272352).

(M) Proteínas de la familia amino-terminal de CAAX para la tolerancia al estrés (Patente de los Estados Unidos n.º 8.338.661).

(N) Mutaciones en el gen que codifica SAL1 que tienen tolerancia aumentada al estrés, incluyendo resistencia aumentada a la sequía (Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2010/0257633).

(O) Expresión de una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido seleccionado entre el grupo que consiste en: polipéptido GRF, polipéptido similar a RAA1, polipéptido SYR, polipéptido ARKL y polipéptido YTP que aumentan rasgos relacionados con el rendimiento (Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2011/0061133).

(P) Modulación de la expresión en una planta de un ácido nucleico que codifica un polipéptido de trehalosa fosfato fosfatasa (TPP) de clase III para potenciar rasgos relacionados con el rendimiento en plantas, en particular, rendimiento de semillas aumentado (Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2010/0024067).

(Q) Expresión de una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido de fenotipo de tolerancia a la sequía (DTP6), específicamente AT-DTP6, de la Publicación de la Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º US-2014/0223595.

Otros genes y factores de transcripción que afectan al crecimiento de plantas y rasgos agronómicos, tales como el rendimiento, la floración, el crecimiento de las plantas y/o la estructura de las plantas, pueden introducirse o introgresarse en plantas, véanse, por ejemplo, el documento WO 1997/49811 (LHY), el documento WO 1998/56918 (ESD4), el documento WO 1997/10339 y la Patente de los Estados Unidos n.º 6.573.430 (TFL), la Patente de los Estados Unidos n.º 6.713.663 (FT), el documento WO 1996/14414 (CON), el documento WO 1996/38560, el documento WO 2001/21822 (VRN1), el documento WO 2000/44918 (VRN2), el documento WO 1999/49064 (GI), el documento WO 2000/46358 (FR1), el documento WO1997/29123, la Patente de los Estados Unidos n.º 6.794.560, la Patente de los Estados Unidos n.º 6.307.126 (GAI), el documento WO 1999/09174 (D8 y Rht) y los documentos WO 2004/076638 y WO 2004/031349 (factores de transcripción).

7. Genes que confieren rendimiento aumentado

(A) Una planta de cultivo transgénica transformada con un ácido nucleico codificante de un polipéptido similar a 1-aminociclopropano-1-carboxilato desaminasa (ACCDP), en donde la expresión de la secuencia de ácido nucleico en la planta de cultivo da como resultado el crecimiento aumentado de la raíz de la planta y/o un rendimiento aumentado y/o tolerancia aumentada al estrés ambiental, en comparación con una variedad de tipo silvestre de la planta (Patente de los Estados Unidos n.º 8.097.769).

(B) Se ha demostrado que la sobreexpresión del gen de proteína de dedo de cinc de maíz (Zm-ZFP1) usando un promotor específico de semillas potencia el crecimiento de la planta, aumenta el número de granos y el peso total del grano por planta (Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2012/0079623).

(C) La sobreexpresión constitutiva de la proteína del dominio de límites de órganos laterales del maíz (LOB) (Zm-LOBDP1) ha demostrado aumentar el número de granos y el peso total del grano por planta (Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2012/0079622).

(D) La potenciación de rasgos relacionados con el rendimiento en plantas mediante la modulación de la expresión en una planta de un ácido nucleico que codifica un polipéptido similar a VIM1 (variante en la metilación 1) o un polipéptido similar a VTC2 (GDP-L-galactosa fosforilasa) o un polipéptido de DUF1685 o un polipéptido similar a ARF6 (factor de respuesta a auxina) (documento WO 2012/038893).

(E) La modulación de la expresión en una planta de un ácido nucleico que codifica un polipéptido similar a Ste20 o un homólogo del mismo hace que las plantas tengan un rendimiento aumentado en relación con plantas de control (documento EP 2431472).

(F) Genes que codifican polipéptidos de nucleósido difosfatasa cinasa (NDK) y homólogos de los mismos para modificar la arquitectura de la raíz de la planta (Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º 2009/0064373).

8. Genes que confieren digestibilidad a la planta.

(A) Alteración del nivel de xilano presente en la pared celular de una planta mediante la modulación de xilano sintasa (Patente de los Estados Unidos n.º 8.173.866).

En algunos aspectos, el rasgo acumulado puede ser un rasgo o evento que ha recibido aprobación por las autoridades reguladoras que incluyen, pero sin limitación, los eventos en la tabla 4A-4F.

Tabla 4A *Oryza sativa* Arroz

Evento	Compañía	Descripción
CL121, CL141, CFX51	BASF Inc.	Tolerancia al herbicida de imidazolinona, imazetapir, inducida mediante mutagénesis química de la enzima acetolactato sintasa (ALS) usando metanosulfonato de etilo (EMS).
IMINTA-1, IMINTA-4	BASF Inc.	Tolerancia a herbicidas de imidazolinona inducida mediante mutagénesis química de la enzima acetolactato sintasa (ALS) usando azida de sodio.
LLRICE06, LLRICE62	Aventis CropScience	Arroz tolerante al herbicida glufosinato amónico producido mediante la inserción de un gen que codifica fosfinotricina acetiltransferasa (PAT) modificado procedente de la bacteria del suelo *Streptomyces hygroscopicus*.
LLRICE601	Bayer CropScience (Aventis CropScience (AgrEvo))	Arroz tolerante al herbicida glufosinato amónico producido mediante la inserción de un gen que codifica fosfinotricina acetiltransferasa (PAT) modificado procedente de la bacteria del suelo *Streptomyces hygroscopicus*.
PWC16	BASF Inc.	Tolerancia al herbicida de imidazolinona, imazetapir, inducida mediante mutagénesis química de la enzima acetolactato sintasa (ALS) usando metanosulfonato de etilo (EMS).

Tabla 4B *Medicago sativa* Alfalfa

Evento	Compañía	Descripción
J101, J163	Monsanto Company y Forage Genetics International	Alfalfa (lucerna) tolerante al herbicida glifosato producida mediante la inserción de un gen que codifica la enzima 5-enoilpiruvilshikimato-3-fosfato sintasa (EPSPS) de la cepa CP4 de *Agrobacterium tumefaciens.*

Tabla 4C *Triticum aestivum* Trigo

Evento	Compañía	Descripción
AP205CL	BASF Inc.	Selección de una versión mutagenizada de la enzima acetohidroxiácido sintasa (AHAS), también conocida como acetolactato sintasa (ALS) o acetolactato piruvato liasa.
AP602CL	BASF Inc.	Selección de una versión mutagenizada de la enzima acetohidroxiácido sintasa (AHAS), también conocida como acetolactato sintasa (ALS) o acetolactato piruvato liasa.
BW255-2, BW238-3	BASF Inc.	Selección de una versión mutagenizada de la enzima acetohidroxiácido sintasa (AHAS), también conocida como acetolactato sintasa (ALS) o acetolactato piruvato liasa.
BW7	BASF Inc.	Tolerancia a herbicidas de imidazolinona inducida por mutagénesis química del gen de acetohidroxiácido sintasa (AHAS) usando azida de sodio.
MON71800	Monsanto Company	Variedad de trigo tolerante al glifosato producida insertando un gen que codifica 5-enolpiruvilshikimato-3-fosfato sintasa (EPSPS) de la bacteria del suelo *Agrobacterium tumefaciens,* cepa CP4.

Evento	Compañía	Descripción
SWP965001	Cyanamid Crop Protection	Selección de una versión mutagenizada de la enzima acetohidroxiácido sintasa (AHAS), también conocida como acetolactato sintasa (ALS) o acetolactato piruvato liasa.
Teal 11A	BASF Inc.	Selección de una versión mutagenizada de la enzima acetohidroxiácido sintasa (AHAS), también conocida como acetolactato sintasa (ALS) o acetolactato piruvato liasa.

Tabla 4D *Helianthus annuus* Girasol

Evento	Compañía	Descripción
X81359	BASF Inc.	Tolerancia a herbicidas de imidazolinona mediante selección de un mutante de origen natural.

Tabla 4E *Glycine max* L. Soja

Evento	Compañía	Descripción
A2704-12, A2704-21, A5547-35	Bayer CropScience (Aventis CropScience (AgrEvo))	Soja tolerante al herbicida glufosinato amónico producido mediante la inserción de un gen que codifica fosfinotricina acetiltransferasa (PAT) modificado procedente de la bacteria del suelo *Streptomyces viridochromogenes*.
A5547-127	Bayer CropScience (Aventis CropScience (AgrEvo))	Soja tolerante al herbicida glufosinato amónico producido mediante la inserción de un gen que codifica fosfinotricina acetiltransferasa (PAT) modificado procedente de la bacteria del suelo *Streptomyces viridochromogenes*.
BPS-CV127-9	BASF Inc.	El gen *csr1-2* introducido de *Arabidopsis thaliana* codifica una proteína acetohidroxiácido sintasa que confiere tolerancia a herbicidas de imidazolinona debido a una mutación puntual que da como resultado una sola sustitución de aminoácidos en la que el resto de serina en la posición 653 se reemplaza por una asparagina (S653N).
DP-305423	Pioneer Hi-Bred International Inc.	Soja rica en ácido oleico producida insertando copias adicionales de una porción del gen que codifica omega-6 desaturasa, *gm-fad2-1* que da como resultado el silenciamiento del gen de omega-6 desaturasa endógeno (*FAD2-1*).
DP356043	Pioneer Hi-Bred International Inc.	Evento de soja con dos genes de tolerancia a herbicidas: glifosato N-acetiltransferasa, que detoxifica al glifosato y un gen de acetolactato sintasa (ALS) modificado que es tolerante a herbicidas inhibidores de ALS.
G94-1, G94-19, G168	DuPont Canada Agricultural Products	Soja rica en ácido oleico producida insertando una segunda copia del gen que codifica ácido graso desaturasa (GmFad2-1) de la soja, que da como resultado el "silenciamiento" del gen hospedador endógeno.
GTS 40-3-2	Monsanto Company	Variedad de soja tolerante al glifosato producida insertando un gen que codifica 5-enolpiruvilshikimato-3-fosfato sintasa (EPSPS) de la bacteria del suelo *Agrobacterium tumefaciens.*
GU262	Bayer CropScience (Aventis CropScience (AgrEvo))	Soja tolerante al herbicida glufosinato amónico producido mediante la inserción de un gen que codifica fosfinotricina acetiltransferasa (PAT) modificado procedente de la bacteria del suelo *Streptomyces viridochromogenes*.
MON87701	Monsanto Company	Resistencia a plagas de lepidópteros de la soja, incluyendo la oruga de las leguminosas (*Anticarsia gemmatalis*) y gusano falso medidor de la soja (*Pseudoplusia includens*).

Evento	Compañía	Descripción
MON87701 x MON89788	Monsanto Company	Tolerancia al herbicida glifosato mediante la expresión del gen que codifica EPSPS de la cepa CP4 de *A. tumefaciens* y resistencia a plagas de lepidópteros de la soja, incluyendo la oruga de las leguminosas (*Anticarsia gemmatalis*) y gusano falso medidor de la soja (*Pseudoplusia includens*) mediante la expresión del gen codificante de Cry1Ac de *B. thuringiensis.*
MON89788	Monsanto Company	Soja tolerante al glifosato producida insertando un gen *aroA (spsps)* que codifica 5-enolpiruvilshikimato-3-fosfato sintasa (EPSPS) de *Agrobacterium tumefaciens* CP4.
OT96-15	Agriculture & AgriFood Canada	Soja con bajo contenido de ácido linolénico producida mediante cruzamiento tradicional para incorporar el nuevo rasgo de un gen mutante de *fan1* de origen natural que se seleccionó por la baja producción de ácido linolénico.
W62, W98	Bayer CropScience (Aventis CropScience (AgrEvo))	Soja tolerante al herbicida glufosinato amónico producido mediante la inserción de un gen que codifica fosfinotricina acetiltransferasa (PAT) modificado procedente de la bacteria del suelo *Streptomyces hygroscopicus*.

Tabla 4F *Zea mays* L. Maíz

Evento	Compañía	Descripción
176	Syngenta Seeds, Inc.	Maíz resistente a insectos producido insertando el gen *Cry1Ab* de *Bacillus thuringiensis* subsp. kurstaki. La modificación genética proporciona resistencia al ataque por el barrenador del maíz europeo (ECB).
37511R	Pioneer Hi-Bred International Inc.	Selección de variantes clonales somáticas mediante cultivo de embriones en medio que contiene imidazolinona.
676, 678, 680	Pioneer Hi-Bred International Inc.	Maíz estéril masculino y tolerante al herbicida de glufosinato de amonio producido insertando genes que codifican ADN adenina metilasa y fosfinotricina acetiltransferasa (PAT) de *Escherichia coli* y *Streptomyces viridochromogenes*, respectivamente.
B16 (DLL25)	Dekalb Genetics Corporation	Maíz resistente al herbicida glufosinato amónico producido insertando el gen que codifica fosfinotricina acetiltransferasa (PAT) de *Streptomyces hygroscopicus.*
BT11 (X4334CBR, X4734CBR)	Syngenta Seeds, Inc.	Maíz resistente a insectos y tolerante a herbicidas producido insertando el gen *Cry1Ab* de *Bacillus thuringiensis* subsp. kurstaki y el gen codificante de fosfinotricina N-acetiltransferasa (PAT) de *S. viridochromogenes.*
BT11 xGA21	Syngenta Seeds, Inc.	Maíz con acumulación de resistencia a insectos y tolerancia a herbicidas producido mediante cruzamiento convencional de líneas precursoras BT11 (Identificador único de la OECD: SYN-BT011-1) y GA21 (Identificador único de la OECD: MON-OOO21-9).
BT11 x MIR162x MIR604x GA21	Syngenta Seeds, Inc.	Resistencia a plagas de coleópteros, particularmente plagas del gusano de la raíz del maíz (*Diabrotica* spp.) y varias plagas de lepidópteros del maíz, incluyendo el barrenador del maíz europeo (ECB, *Ostrinia nubilalis*), gusano elotero (CEW, *Helicoverpa zea*), gusano cogollero del maíz (FAW, *Spodoptera frugiperda*) y gusano cortador negro (BCW, *Agrotis ipsilon*), tolerancia al glifosato y a herbicidas que contienen glufosinato amónico.

Evento	Compañía	Descripción
BT11 x MIR162	Syngenta Seeds, Inc.	Maíz con acumulación de resistencia a insectos y tolerancia a herbicidas producido mediante cruzamiento convencional de líneas precursoras BT11 (Identificador único de la OECD: SYN-BT011-1) y MIR162 (Identificador único de la OECD: SYN-IR162-4). La resistencia al barrenador del maíz europeo y tolerancia al herbicida glufosinato amónico (Liberty) procede de BT11, que contiene el gen *Cry1Ab* de *Bacillus thuringiensis* subsp. kurstaki y el gen codificante de fosfinotricina N-acetiltransferasa (PAT) de *S. viridochromogenes.* La resistencia a otras plagas de lepidópteros, incluyendo *H. zea, S. frugiperda, A. ipsilon,* y *S. albicosta,* se obtiene de MIR162, que contiene el gen *vip3Aa* de la cepa AB88 de *Bacillus thuringiensis*.
BT11 x MIR162x MIR604	Syngenta Seeds, Inc.	Proteína delta-endotoxina Cry1Ab de *Bacillus thuringiensis* y el material genético para su producción (mediante elementos del vector pZO1502) en el evento Bt11 de maíz (Identificador único de la OEDC: SYN-BT011-1) x proteína insecticida Vip3Aa20 de *Bacillus thuringiensis* y el material genético necesario para su producción (mediante elementos del vector pNOV1300) en el evento MIR162 de maíz (Identificador único de la OEDC: SYN-IR162-4) x proteína Cry3A modificada y el material genético necesario para su producción (mediante elementos del vector pZM26) en el evento MIR604 de maíz (Identificador único de la OEDC: SYN-IR604-5).
CBH-351	Aventis CropScience	Maíz resistente a insectos y tolerante al herbicida glufosinato de amonio desarrollado insertando genes que codifican la proteína Cry9C de *Bacillus thuringiensis* subsp tolworthi y fosfinotricina acetiltransferasa (PAT) de *Streptomyces hygroscopicus.*
DAS-06275-8	DOW AgroSciences LLC	Variedad de maíz resistente a insectos lepidópteros y tolerante al herbicida glufosinato de amonio producida insertando el gen *Cry1F* de *Bacillus thuringiensis* vara/zawa y la fosfinotricina acetiltransferasa (PAT) de *Streptomyces hygroscopicus*.
BT11 x MIR604	Syngenta Seeds, Inc.	Maíz con acumulación de resistencia a insectos y tolerancia a herbicidas producido mediante cruzamiento convencional de líneas precursoras BT11 (Identificador único de la OECD: SYN-BT011-1) y MIR604 (Identificador único de la OECD: SYN-IR605-5). La resistencia al barrenador del maíz europeo y tolerancia al herbicida glufosinato amónico (Liberty) procede de BT11, que contiene el gen *Cry1Ab* de *Bacillus thuringiensis* subsp. kurstaki y el gen codificante de fosfinotricina N-acetiltransferasa (PAT) de *S. viridochromogenes.* La resistencia al gusano de la raíz del maíz se obtiene de MIR604, que contiene el gen *mCry3A* de *Bacillus thuringiensis.*
BT11 x MIR604x GA21	Syngenta Seeds, Inc.	Maíz con acumulación de resistencia a insectos y tolerancia a herbicidas producido mediante cruzamiento convencional de líneas precursoras BT11 (Identificador único de la OECD: SYN-BT011-1), MIR604 (Identificador único de la OECD: SYN-IR605-5) y GA21 (Identificador único de la OECD: MON-OOO21-9). La resistencia al barrenador del maíz europeo y tolerancia al herbicida glufosinato amónico (Liberty) procede de BT11, que contiene el gen *Cry1Ab* de *Bacillus thuringiensis* subsp. kurstaki y el gen codificante de fosfinotricina N-acetiltransferasa (PAT) de *S. viridochromogenes.* La resistencia al gusano de la raíz del maíz se obtiene de MIR604, que contiene el gen *mCry3A* de *Bacillus thuringiensis.* La tolerancia al herbicida glifosato se obtiene de GA21, que contiene un gen EPSPS modificado de maíz.
DAS-59122-7	DOW AgroSciences LLC y Pioneer Hi-Bred International Inc.	Maíz resistente al gusano de la raíz del maíz producido insertando los genes *Cry34Ab1* y *Cry35Ab1* de *Bacillus thuringiensis*, cepa PS149B1. Se introdujo el gen codificante de PAT de *Streptomyces viridochromogenes* como marcador de selección.

Evento	Compañía	Descripción
DAS-59122-7 x TC1507X NK603	DOW AgroSciences LLC y Pioneer Hi-Bred International Inc.	Maíz con acumulación de resistencia a insectos y tolerancia a herbicidas producido mediante cruzamiento convencional de líneas precursoras DAS-59122-7 (Identificador único de la OECD: DAS-59122-7) y TC1507 (Identificador único de la OECD: DAS-01507-1) con NK603 (Identificador único de la OECD: MON-OO6O3-6). La resistencia al gusano de la raíz del maíz se obtiene de DAS-59122-7, que contiene los genes *Cry34Ab1* y *Cry35Ab1* de *Bacillus thuringiensis*, cepa PS149B1. La resistencia a lepidópteros y la tolerancia al herbicida glufosinato de amonio se obtiene de TC1507. La tolerancia al herbicida glifosato se obtiene de NK603.
DBT418	Dekalb Genetics Corporation	Maíz resistente a insectos y tolerante al herbicida glufosinato de amonio desarrollado insertando genes que codifican la proteína Cry1AC de *Bacillus thuringiensis* subsp kurstaki y fosfinotricina acetiltransferasa (PAT) de *Streptomyces hygroscopicus*
MIR604x GA21	Syngenta Seeds, Inc.	Maíz con acumulación de resistencia a insectos y tolerancia a herbicidas producido mediante cruzamiento convencional de líneas precursoras MIR604 (Identificador único de la OECD: SYN-IR605-5) y GA21 (Identificador único de la OECD: MON-OOO21-9). La resistencia al gusano de la raíz del maíz se obtiene de MIR604, que contiene el gen *mCry3A* de *Bacillus thuringiensis.* La tolerancia al herbicida glifosato se obtiene de GA21.
MON80100	Monsanto Company	Maíz resistente a insectos producido insertando el gen *Cry1Ab* de *Bacillus thuringiensis* subsp. kurstaki. La modificación genética proporciona resistencia al ataque por el barrenador del maíz europeo (ECB).
MON802	Monsanto Company	Maíz resistente a insectos y tolerante al herbicida glifosato producido insertando los genes que codifican la proteína Cry1Ab de *Bacillus thuringiensis* y la 5-enolpiruvilshikimato-3-fosfato sintasa (EPSPS) de *A. tumefaciens* cepa CP4.
MON809	Pioneer Hi-Bred International Inc.	Resistencia al barrenador del maíz europeo (*Ostrinia nubilalis*) mediante la introducción de un gen sintético de Cry1Ab. Resistencia al glifosato mediante introducción de la versión bacteriana de una enzima vegetal, 5-enolpiruvilshikimato-3-fosfato sintasa (EPSPS).
MON810	Monsanto Company	Maíz resistente a insectos producido insertando una forma truncada del gen *Cry1Ab* de *Bacillus thuringiensis* subsp. kurstaki HD-1. La modificación genética proporciona resistencia al ataque por el barrenador del maíz europeo (ECB).
MON810x LY038	Monsanto Company	Maíz con acumulación de resistencia a insectos y contenido mejorado de lisina obtenido mediante cruzamiento convencional de las líneas precursoras MON810 (Identificador de la OECD: MON-OO81O-6) y LY038 (Identificador de la OECD: REN-00 038-3).
MON810x MON88017	Monsanto Company	Maíz con acumulación de resistencia a insectos y tolerancia al glifosato obtenido mediante cruzamiento convencional de las líneas precursoras MON810 (Identificador de la OECD: MON-OO81O-6) y MON88017 (Identificador de la OECD: MON-88O17-3). La resistencia al barrenador del maíz europeo (ECB) se obtiene a partir de una forma truncada del gen *Cry1Ab* de *Bacillus thuringiensis* subsp. kurstaki HD-1 presente en MON810. La resistencia al gusano de la raíz del maíz se obtiene a partir del gen *Cry3Bb1* de *Bacillus thuringiensis* subespecie *kumamotoensis* cepa EG4691 presente en MON88017. La tolerancia al glifosato se obtiene de un gen que codifica 5-enolpiruvilshikimato-3-fosfato sintasa (EPSPS) de *Agrobacterium tumefaciens*, cepa CP4 presente en MON88017.
MON832	Monsanto Company	Introducción, mediante bombardeo de partículas, de glifosato oxidasa (GOX) y una 5-enolpiruvilshikimato-3-fosfato sintasa (EPSPS), una enzima implicada en la vía bioquímica del shikimato para la producción de los aminoácidos aromáticos.
MON863	Monsanto Company	Maíz resistente al gusano de la raíz del maíz producido insertando el gen *Cry3Bb1 de Bacillus thuringiensis subsp. kumamotoensis.*

Evento	Compañía	Descripción
MON863x MON810	Monsanto Company	Maíz con acumulación de resistencia a insectos obtenido mediante cruzamiento convencional de las líneas precursoras MON863 (Identificador de la OECD: MON-OO863-5) y MON810 (Identificador de la OECD: MON-OO81O-6)
MON863x MON810x NK603	Monsanto Company	Híbrido de maíz con acumulación de resistencia a insectos y tolerancia a herbicidas obtenido mediante cruzamiento convencional del híbrido acumulado MON-OO863-5 x MON-00810-6 y NK603 (Identificador de la OECD: MON-OO6O3-6).
MON863x NK603	Monsanto Company	Híbrido de maíz con acumulación de resistencia a insectos y tolerancia a herbicidas obtenido mediante cruzamiento convencional de las líneas precursoras MON863 (Identificador de la OECD: MON-OO863-5) y NK603 (Identificador de la OECD: MON-OO6O3-6).
MON87460	Monsanto Company	MON 87460 se desarrolló para proporcionar una pérdida de rendimiento reducida en condiciones con limitación de agua, en comparación con el maíz convencional. La eficacia en MON 87460 se obtiene mediante la expresión de la proteína de choque de frío B (CspB) de *Bacillus subtilis*.
MON88017	Monsanto Company	Maíz resistente al gusano de la raíz del maíz producido insertando el gen *Cry3Bb1* de *Bacillus thuringiensis* subespecies *kumamotoensis* cepa EG4691. La tolerancia al glifosato se obtiene insertando un gen que codifica 5-enolpiruvilshikimato-3-fosfato sintasa (EPSPS) de *Agrobacterium tumefaciens* cepa CP4.
MON89034	Monsanto Company	Evento de maíz que expresa dos proteínas insecticidas diferentes de *Bacillus thuringiensis* que proporcionan resistencia a una serie de plagas de lepidópteros.
MON89034x MON88017	Monsanto Company	Maíz con acumulación de resistencia a insectos y tolerancia al glifosato obtenido mediante cruzamiento convencional de las líneas precursoras MON89034 (Identificador de la OECD: MON-89O34-3) y MON88O17 (Identificador de la OECD: MON-88O17-3). La resistencia a lepidópteros se obtiene de dos genes *Cry* presentes en MON89043. La resistencia al gusano de la raíz del maíz se obtiene de un solo gen *Cry* y la tolerancia al glifosato se obtiene del gen codificante de 5-enolpiruvilshikimato-3-fosfato sintasa (EPSPS) de *Agrobacterium tumefaciens* presentes en MON88017.
MON89034x NK603	Monsanto Company	Maíz con acumulación de resistencia a insectos y tolerancia a herbicidas producido mediante cruzamiento convencional de líneas precursoras MON89034 (Identificador de la OECD: MON-89034-3) con NK603 (Identificador único de la OECD: MON-OO6O3-6). La resistencia a lepidópteros se obtiene de dos genes *Cry* presentes en MON89043. La tolerancia al herbicida glifosato se obtiene de NK603.
NK603 x MON810	Monsanto Company	Híbrido de maíz con acumulación de resistencia a insectos y tolerancia a herbicidas obtenido mediante cruzamiento convencional de las líneas precursoras NK603 (Identificador de la OECD: MON-OO6O3-6) y MON810 (Identificador de la OECD: MON-OO81O-6).
MON89034x TC1507x MON88017x DAS-59122-7	Monsanto Company y Mycogen Seeds c/o Dow AgroSciences LLC	Maíz con acumulación de resistencia a insectos y tolerancia a herbicidas producido mediante cruzamiento convencional de líneas precursoras: MON89034, TC1507, MON88017 y DAS-59122. Resistencia a plagas de insectos subterráneos y no subterráneos y tolerancia a herbicidas que contienen glifosato y glufosinato de amonio.
MS3	Bayer CropScience (Aventis CropScience (AgrEvo))	Esterilidad masculina provocada por la expresión del gen de barnasa ribonucleasa de *Bacillus amyloliquefaciens;* la resistencia a PPT fue mediante PPT-acetiltransferasa (PAT).
MS6	Bayer CropScience (Aventis CropScience (AgrEvo))	Esterilidad masculina provocada por la expresión del gen de barnasa ribonucleasa de *Bacillus amyloliquefaciens;* la resistencia a PPT fue mediante PPT-acetiltransferasa (PAT).

Evento	Compañía	Descripción
NK603	Monsanto Company	Introducción, mediante bombardeo de partículas, de una 5-enolpiruvilshikimato-3-fosfato sintasa (EPSPS) modificada, una enzima implicada en la vía bioquímica del shikimato para la producción de los aminoácidos aromáticos.
NK603x T25	Monsanto Company	Híbrido de maíz con acumulación de tolerancia a los herbicidas glufosinato de amonio y glifosato obtenido mediante cruzamiento convencional de las líneas precursoras NK603 (Identificador de la OEDC: MON-OO6O3-6) y T25 (Identificador de la OECD: ACS-ZM003-2).
T25x MON810	Bayer CropScience (Aventis CropScience (AgrEvo))	Híbrido de maíz con acumulación de resistencia a insectos y tolerancia a herbicidas obtenido mediante cruzamiento convencional de las líneas precursoras T25 (Identificador de la OECD: ACS-ZMOO3-2) y MON810 (Identificador de la OECD: MON-OO81O-6).
TC1507	Mycogen (c/o Dow AgroSciences); Pioneer (c/o DuPont)	Maíz resistente a insectos y tolerante al glufosinato de amonio producido insertando el gen *Cry1F* de *Bacillus thuringiensis* var. *aizawai* y el gen que codifica fosfinotricina N-acetiltransferasa de *Streptomyces viridochromogenes*.
TC1507x NK603	DOW AgroSciences LLC	Híbrido de maíz con acumulación de resistencia a insectos y tolerancia a herbicidas obtenido mediante cruzamiento convencional de las líneas precursoras 1507 (Identificador de la OECD: DAS-O15O7-1) y NK603 (Identificador de la OECD: MON-OO6O3-6).
TC1507x DAS-59122-7	DOW AgroSciences LLC y Pioneer Hi-Bred International Inc.	Maíz con acumulación de resistencia a insectos y tolerancia a herbicidas producido mediante cruzamiento convencional de líneas precursoras TC1507 (Identificador único de la OECD: DAS-01507-1) con DAS-59122-7 (Identificador único de la OECD: DAS-59122-7). La resistencia a insectos lepidópteros se obtiene de TC1507 debido a la presencia del gen *Cry1F* de *Bacillus thuringiensis* var. *aizawai.* La resistencia al gusano de la raíz del maíz se obtiene de DAS-59122-7, que contiene los genes *Cry34Ab1* y *Cry35Ab1* de *Bacillus thuringiensis*, cepa PS149B1. La tolerancia al herbicida de glufosinato de amonio se obtiene de TC1507 del gen codificante de fosfinotricina N-acetiltransferasa de *Streptomyces viridochromogenes*.

Un experto en la materia conoce otros eventos con aprobación por los organismos reguladores y pueden encontrarse en el Centro para la Evaluación de Riesgos Ambientales (cera-gmc.org/?action=gm_crop_database, que puede consultarse usando el prefijo www) y el Servicio Internacional para la Adquisición de Aplicaciones Agrícolas-Biotecnológicas (isaaa.org/gmapprovaldatabase/default.asp, que puede consultarse usando el prefijo www).

Silenciamiento génico

En algunos aspectos, el rasgo acumulado puede encontrarse en forma de silenciamiento de uno o más polinucleótidos de interés que dan como resultado la supresión de uno o más polipéptidos diana de la plaga. En algunos aspectos el silenciamiento se logra mediante el uso de una construcción de ADN supresora.

En algunos aspectos, pueden acumularse uno o más polinucleótidos que codifican los polipéptidos de los polipéptidos de PIP-72 o fragmentos o variantes de los mismos, con uno o más polinucleótidos que codifican uno o más polipéptidos que tienen actividad insecticida o rasgos agronómicos, como se ha expuesto anteriormente y opcionalmente, puede incluir además uno o más polinucleótidos que proporcionan el silenciamiento génico de uno o más polinucleótidos diana, como se analiza más adelante.

"Construcción de ADN supresora" es una construcción de ADN recombinante que, cuando se transforma o se integra de manera estable en el genoma de la planta, da como resultado el "silenciamiento" de un gen diana en la planta. El gen diana puede ser endógeno o transgénico para la planta. "Silenciamiento", como se usa en el presente documento con respecto al gen diana, se refiere en general a la supresión de niveles de ARNm o de proteína/enzima expresada por el gen diana y/o el nivel de la actividad enzimática o la funcionalidad de proteínas. El término "supresión" incluye rebajar, reducir, aminorar, disminuir, inhibir, eliminar y prevenir. "Silenciamiento" o "silenciamiento génico" no especifica el mecanismo e incluye, pero sin limitación, estrategias basadas en antisentido, cosupresión, supresión vírica, supresión en horquilla, supresión de tallo-bucle, y en iARN y estrategias basadas en ARN pequeño.

Una construcción de ADN supresor puede comprender una región procedente de un gen diana de interés y puede

comprender la totalidad o parte de la secuencia de ácido nucleico de la hebra codificante (o la hebra no codificante) del gen diana de interés. Dependiendo de la estrategia que se vaya a utilizar, la región puede ser un 100 % idéntica o menos de un 100 % idéntica (por ejemplo, al menos un 50 % o cualquier número entero entre un 51 % y un 100 % idéntica) a la totalidad o parte de la hebra codificante (o la hebra no codificante) del gen de interés.

Se conocen bien en la técnica construcciones de ADN supresoras, y se construyen fácilmente una vez que se ha seleccionado el gen de interés e incluyen, sin limitación, construcciones cosupresoras, construcciones antisentido, construcciones de supresión vírica, construcciones de supresión en horquilla, construcciones de supresión de tallo-bucle, construcciones productoras de ARN bicatenario y más generalmente, construcciones de iARN (interferencia de ARN) y construcciones de ARN pequeño, tales como construcciones de ARNpi (ARN pequeño de interferencia) y construcciones de miARN (microARN).

"Inhibición antisentido" se refiere a la producción de transcritos de ARN antisentido capaces de suprimir la expresión de la proteína diana.

"ARN antisentido" se refiere a un transcrito de ARN que es complementario a la totalidad o parte de un transcrito primario diana o ARNm y que bloquea la expresión de un fragmento de ácido nucleico aislado diana (Patente de los Estados Unidos n.º 5.107.065). La complementariedad de un ARN antisentido puede ser con cualquier parte del transcrito génico específico, es decir, en la secuencia 5' no codificante, la secuencia 3' no codificante, intrones o la secuencia codificante.

"Cosupresión" se refiere a la producción de transcritos de ARN codificante capaces de suprimir la expresión de la proteína diana. ARN "codificante" se refiere a un transcrito de ARN que incluye el ARNm y puede traducirse en una proteína en una célula o *in vitro*. Se han diseñado con anterioridad construcciones cosupresoras en plantas centrándose en la sobreexpresión de una secuencia de ácido nucleico que tiene homología respecto de un ARNm nativo, en la orientación codificante, que da como resultado la reducción de todos los ARN que tienen homología con la secuencia sobreexpresada (véase, Vaucheret, et al., (1998) Plant J. 16:651-659 y Gura, (2000) Nature 404:804-808).

Otra variación describe el uso de secuencias víricas de plantas para dirigir la supresión de secuencias que codifican ARNm proximal (Publicación PCT WO 1998/36083).

Un trabajo reciente ha descrito de estructuras en "horquilla" que incorporan la totalidad o parte, de una secuencia codificante de ARNm en una orientación complementaria que da como resultado una estructura de "tallo-bucle" potencial para el ARN expresado (publicación PCT WO 1999/53050). En este caso, el tallo se forma mediante polinucleótidos correspondientes al gen de interés insertados en la orientación codificante o no codificante con respecto al promotor y el bucle se forma mediante algunos polinucleótidos del gen de interés, que no tiene un complemento en la construcción. Esto aumenta la frecuencia de la cosupresión o el silenciamiento en las plantas transgénicas recuperadas. Para una revisión de la supresión en horquilla, véase, Wesley, et al., (2003) Methods in Molecular Biology, Plant Functional Genomics: Methods and Protocols 236:273-286.

También se ha usado eficientemente para supresión una construcción donde el tallo se forma mediante al menos 30 nucleótidos a partir de un gen que se va a suprimir y el bucle se forma mediante una secuencia de nucleótidos aleatoria (Publicación PCT WO 1999/61632).

También se ha descrito el uso de secuencias de poli-T y de poli-A para generar el tallo en la estructura de tallo-bucle (Publicación PCT WO 2002/00894).

Otra variación más incluye el uso de repeticiones sintéticas para promover la formación de un tallo en la estructura de tallo-bucle. Se ha demostrado que los organismos transgénicos preparados con dichos fragmentos de ADN recombinante tienen niveles reducidos de la proteína codificada por el fragmento de nucleótidos que forma el bucle, como se describe en la Publicación PCT WO 2002/00904.

La interferencia de ARN se refiere al proceso de silenciamiento génico postraduccional específico de secuencia en animales mediado por ARN pequeños de interferencia (ARNpi) (Fire, et al., (1998) Nature 391:806). El proceso correspondiente en plantas se cita comúnmente como silenciamiento génico postraduccional (PTGS) o silenciamiento de ARN y también se denomina sofocamiento en hongos. Se cree que el proceso de silenciamiento génico postranscripcional es un mecanismo de defensa celular evolutivamente conservado usado para prevenir la expresión de genes exógenos y se comparte de manera común por varias floras y filos (Fire, et al., (1999) Trends Genet. 15:358). Dicha protección frente a la expresión génica exógena puede haber evolucionado en respuesta a la producción de ARN bicatenarios (ARNbc) procedentes de infecciones víricas o procedentes de la integración aleatoria de elementos de transposón en un genoma hospedador mediante una respuesta celular que destruye específicamente el ARN homocatenario homólogo del ARN genómico vírico. La presencia de ARNbc en células desencadena la respuesta de iARN mediante un mecanismo que aún no se ha caracterizado por completo.

La presencia de ARNbc largos en las células estimula la actividad de una enzima ribonucleasa III denominada dicer.

Dicer está implicada en el procesamiento del ARNbc en trozos cortos de ARNbc conocidos como ARN pequeños de interferencia (ARNpi) (Berstein, et al., (2001) Nature 409:363). Los ARN pequeños de interferencia procedentes de la actividad de dicer tienen normalmente de aproximadamente 21 a aproximadamente 23 nucleótidos de longitud y comprenden dúplex de aproximadamente 19 pares de bases (Elbashir, et al., (2001) Genes Dev. 15:188). También se ha relacionado dicer con la escisión de ARN temporales pequeños (ARNtp) de 21 y 22 nucleótidos a partir de ARN precursor de estructura conservada que están implicados en el control traduccional (Hutvagner, et al., (2001) Science 293:834). La respuesta de iARN también presenta un complejo de endonucleasa, comúnmente citado como un complejo de silenciamiento inducido por ARN (RISC), que media la escisión del ARN monocatenario que tiene complementariedad de secuencia con la hebra no codificante del dúplex de ARNpi. La escisión del ARN diana se produce en medio de la región complementaria a la hebra no codificante del dúplex de ARNpi (Elbashir, et al., (2001) Genes Dev. 15:188). Además, la interferencia de ARN también puede implicar silenciamiento génico mediado por ARN pequeño (por ejemplo, miARN), posiblemente mediante mecanismos celulares que regulan la estructura de la cromatina y de este modo impiden la transcripción de secuencias génicas diana (véase, por ejemplo, Allshire, (2002) Science 297:1818-1819; Volpe, et al., (2002) Science 297:1833-1837; Jenuwein, (2002) Science 297:2215-2218 y Hall, et al., (2002) Science 297:2232-2237). Como tales, las moléculas de miARN de la divulgación pueden usarse para mediar el silenciamiento génico mediante la interacción con transcritos de ARN o como alternativa, mediante interacción con secuencias génicas particulares, en donde dicha interacción da como resultado el silenciamiento génico a nivel tanto transcripcional como postranscripcional.

Además, se proporcionan métodos y composiciones que permiten un aumento en la iARN producida a partir del elemento de silenciamiento. En dichos aspectos, los métodos y composiciones emplean un primer polinucleótido que comprende un elemento de silenciamiento para una secuencia de plaga diana unida operativamente con un promotor activo en una célula vegetal; y, un segundo polinucleótido que comprende un elemento potenciador supresor que comprende la secuencia de plaga diana o una variante activa o fragmento de la misma unida operativamente con un promotor activo en la célula vegetal. La expresión combinada del elemento de silenciamiento con elemento potenciador supresor conduce a una amplificación aumentada del ARN inhibidor producido a partir del elemento de silenciamiento por encima de lo que puede conseguirse solamente con la expresión del elemento de silenciamiento por sí solo. Además de la amplificación aumentada de la especie de ARNi específica en sí misma, los métodos y composiciones permiten además la producción de una población diversa de especies de ARNi que pueden potenciar la eficacia de la alteración de la expresión génica diana. Como tales, cuando el elemento potenciador supresor se expresa en una célula vegetal en combinación con el elemento de silenciamiento, los métodos y la composición pueden permitir la producción sistémica de ARNi por toda la planta; la producción de cantidades mayores de ARNi que lo que se observaría solamente con la construcción del elemento de silenciamiento por sí solo; y, la carga mejorada de ARNi en el floema de la planta, proporcionando de este modo mejor control de insectos que se alimentan del floema mediante un enfoque de ARNi. Por lo tanto, los diversos métodos y composiciones proporcionan métodos mejorados para el suministro de ARN inhibidor al organismo diana. Véase, por ejemplo, la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos 2009/0188008.

Como se usa en el presente documento, un "elemento potenciador supresor" comprende un polinucleótido que comprende la secuencia diana que se va a suprimir o un fragmento activo o variante de la misma. Se reconoce que no es necesario que el elemento potenciador supresor sea idéntico a la secuencia diana, sino que más bien, el elemento potenciador supresor puede comprender una variante de la secuencia diana, siempre que el elemento potenciador supresor tenga suficiente identidad de secuencia con la secuencia diana para permitir un nivel aumentado del ARNi producido por el elemento de silenciamiento por encima del que puede conseguirse solamente con la expresión del elemento de silenciamiento. De manera similar, el elemento potenciador supresor puede comprender un fragmento de la secuencia diana, en donde el fragmento es de suficiente longitud para permitir un nivel aumentado del ARNi producido por el elemento de silenciamiento por encima del que puede conseguirse solamente con la expresión del elemento de silenciamiento.

Se reconoce que pueden emplearse múltiples elementos potenciadores supresores de la misma secuencia diana o de diferentes secuencias diana o de diferentes regiones de la misma secuencia diana. Por ejemplo, los elementos potenciadores supresores empleados pueden comprender fragmentos de la secuencia diana procedente de una región diferente de la secuencia diana (es decir, de la 3'UTR, secuencia codificante, intrón y/o 5'UTR). Además, el elemento potenciador supresor puede estar contenido en un casete de expresión, como se describe en otras partes del presente documento y en aspectos específicos, el elemento potenciador supresor está en el mismo vector o construcción de ADN o en uno diferente como el elemento de silenciamiento. El elemento potenciador supresor puede estar unido operativamente a un promotor como se desvela en el presente documento. Se reconoce que el elemento potenciador supresor puede expresarse de forma constitutiva o, como alternativa, se puede producir de una manera específica de estadio empleando los diversos promotores inducibles o preferidos por tejido o regulados por el desarrollo que se analizan en otra parte del presente documento.

En aspectos específicos, el empleo tanto de un elemento silenciador como del elemento potenciador supresor, la producción sistémica de ARNi se produce por toda la planta. En aspectos adicionales, la planta o partes de planta de la divulgación tienen una carga mejorada de ARNi en el floema de la planta de la que podría observarse con la expresión de la construcción del elemento de silenciamiento sola y, de este modo, proporcionan mejor control de insectos que se alimentan del floema mediante un enfoque de ARNi. En aspectos específicos, las plantas, partes de

plantas y células vegetales de la divulgación pueden caracterizarse adicionalmente por permitir la producción de una serie de especies de ARNi que pueden potenciar la eficacia de la alteración de la expresión génica diana.

En aspectos específicos, la expresión combinada del elemento de silenciamiento y el elemento potenciador supresor aumenta la concentración del ARN inhibidor en la célula vegetal, planta, parte de planta, tejido de planta o floema por encima del nivel que se logra cuando el elemento de silenciamiento se expresa solo.

Como se usa en el presente documento, un "nivel aumentado de ARN inhibidor" comprende cualquier aumento estadísticamente significativo en el nivel de ARNi producido en una planta que tiene la expresión combinada en comparación con una planta de control apropiada. Por ejemplo, un aumento en el nivel de ARNi en la planta, parte de planta o la célula vegetal puede comprender al menos un 1 %, aproximadamente un 1 %-5 %, aproximadamente un 5 %-10 %, aproximadamente un 10 %-20 %, aproximadamente un 20 %-30 %, aproximadamente un 30 %-40 %, aproximadamente un 40 %-50 %, aproximadamente un 50 %-60 %, aproximadamente un 60-70 %, aproximadamente un 70 %-80 %, aproximadamente un 80 %-90 %, aproximadamente un 90 %-100 % o un mayor aumento en el nivel de ARNi en la planta, parte de planta, célula vegetal o floema en comparación con un control apropiado. En otros aspectos, el aumento en el nivel de ARNi en la planta, parte de planta, célula de planta o floema puede comprender aproximadamente 1 vez, aproximadamente 1 vez-5 veces, aproximadamente 5 veces-10 veces, aproximadamente 10 veces-20 veces, aproximadamente 20 veces-30 veces, aproximadamente 30 veces-40 veces, aproximadamente 40 veces-50 veces, aproximadamente 50 veces-60 veces, aproximadamente 60 veces-70 veces, aproximadamente 70 veces-80 veces, aproximadamente 80 veces-90 veces, aproximadamente 90 veces-100 veces o más de aumento en el nivel de ARNi en la planta, parte de planta, célula vegetal o floema en comparación con un control apropiado. Los ejemplos de expresión combinada del elemento de silenciamiento con el elemento supresor potenciador para el control de chinches y Lygus puede encontrarse en la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos 2011/0301223 y la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos 2009/0192117.

Algunos aspectos se refieren a la regulación negativa de la expresión de genes diana en especies de plagas de insectos por medio de moléculas de ácido ribonucleico (ARN) de interferencia. La publicación PCT WO 2007/074405 describe métodos para inhibir la expresión de genes diana en plagas de invertebrados, incluyendo el escarabajo de la patata de Colorado. La publicación PCT WO 2005/110068 describe métodos para inhibir la expresión de genes diana en plagas de invertebrados, incluyendo, en particular, el gusano de la raíz del maíz occidental como medio para controlar una infestación por insectos. Además, la publicación PCT WO 2009/091864 describe composiciones y métodos para la supresión de genes diana a partir de especies de plagas de insectos, incluyendo plagas del género Lygus. Moléculas de ácido nucleico que incluyen ARNi para dirigirse a la subunidad H de ATPasa vacuolar, útiles para controlar una población de plaga de coleóptero y su infestación, como se describe en la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos 2012/0198586. La Publicación PCT WO 2012/055982 describe ácido ribonucleico (ARN o ARN bicatenario) que inhibe o regula negativamente la expresión de un gen diana que codifica: una proteína ribosomal de insecto, tal como la proteína ribosomal L19, la proteína ribosomal L40 o la proteína ribosomal S27A; una subunidad de proteasoma de insecto, tal como la proteína Rpn6, la Pros 25, la proteína Rpn2, la proteína de subunidad beta 1 de proteasoma o la proteína Pros beta 2; un β-coatómero de la vesícula COPI de insecto, el γ-coatómero de la vesícula COPI de insecto, la proteína de β'-coatómero o el ζ-coatómero de la vesícula COPI; una proteína tetraspanina 2 A de insecto, que es una proteína de dominio transmembrana putativa; una proteína de insecto que pertenece a la familia de actina, tal como actina 5C; una proteína ubiquitina-5E de insecto; una proteína Sec23 de insecto, que es un activador de GTPasa implicado en el transporte intracelular de proteínas; una proteína crinkled de insecto, que es una miosina no convencional que está implicada en la actividad motora; una proteína crooked neck de insecto, que está implicada en la regulación del cortey empalme alternativo de ARNm; una proteína de subunidad G de H+-ATPasa vacuolar de insecto y una Tbp-1 de insecto, tal como una proteína de unión a Tat. Las Publicaciones de Solicitud de Patente de los Estados Unidos 2012/029750, US 20120297501 y 2012/0322660 describen ácidos ribonucleicos de interferencia (ARN o ARN bicatenario) que funcionan tras su captación por una especie de plaga de insecto para regular negativamente la expresión de un gen diana en dicha plaga de insecto, en donde el ARN comprende al menos un elemento de silenciamiento, en donde el elemento de silenciamiento es una región de ARN bicatenario que comprende hebras complementarias hibridadas, comprendiendo o consistiendo una hebra de este en una secuencia de nucleótidos que es al menos parcialmente complementaria a una secuencia de nucleótido diana en el gen diana. La Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos 2012/0164205 describe dianas potenciales para ácidos ribonucleicos bicatenarios de interferencia para inhibir plagas de invertebrado que incluyen: una secuencia homóloga de Chd3, una secuencia homóloga de beta-tubulina, una secuencia homóloga de V-ATPasa de 40 kDa, una secuencia homóloga de EF1α, una secuencia homóloga de la subunidad p28 del proteasoma 26S, una secuencia homóloga a epóxido hidrolasa de la hormona juvenil, una secuencia homóloga a la proteína de canal de cloro dependiente de inflamación, una secuencia homóloga de proteína glucosa-6-fosfato 1-deshidrogenasa, una secuencia homóloga de proteína Act42A, una secuencia homóloga de factor 1 de ADP-ribosilación, una secuencia homóloga de proteína de factor IIb de transcripción, una secuencia homóloga de quitinasa, una secuencia homóloga de enzima de conjugación de ubiquitina, una secuencia homóloga de gliceraldehído -3-fosfato deshidrogenasa, una secuencia homóloga de ubiquitina B, un homólogo de esterasa de hormona juvenil y una secuencia homóloga de alfa tubulina. La Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos 2009/0192117 describe la supresión de polinucleótidos diana de Lygus.

Uso en control plaguicida

Se conocen en la técnica métodos generales para emplear cepas que comprenden una secuencia de ácido nucleico de los aspectos o una variante de la misma, en el control plaguicida o en la modificación por ingeniería genética de otros organismos como agentes plaguicidas. Véanse, por ejemplo, la Patente de los Estados Unidos n.º 5.039.523 y el documento EP 0480762A2.

Pueden seleccionarse microorganismos hospedadores conocidos que ocupan la "fitosfera" (filoplano, filosfera, rizosfera y/o rizoplano) de uno o más cultivos de interés. Estos microorganismos se seleccionan para ser capaces de competir con éxito en el ambiente particular con los microorganismos de tipo silvestre, proporcionar el mantenimiento y la expresión estable del gen que expresa el polipéptido de PIP-72 y de manera deseable, proporcionar protección mejorada del plaguicida frente a la degradación e inactivación ambiental.

Dichos microorganismos incluyen bacterias, algas y hongos. Son de interés particular microorganismos tales como bacterias, por ejemplo, *Pseudomonas, Erwinia, Serratia, Klebsiella, Xanthomonas, Streptomyces, Rhizobium, Rhodopseudomonas, Methylius, Agrobacterium, Acetobacter, Lactobacillus, Arthrobacter, Azotobacter, Leuconostoc* y *Alcaligenes,* hongos, particularmente levadura, por ejemplo, *Saccharomyces, Cryptococcus, Kluyveromyces, Sporobolomyces, Rhodotorula,* y *Aureobasidium.* Son de interés particular especies bacterianas de la fitosfera como *Pseudomonas syringae, Pseudomonas fluorescens, Pseudomonas chlororaphis, Serratia marcescens, Acetobacter xylinum, Agrobacteria, Rhodopseudomonas spheroides, Xanthomonas campestris, Rhizobium melioti, Alcaligenes entrophus, Clavibacter xyli* y *Azotobacter vinelandii* y especies de levadura de la fitosfera, tales como *Rhodotorula rubra, R. glutinis, R. marina, R. aurantiaca, Cryptococcus albidus, C. diffluens, C. laurentii, Saccharomyces rosei, S. pretoriensis, S. cerevisiae, Sporobolomyces roseus, S. odorus, Kluyveromyces veronae* y *Aureobasidium pollulans.* Son particularmente interesante los microorganismos pigmentados. Los organismos hospedadores de interés particular incluyen levadura, tales como *Rhodotorula spp., Aureobasidium spp., Saccharomyces spp.* (tal como *S. cerevisiae*), *Sporobolomyces spp.,* organismos del filoplano, tales como *Pseudomonas spp.* (tales como *P. aeruginosa, P. fluorescens, P. chlororaphis*), *Erwinia spp.* y *Flavobacterium spp.* y otros organismos similares, incluyendo *Agrobacterium tumefaciens, E. coli, Bacillus subtilis, Bacillus cereus* y similares.

Pueden introducirse genes que codifican los polipéptidos de PIP-72 de los aspectos en microorganismos que se multiplican en plantas (epífitos) para suministrar polipéptidos de PIP-72 a plagas diana potenciales. Los epífitos, por ejemplo, pueden ser bacterias grampositivas o gramnegativas.

Las bacterias colonizadoras de la raíz, por ejemplo, pueden aislarse de la planta de interés mediante métodos conocidos en la técnica. Específicamente, puede aislarse una cepa que coloniza las raíces de *Bacillus cereus* a partir de las raíces de una planta (véase, por ejemplo, Handelsman et al. (1991) Appl. Environ. Microbiol. 56:713-718). Pueden introducirse genes que codifican los polipéptidos de PIP-72 de los aspectos en un *Bacillus cereus* colonizador de las raíces mediante métodos convencionales conocidos en la técnica.

Pueden introducirse genes que codifican polipéptidos de PIP-72, por ejemplo, en el *Bacillus* colonizador de las raíces mediante electrotransformación. Específicamente, los genes que codifican los polipéptidos de PIP-72 pueden clonarse en un vector lanzadera, por ejemplo, pHT3101 (Lerecius, et al., (1989) FEMS Microbiol. Letts. 60:211-218. El vector lanzadera pHT3101 que contiene la secuencia codificante para el gen del polipéptido de PIP-72 particular puede, por ejemplo, transformarse en el *Bacillus* colonizador de las raíces mediante electroporación (Lerecius, et al., (1989) FEMS Microbiol. Letts. 60:211-218).

Pueden diseñarse sistemas de expresión, de tal forma que los polipéptidos de PIP-72 se secretan fuera del citoplasma de bacterias gramnegativas, tales como *E. coli,* por ejemplo. Las ventajas de tener polipéptidos de PIP-72 secretados son: (1) se evitan efectos citotóxicos potenciales del polipéptido de PIP-72 expresado; y (2) se mejora la eficiencia de purificación del polipéptido de PIP-72, incluyendo, pero sin limitación, aumento de la eficiencia en la recuperación y purificación de la proteína por volumen de caldo celular y reducción del tiempo y/o coste de recuperación y purificación por unidad de proteína.

Puede hacerse que los polipéptidos de PIP-72 sean secretados en *E. coli,* por ejemplo, fusionando un péptido de señal de *E. coli* adecuado al extremo amino-terminal del polipéptido de PIP-72. Pueden encontrarse péptidos de señal reconocidos por *E. coli* en proteínas que ya se sabe que se secretan en*E. coli,* por ejemplo, la proteína OmpA (Ghrayeb, et al., (1984) EMBO J, 3:2437-2442). OmpA es una proteína importante de la membrana externa de *E. coli* y por lo tanto, se cree que su péptido de señal es eficaz en el proceso de traslocación. Asimismo, no es necesario modificar el péptido de señal de OmpA antes del procesamiento, como puede ser el caso para otros péptidos de señal, por ejemplo, el péptido de señal de lipoproteína (Duffaud, et al., (1987) Meth. Enzymol. 153:492).

Los polipéptidos de PIP-72 de los aspectos pueden fermentarse en un hospedador bacteriano y las bacterias resultantes se procesan y usan como una pulverización microbiana del mismo modo que se han usado cepas de *Bt* como pulverizaciones insecticidas. En el caso de polipéptidos de PIP-72 que se secretan de *Bacillus*, la señal de secreción se retira o muta usando procedimientos conocidos en la técnica. Dichas mutaciones y/o eliminaciones impiden la secreción de los polipéptidos de PIP-72 al medio de crecimiento durante el proceso de fermentación. Los polipéptidos de PIP-72 se mantienen dentro de la célula y después, se procesan las células para dar los polipéptidos de PIP-72 encapsulados. Puede usarse para este fin cualquier microorganismo adecuado. Se ha usado *Pseudomonas*

para expresar toxinas de *Bt* en forma de proteínas encapsuladas y las células resultantes se han procesado y rociado como un insecticida (Gaertner, et al., (1993), en: Advanced Engineered Pesticides, ed. Kim).

Como alternativa, los polipéptidos de PIP-72 se producen introduciendo un gen heterólogo en un hospedador celular. La expresión del gen heterólogo da como resultado, directa o indirectamente, la producción intracelular y el mantenimiento del plaguicida. Después, estas células se tratan en condiciones que prolongan la actividad de la toxina producida en la célula cuando se aplica la célula al ambiente de la plaga o las plagas diana. El producto resultante conserva la toxicidad de la toxina. Estos polipéptidos de PIP-72 naturalmente encapsulados pueden formularse posteriormente de acuerdo con técnicas convencionales para la aplicación al ambiente que aloja una plaga diana, por ejemplo, suelo, agua y follaje de plantas. Véase, por ejemplo, el documento EPA 0192319 y las referencias citadas en el mismo.

Composiciones plaguicidas

En algunos aspectos, pueden aplicarse los principios activos en forma de composiciones y pueden aplicarse al área de cultivo o la planta que se va a tratar, de manera simultánea o en sucesión, con otros compuestos. Estos compuestos pueden ser fertilizantes, eliminadores de malas hierbas, crioprotectores, tensioactivos, detergentes, jabones plaguicidas, aceites durmientes, polímeros y/o formulaciones portadoras de liberación temporal o biodegradables que permiten la dosificación a largo plazo de un área diana después de una sola aplicación de la formulación. También pueden ser herbicidas selectivos, insecticidas químicos, viricidas, microbicidas, amebicidas, plaguicidas, fungicidas, bactericidas, nematicidas, molusquicidas o mezclas de varias de estas preparaciones, si se desea, junto con portadores aceptables en agricultura adicionales, tensioactivos o adyuvantes promotores de la aplicación empleados convencionalmente en la técnica de formulación. Los portadores y adyuvantes adecuados pueden ser sólidos o líquidos y corresponden a las sustancias empleadas habitualmente en la tecnología de formulación, por ejemplo, sustancias minerales naturales o regeneradas, disolventes, dispersantes, agentes humectantes, adherentes, aglutinantes o fertilizantes. Igualmente, las formulaciones pueden prepararse en "cebos" comestibles o acomodarse como "trampas" para plagas para permitir que una plaga diana se alimente de o ingiera la formulación plaguicida diana.

Los métodos para aplicar un principio activo o una composición agroquímica que contiene al menos uno de los polipéptidos de PIP-72 producidos por las cepas bacterianas incluyen aplicación foliar, recubrimiento de semillas y aplicación al suelo. El número de aplicaciones y la tasa de aplicación dependen de la intensidad de infestación por la plaga correspondiente.

La composición puede formularse como un polvo fino, polvo, microgránulo, gránulo, pulverización, emulsión, coloide, solución o similares y puede prepararse mediante medios convencionales, tales como desecación, liofilización, homogeneización, extracción, filtración, centrifugación, sedimentación o concentración de un cultivo de células que comprenden el polipéptido. En todas las composiciones de este tipo que contienen al menos un polipéptido plaguicida de este tipo, el polipéptido puede estar presente en una concentración de aproximadamente un 1 % a aproximadamente un 99 % en peso.

Se puede eliminar o reducir el número de plagas de lepidópteros, dípteros, heterópteros, nematodos, hemípteros o coleópteros en un área dada mediante los métodos de la divulgación o pueden aplicarse profilácticamente a un área ambiental para prevenir la infestación por una plaga susceptible. Preferentemente, la plaga ingiere o entra en contacto con, una cantidad plaguicida eficaz del polipéptido. Como se usa en el presente documento, "cantidad plaguicida eficaz" se refiere a una cantidad que es capaz de provocar la muerte de al menos una plaga o de reducir perceptiblemente el crecimiento de una plaga, la alimentación o el desarrollo fisiológico normal. Esta cantidad variará dependiendo de factores tales como, por ejemplo, las plagas diana específicas que se vayan a controlar, el ambiente específico, la ubicación, planta, cultivo o sitio agrícola que se vaya a tratar, las condiciones ambientales y el método, tasa, concentración, estabilidad y cantidad de aplicación de la composición de polipéptido con plaguicida eficaz. Las formulaciones también pueden variar con respecto a las condiciones climáticas, consideraciones ambientales y/o la frecuencia de aplicación y/o la gravedad de la infestación por la plaga.

Las composiciones plaguicidas descritas pueden prepararse formulando o bien la célula bacteriana, una suspensión de cristales y/o esporas o un componente proteico aislado con el portador deseable en agricultura deseado. Las composiciones pueden formularse antes de su administración en un medio adecuado, tal como liofilizadas, secadas por congelación, desecadas o en un portador, medio o diluyente acuoso adecuado, tal como suero salino u otro tampón. Las composiciones formuladas pueden encontrarse en forma de un polvo o material granulado o una suspensión en aceite (vegetal o mineral) o agua o emulsiones de aceite/agua o en forma de un polvo humectable o en combinación con cualquier otro material portador adecuado para aplicación agrícola. Los portadores agrícolas adecuados pueden ser sólidos o líquidos y se conocen bien en la técnica. La expresión "portador aceptable en agricultura" abarca todos los adyuvantes, componentes inertes, dispersantes, tensioactivos, adherentes, aglutinantes, etc. que se usan habitualmente en la tecnología de formulación de plaguicidas; estos se conocen bien por los expertos en la formulación de plaguicidas. Las formulaciones pueden mezclarse con uno o más adyuvantes sólidos o líquidos y prepararse por diversos medios, por ejemplo, mezclando, juntando y/o moliendo hasta la homogeneidad la composición plaguicida con adyuvantes adecuados usando técnicas de formulación convencionales. Se describen formulaciones y métodos de aplicación adecuados en la Patente de los Estados Unidos n.º 6.468.523. Las plantas

también pueden tratarse con una o más composiciones químicas, que incluyen uno o más herbicidas, insecticidas o fungicidas. Las composiciones químicas ejemplares incluyen: Herbicidas para frutas/hortalizas: Atracina, Bromacilo, Diurón, Glifosato, Linurón, Metribuzina, Simazina, Trifluralina, Fluazifop, Glufosinato, Halo sulfurón Gowan, Paraquat, Propizamida, Setoxidim, Butafenacilo, Halosulfurón, Indaziflam; Insecticidas para frutas/hortalizas: Aldicarb, *Bacillus thuriengiensis,* Carbarilo, Carbofurano, Clorpirifos, Cipermetrina, Deltametrina, Diazinón, Malatión, Abamectina, Ciflutrina/beta-ciflutrina, Esfenvalerato, Lambda-cihalotrina, Acequinocilo, Bifenazato, Metoxifenozida, Novalurón, Cromafenozida, Tiacloprid, Dinotefurán, FluaCripirim, Tolfenpirad, Clotianidina, Espirodiclofeno, Gamma-cihalotrina, Espiromesifeno, Espinosad, Rinaxipir, Ciazipir, Espinoteram, Triflumurón, Espirotetramat, Imidacloprid, Flubendiamida, Tiodicarb, Metaflumizona, Sulfoxaflor, Ciflumetofeno, Cianopirafeno, Imidacloprid, Clotianidina, Tiametoxam, Espinotoram, Tiodicarb, Flonicamid, Metiocarb, Emamectina-benzoato, Indoxacarb, Fortiazato, Fenamifós, Cadusafós, Piriproxifeno, Fenbutatina-óxido, Hextiazox, Metomylo, 4-[[(6-clorpiridin-3-il)metil](2,2-difluoretil)amino]furan-2(5H)-ona; Fungicidas para frutas/hortalizas: Carbendazim, Clorotalonilo, EBDC, Azufre, Tiofanato-metilo, Azoxiestrobina, Cimoxanilo, Fluazinam, Fosetilo, Iprodiona, Kresoxim-metilo, Metalaxilo/mefenoxam, Trifloxiestrobina, Etaboxam, Iprovalicarb, Trifloxiestrobina, Fenhexamid, Oxpoconazol fumarato, Ciazofamid, Fenamidona, Zoxamida, Picoxiestrobina, Piracloestrobina, Ciflufenamida, Boscalida; Herbicidas para cereales: Isoproturón, Bromoxinilo, Ioxinilo, Fenoxies, Clorsulfurón, Clodinafop, Diclofop, Diflufenicán, Fenoxaprop, Florasulam, Fluoroxipir, Metsulfurón, Triasulfurón, Flucarbazona, Iodosulfurón, Propoxicarbazona, Picolinafeno, Mesosulfurón, Beflubutamida, Pinoxaden, Amidosulfurón, Tifensulfuron Metilo, Tribenurón, Flupirsulfurón, Sulfosulfurón, Pirasulfotol, Piroxsulam, Flufenacet, Tralkoxidim, Piroxasulfón; Fungicidas para cereales: Carbendazim, Clorotalonilo, Azoxiestrobina, Ciproconazol, Ciprodinilo, Fenpropimorf, Epoxiconazol, Kresoxim-metilo, Quinoxifeno, Tebuconazol, Trifloxiestrobina, Simeconazol, Picoxiestrobina, Piracloestrobina, Dimoxiestrobina, Protioconazol, Fluoxaestrobina; Insecticidas para cereales: Dimetoato, Lambda-cihaltrina, Deltametrina, alfa-Cipermetrina, β-ciflutrina, Bifentrina, Imidacloprid, Clotianidina, Tiametoxam, Tiacloprid, Acetamiprid, Dinetofurano, Clorpirifós, Metamidofós, Oxidemeton-metilo, Pirimicarb, Metiocarb; Herbicidas para maíz: Atracina, Alaclor, Bromoxinilo, Acetoclor, Dicamba, Clopiralid, (S-)Dimetenamid, Glufosinato, Glifosato, Isoxaflutol, (S-)Metolaclor, Mesotriona, Nicosulfurón, Primisulfurón, Rimsulfurón, Sulcotriona, Foramsulfurón, Topramezona, Tembotriona, Saflufenacilo, Tiencarbazona, Flufenacet, Piroxasulfón; Insecticidas para maíz: Carbofurano, Clorpirifos, Bifentrina, Fipronilo, Imidacloprid, Lambda-Cihalotrina, Teflutrina, Terbufós, Tiametoxam, Clotianidina, Espiromesifeno, Flubendiamida, Triflumurón, Rinaxipir, Deltametrina, Tiodicarb, β-ciflutrina, Cipermetrina, Bifentrina, Lufenurón, Triflumorón, Teflutrina,Tebupirimfós, Etiprol, Ciazipir, Tiacloprid, Acetamiprid, Dinetofurano, Avermectina, Metiocarb, Espirodiclofeno, Espirotetramat; Fungicidas para maíz: Fenitropan, Tiram, Protioconazol, Tebuconazol, Trifloxiestrobina; Herbicidas para arroz: Butaclor, Propanilo, Azimsulfurón, Bensulfurón, Cihalofop, Daimurón, Fentrazamida, Imazosulfurón, Mefenacet, Oxaziclomefona, Pirazosulfurón, Piributicarb, Quinclorac, Tiobencarb, Indanofano, Flufenacet, Fentrazamida, Halosulfurón, Oxaziclomefona, Benzobiciclón, Piriftalid, Penoxsulam, Bispiribac, Oxadiargilo, Etoxisulfurón, Pretilaclor, Mesotriona, Tefuriltriona, Oxadiazona, Fenoxaprop, Pirimisulfano; Insecticidas para arroz: Diazinón, Fenitrotión, Fenobucarb, Monocrotofós, Benfuracarb, Buprofezina, Dinotefurán, Fipronilo, Imidacloprid, Isoprocarb, Tiacloprid, Cromafenozida, Tiacloprid, Dinotefurán, Clotianidina, Etiprol, Flubendiamida, Rinaxipir, Deltametrina, Acetamiprid, Tiametoxam, Ciazipir, Espinosad, Espinotoram, Emamectina-Benzoato, Cipermetrina, Clorpirifós, Cartap, Metamidofós, Etofenprox, Triazofós, 4-[[(6-clorpiridin-3-il)metil](2,2-difluoretil)amino]furan-2(5H)-ona, Carbofurano, Benfuracarb; Fungicidas para arroz: Tiofanato-metilo, Azoxiestrobina, Carpropamid, Edifenfós, Ferimzona, Iprobenfós, Isoprotiolano, Pencicurón, Probenazol, Piroquilón, Triciclazol, Trifloxiestrobina, Diclocimet, Fenoxanilo, Simeconazol, Tiadinilo; Herbicidas para algodón: Diurón, Fluometurón, MSMA, Oxifluorfeno, Prometrina, Trifluralina, Carfentrazona, Cletodim, Fluazifop-butilo, Glifosato, Norflurazón, Pendimetalina, Piritiobac-sodio, Trifloxisulfurón, Tepraloxidim, Glufosinato, Flumioxazina, Tidiazurón; Insecticidas para algodón: Acefato, Aldicarb, Clorpirifos, Cipermetrina, Deltametrina, Malatión, Monocrotofós, Abamectina, Acetamiprid, Emamectina Benzoato, Imidacloprid, Indoxacarb, Lambda-Cihalotrina, Espinosad, Tiodicarb, Gamma-Cihalotrina, Espiromesifeno, Piridalilo, Flonicamid, Flubendiamida, Triflumurón, Rinaxipir, Beta-Ciflutrina, Espirotetramat, Clotianidina, Tiametoxam, Tiacloprid, Dinetofurano, Flubendiamida, Ciazipir, Espinosad, Espinotoram, gamma Cihalotrina, 4-[[(6-clorpiridin-3-il)metil](2,2-difluoretil)amino]furan-2(5H)-ona, Tiodicarb, Avermectina, Flonicamid, Piridalilo, Espiromesifeno, Sulfoxaflor, Profenofós, Triazofós, Endosulfano; Fungicidas para algodón: Etridiazol, Metalaxilo, Quintozeno; Herbicidas para soja: Alaclor, Bentazona, Trifluralina, Clorimurón-etilo, Cloransulam-metilo, Fenoxaprop, Fomesafeno, Fluazifop, Glifosato, Imazamox, Imazaquin, Imazetapir, (S-)Metolaclor, Metribuzina, Pendimetalina, Tepraloxidim, Glufosinato; Insecticidas para soja: Lambda-cihalotrina, Metomylo, Paratión, Tiocarb, Imidacloprid, Clotianidina, Tiametoxam, Tiacloprid, Acetamiprid, Dinetofurano, Flubendiamida, Rinaxipir, Ciazipir, Espinosad, Espinotoram, Emamectina-Benzoato, Fipronilo, Etiprol, Deltametrina, β-ciflutrina, gamma y lambda Cihalotrina, 4-[[(6-clorpiridin-3-il)metil](2,2-difluoretil)amino]furan-2(5H)-ona, Espirotetramat, Espinodiclofeno, Triflumurón, Flonicamid, Tiodicarb, beta-Ciflutrina; Fungicidas para soja: Azoxiestrobina, Ciproconazol, Epoxiconazol, Flutriafol, Piracloestrobina, Tebuconazol, Trifloxiestrobina, Protioconazol, Tetraconazol; Herbicidas para remolacha azucarera: Cloridazón, Desmedifam, Etofumesato, Fenmedifam, Trialato, Clopiralid, Fluazifop, Lenacilo, Metamitrón, Quinmerac, Cicloxidim, Triflusulfurón, Tepraloxidim, Quizalofop; Insecticidas para remolacha azucarera: Imidacloprid, Clotianidina, Tiametoxam, Tiacloprid, Acetamiprid, Dinetofurano, Deltametrina, β-ciflutrina, gamma/lambda Cihalotrina, 4-[[(6-clorpiridin-3-il)metil](2,2-difluoretil)amino]furan-2(5H)-ona, Teflutrina, Rinaxipir, Ciaxipir, Fipronilo, Carbofurano; Herbicidas para colza: Clopiralid, Diclofop, Fluazifop, Glufosinato, Glifosato, Metazaclor, Trifluralina, Etametsulfurón, Quinmerac, Quizalofop, Cletodim, Tepraloxidim; Fungicidas para colza: Azoxiestrobina, Carbendazim, Fludioxonilo, Iprodiona, Procloraz, Vinclozolina; Insecticidas para colza: Organofosfatos de carbofurano, Piretroides, Tiacloprid, Deltametrina, Imidacloprid, Clotianidina, Tiametoxam, Acetamiprid, Dinetofurano, β-ciflutrina, gamma y lambda Cihalotrina, tau-Fluvaleriato, Etiprol, Espinosad, Espinotoram,

Flubendiamida, Rinaxipir, Ciazipir, 4-[[(6-clorpiridin-3-il)metil](2,2-difluoretil)amino]furan-2(5H)-ona.

En algunos aspectos, el herbicida es Atrazina, Bromacilo, Diurón, Clorsulfurón, Metsulfurón, Tifensulfuron Metilo, Tribenurón, Acetoclor, Dicamba, Isoxaflutol, Nicosulfurón, Rimsulfurón, Piritiobac-sodio, Flumioxazina, Clorimurón-etilo, Metribuzina, Quizalofop, S-metolaclor, Hexazina o combinaciones de los mismos.

En algunos aspectos, el insecticida es Esfenvalerato, Clorantraniliprol, Metomylo, Indoxacarb, Oxamilo o combinaciones de los mismos.

En algunos aspectos, el herbicida es un herbicida inhibidor de homogentisato solanesiltransferasa (HST) y/o un herbicida inhibidor de hidroxifenil piruvato dioxigenasa (HPPD) de la Publicación de Patente de los Estados Unidos US2011173718.

Actividad plaguicida e insecticida

Las "plagas" incluyen, pero sin limitación, insectos, hongos, bacterias, nematodos, ácaros, garrapatas y similares. Las plagas de insectos incluyen insectos seleccionados entre los órdenes de los coleópteros, dípteros, himenópteros, lepidópteros, malófagos, homópteros, hemípteros, ortópteros, tisanópteros, dermápteros, isópteros, anopluros, sifonápteros, tricópteros, etc., en particular, lepidópteros y coleópteros.

Los expertos en la materia reconocerán que no todos los compuestos son igualmente eficaces contra todas las plagas. Los compuestos de los aspectos presentan actividad contra plagas de insectos, que pueden incluir plagas con importancia económica en agricultura, silvicultura, invernaderos, ornamentales de invernaderos, alimentos y fibras, salud pública y animal, estructura doméstica y comercial, doméstica y de productos almacenados.

Las larvas del orden de los lepidópteros incluyen, pero sin limitación, gusanos cogolleros, gusanos cortadores, falsos medidores y heliotinas de la familia Noctuidae *Spodoptera frugiperda* JE Smith (gusano cogollero del maíz); *S. exigua* Hubner (gusano cogollero de la remolacha); *S. litura* Fabricius (gusano del tabaco); *Mamestra configurate* Walker (gusano de las crucíferas); *M. brassicae* Linnaeus (polilla de la col); *Agrotis ipsilon* Hufnagel (gusano cortador negro); *A. orthogonia* Morrison (gusano cortador occidental); *A. subterranea* Fabricius (gusano gris); *Alabama argillacea* Hubner (gusano de la hoja del maíz); *Trichoplusia ni* Hubner (medidor de la col); *Pseudoplusia includens* Walker (falso medidor de la soja); *Anticarsia gemmatalis* Hubner (oruga de las leguminosas); *Hypena scabra* Fabricius (gusano del trébol); *Heliothis virescens* Fabricius (oruga del tabaco); *Pseudaletia unipuncta* Haworth (defoliadora del maíz); *Athetis mindara* Barnes y Mcdunnough (gusano cortador rugoso); *Euxoa messoria* Harris (gusano cortador); *Earias insulana* Boisduval (oruga espinosa del algodonero); *E. vittella* Fabricius (gusano moteado); *Helicoverpa armigera* Hubner (oruga del tomate); *H. zea* Boddie (gusano del grano); *Melanchra picta* Harris (oruga cebra); *Egira (Xylomyges) curialis* Grote (oruga de los cítricos); barrenadores, gusanos tejedores, gusanos de las coníferas y esqueletizantes de la familia Pyralidae *Ostrinia nubilalis* Hubner (barrenador del maíz europeo); *Amyelois transitella* Walker (gusano anaranjado); *Anagasta kuehniella* Zeller (polilla de la harina mediterránea); *Cadra cautella* Walker (polilla de la almendra); *Chilo suppressalis* Walker (barrenador del tallo del arroz); *C. partellus,* (barrenador del sorgo); *Corcyra cephalonica* Stainton (polilla del arroz); *Crambus caliginosellus* Clemens (gusano tejedor del maíz); *C. teterrellus* Zincken (gusano tejedor del pasto varilla); *Cnaphalocrocis medinalis* Guenee (enrollador de la hoja del arroz); *Desmia funeralis* Hubner (enrollador de la vid); *Diaphania hyalinata* Linnaeus (gusano del melón); *D. nitidalis* Stoll (oruga de la calabaza); *Diatraea grandiosella* Dyar (barrenador del maíz occidental del sur), *D. saccharalis* Fabricius (barrenador de la caña de azúcar); *Eoreuma loftini* Dyar (barrenador del arroz mexicano); *Ephestia elutella* Hubner (polilla del tabaco (cacao)); *Galleria mellonella* Linnaeus (polilla de la cera); *Herpetogramma licarsisalis* Walker (gusano tejedor); *Homoeosoma electellum* Hulst (polilla del girasol); *Elasmopalpus lignosellus* Zeller (barrenador del tallo del maíz); *Achroia grisella* Fabricius (polilla de la cera); *Loxostege sticticalis* Linnaeus (gusano tejedor de la remolacha); *Orthaga thyrisalis* Walker (polilla del árbol del té); *Maruca testulalis* Geyer (barrenador de la vaina de la alubia); *Plodia interpunctella* Hubner (polilla de la harina india); *Scirpophaga incertulas* Walker (barrenador amarillo del tallo); *Udea rubigalis* Guenee (anudador de la hoja del apio); y enrolladores de las hojas, gusanos de los brotes, gusanos de las semillas y gusanos de los frutos de la familia Tortricidae *Acleris gloverana* Walsingham (polilla de los frutales occidental); *A. variana* Fernald (polilla de los frutales oriental); *Archips argyrospila* Walker (enrollador de hojas de los frutales); *A. rosana* Linnaeus (enrollador de la hoja europeo); y otras especies de *Archips*, *Adoxophyes orana* Fischer von Rösslerstamm (capua de los frutales); *Cochylis hospes* Walsingham (polilla bandeada del girasol); *Cydia latiferreana* Walsingham (polilla del castaño); *C. pomonella* Linnaeus (polilla de la manzana); *Platynota flavedana* Clemens (rosquilla variegada); *P. stultana* Walsingham (rosquilla omnívora); *Lobesia botrana* Denis & Schiffermuller (polilla de la vid europea); *Spilonota ocellana* Denis y Schiffermuller (piral roja de los brotes); *Endopiza viteana* Clemens (polilla del grano de la uva); *Eupoecilia ambiguella* Hubner (polilla de la viña); *Bonagota salubricola* Meyrick (enrolladora de las hojas brasileña); *Grapholita molesta* Busck (polilla de la fruta oriental); *Suleima helianthana* Riley (polilla del brote del girasol); *Argyrotaenia spp.; Choristoneura spp..*

Otras plagas agronómicas del orden de los lepidópteros incluyen, pero sin limitación, *Alsophila pometaria* Harris (gusano del cancro); *Anarsia lineatella* Zeller (barrenador del melocotonero); *Anisota senatoria* J.E. Smith (oruga rayada naranja del roble); *Antheraea pernyi* Guerin-Meneville (polilla tussah del roble chino); *Bombyx mori* Linnaeus (gusano de la seda); *Bucculatrix thurberiella* Busck (perforador de la hoja del melocotonero); *Colias eurytheme*

Boisduval (oruga de la alfalfa); *Datana integerrima* Grote & Robinson (oruga de la nuez); *Dendrolimus sibiricus* Tschetwerikov (polilla de la seda siberiana), *Ennomos subsignaria* Hubner (oruga del olmo); *Erannis tiliaria* Harris (áncora del tilo); *Euproctis chrysorrhoea* Linnaeus (polilla marrón); *Harrisina americana* Guerin-Meneville (esqueletizador de la vid); *Hemileuca oliviae* Cockrell (oruga del rango); *Hyphantria cunea* Drury (gusano de tela de araña); *Keiferia lycopersicella* Walsingham (minador del tomate); *Lambdina fiscellaria fiscellaria* Hulst (barrenador del abeto oriental); *L. fiscellaria lugubrosa* Hulst (barrenador del abeto occidental); *Leucoma salicis* Linnaeus (polilla satín); *Lymantria dispar* Linnaeus (polilla parda); *Manduca quinquemaculata* Haworth (gusano cornudo del tomate); *M. sexta* Haworth (gusano cornudo del tabaco); *Operophtera brumata* Linnaeus (polilla invernal); *Paleacrita vernata* Peck (gusano del cancro primaveral); *Papilio cresphontes* Cramer (mariposa cometa gigante); *Phryganidia californica* Packard (gusano del roble californiano); *Phyllocnistis citrella* Stainton (barrenador de la hoja de los cítricos); *Phyllonorycter blancardella* Fabricius (minador en elipses); *Pieris brassicae* Linnaeus (mariposa blanca gigante); *P. rapae* Linnaeus (mariposa blanca pequeña); *P. napi* Linnaeus (mariposa blanca y verde); *Platyptilia carduidactyla* Riley (polilla de la alcachofa); *Plutella xylostella* Linnaeus (polilla de dorso de diamante); *Pectinophora gossypiella* Saunders (gusano rosado); *Pontia protodice* Boisduval y Leconte (gusano de la col del sur); *Sabulodes aegrotata* Guenee (falsa medidora omnívora); *Schizura concinna* J.E. Smith (oruga de joroba roja); *Sitotroga cerealella* Olivier (polilla del grano); *Thaumetopoea pityocampa* Schiffermuller (oruga procesionaria del pino); *Tineola bisselliella* Hummel (polilla de la ropa); *Tuta absolute* Meyrick (minador de la hoja del tomate); *Yponomeuta padella* Linnaeus (arañuelo del ciruelo); *Heliothis subflexa* Guenee; *Malacosoma spp.* y *Orgyia spp.*

Resultan interesantes las larvas y adultos del orden de los coleópteros, incluyendo gorgojos de las familias Anthribidae, Bruchidae y Curculionidae (incluyendo, pero sin limitación: *Anthonomus grandis* Boheman (gorgojo del algodón); *Lissorhoptrus oryzophilus* Kuschel (gorgojo de agua del arroz); *Sitophilus granarius* Linnaeus (gorgojo del grano); *S. oryzae* Linnaeus (gorgojo del arroz); *Hypera punctata* Fabricius (gorgojo del trébol); *Cylindrocopturus adspersus* LeConte (gorgojo del tallo del girasol); *Smicronyx fulvus* LeConte (gorgojo rojo de la semilla del girasol); *S. sordidus* LeConte (gorgojo gris de la semilla del girasol); *Sphenophorus maidis* Chittenden (chinche del maíz)); escarabajos pulga, escarabajos del pepino, gusanos de la raíz, gusanos de las hojas, gusanos de la patata y minadores de las hojas de la familia Chrysomelidae (incluyendo, pero sin limitación: *Leptinotarsa decemlineata* Say (escarabajo de la patata de colorado); *Diabrotica virgifera virgifera* LeConte (gusano de la raíz del maíz occidental); *D. barberi* Smith and Lawrence (gusano de la raíz del maíz del norte); *D. undecimpunctata howardi* Barber (gusano de la raíz del maíz del sur); *Chaetocnema pulicaria* Melsheimer (escarabajo pulga del maíz); *Phyllotreta cruciferae* Goeze (escarabajo pulga de las crucíferas); *Phyllotreta striolata* (escarabajo pulga rayado); *Colaspis brunnea* Fabricius (colaspis de la uva); *Oulema melanopus* Linnaeus (escarabajo de las hojas de los cereales); *Zygogramma exclamationis* Fabricius (escarabajo del girasol)); escarabajos de la familia Coccinellidae (incluyendo, pero sin limitación: *Epilachna varivestis* Mulsant (escarabajo de la alubia mexicano)); chafer y otros escarabajos de la familia Scarabaeidae (incluyendo, pero sin limitación: *Popillia japonica* Newman (escarabajo japonés); *Cyclocephala borealis* Arrow (escarabajo enmascarado del norte); *C. immaculate* Olivier (escarabajo enmascarado del sur); *Rhizotrogus majalis* Razoumowsky (escarabajo europeo); *Phyllophaga crinita* Burmeister (gusano blanco); *Ligyrus gibbosus* De Geer (escarabajo de la zanahoria)); escarabajos de alfombra de la familia Dermestidae; gusanos de alambre de la familia Elateridae, *Eleodes* spp., *Melanotus* spp.; *Conoderus* spp.; *Limonius* spp.; *Agriotes* spp.; *Ctenicera* spp.; *Aeolus* spp.; escarabajos de la corteza de la familia Scolytidae y escarabajos de la familia Tenebrionidae.

Son interesantes los ejemplares adultos e inmaduros del orden Diptera, incluyendo minadores de las hojas *Agromyza parvicornis* Loew (mosca minadora del maíz); mosquitos (incluyendo, pero sin limitación: *Contarinia sorghicola* Coquillett (mosquito del sorgo); *Mayetiola destructor* Say (mosca de Hessian); *Sitodiplosis mosellana* Gehin (mosquito del trigo); *Neolasioptera murtfeldtiana* Felt, (mosquito de la semilla del girasol)); moscas de la fruta (Tephritidae), *Oscinella frit* Linnaeus (moscas de la fruta); gusanos (incluyendo, pero sin limitación: *Delia platura* Meigen (gusano del maíz); *D. coarctata* Fallen (mosca del trigo) y otras *Delia* spp., *Meromyza americana* Fitch (gusano del tallo del trigo); *Musca domestica* Linnaeus (mosca doméstica); *Fannia canicularis* Linnaeus, *F. femoralis* Stein (moscas menores); *Stomoxys calcitrans* Linnaeus (moscas de establo)); moscas de la cara, moscas de los cuernos, moscardas, *Chrysomya* spp.; *Phormia* spp. y otras plagas de moscas muscoides, tábanos *Tabanus* spp.; moscardones *Gastrophilus* spp.; *Oestrus* spp.; larvas del ganado *Hypoderma* spp.; moscas de los ciervos *Chrysops* spp.; *Melophagus ovinus* Linnaeus (keds) y otras *Brachycera,* mosquitos *Aedes* spp.; *Anopheles* spp.; *Culex* spp.; moscas negras *Prosimulium* spp.; *Simulium* spp.; mosquitos mordedores, moscas de la arena, esciáridos y otras *Nematocera.*

Se incluyen como insectos de interés los adultos y las ninfas del orden de los hemípteros y los homópteros, tales como, pero sin limitación, adélgidos de la familia *Adelgidae*, parásitos de plantas de la familia *Miridae*, cícadas de la familia *Cicadidae*, chicharritas, *Empoasca* spp.; de la familia *Cicadellidae*, saltamontes de las familias *Cixiidae*, *Flatidae*, *Fulgoroidea*, *Issidae* y *Delphacidae*, saltaárboles de la familia *Membracidae*, fisílidos de la familia *Psyllidae*, moscas blancas de la familia *Aleyrodidae*, pulgones de la familia *Aphididae*, filoxeras de la familia *Phylloxeridae*, chinches de la harina de la familia *Pseudococcidae*, trepadores de las familias *Asterolecanidae*, *Coccidae*, *Dactylopiidae*, *Diaspididae*, *Eriococcidae*, *Ortheziidae*, *Phoenicococcidae* y *Margarodidae*, chinches de encaje de la familia *Tingidae*, chinches hediondas de la familia *Pentatomidae*, chinches, *Blissus* spp.; y otras chinches de las semillas de la familia *Lygaeidae*, chinches de la familia *Cercopidae*, chinches de la calabaza de la familia *Coreidae* y chinches rojas y tintes del algodón de la familia *Pyrrhocoridae*.

Los miembros agronómicamente importantes del orden de los homópteros incluyen además, pero sin limitación:

Acyrthisiphon pisum Harris (pulgón del guisante); *Aphis craccivora* Koch (pulgón del caupí); *A. fabae* Scopoli (pulgón negro de la alubia); *A. gossypii*Glover (pulgón del algodón, pulgón del melón); *A. maidiradicis* Forbes (pulgón de la raíz del maíz); *A. pomi* De Geer (pulgón del manzano); *A. spiraecola* Patch (pulgón de la spirea); *Aulacorthum solani* Kaltenbach (pulgón estriado de la patata); *Chaetosiphon fragaefolii* Cockerell (pulgón de la fresa); *Diuraphisnoxia* Kurdjumov/Mordvilko (pulgón del trigo ruso); *Dysaphis plantaginea* Paaserini (pulgón rosado del manzano); *Eriosoma lanigerum* Hausmann (pulgón lanígero del manzano); *Brevicoryne brassicae* Linnaeus (pulgón de la col); *Hyalopterus pruni*Geoffroy (pulgón harinoso de la ciruela); *Lipaphis erysimi* Kaltenbach (pulgón del nabo); *Metopolophium dirrhodum* Walker (pulgón de los cereales); *Macrosiphum euphorbiae* Thomas (pulgón de la patata); *Myzus persicae* Sulzer (pulgón del melocotón-patata, pulgón verde del melocotonero); *Nasonovia ribisnigri*Mosley (pulgón de la lechuga); *Pemphigus*spp. (pulgones de las raíces y pulgones de las agallas); *Rhopalosiphum maidis* Fitch (pulgón de la hoja del maíz); *R. padi* Linnaeus (pulgón de la avena); *Schizaphis graminum* Rondani (chinche verde); *Sipha flava* Forbes (pulgón amarillo de la caña de azúcar); *Sitobion avenae* Fabricius (pulgón del grano inglés); *Therioaphis maculata* Buckton (pulgón moteado de la alfalfa); *Toxoptera aurantii* Boyer de Fonscolombe (pulgón negro de los cítricos) y *T. citricida* Kirkaldy (pulgón pardo de los cítricos); *Melanaphis sacchari* (pulgón de la caña de azúcar); *Adelges* spp. (adélgidos); *Phylloxera devastatrix* Pergande (phylloxera del pecán); *Bemisia tabaci* Gennadius (mosca blanca del tabaco, mosca blanca del boniato); *B. argentifolii* Bellows & Perring (mosca blanca de alas plateadas); *Dialeurodes citri* Ashmead (mosca blanca de los cítricos); *Trialeurodes abutiloneus* (mosca blanda de alas bandeadas) y *T. vaporariorum* Westwood (mosca blanca del invernadero); *Empoasca fabae* Harris (saltahojas de la patata); *Laodelphax striatellus* Fallen (saltahojas menor pardo); *Macrolestes quadrilineatus* Forbes (saltahojas del áster); *Nephotettix cinticeps* Uhler (saltahojas verde); *N. nigropictus* Stal (saltahojas del arroz); *Nilaparvata lugens* Stal (saltaplantas pardo); *Peregrinus maidis* Ashmead (saltaplantas del maíz); *Sogatella furcifera* Horvath (saltaplantas de dorso blanco); *Sogatodes orizicola* Muir (saltahojas del arroz); *Typhlocybapomaria* McAtee (saltahojas blanco del manzano); *Erythroneoura* spp. (saltahojas de la vid); *Magicicada septendecim* Linnaeus (chicharra periódica); *Icerya purchasi* Maskell (cochinilla acanalada); *Quadraspidiotus perniciosus* Comstock (cochinilla de san José); *Planococcus citri* Risso (pulgón harinoso de los cítricos); *Pseudococcus* spp. (otros del complejo de pulgones harinosos); *Cacopsylla pyricola* Foerster (mieleta del peral); *Trioza diospyri* Ashmead (mieleta del caqui).

Las especies agronómicamente importantes de interés del orden de los hemípteros incluyen, pero sin limitación: *Acrosternum hilare* Say (chinche verde); *Anasa tristis* De Geer (chinche de la calabaza); *Blissus leucopterus leucopterus* Say (chinche); *Corythuca gossypii* Fabricius (chinche de encaje); *Cyrtopeltis modesta* Distant (chinche del tomate); *Dysdercus suturellus* HerrichSchaffer (tinte del algodón); *Euschistus servus* Say (chinche hedionda parda); *E. variolarius* Palisot de Beauvois (chinche hedionda de una mancha); Graptostethusspp. (complejo de chinches de semillas); *Leptoglossus corculus* Say (chinche del piñón); *Lygus lineolaris* Palisot de Beauvois (chinche lygus); *L. Hesperus* Knight (chinche lygus occidental); *L. pratensis* Linnaeus (chinche del páramo común); *L. rugulipennis* Poppius (chinche lygus europea); *Lygocoris pabulinus* Linnaeus (cápsido verde común); *Nezara viridula* Linnaeus (chinche hedionda verde del sur); *Oebalus pugnax* Fabricius (chinche hedionda del arroz); *Oncopeltus fasciatus* Dallas (gran chinche del algodoncillo); *Pseudatomoscelis seriatus* Reuter (saltona del algodón).

Además, los aspectos pueden ser eficaces contra hemípteros, tales como, *Calocoris norvegicus* Gmelin (chinche de la fresa); *Orthops campestris* Linnaeus; *Plesiocoris rugicollis* Fallen (cápsido de la manzana); *Cyrtopeltis modestus* Distant (chinche del tomate); *Cyrtopeltis notatus* Distant (chicharrita); *Spanagonicus albofasciatus* Reuter (pulga saltona negra); *Diaphnocoris chlorionis* Say (chinche de la acacia de las tres espinas); *Labopidicola allii* Knight (chinche de la planta de la cebolla); *Pseudatomoscelis seriatus* Reuter (saltona del algodón); *Adelphocoris rapidus* Say (chinche rápida de plantas); *Poecilocapsus lineatus* Fabricius (chinche de plantas de cuatro rayas); *Nysius ericae* Schilling (falsa chinche); *Nysius raphanus* Howard (falsa chinche); *Nezara viridula* Linnaeus (chinche hedionda verde del sur); *Eurygaster spp.; Coreidae spp.; Pyrrhocoridae spp.; Tinidae spp.; Blostomatidae spp.; Reduviidae spp.* y *Cimicidae spp.*

También se incluyen los adultos y las larvas del orden *Acari* (ácaros) tales como *Aceria tosichella* Keifer (ácaro rizado del trigo); *Petrobia latens* Muller (ácaro pardo del trigo); arañuelas y arañas rojas de la familia *Tetranychidae*, *Panonychus ulmi* Koch (araña roja europea); *Tetranychus urticae* Koch (arañuela de dos puntos); *(T. mcdanieli* McGregor (arañuela de McDaniel); *T. cinnabarinus* Boisduval (arañuela carmín); *T. turkestani* Ugarov & Nikolski (arañuela de la fresa); ácaros planos de la familia *Tenuipalpidae*, *Brevipalpus lewisi* McGregor (ácaro plano de los cítricos); ácaros de la roya de la familia *Eriophyidae* y otros ácaros que se alimentan de hojas importantes en la salud humana y animal, es decir, ácaros del polvo de la familia *Epidermoptidae*, ácaros de los folículos de la familia *Demodicidae*, ácaros del grano de la familia *Glycyphagidae*, garrapatas y otras *Ixodidae*. *Ixodes scapularis* Say (garrapata del ciervo); *I. holocyclus* Neumann (garrapata paralizante australiana); *Dermacentor variabilis* Say (garrapata común americana); *Amblyomma americanum* Linnaeus (garrapata solitaria) y ácaros de la sarna de las familias *Psoroptidae*, *Pyemotidae* y *Sarcoptidae*.

Son interesantes las plagas de insectos del orden *Thysanura*, tales como *Lepisma saccharina* Linnaeus (pececillo de plata); *Thermobia domestica* Packard (insecto de fuego).

Las plagas de artrópodos adicionales abarcadas incluyen: arañas del orden *Araneae*, tales como *Loxosceles reclusa* Gertsch y Mulaik (araña reclusa parda) y *Latrodectus mactans* Fabricius (araña viuda negra) y ciempiés del orden *Scutigeromorpha*, tales como *Scutigera coleoptrata* Linnaeus (ciempiés doméstico).

Las plagas de insecto de interés incluyen la superfamilia de las chinches hediondas y otros insectos relacionados, incluyendo, pero sin limitación, especies que pertenecen a la familia *Pentatomidae (Nezara viridula, Halyomorpha halys, Piezodorus guildini, Euschistus servus, Acrosternum hilare, Euschistus heros, Euschistus tristigmus, Acrosternum hilare, Dichelops furcatus, Dichelops melacanthus,* y *Bagrada hilaris* (chinche bragada)), la familia *Plataspidae* (*Megacopta cribraria* - chinche de las leguminosas) y la familia *Cydnidae (Scaptocoris castanea* - chinche hedionda de las raíces) y especies de lepidópteros que incluyen, pero sin limitación: polilla de dorso de diamante, por ejemplo, *Helicoverpa zea* Boddie; gusano falso medidor de la soja, por ejemplo, *Pseudoplusia includens* Walker y oruga de las leguminosas, por ejemplo, *Anticarsia gemmatalis* Hubner.

Se conocen bien en la técnica métodos para medir la actividad plaguicida. Véase, por ejemplo, Czapla y 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 n.º 5.743.477. En general, se mezcla la proteína y se usa en ensayos de alimentación. Véase, por ejemplo, Marrone, et al., (1985) J. of Economic Entomology 78:290-293. Dichos ensayos pueden incluir poner en contacto plantas con una o más plagas y determinar la capacidad de las plantas para sobrevivir y/o provocar la muerte de las plagas.

Los nematodos incluyen nematodos parásitos, tales como nematodos de la raíz, de quistes y lesiones, incluyendo *Heterodera* spp., *Meloidogyne* spp. y *Globodera* spp.; en particular, miembros de los nematodos de quistes, incluyendo, pero sin limitación, *Heterodera glycines* (nematodo del quiste de la soja); *Heterodera schachtii* (nematodo del quiste de la remolacha); *Heterodera avenae* (nematodo del quiste de los cereales) y *Globodera rostochiensis* y *Globodera pailida* (nematodo del quiste de la patata). Los nematodos de lesiones incluyen *Pratylenchus* spp.

Tratamiento de semillas

Para proteger y potenciar el rendimiento de producción y las tecnologías de rasgos, las opciones de tratamiento de semillas pueden proporcionar una flexibilidad del plan de cultivo adicional y un control económico contra insectos, malas hierbas y enfermedades. El material de la semilla puede tratarse, normalmente tratarse superficialmente, con una composición que comprende combinaciones de herbicidas químicos o biológicos, protectores herbicidas, insecticidas, fungicidas, inhibidores y potenciadores de la germinación, nutrientes, reguladores y activadores del crecimiento de plantas, bactericidas, nematicidas, avicidas y/o molusquicidas. Estos compuestos se formulan normalmente junto con portadores adicionales, tensioactivos o adyuvantes promotores de la aplicación empleados convencionalmente en la técnica de formulación. Los recubrimientos pueden aplicarse impregnando material de propagación con una formulación líquida o mediante recubrimiento con una formulación húmeda o seca combinada. Los ejemplos de los diversos tipos de compuestos que pueden usarse como tratamientos para semillas se proporcionan en The Pesticide Manual: A World Compendium, C.D.S. Tomlin Ed., Publicado por el British Crop Production Council.

Algunos tratamientos para semillas que pueden usarse en semillas de cultivo incluyen, pero sin limitación, uno o más de ácido abscísico, acibenzolar-S-metilo, avermectina, amitrol, azaconazol, azospirilum, azadiractina, azoxiestrobina, *Bacillus* spp. (incluyendo uno o más de *cereus*, *firmus*, *megaterium*, *pumilis*, *sphaericus*, *subtilis* y/o *thuringiensis*), *Bradyrhizobium* spp. (incluyendo uno o más de *betae*, *canariense*, *elkanii*, *iriomotense*, *japonicum*, *liaonigense*, *pachyrhizi* y/o *yuanmingense*), captán, carboxina, quitosano, clotianidina, cobre, ciazipir, difenoconazol, etidiazol, fipronilo, fludioxonilo, fluoxaestrobina, fluquinconazol, flurazol, fluxofenim, proteína en horquilla, imazalilo, imidacloprid, ipconazol, isoflavenoides, lipo-quitooligosacárido, mancozeb, manganeso, maneb, mefenoxam, metalaxilo, metconazol, miclobutanilo, PCNB, penflufeno, *penicillium*, pentiopirad, permetrina, picoxiestrobina, protioconazol, piracloestrobina, rinaxipir, S-metolaclor, saponina, sedaxano, TCMTB, tebuconazol, tiabendazol, tiametoxam, tiocarb, tiram, tolclofos metilo, triadimenol, tricoderma, trifloxiestrobina, triticonazol y/o cinc. La envoltura de semillas PCNB se refiere al N.º de registro de la EPA 00293500419, que contiene quintozen y terrazol. TCMTB se refiere a 2-(tiocianometiltio)benzotiazol.

Pueden ensayarse variedades de semillas y semillas con rasgos transgénicos específicos para determinar qué opciones de tratamiento de semilla y tasas de aplicación pueden complementar a dichas variedades y rasgos transgénicos para potenciar el rendimiento. Por ejemplo, una variedad con buen potencial de rendimiento pero susceptible al carbón de la espiga podría beneficiarse del uso de un tratamiento de semillas que proporcione protección contra el carbón de la espiga, una variedad con buen potencial de rendimiento pero susceptible nematodos de quiste podría beneficiarse del uso de un tratamiento de semillas que proporcione protección contra el nematodo del quiste y así sucesivamente. Asimismo, una variedad que abarca un rasgo transgénico que confiere resistencia a insectos puede beneficiarse del segundo modo de acción conferido por el tratamiento de semillas, una variedad que abarca un rasgo transgénico que confiere resistencia a herbicidas puede beneficiarse de un tratamiento de semillas con un protector que potencia la resistencia de las plantas a ese herbicida, etc. Además, el buen establecimiento de la raíz y la emergencia temprana que resulta del uso adecuado de un tratamiento de semillas puede dar como resultado un uso más eficiente del nitrógeno, una mejor capacidad para soportar la sequía y un aumento general en el potencial de crecimiento de una variedad o de variedades que contienen un rasgo concreto cuando se combina con un tratamiento de semillas.

Métodos para eliminar una plaga de insectos y controlar una población de insectos

En algunos aspectos, se proporcionan métodos para eliminar una plaga de insectos, que comprende poner en contacto la plaga de insectos con una cantidad insecticida eficaz de un polipéptido de PIP-72 recombinante. En algunos aspectos, se proporcionan métodos para eliminar una plaga de insectos, que comprende poner en contacto a la plaga de insectos con una cantidad insecticida eficaz de una proteína plaguicida recombinante de SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 32, una cualquiera de SEQ ID NO: 528 - SEQ ID NO: 768, una cualquiera de SEQ ID NO: 825- SEQ ID NO: 844, SEQ ID NO: 771, SEQ ID NO: 772 o SEQ ID NO: 852 o una variante de las mismas.

En algunos aspectos, se proporcionan métodos para controlar una población de plaga de insectos, que comprenden poner la población de plaga de insectos con una cantidad insecticida eficaz de un polipéptido de PIP-72 recombinante. En algunos aspectos, se proporcionan métodos para controlar una población de plaga de insectos, que comprende poner en contacto a la población de plaga de insectos población con una cantidad insecticida eficaz de una proteína plaguicida recombinante de SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 32, una cualquiera de SEQ ID NO: 528 - SEQ ID NO: 768, una cualquiera de SEQ ID NO: 825 - SEQ ID NO: 844, SEQ ID NO: 771, SEQ ID NO: 772 o SEQ ID NO: 852 o una variante de las mismas. Como se usa en el presente documento, "controlar una población de plaga" o "controla una plaga" se refiere a cualquier efecto en una plaga que da como resultado la limitación en el daño que provoca la plaga. Combatir una plaga incluye, pero sin limitación, destruir la plaga, inhibir el desarrollo de la plaga, alterar la fertilidad o el crecimiento de la plaga de tal manera que la plaga provoque menos daño a la planta, reducir el número de descendientes producidos, producir plagas menos aptas, producir plagas más susceptibles al ataque de predadores o impedir que las plagas se coman la planta.

En algunos aspectos, se proporcionan métodos para controlar una población de plaga de insectos resistente a una proteína plaguicida, que comprenden poner la población de plaga de insectos con una cantidad insecticida eficaz de un polipéptido de PIP-72 recombinante. En algunos aspectos, se proporcionan métodos para controlar una población de plaga de insectos resistente a una proteína plaguicida, que comprende poner en contacto a la población de plaga de insectos población con una cantidad insecticida eficaz de una proteína plaguicida recombinante de SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 32, una cualquiera de SEQ ID NO: 528 - SEQ ID NO: 768, una cualquiera de SEQ ID NO: 825- SEQ ID NO: 844, SEQ ID NO: 771, SEQ ID NO: 772 o SEQ ID NO: 852 o una variante de las mismas.

En algunos aspectos, se proporcionan métodos para proteger a una planta frente a una plaga de insectos, que comprenden expresar en la planta o célula de la misma un polinucleótido recombinante que codifica un polipéptido de PIP-72. En algunos aspectos, se proporcionan métodos para proteger a una planta frente a una plaga de insectos, que comprenden expresar en la planta o célula de la misma un polinucleótido recombinante que codifica una proteína plaguicida de SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 32, una cualquiera de SEQ ID NO: 528 - SEQ ID NO: 768, una cualquiera de SEQ ID NO: 825- SEQ ID NO: 844, SEQ ID NO: 771, SEQ ID NO: 772 o SEQ ID NO: 852 o variantes de las mismas.

En algunos aspectos, se proporcionan métodos para eliminar una plaga de insectos, que comprende poner en contacto a la plaga de insectos con una cantidad insecticida eficaz de un polipéptido recombinante de SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 34, SEQ ID NO: 36, SEQ ID NO: 929, SEQ ID NO: 930, SEQ ID NO: 931, SEQ ID NO: 937, SEQ ID NO: 938, SEQ ID NO: 942, SEQ ID NO: 947 o SEQ ID NO: 948 o una variante de la misma.

En algunos aspectos, se proporcionan métodos para controlar una población de plaga de insectos, que comprenden poner en contacto la población de la plaga de insectos con una cantidad eficaz de un polipéptido recombinante de SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 34, SEQ ID NO: 36, SEQ ID NO: 929, SEQ ID NO: 930, SEQ ID NO: 931, SEQ ID NO: 937, SEQ ID NO: 938, SEQ ID NO: 942, SEQ ID NO: 947 o SEQ ID NO: 948 o una variante de la misma. Como se usa en el presente documento, "controlar una población de plaga" o "controla una plaga" se refiere a cualquier efecto en una plaga que da como resultado la limitación en el daño que provoca la plaga. Combatir una plaga incluye, pero sin limitación, destruir la plaga, inhibir el desarrollo de la plaga, alterar la fertilidad o el crecimiento de la plaga de tal manera que la plaga provoque menos daño a la planta, reducir el número de descendientes producidos, producir plagas menos aptas, producir plagas más susceptibles al ataque de predadores o impedir que las plagas se coman la planta.

En algunos aspectos, se proporcionan métodos para controlar una población de plaga de insectos resistente a una proteína plaguicida, que comprenden poner en contacto la población de la plaga de insectos con una cantidad eficaz de un polipéptido recombinante de SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 34, SEQ ID NO: 36, SEQ ID NO: 929, SEQ ID NO: 930, SEQ ID NO: 931, SEQ ID NO: 937, SEQ ID NO: 938, SEQ ID NO: 942, SEQ ID NO: 947 o SEQ ID NO: 948 o una variante de la misma.

En algunos aspectos, se proporcionan métodos para proteger a una planta frente a una plaga de insectos, que

comprenden expresar en la planta o célula de la misma un polinucleótido recombinante que codifica una proteína plaguicida de SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 34, SEQ ID NO: 36, SEQ ID NO: 929, SEQ ID NO: 930, SEQ ID NO: 931, SEQ ID NO: 937, SEQ ID NO: 938, SEQ ID NO: 942, SEQ ID NO: 947, o SEQ ID NO: 948 o variantes de las mismas.

Estrategias de gestión de la resistencia a insectos (IRM)

La expresión de δ-endotoxinas de *B. thuringiensis* en plantas de maíz transgénicas ha demostrado ser un medio eficaz para controlar plagas de insecto importantes en agricultura (Perlak, *et al.,* 1990; 1993). Sin embargo, han evolucionado insectos que son resistentes a δ-endotoxinas de *B. thuringiensis* expresadas en plantas transgénicas. Dicha resistencia, en caso de dispersarse, podría limitar claramente el valor comercial de genes que contienen germoplasma que codifica dichas δ-endotoxinas de *B. thuringiensis*.

Una forma para aumentar la eficacia de los insecticidas transgénicos contra plagas diana y a la vez reducir el desarrollo de plagas resistentes a insecticidas es proporcionar refugios (una sección de cultivos/maíz no insecticida) no transgénicos (es decir, sin proteína insecticida) para su uso con cultivos transgénicos que producen una sola proteína insecticida activa contra plagas diana. La Agencia de Protección del Medio Ambiente de los Estados Unidos (epa.gov/oppbppdl/biopesticides/pips/bt_corn_refuge_2006.htm, que puede consultarse usando el prefijo www) publica los requisitos para el uso con cultivos transgénicos que producen una nueva proteína de *Bt* activa contra plagas diana. Además, la National Corn Growers Association, en su página web: (ncga.com/insect-resistance-management-fact-sheet-bt-corn, que puede consultarse usando el prefijo www), también proporciona orientación similar referente a los requisitos de los refugios. Debido a las pérdidas a causa de insectos en el área de refugio, los refugios de mayor tamaño pueden reducir el rendimiento general.

Otra forma de aumentar la eficacia de los insecticidas transgénicos contra plagas diana y al mismo tiempo reducir el desarrollo de plagas resistentes a insecticidas podría ser tener un repositorio de genes insecticidas que son eficaces contra grupos de plagas de insectos y que manifiestan sus efectos mediante diferentes modos de acción.

La expresión en una planta de dos o más composiciones insecticidas tóxicas para la misma especie de insecto, expresándose cada insecticida a niveles eficaces, podría ser otra manera de lograr el control del desarrollo de resistencia. Esto se basa en el principio de que la evolución de resistencia contra dos modos de acción separados es mucho más improbable que con solo uno. Roush, por ejemplo, explica en líneas generales estrategias de dos toxinas, también denominadas "ajuste ergogénico" o "apilamiento", para el control de cultivos transgénicos insecticidas. (The Royal Society. Phil. Trans. R. Soc. Lond. B. (1998) 353:1777-1786). El apilamiento o ajuste ergogénico de dos proteínas diferentes, siendo cada una eficaz contra las plagas diana y con poca o ninguna resistencia cruzada puede permitir el uso de un refugio de menor tamaño. La Agencia de Protección del Medio Ambiente de los Estados Unidos requiere la siembra de un refugio significativamente menos estructurado (generalmente un 5 %) de maíz no modificado con *Bt* que para los productos con un solo rasgo (generalmente un 20 %). Hay varias formas de proporcionar los efectos IRM de un refugio, incluyendo diversos patrones geométricos de siembra en los campos y en mezclas de semillas en la bolsa, como se analiza adicionalmente por Roush.

En algunos aspectos, los polipéptidos de PIP-72 de la divulgación son útiles como estrategia para el control de la resistencia a insectos en combinación (es decir, con ajuste ergogénico) con otras proteínas plaguicidas que incluyen, pero sin limitación, toxinas de *Bt*, proteínas insecticidas de *Xenorhabdus* sp. o *Photorhabdus* sp. y similares.

Se proporcionan métodos para controlar infestaciones por insectos lepidópteros y/o coleópteros en una planta transgénica que promueven la gestión de la resistencia a insectos, que comprenden expresar en la planta al menos dos proteínas insecticidas diferentes que tienen diferentes modos de acción.

En algunos aspectos de los métodos para controlar la infestación por insectos lepidópteros y/o coleópteros en una planta transgénica y promover la gestión de la resistencia a insectos, la al menos una proteína insecticida comprende un polipéptido de PIP-72 insecticida para insectos del orden de los lepidópteros y/o coleópteros.

En algunos aspectos de los métodos para controlar la infestación por insectos lepidópteros y/o coleópteros en una planta transgénica y promover la gestión de la resistencia a insectos, la al menos una proteína insecticida comprende una proteína de SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 32, una cualquiera de SEQ ID NO: 528 - SEQ ID NO: 768, una cualquiera de SEQ ID NO: 825 - SEQ ID NO: 844, SEQ ID NO: 771, SEQ ID NO: 772, SEQ ID NO: 852, una cualquiera de SEQ ID NO: 903 - SEQ ID NO: 914, SEQ ID NO: 927, SEQ ID NO: 928, SEQ ID NO: 932, SEQ ID NO: 933, SEQ ID NO: 934, SEQ ID NO: 935, SEQ ID NO: 936, SEQ ID NO: 939, SEQ ID NO: 940, SEQ ID NO: 941, SEQ ID NO: 943, SEQ ID NO: 944, SEQ ID NO: 945, o SEQ ID NO: 946 o variantes de las mismas, insecticidas para insectos del orden de los lepidópteros y/o coleópteros.

En algunos aspectos, los métodos para controlar la infestación por insectos lepidópteros y/o coleópteros en una planta transgénica y promover la gestión de la resistencia a insectos comprenden expresar en la planta transgénica un polipéptido de PIP-72 y una proteína Cry insecticida para insectos del orden de los lepidópteros y/o coleópteros que

tienen diferentes modos de acción.

En algunos aspectos, los métodos para controlar la infestación por insectos lepidópteros y/o coleópteros en una planta transgénica y promover la gestión de la resistencia a insectos comprenden en la planta transgénica una proteína de SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: *4,* SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 32, una cualquiera de SEQ ID NO: 528 - SEQ ID NO: 768, una cualquiera de SEQ ID NO: 825 - SEQ ID NO: 844, SEQ ID NO: 771, SEQ ID NO: 772, SEQ ID NO: 852, una cualquiera de SEQ ID NO: 903 - SEQ ID NO: 914, SEQ ID NO: 927, SEQ ID NO: 928, SEQ ID NO: 932, SEQ ID NO: 933, SEQ ID NO: 934, SEQ ID NO: 935, SEQ ID NO: 936, SEQ ID NO: 939, SEQ ID NO: 940, SEQ ID NO: 941, SEQ ID NO: 943, SEQ ID NO: 944, SEQ ID NO: 945 o SEQ ID NO: 946 o variantes de las mismas y una proteína Cry insecticida para insectos del orden de los lepidópteros y/o coleópteros que tienen diferentes modos de acción.

También se proporcionan métodos para reducir la probabilidad de emergencia de resistencia a insectos lepidópteros y/o coleópteros a plantas transgénicas que expresan en las plantas proteínas insecticidas para controlar las especies de insectos, que comprenden la expresión de un polipéptido de PIP-72 insecticida para las especies de insectos en combinación con una segunda proteína insecticida para las especies de insectos que tienen diferentes modos de acción.

También se proporcionan métodos para reducir la probabilidad de emergencia de resistencia a insectos lepidópteros y/o coleópteros a plantas transgénicas que expresan en las plantas proteínas insecticidas para controlar las especies de insectos, que comprenden la expresión de una proteína de SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 32, una cualquiera de SEQ ID NO: 528 - SEQ ID NO: 768, una cualquiera de SEQ ID NO: 825 - SEQ ID NO: 844, SEQ ID NO: 771, SEQ ID NO: 772, SEQ ID NO: 852, una cualquiera de SEQ ID NO: 903 - SEQ ID NO: 914, SEQ ID NO: 927, SEQ ID NO: 928, SEQ ID NO: 932, SEQ ID NO: 933, SEQ ID NO: 934, SEQ ID NO: 935, SEQ ID NO: 936, SEQ ID NO: 939, SEQ ID NO: 940, SEQ ID NO: 941, SEQ ID NO: 943, SEQ ID NO: 944, SEQ ID NO: 945, o SEQ ID NO: 946 o variantes de las mismas, insecticidas para las especies de insectos en combinación con una segunda proteína insecticida para las especies de insectos que tienen diferentes modos de acción.

También se proporcionan medios para la gestión eficaz de la resistencia a lepidópteros y/o coleópteros de plantas transgénicas, que comprenden la coexpresión a altos niveles en las plantas de dos o más proteínas insecticidas tóxicas para insectos lepidópteros y/o coleópteros, pero mostrando cada una un modo de acción diferente en su actividad de eliminación, en donde las dos o más proteínas insecticidas comprenden un polipéptido de PIP-72 y una proteína Cry.
También se proporcionan medios para la gestión eficaz de la resistencia a lepidópteros y/o coleópteros de plantas transgénicas, que comprenden la coexpresión a altos niveles en las plantas de dos o más proteínas insecticidas tóxicas para insectos lepidópteros y/o coleópteros, pero mostrando cada una un modo de acción diferente en su actividad de eliminación, en donde las dos o más proteínas insecticidas comprenden una proteína de SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 32, una cualquiera de SEQ ID NO: 528 - SEQ ID NO: 768, una cualquiera de SEQ ID NO: 825 - SEQ ID NO: 844, SEQ ID NO: 771, SEQ ID NO: 772, SEQ ID NO: 852, una cualquiera de SEQ ID NO: 903 - SEQ ID NO: 914, SEQ ID NO: 927, SEQ ID NO: 928, SEQ ID NO: 932, SEQ ID NO: 933, SEQ ID NO: 934, SEQ ID NO: 935, SEQ ID NO: 936, SEQ ID NO: 939, SEQ ID NO: 940, SEQ ID NO: 941, SEQ ID NO: 943, SEQ ID NO: 944, SEQ ID NO: 945 o SEQ ID NO: 946 o variantes de las mismas y una proteína Cry.

Además, se proporcionan métodos para obtener la aprobación por las autoridades reguladoras para sembrar o comercializar plantas que expresan proteínas insecticidas para insectos del orden de los lepidópteros y/o coleópteros, que comprenden la etapa de hacer referencia a, remitir o basarse en datos de ensayos de unión con insectos que muestran que el polipéptido de PIP-72 no compite con los sitios de unión para las proteínas Cry en dichos insectos.
Además, se proporcionan métodos para obtener la aprobación por las autoridades reguladoras para sembrar o comercializar plantas que expresan proteínas insecticidas para insectos del orden de los lepidópteros y/o coleópteros, que comprenden la etapa de hacer referencia a, remitir o basarse en datos de ensayos de unión con insectos que muestran que la proteína de SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 32, una cualquiera de SEQ ID NO: 528 - SEQ ID NO: 768, una cualquiera de SEQ ID NO: 825 - SEQ ID NO: 844, SEQ ID NO: 771, SEQ ID NO: 772 o SEQ ID NO: 852 o una variante del mismo no compite con los sitios de unión para proteínas Cry en dichos insectos.

Métodos para aumentar el rendimiento de plantas

Se proporcionan métodos para aumentar el rendimiento de plantas. Los métodos comprenden proporcionar una planta o célula vegetal que expresa un polinucleótido que codifica la secuencia de polipéptido plaguicida divulgada en el presente documento y cultivar la planta o una semilla de la misma en un campo infestado con una plaga contra la cual el polipéptido tiene actividad plaguicida. En algunos aspectos, el polipéptido tiene actividad plaguicida contra un lepidóptero, coleóptero, díptero, hemíptero o nematodo y el campo está infestado por una plaga del lepidóptero, hemíptero, coleóptero, díptero o nematodo.

Como se define en el presente documento, el "rendimiento" de la planta se refiere a la calidad y/o cantidad de biomasa

producida por la planta. "Biomasa", como se usa en el presente documento, se refiere a cualquier producto medido de la planta. Un aumento en la producción de biomasa es cualquier mejora en el rendimiento del producto vegetal medido. El aumento del rendimiento de la planta tiene varias aplicaciones comerciales. Por ejemplo, el aumento de la biomasa foliar puede aumentar el rendimiento de hortalizas foliares para consumo humano o animal. Además, el aumento de la biomasa foliar puede usarse para aumentar la producción de productos farmacéuticos o industriales de origen vegetal. Un aumento en el rendimiento puede comprender cualquier aumento estadísticamente significativo, incluyendo, pero sin limitación, un aumento de al menos un 1 %, un aumento de al menos un 3 %, un aumento de al menos un 5 %, un aumento de al menos un 10 %, un aumento de al menos un 20 %, al menos un 30 %, al menos un 50 %, al menos un 70 %, al menos un 100 % o un aumento mayor en el rendimiento, en comparación con una planta que no expresa la secuencia plaguicida.

En métodos específicos, el rendimiento de la planta aumenta como resultado de la resistencia mejorada a la plaga de una planta que expresa un polipéptido de PIP-72 divulgado en el presente documento. La expresión del polipéptido de PIP-72 da como resultado una capacidad reducida de una plaga para infestar o alimentarse de la planta, mejorando de este modo el rendimiento de la planta.

Métodos de procesado

Se proporcionan además métodos para procesar una planta, parte de planta o semilla para obtener un alimento o producto alimentario de una planta, parte de planta o semilla que comprende un polipéptido de PIP-72. Las plantas, partes de plantas o semillas proporcionadas en el presente documento, pueden procesarse para producir aceite, productos proteínicos y/o subproductos que son derivados obtenidos mediante el procesamiento que tienen valor comercial. Los ejemplos no limitantes incluyen semillas transgénicas que comprenden una molécula de ácido nucleico que codifica un polipéptido de PIP-72 que puede procesarse para producir aceite de soja, productos de la soja y/o subproductos de la soja.

"Procesamiento" se refiere a cualquier método físico y químico usado para obtener cualquier producto de la soja e incluye, pero sin limitación, acondicionamiento térmico, descamado y molienda, extrusión, extracción con disolvente o inmersión acuosa y extracción de semillas completas o parciales.

Los siguientes ejemplos se presentan como ilustración y no como limitación.

EXPERIMENTOS

Ejemplo 1 - Identificación de una proteína insecticida activa contra el gusano de la raíz del maíz occidental (WCRW) de la cepa SS143D5

Se identificó la proteína activa PIP-72Aa contra WCRW (*Diabrotica virgifera virgifera*) mediante purificación de proteínas, espectrometría líquida-cromatografía de masas (CL-EM/EM) y clonación PCR de la cepa SS143D5 de *Pseudomonas chlororaphis* como se expone a continuación:
Se observó la actividad insecticida contra WCRW (*Diabrotica virgifera virgifera*) a partir de un lisado celular transparente de SS143D5 cultivadas en medio de soja tripticasa (triptona 17 g/l, digestión enzimática de harina de soja 3 g/l, dextrosa 2,5 g/l, cloruro de sodio 5 g/l, K2HPO4 2,5 g/l) y se cultivó durante una noche a 26 °C con agitación a 250rpm. Esta actividad insecticida mostró sensibilidad al calor y a proteinasas, lo que indica su naturaleza proteica. Para la extracción de proteínas, se descongelaron las células y se resuspendieron en tampones acetato de sodio 50 mM, pH 5 (tampón A) que contenía cóctel de inhibidor de proteasa V de CalBiochem. Se obtuvo un lisado aclarado en bruto haciendo pasar las células a través de un homogeneizador a una presión de 206,8 mPa (30.000 psi), seguido de centrifugación a 13.800 x g durante 20 min.

Los bioensayos con WCRW se llevaron a cabo usando muestras de lisado celular de 10 microlitros mezcladas con dieta fundida de baja fusión para WCRW (Southland Products Inc., Lake Village, Arkansas) en un formato de 96 pocillos. Se colocaron neonatos de *Diabrotica virgifera virgifera* en cada pocillo de una placa de 96 pocillos. El ensayo se ejecutó durante 4 días a 25 °C y después se puntuó la mortalidad de insectos y el aturdimiento del crecimiento de insectos. Las puntuaciones se anotaron como muerto, severamente aturdido (poco o ningún crecimiento, pero vivo), aturdido (crecimiento hasta el segundo estadio pero no equivalente a los controles) o sin actividad.

Se extrajo ADN genómico de la cepa SS143D5 con un kit de extracción de ADN genómico bacteriano de Sigma-Aldrich® (n.º de cat. NA2110-KT, Sigma-Aldrich, Apartado de Correos 14508, St. Louis, MO 63178) de acuerdo con las instrucciones del fabricante. La concentración de ADN se determinó usando un espectrofotómetro NanoDrop® (Thermo Fisher Scientific®, 3411 Silverside Road, Bancroft Building, Suite 100, Willmington, DE 19810) y el ADN genómico se diluyó a 40ng/ul con agua estéril. Se configuró una reacción PCR de 25 ul combinando 80 ng de ADN genómico, 2 ul (5 uM) de los cebadores de ADN ribosómico de 16S TACCTTGTTACGACTT (SEQ ID NO: 285) y AGAGTTTGATCMTGGCTCAG (SEQ ID NO: 286), 1 ul de dNTP 10 cmM, tampón 1x Phusion® HF™ y 1 unidad de ADN polimerasa de alta fidelidad Phusion® (New England Biolabs®, n.º de cat. M0530L, 240 County Road, Ipswich, MA 01938-2723). La reacción PCR se llevó a cabo en un termociclador MJ Research PTC-200 (Bio-Rad® Laboratories, Inc., 1000 Alfred Nobel Drive, Hercules, California, 94547, EE. UU.) con el siguiente programa: 96 °C 1

min; 30 ciclos de 96 °C 15 segundos, 52 °C 2 minutos y 72 °C 2 minutos; 72 °C 10 minutos; y se mantiene a 4 °C. Los productos de la PCR se purificaron con el kit de purificación de ADN QiaQuick® (n.º de cat. 28104, QIAGEN® Inc., 27220 Turnberry Lane, Valencia, CA 91355). Se secuenció el ADN de la muestra purificada por la PCR y se efectuó una búsqueda BLAST de la secuencia de ADN ribosómico de 16S en la base de datos del NCBI, que indicó que SS143D5 es una cepa de *Pseudomonas chlororaphis*. La cepa SS143D5 de *Pseudomonas chlororaphis* se depositó el 7 de febrero de 2013 con el n.º de registro NRRL B-50810 en la Agricultural Research Service Culture Collection (NRRL), 1815 North University Street, Peoria, Illinois 61604, (nrrl.ncaur.usda.gov, que puede consultarse en Internet usando el prefijo "www").

También se preparó ADN genómico aislado de la cepa SS143D5 de acuerdo con un protocolo de construcción de bibliotecas mediante Illumina y se secuenció usando el dispositivo Illumina® Genome Analyzer® IIx (n.º de cat. SY-301-1301, Illumina Inc., 9885Towne Center Drive, San Diego, CA92121). Las secuencias de cóntigos de ácidos nucleicos se ensamblaron y se generaron las fases abiertas de lectura.

El sedimento celular de un cultivo de una noche de SS143D5 cultivadas en caldo 2x YT a 26 °C con agitación a 250 rpm se lisó a -137,8 mPa (-20.000 psi) después de su resuspensión en tampón acetato, pH 5. El lisado en bruto se aclaró mediante centrifugación y se cargó en una columna HiTrap™ S-HP (GE Healthcare, 800 Centennial Avenue, P.O. Box 1327, Piscataway, NJ 08855). La proteína unida se eluyó con un gradiente lineal de cloruro de sodio y se fraccionó. Las fracciones que contenían la proteína de interés se reunieron y se intercambió el tampón para su carga en una columna MonoQ™ (GE Healthcare), ejecutada a pH 8. Se eluyó PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2) con un gradiente lineal de cloruro de sodio y después de confirmarse la actividad, se purificó adicionalmente mediante cromatografía de interacción hidrófoba. Para esto, la proteína se ajustó a sulfato de amonio 0,8 M, se cargó en una columna HiTrap™ Butyl-HP (GE Healthcare) y la proteína activa se recuperó en la fracción no unida. El análisis por SDS-PAGE mostró una sola banda tras la tinción con colorante azul de Coomassie™. Se cortó la banda de proteína, se digirió con tripsina y se analizó mediante cromatografía de nanolíquidos/electropulverización en tándem con espectrometría de masas (nano-CL/IEN-EM/EM) en un espectrómetro de masas Thermo Q Exactive™ Orbitrap™ (Thermo Fisher Scientific®, 81 Wyman Street, Waltham, MA 02454) con la interfaz del sistema Eksigent NanoLC 1-D Plus nano-lc (AB Sciex™, 500 Old Connecticut Path, Framingham, MA 01701, EE. UU.). Se recogieron los espectros iónicos de diez productos en un modo de adquisición dependiente de la información después de un escaneo prospectivo MS1.

La identificación de proteínas se efectuó mediante búsquedas en bases de datos usando Mascot® (Matrix Science, 10 Perrins Lane, Londres, NW3 1QY, R. U.). La búsqueda frente a la base de datos propia Bacteria-Plus, que combina todas las secuencias de proteína bacteriana y secuencias de queratina procedentes de la base de datos no redundante (nr) del NCBI así como secuencias de proteínas propias, identificó un nuevo gen codificado por la cepa SS143D5, que se denominó PIP-72Aa (SEQ ID NO: 1).

Ejemplo *2* - Identificación de homólogos de PIP-72Aa

Las identidades de genes pueden determinarse llevando a cabo búsquedas BLAST (Basic Local Alignment 20 Search Tool; Altschul, et al., (1993) J. Mol. Biol. 215:403-410; véase también ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/, que puede consultarse usando el prefijo www) con parámetros por defecto respecto de la similitud respecto de secuencias contenidas en la base de datos BLAST "nr" disponible al público (que comprende todas las traducciones de CDR de GenBank no redundantes, secuencias procedentes de la estructura en 3 dimensiones del Brookhaven Protein Data Bank, la última compilación principal de la base de datos de secuencia de proteínas 25 SWISS-PROT, las bases de datos del EMBL y DDBJ. Además de bases de datos públicas, se efectuaron búsquedas en las bases de datos Pioneer de DuPont. Se analizó la secuencia de polinucleótidos de SEQ ID NO: 1.

La búsqueda identificó varios homólogos de PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2) que tenían un porcentaje de identidad diverso respecto de PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2). Los homólogos de PIP-72Aa con actividad insecticida designados en el presente documento como: PIP-72Ba (SEQ ID NO: 4); PIP-72Ca (SEQ ID NO: 6); PIP-72Cb (SEQ ID NO: 8); PIP-72Da (SEQ ID NO: 10); PIP-72Db (SEQ ID NO: 12); PIP-72Dc (SEQ ID NO: 14); PIP-72Fa (SEQ ID NO: 18); PIP-72Ff (SEQ ID NO: 28) y PIP-72Gb (SEQ ID NO: 32) se identificaron de una base de datos de genoma bacteriano interna Pioneer de DuPont de: *Pseudomonas rhodesiae; Pseudomonas chlororaphis; Pseudomonas mandelii; Pseudomonas congelans; Pseudomonas mandelii; Pseudomonas ficuserectae; Pseudomonas mosselii; Pseudomonas chlororaphis;* y *Pseudomonas chlororaphis* respectivamente. PIP-72Ba (SEQ ID NO: 4); PIP-72Ca (SEQ ID NO: 6); PIP-72Cb (SEQ ID NO: 8); PIP-72Da (SEQ ID NO: 10); PIP-72Db (SEQ ID NO: 12); PIP-72Dc (SEQ ID NO: 14); PIP-72Fa (SEQ ID NO: 18); PIP-72Ff (SEQ ID NO: 28) y PIP-72Gb (SEQ ID NO: 32) están codificados por SEQ ID NO: 3; SEQ ID NO: 5; SEQ ID NO: 7; SEQ ID NO: 9; SEQ ID NO: 11; SEQ ID NO: 13; SEQ ID NO: 17; SEQ ID NO: 27 y SEQ ID NO: 31, respectivamente. Los homólogos inactivos con baja identidad designados en el presente documento como PIP-72Ea (SEQ ID NO: 16) y PIP-72Ge (SEQ ID NO: 38) se identificaron de una base de datos de genoma bacteriano interna Pioneer de DuPont de *Pseudomonas congelans* y *Pseudomonas chlororaphis* respectivamente. PIP-72Ea y PIP-72Ge están codificados por SEQ ID NO: 15 y SEQ ID NO: 37, respectivamente.

Los homólogos con actividad insecticida más distante designados en el presente documento como: GBP_A3175 (SEQ ID NO: 20 - proteína hipotética GBP346_A3175, n.º de registro YP_002897852); JG43047 (SEQ ID NO: 24 - proteína hipotética, n.º de registro JGI - 2165143047) y PFL_6283 (SEQ ID NO: 30 - proteína hipotética, n.º de registro

YP_004842361.1) se identificaron de bases de datos públicas externas de: *Burkholderia pseudomallei* MSHR346; *Pseudomonas sp.* y *Pseudomonas protegens* Pf-5, respectivamente. GBP_A3175 (SEQ ID NO: 20); JG43047 (SEQ ID NO: 24) y PFL_6283 (SEQ ID NO: 30) están codificados por SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 23 y SEQ ID NO: 29, respectivamente.

Los homólogos más distantes, que no se expresaron o se encontraban inactivos a las concentraciones evaluadas, se designaron SRBS_294080 (SEQ ID NO: 22 - proteína hipotética de la rizosfera del pasto varilla MC, n.º de registro JGI 2021745495); SwiRh_4910 (SEQ ID NO: 26 - proteína hipotética de la rizosfera del pasto varilla, n.º de registro JGI - SwiRh_1014910); XBJ1_1078 (SEQ ID NO: 34 - proteína hipotética XBJ1_1078 de *Xenorhabdus bovienii* SS- 2004, n.º de registro YP_003467009) y plu2373 (SEQ ID NO: 36 - proteína hipotética plu2373 de *Photorhabdus luminescens subsp. laumondii* TTO1, n.º de registro NP_929618) se identificaron de bases de datos públicas externas; *Xenorhabdus* codificado por SEQ ID NO: 21; SEQ ID NO: 25; SEQ ID NO: 33 y SEQ ID NO: 35, respectivamente.

Se identificaron homólogos adicionales de PIP-72 efectuando búsquedas BLAST de bases de datos públicas y bases de datos Pioneer internas de DuPont básicamente como se ha descrito anteriormente. La tabla 5 muestra la denominación del polipéptido de PIP-72, el porcentaje de identidad respecto de IPD072Aa (SEQ ID NO: 2), la fuente de la cepa bacteriana y la especie bacteriana. La tabla 6 muestra la denominación del polipéptido de PIP-72, el identificador de la secuencia de polipéptido y el identificador de secuencia de polinucleótido.

Tabla 5

Homólogo de PIP-72	Identidad respecto de PIP-72Aa, SEQ ID NO: 2	Fuente	Especie
PIP-72Ab	94,2 %	cepa activa interna - SSP587D6-1	*Pseudomonas chlororaphis*
PIP-72Bb	87,4 %	colección interna - SSP555A5b; JH54973-1	*Pseudomonas brassicacearum*
WP_030131237	77,9 %	NCBI-WP_030131237-proteína hipotética	*Pseudomonas sp.* QTF5
WP_016417435	50,6 %	NCBI-proteína hipotética WP_016417435.1	*Halomonas anticariensis*
BDL_2850	41,1 %	NCBI proteína hipotética BDL_2850 (AHE26696)	*Burkholderia pseudomallei*
PIP-72Fh	41,9 %	cepa activa interna SSP533D8d; SS143C5; SSP436A3a; SSP535F2a; SSP429C9a	*Pseudomonas entomophila* L48
PIP-72Fi	41,9 %	cepa activa interna SSP533G1a	*Pseudomonas entomophila*
PIP-72Fj	39,5 %	cepa activa interna JH44835-2; JH59153-1	*Pseudomonas chlororaphis*
PIP-72Fk	41,9 %	cepa activa interna JH52442-1; JH52448-2	*Pseudomonas chlororaphis*
PIP-72FI	44,9 %	cepa activa interna JH59178-1; JH59094-1	*Burkholderia multivorans*
BBK_2354	43,0 %	NCBI proteína hipotética WP_023360071.1 BBK_2354	*Burkholderia pseudomallei*
D512_15386	38,6 %	NCBI proteína hipotética D512_15386ZP_ 23811189.1	*Burkholderia pseudomallei* MSHR1043
PIP-72Gg	33 %	colección interna - SSP459B9-3; SSP541A11-3; SSP560B2a; SSP560B12c	*Pseudomonas chlororaphis*
PIP-72Gh	38,4 %	colección interna - SSP469F1d	*Pseudomonas chlororaphis*

Homólogo de PIP-72	Identidad respecto de PIP-72Aa, SEQ ID NO: 2	Fuente	Especie
PIP-72Gi	39,5 %	colección interna - SSP471D1a; SSP471D1c; SSP4G8; SSP514E4-3; SSP514E2-1;	*Pseudomonas mosselii*
BTI_1023	37,5 %	proteína hipotética BTI_1023, YP_ 007917531; EMBL-N0ALH1_BURTH	*Burkholderia thailandensis*
PIP-72Gk	37,5 %	colección interna - JH34931-1	*Pseudomonas protegens*
PIP-72Gl	39,5 %	colección interna - SSP490B11a; SSP514E2-1; SSP341E4-3	*Pseudomonas plecoglossicida*
PIP-72Gm	37,8 %	colección interna-JH23445-2	
PIP-72Gn	38,4 %	colección interna-SSP579D5-2, SSP581D7-1; SSP579D8-1	*Pseudomonas chlororaphis*
WP_028536646	39,5 %	NCBI-WP_028536646.1-proteína hipotética	*Paludibacterium yongneupense*
BTRA_1468	38,9 %	NCBI-AIC88674.1-proteína hipotética BTRA_1468	*Burkholderia thailandensis*

Tabla 6

Homólogo de PIP-72	Polipéptido	Polinucleótido
PIP-72Ab	SEQ ID NO: 927	SEQ ID NO: 949
PIP-72Bb	SEQ ID NO: 928	SEQ ID NO: 950
WP_030131237	SEQ ID NO: 929	SEQ ID NO: 951
WP_016417435	SEQ ID NO: 930	SEQ ID NO: 952
BDL_2850	SEQ ID NO: 931	SEQ ID NO: 953
PIP-72Fh	SEQ ID NO: 932	SEQ ID NO: 954
PIP-72Fi	SEQ ID NO: 933	SEQ ID NO: 955
PIP-72Fj	SEQ ID NO: 934	SEQ ID NO: 956
PIP-72Fk	SEQ ID NO: 935	SEQ ID NO: 957
PIP-72Fl	SEQ ID NO: 936	SEQ ID NO: 958
BBK_2354	SEQ ID NO: 937	SEQ ID NO: 959
D512_15386	SEQ ID NO: 938	SEQ ID NO: 960
PIP-72Gg	SEQ ID NO: 939	SEQ ID NO: 961
PIP-72Gh	SEQ ID NO: 940	SEQ ID NO: 962
PIP-72Gi	SEQ ID NO: 941	SEQ ID NO: 963
BTI_1023	SEQ ID NO: 942	SEQ ID NO: 964
PIP-72Gk	SEQ ID NO: 943	SEQ ID NO: 965
PIP-72Gl	SEQ ID NO: 944	SEQ ID NO: 966
PIP-72Gm	SEQ ID NO: 945	SEQ ID NO: 967
PIP-72Gn	SEQ ID NO: 946	SEQ ID NO: 968
WP_028536646	SEQ ID NO: 947	SEQ ID NO: 969

Homólogo de PIP-72	Polipéptido	Polinucleótido
BTRA_1468	SEQ ID NO: 948	SEQ ID NO: 970

La figura 1 muestra el alineamiento de la secuencia de aminoácidos de PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2), PIP-72Ba (SEQ ID NO: 4); PIP-72Ca (SEQ ID NO: 6); PIP-72Cb (SEQ ID NO: 8); PIP-72Da (SEQ ID NO: 10); PIP-72Db (SEQ ID NO: 12); PIP-72Dc (SEQ ID NO: 14); PIP-72Ea (SEQ ID NO: 16), PIP-72Fa (SEQ ID NO: 18); GBP_A3175 (SEQ ID NO: 20), SRBS_294080 (SEQ ID NO: 22); JG43047 (SEQ ID NO: 24); SwiRh_4910 (SEQ ID NO: 26); PIP-72Ff (SEQ ID NO: 28), PFL_6283 (SEQ ID NO: 30); PIP-72Gb (SEQ ID NO: 32); XBJ1_1078 (SEQ ID NO: 34); plu2373 (SEQ ID NO: 36); y PIP-72Ge (SEQ ID NO: 38). Se resalta la diversidad de secuencia de aminoácidos. Se subrayan los aminoácidos 37-51 (motivo 1) en relación con PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2).

La figura 2 muestra un alineamiento de las secuencias de aminoácidos de PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2), PIP-72Ab (SEQ ID NO: 927); PIP-72Ba (SEQ ID NO: 4); PIP-72Bb (SEQ ID NO: 928); PIP-72Ca (SEQ ID NO: 6); PIP-72Cb (SEQ ID NO: 8); WP_030131237 (SEQ ID NO: 929); PIP-72Da (SEQ ID NO: 10); PIP-72Db (SEQ ID NO: 12); PIP-72Dc (SEQ ID NO: 14); PIP-72Fa (SEQ ID NO: 18); y GBP_A3175 (SEQ ID NO: 20). Se indica mediante sombreado la diversidad de secuencia de aminoácidos entre PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2) y los otros homólogos.

La figura 3 muestra el alineamiento de la secuencia de aminoácidos de PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2), PIP-72Ba (SEQ ID NO: 4); PIP-72Ca (SEQ ID NO: 6); PIP-72Cb (SEQ ID NO: 8); PIP-72Da (SEQ ID NO: 10); PIP-72Db (SEQ ID NO: 12); y PIP-72Dc (SEQ ID NO: 14). Se indica mediante sombreado la diversidad de secuencia de aminoácidos entre PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2) y los otros homólogos.

La figura *4* muestra el alineamiento de secuencia de aminoácidos de WP_030131237 (SEQ ID NO: 929); PIP-72Ca (SEQ ID NO: 6); PIP-72Cb (SEQ ID NO: 8); PIP-72Da (SEQ ID NO: 10); PIP-72Db (SEQ ID NO: 12); y PIP-72Dc (SEQ ID NO: 14). Se indica mediante sombreado la diversidad de secuencia de aminoácidos entre PIP-72Da (SEQ ID NO: 10) y los otros homólogos.

La figura 5 muestra un alineamiento de las secuencias de aminoácidos de PIP-72Fh (SEQ ID NO: 932), PIP-72Gi (SEQ ID NO: 941); PIP-72Fi (SEQ ID NO: 933); PIP-72GI (SEQ ID NO: 944); PIP-72Fa (SEQ ID NO: 14). Se indica mediante sombreado la diversidad de aminoácidos entre PIP-72Ca (SEQ ID NO: 2) y los otros homólogos.

La tabla 7 muestra la identidad de secuencia entre los homólogos de PIP-72.

Tabla 7

*	GBP_A3175 SEQ ID NO: 20	PIP-72Ab SEQ ID NO: 927	PIP-72Bb SEQ ID NO: 928	WP_030131237 SEQ ID NO: 929	WP_016417435 SEQ ID NO: 930	BDL_2850 SEQ ID NO: 931	PIP-72Fh SEQ ID NO: 932	PIP-72Fi SEQ ID NO: 933	PIP-72Fj SEQ ID NO: 934	PIP-72Fk SEQ ID NO: 935
PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2)	42,2	94,2	88,4	**77,9**	51,2	41,1	39,6	39,6	35,4	37,5
GBP_A3175	-	43,3	46,7	46,7	47,8	97,8	34,4	38,7	38,1	41,2
PIP-72Ab	-	-	87,2	**75,6**	48,8	42,2	39,6	39,6	33,3	35,4
PIP-72Bb	-	-	-	**80,2**	48,8	45,6	40,7	40,7	31,2	33,3
WP_030131237	-	-	-	-	52,3	45,6	37,4	37,4	34,4	35,4
WP_016417435	-	-	-	-	-	46,7	33,0	33,0	35,4	37,4
BDL_2850	-	-	-	-	-	-	33,3	37,6	38,1	41,2
PIP-72Fh	-	-	-	-	-	-	-	93,4	52,1	55,2
PIP-72Fi	-	-	-	-	-	-	-	-	53,1	56,2
PIP-72Fj	-	-	-	-	-	-	-	-	-	80,2
PIP-72Fk	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PIP-72F1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
BBK_2354	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
D512_15386	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PIP-72Gg	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

*	GBP_A3175 SEQ ID NO: 20	PIP-72Ab SEQ ID NO: 927	PIP-72Bb SEQ ID NO: 928	WP_030131237 SEQ ID NO: 929	WP_016417435 SEQ ID NO: 930	BDL_2850 SEQ ID NO: 931	PIP-72Fh SEQ ID NO: 932	PIP-72Fi SEQ ID NO: 933	PIP-72Fj SEQ ID NO: 934	PIP-72Fk SEQ ID NO: 935
PIP-72Gh	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PIP-72Gi	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
BTI_1023	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PIP-72Gk	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PIP-72G1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PIP-72Gm	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PIP-72Gn	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
WP_028536646	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
BTRA_1468	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
JG43047	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PFL_6283	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PIP-72Ba	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PIP-72Ca	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PIP-72Cb	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PIP-72Da	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PIP-72Db	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PIP-72DC	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PIP-72Ea	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PIP-72Fa	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PIP-72Ff	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PIP-72Gb	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PIP-72Ge	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Plu2373	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
SRBS_294080	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
SwiRh_4910	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
XBJ1_1078	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2)	44,9	41,1	37,0	33,7	34,4	37,4	30,0	37,4	39,6	37,8
GBP_A3175	42,9	98,9	89,1	34,7	38,1	37,6	77,8	43,2	37,6	39,1
PIP-72Ab	46,1	42,2	38,0	31,6	32,3	37,4	30,0	38,5	39,6	35,6
PIP-72Bb	43,8	45,6	41,3	33,7	30,2	38,5	32,2	39,6	40,7	36,7
WP_030131237	47,2	45,6	42,4	31,6	33,3	35,2	34,4	37,4	37,4	35,6
WP_016417435	36,0	46,7	42,4	35,8	34,3	33,0	35,6	34,1	33,0	35,5
BDL_2850	41,8	98,9	91,3	33,7	38,1	36,6	80,0	42,1	36,6	38,0
PIP-72Fh	28,3	33,3	32,6	43,4	52,1	94,5	29,0	53,3	94,5	56,0
PIP-72Fi	27,2	37,6	36,8	41,7	53,1	94,5	32,3	53,3	98,9	56,0
PIP-72Fj	34,0	38,1	38,4	48,5	92,7	55,2	29,9	48,5	52,1	59,4
PIP-72Fk	32,0	41,2	39,4	42,6	80,2	58,3	33,0	50,5	55,2	53,1
PIP-72Fl	-	**41,8**	37,6	35,4	36,1	29,3	31,9	28,3	27,2	35,9
BBK_2354	-	-	90,2	34,7	38,1	36,6	78,9	43,2	36,6	39,1
D512_15386	-	-	-	33,7	38,4	35,8	73,9	41,2	35,8	36,2
PIP-72Gg	-	-	-	-	50,5	43,8	28,1	46,9	41,7	67,4
PIP-72Gh	-	-	-	-	-	55,2	29,9	48,5	52,1	59,4
PIP-72Gi	-	-	-	-	-	-	31,2	53,3	95,6	58,2
BTI_1023	-	-	-	-	-	-	-	34,7	31,2	30,4
PIP-72Gk	-	-	-	-	-	-	-	-	52,2	51,6

*	GBP_A3175 SEQ ID NO: 20	PIP-72Ab SEQ ID NO: 927	PIP-72Bb SEQ ID NO: 928	WP_030131237 SEQ ID NO: 929	WP_016417435 SEQ ID NO: 930	BDL_2850 SEQ ID NO: 931	PIP-72Fh SEQ ID NO: 932	PIP-72Fi SEQ ID NO: 933	PIP-72Fj SEQ ID NO: 934	PIP-72Fk SEQ ID NO: 935
PIP-72G1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	56,0
PIP-72Gm	-	-	-	-	-	-	-	-	"	-
PIP-72Gn	-	-	-	-	-	-	-	-		
WP_028536646	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
BTRA_1468	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
JG43047	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PFL_6283	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PIP-72Ba	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PIP-72Ca	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PIP-72Cb	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PIP-72Da	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PIP-72Db	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PIP-72DC	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PIP-72Ea	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PIP-72Fa	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PIP-72Ff	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PIP-72Gb	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PIP-72Ge	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Plu2373	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
SRBS_294080	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
SwiRh_4910	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
XBJ1_1078	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
GBP_A3175	37,4	34,4	77,8	37,4	35,1	45,6	44,4	43,3	45,6	44,4
PIP-72Ab	31,6	35,2	32,2	33,7	32,6	82,6	69,8	67,4	66,3	67,4
PIP-72Bb	29,6	36,7	33,3	31,6	35,9	91,9	68,6	70,9	67,4	68,6
WP_030131237	32,7	36,4	35,6	34,7	34,8	**77,9**	**68,6**	**68,6**	**67,4**	**68,6**
WP_016417435	33,7	35,6	36,7	34,7	35,9	51,7	47,7	46,5	47,7	46,5
BDL_2850	37,4	34,4	80,0	37,4	34,0	44,4	43,3	42,2	44,4	43,3
PIP-72Fh	52,0	24,2	30,1	52,0	47,3	40,7	35,2	37,4	36,3	37,4
PIP-72Fi	54,1	24,2	33,3	53,1	44,1	40,7	36,3	38,5	37,4	38,5
PIP-72Fj	90,8	25,0	30,9	**96,9**	48,0	33,3	35,4	34,4	36,5	35,4
PIP-72Fk	77,6	21,9	35,4	**79,6**	43,9	35,4	34,4	33,3	35,4	34,4
PIP-72F1	34,3	30,9	34,1	32,3	29,0	44,9	51,7	49,4	48,3	48,3
BBK_2354	37,4	33,3	78,9	37,4	35,1	44,4	43,3	42,2	44,4	43,3
D512_15386	37,6	29,3	73,9	37,6	35,1	40,2	39,1	38,0	40,2	39,1
PIP-72Gg	48,5	21,2	28,4	48,5	**69,5**	35,8	31,6	32,6	32,3	31,2
PIP-72Gh	91,8	24,0	30,9	**89,8**	48,0	31,2	33,3	32,3	34,4	33,3
PIP-72Gi	55,1	23,1	32,3	55,1	46,2	38,5	34,1	36,3	35,2	36,3
BTI_1023	29,3	28,1	94,7	29,3	27,7	31,1	33,3	32,2	35,6	34,4
PIP-72Gk	48,5	30,2	34,0	50,0	47,3	40,7	39,6	41,8	40,7	39,6
PIP-72G1	53,1	24,2	32,3	52,0	45,2	40,7	36,3	38,5	37,4	38,5
PIP-72Gm	56,1	22,8	32,3	59,2	66,3	37,8	37,4	38,5	39,6	38,5
PIP-72Gn	-	22,4	30,3	**90,8**	46,0	31,6	33,7	32,7	34,7	33,7
WP_028536646	-	-	29,2	23,5	24,5	36,3	38,5	38,5	36,0	37,2
BTRA_1468	-	-	-	30,3	28,7	32,2	34,4	33,3	35,6	34,4
JG43047	-	-	-	-	48,0	33,7	33,7	32,7	34,7	33,7
PFL_6283	-	-	-	-	-	35,9	33,7	34,8	34,8	33,7

*	GBP_A3175 SEQ ID NO: 20	PIP-72Ab SEQ ID NO: 927	PIP-72Bb SEQ ID NO: 928	WP_030131237 SEQ ID NO: 929	WP_016417435 SEQ ID NO: 930	BDL_2850 SEQ ID NO: 931	PIP-72Fh SEQ ID NO: 932	PIP-72Fi SEQ ID NO: 933	PIP-72Fj SEQ ID NO: 934	PIP-72Fk SEQ ID NO: 935
PIP-72Ba	-	-	-	-	-	-	72,1	74,4	69,8	70,9
PIP-72Ca	-	-	-	-	-	-	-	97,7	93,0	93,0
PIP-72Cb	-	-	-	-	-	-	-	-	93,0	93,0
PIP-72Da	-	-	-	-	-	-	-	-	-	97,7
PIP-72Db	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PIP-72DC	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PIP-72Ea	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PIP-72Fa	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PIP-72Ff	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PIP-72Gb	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PIP-72Ge	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Plu2373	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
SRBS_294080	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
SwiRh_4910	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
XBJ1_1078	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
GBP_A3175	45,6	46,7	36,6	40,4	40,6	37,4	41,8	39,1	39,1	43,3
PIP-72Ab	67,4	52,9	38,5	34,7	32,3	31,6	39,4	38,9	36,7	35,6
PIP-72Bb	68,6	52,9	39,6	32,7	30,2	29,6	40,4	40,0	37,8	36,7
WP_030131237	**67,4**	**50,6**	36,3	34,7	33,3	32,7	42,6	38,9	36,7	38,9
WP_016417435	47,7	43,7	31,9	36,6	34,3	33,7	31,2	37,6	35,5	36,7
BDL_2850	44,4	46,7	35,5	40,4	40,6	37,4	43,9	38,0	38,0	45,6
PIP-72Fh	36,3	35,2	95,6	54,1	53,1	52,0	24,0	56,0	**57,1**	31,5
PIP-72Fi	37,4	35,2	97,8	55,1	54,2	53,1	25,3	56,0	**57,1**	30,4
PIP-72Fj	36,5	35,4	52,1	79,6	94,8	90,8	31,7	58,3	59,4	28,1
PIP-72Fk	35,4	35,4	55,2	96,9	78,1	80,6	32,7	54,2	54,2	28,1
PIP-72F1	48,3	40,4	27,2	32,3	35,1	35,4	32,3	34,1	35,9	31,5
BBK_2354	44,4	46,7	35,5	40,4	40,6	37,4	42,9	39,1	39,1	44,4
D512_15386	40,2	45,7	34,7	38,6	40,8	37,6	38,0	36,2	36,2	40,2
PIP-72Gg	32,3	34,4	41,7	42,7	49,5	49,5	27,9	63,2	67,4	28,4
PIP-72Gh	34,4	35,4	52,1	79,6	92,7	95,9	30,8	58,3	59,4	28,1
PIP-72Gi	35,2	33,0	96,7	57,1	56,2	55,1	24,0	58,2	**59,3**	29,3
BTI_1023	35,6	36,7	31,2	32,3	32,3	29,3	36,1	30,4	30,4	37,5
PIP-72Gk	40,7	33,7	52,2	52,0	49,5	50,0	33,3	50,5	**51,6**	31,9
PIP-72G1	37,4	35,2	98,9	54,1	53,1	52,0	24,0	56,0	**57,1**	30,4
PIP-72Gm	39,6	37,4	56,0	53,1	59,4	58,2	31,3	93,3	**98,9**	31,9
PIP-72Gn	34,7	34,7	53,1	79,6	92,9	94,9	30,2	55,1	**56,1**	27,6
WP_028536646	36,0	30,1	24,2	21,4	24,0	23,5	34,7	23,3	22,8	37,1
BTRA_1468	35,6	37,8	32,3	34,7	30,9	30,3	37,1	32,3	32,3	38,6
JG43047	34,7	34,7	52,0	**82,7**	**91,8**	**91,8**	32,1	58,2^	59,2	27,6
PFL_6283	34,8	35,9	45,2	44,0	48,0	47,0	22,9	63,0	67,4	29,0
PIP-72Ba	70,9	51,7	39,6	34,7	32,3	31,6	41,5	41,1	38,9	35,6
PIP-72Ca	91,9	46,0	35,2	33,7	34,4	33,7	40,4	35,6	37,4	37,8
PIP-72Cb	91,9	44,8	37,4	32,7	33,3	32,7	40,4	36,7	38,5	37,8
PIP-72Da	98,8	44,8	36,3	34,7	35,4	34,7	41,5	37,8	39,6	34,4
PIP-72Db	97,7	46,0	37,4	33,7	34,4	33,7	39,4	36,7	38,5	35,6
PIP-72DC	-	44,8	36,3	34,7	35,4	34,7	41,5	37,8	39,6	34,4
PIP-72Ea	-	-	34,1	34,7	35,4	34,7	35,8	35,6	37,4	35,6

*	GBP_A3175 SEQ ID NO: 20	PIP-72Ab SEQ ID NO: 927	PIP-72Bb SEQ ID NO: 928	WP_030131237 SEQ ID NO: 929	WP_016417435 SEQ ID NO: 930	BDL_2850 SEQ ID NO: 931	PIP-72Fh SEQ ID NO: 932	PIP-72Fi SEQ ID NO: 933	PIP-72Fj SEQ ID NO: 934	PIP-72Fk SEQ ID NO: 935
PIP-72Fa	-	-	-	54,1	53,1	52,0	24,0	56,0	**57,1**	30,4
PIP-72Ff	-	-	-	-	77,6	83,7	32,1	54,1	54,1	27,6
PIP-72Gb	-	-	-	-	-	92,9	30,8	58,3	59,4	28,1
PIP-72Ge	-	-	-	-	-	-	30,2	57,1	58,2	27,6
Plu2373	-	-	-	-	-	-	-	31,6	31,3	41,2
SRBS_294080	-	-	-	-	-	-	-	-	94,4	33,0
SwiRh_4910	-	-	-	-	-	-	-	-	-	31,9
XBJ1_1078	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Ejemplo 3 - Expresión en *E. coli* de PIP-72Aa y homólogos

Se amplificó el gen de PIP-72Aa mediante la PCR usando ADN genómico aislado de la cepa SS143D5; el cebador directo (SEQ ID NO: 39) y el cebador inverso (SEQ ID NO: 40). Se verificó la secuencia de ADN del producto de la PCR y se subclonó en pCOLD™ 1 (Takara Bio Inc., Seta 3-4-1, Otsu, Shiga, Japón, 520-2193) en fase con un marcador de His-6 N-terminal, seguido de un sitio de escisión de factor Xa. Los polinucleótidos que codifican homólogos de PIP-72Aa identificados de cepas internas (PIP-72Ba, PIP-72Ca, PIP-72Cb, PIP-72Da, PIP-72Db, PIP-72Dc, PIP-72Db, PIP-72Ea, PIP-72Fa, JG43047, IDP072Ff, PFL_6283, PIP-72Gb, PIP-72Ge) se clonaron como se ha descrito anteriormente, usando su preparación de ADN genómico respectiva como molde para la amplificación génica mediante la PCR y las secuencias de cebador indicadas en la tabla 8.

Los homólogos de PIP-72Aa que se identificaron en bases de datos externas (GBP_A3175, SRBS_294080, SwiRh_4910, XBJ1_1078, Plu2373, WP_030131237 y WP_016417435) se obtuvieron mediante síntesis génica con extremos 5' y 3' compatibles para la clonación cadena abajo en pCOLD™-1.

Tabla 8

gen	cebador directo	cebador inverso
PIP-72Ba	**SEQ ID NO: 41**	**SEQ ID NO: 42**
PIP-72Ca	**SEQ ID NO: 43**	**SEQ ID NO: 44**
PIP-72Cb	**SEQ ID NO: 45**	**SEQ ID NO: 46**
PIP-72Da	**SEQ ID NO: 47**	**SEQ ID NO: 48**
PIP-72DC	**SEQ ID NO: 49**	**SEQ ID NO: 50**
PIP-72Db	**SEQ ID NO: 51**	**SEQ ID NO: 52**
PIP-72Ea	**SEQ ID NO: 53**	**SEQ ID NO: 54**
PIP-72Fa	**SEQ ID NO: 55**	**SEQ ID NO: 56**
JG43047	**SEQ ID NO: 57**	**SEQ ID NO: 58**
PIP-72Ff	**SEQ ID NO: 59**	**SEQ ID NO: 60**
PFL_6283	**SEQ ID NO: 61**	**SEQ ID NO: 62**
PIP-72Gb	**SEQ ID NO: 63**	**SEQ ID NO: 64**
PIP-72Ge	**SEQ ID NO: 65**	**SEQ ID NO: 66**
PIP-72Ge	**SEQ ID NO: 67**	**SEQ ID NO: 68**
PIP-72Ab	**SEQ ID NO: 971**	**SEQ ID NO: 972**
PIP-72Bb	**SEQ ID NO: 973**	**SEQ ID NO: 974**

gen	cebador directo	cebador inverso
PIP-72Fi	**SEQ ID NO: 975**	**SEQ ID NO: 976**
PIP-72Gh	**SEQ ID NO: 977**	**SEQ ID NO: 978**
PIP-72Gg	**SEQ ID NO: 979**	**SEQ ID NO: 980**

Se transformaron células *E. coli* BL21-DE3 competentes con el ADN plasmídico pCOLD™ -1, que contenía el inserto génico de PIP-72 respectivo para la expresión de proteína recombinante. Las células de *E. coli* transformadas se cultivaron durante una noche a 37 °C con selección de carbenicilina y después se inoculó con medio 2xYT fresco (1:25) y se cultivó adicionalmente hasta una densidad óptica de aproximadamente 0,8. Después, se enfriaron las células en presencia de IPTG 1 mM y se cultivaron adicionalmente a 16 °C durante 16 horas para inducir la expresión de proteínas. Las proteínas expresadas en *E. coli* se purificaron mediante cromatografía iónica de metal inmovilizado usando Ni-NTA agarosa (Qiagen®, Alemania) de acuerdo con los protocolos del fabricante.

Ejemplo 4 - Actividad en insectos de PIP-72Aa y homólogos

Se ensayó una serie de concentraciones de la muestra de proteína purificada contra insectos coleópteros y se calcularon las concentraciones para una mortalidad del 50 % (CL50) o una inhibición del 50 % (CI50) de los individuos en dos experimentos separados. Los resultados en WCRW para PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2) se muestran en la tabla 9.

Tabla 9

	ppm	intervalo de confianza al 95 % (ppm)
CL50	80	30-130
CI50	20	10-40

Para medir la actividad insecticida de otros polipéptidos de PIP-72, se llevaron a cabo ensayos en WCRW (*Diabrotica virgifera virgifera*) usando 20 ul de las muestras de proteína purificada aplicadas tópicamente sobre 75 ul de dieta artificial de WCRW (basada en Bio-Serv F9800B) en cada uno de los pocillos de una placa de 96 pocillos (BD Falcon 353910) y después se secó al aire. Se colocó un número variable de neonatos de *Diabrotica virgifera virgifera* (3 a 9) en cada pocillo de una placa de 96 pocillos. EL ensayo se llevó a cabo durante 4 días a 25 °C sin luz y después se puntuó la mortalidad y el aturdimiento. En la tabla 10 se muestra la actividad insecticida de WCRW para los diversos polipéptidos de PIP-72.

Se ensayó adicionalmente PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2) contra el gusano de la raíz del maíz del sur (*Diabrotica undecim punctata howardi*) y escarabajo de San Antonio (*Diabrotica speciosa*), así como contra el insecto chupador *Lygus hesperus.* PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2) no fue insecticida contra estas plagas a las concentraciones ensayadas (hasta 875 ppm de proteína purificada).

También se ensayaron varios polipéptidos de PIP-72 contra SCRW (*Diabrotica undecimpunctata howardi*). Se llevaron a cabo ensayos usando 10 ul de las muestras de proteína purificada mezclada con 50 ul de dieta artificial de SCRW (basada en Bio-Serv F9800B) en cada uno de los pocillos de una placa de 96 pocillos (BD Falcon 353910). Se colocó un número variable de neonatos de *Diabrotica undecimpunctata howardi* (3 a 5) en cada pocillo de una placa de 96 pocillos. EL ensayo se llevó a cabo durante 4 días a 25 °C sin luz y después se puntuó la mortalidad y el aturdimiento.

Tabla 10

	Actividad contra WCRW, efecto	**máx. conc. ensayada, ug/cm2 (ppm)**	**CI50, ug/cm2**	**CI50, ppm**
PIP-72Aa SEQ ID NO:2	**activo,** muerte	300	5-15	10-40
PIP-72Ab SEQ ID NO: 927	**activo,** muerte	1000		50
PIP-72Ba SEQ ID NO:4	**activo,** muerte	(1900)		10-40
PIP-72Bb SEQ ID NO: 928	**activo,** muerte	1000		50
PIP-72Ca SEQ ID NO:6	**activo,** muerte	1500	10-30	70
PIP-72Cb SEQ ID NO:8	**activo,** muerte	1000	10-30	84

	Actividad contra WCRW, efecto	**máx. conc. ensayada, ug/cm2 (ppm)**	**CI50, ug/cm2**	**CI50, ppm**
PIP-72Da SEQ ID NO: 10	**activo,** muerte	(1666)	no ensayado en formato superpuesto	40-80
PIP-72Db SEQ ID NO: 12	**activo,** muerte	750	10-30	95
PIP-72Dc SEQ ID NO: 14	**activo,** muerte	450	5-15	~ 100
PIP-72Ea SEQ ID NO: 16	Inactivo a la concentración ensayada	(2150)		
PIP-72Fa SEQ ID NO: 18	**activo,** aturdimiento grave	1132	141	
PIP-72Fi SEQ ID NO: 933	**activo,** aturdimiento grave	1000		
PIP-72Gg SEQ ID NO: 939	**activo,** aturdimiento grave	1000		500
PIP-72Gh SEQ ID NO: 940	**activo,** aturdimiento grave	1000		
GBP_A3175 SEQ ID NO: 20	**activo,** muerte	224	15-30	
SRBS_294080 SEQ ID NO: 22	no expresado	--	--	
JG43047 SEQ ID NO: 24	**débilmente activo,** aturdimiento leve	218	>218	
SwiRh_4910 SEQ ID NO: 26	Inactivo a la concentración ensayada	708	--	
WP_030131237 SEQ ID NO: 929	**activo,** muerte			400
WP_016417435 SEQ ID NO: 930	**inactivo,** baja expresión			
PIP-72Ff SEQ ID NO:28	**débilmente activo,** aturdimiento	565	~ 500	
PFL_6283 SEQ ID NO: 30	**débilmente activo,** aturdimiento leve	414	>414	
PIP-72Gb SEQ ID NO: 32	**activo,** aturdimiento grave	571	71	
XBJ1_1078 SEQ ID NO: 34	inactivo	97	--	
Plu2373 SEQ ID NO: 36	no expresado	--	--	
PIP-72Ge SEQ ID NO: 38	inactivo	457	--	

Los ensayos de alimentación de lepidópteros se llevaron a cabo con dieta artificial en una configuración de placa de 96 pocillos. La proteína purificada se incorporó en la dieta artificial específica para lepidópteros a una relación de 10 ul de lisado aclarado y 40 ul de mezcla de dieta. Se colocaron en cada pocillo de dos a cinco larvas neonatas para que se alimentasen a voluntad durante 5 días. Los resultados se expresaron como positivos para las reacciones en larvas tales como retraso en el crecimiento y mortalidad. Los resultados se expresaron como negativos en caso de que las larvas fuesen similares al control negativo que se alimenta de dieta a la que solo se ha aplicado el tampón

anterior.

PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2), PFL_6283 (SEQ ID NO: 30), PIP-72Da (SEQ ID NO: 10), PIP-72Fa (SEQ ID NO: 18) y PIP-72Gb (SEQ ID NO: 32) se ensayaron en el barrenador del maíz europeo (*Ostrinia nubiiaiis*), gusano elotero (*Helicoverpa zea*), gusano cortador negro (*Agrotis ipsilon*), gusano cogollero del maíz (*Spodoptera frugiperda*) y gusano falso medidor de la soja (*Pseudoplusia includens*). No se observó actividad contra las especies de lepidópteros para ninguno de los polipéptidos de PIP-72 ensayados a concentraciones de proteína de hasta 800 ppm.

Ejemplo 5 - Ausencia de resistencia a PIP-72Aa en la cepa resistente a mCrv3A de WCRW

La cepa de WCRW resistente a mCry3A se desarrolló mediante selecciones de WCRW en plantas de maíz transgénicas para mCry3A con un nivel de expresión de mCry3A de >10.000 ppm de las proteínas totales en las raíces. Se efectuaron siete selecciones en larvas de F3, F6, F7, F8, F10, F12, F14. Los huevos de F16 de los insectos resistentes a Cry3A tenían una relación de resistencia (RR) de >46 veces frente a mCry3A en comparación con la colonia de laboratorio susceptible y se usaron para pruebas de resistencia cruzada de PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2). Se usaron bioensayos de incorporación de la dieta en WCRW estandarizados para evaluar los efectos de PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2) en larvas de WCRW. Se colocaron larvas neonatas de WCRW sobre placas que contenían la dieta del bioensayo y proteína insecticida con 4 replicados para cada concentración de tratamiento durante 3 días después de iniciarse cada bioensayo. Se puntuó la mortalidad de insectos y el retraso grave del crecimiento y se usó para calcular las concentraciones inhibidoras (CI50 y CL50) basándose en el análisis probit. La relación de resistencia (RR) se calculó del siguiente modo: RR = (CL/CI50 de WCRW resistente) / (CL/CI50 de WCRW susceptible). Como se muestra en la tabla 11, los insectos de WCRW resistentes a Cry3A eran sensibles a PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2).

Tabla 11

Colonia de WCRW	CI/CI	PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2), ppm	95 %CL	Relación de Resistencia
Sensible a Cry3A	CL50	168,9	97,81-429,5	1
	CI50	15,38	11,64-19,68	1
Resistente a Cry3A	CL50	212,3	102,9-1071	1,3
	CI50	25,97	17,71-38,35	1,7

Ejemplo 6 - Transformación estable mediada por *Agrobacterium* de maíz

Para la transformación de polipéptidos de PIP-72 en maíz mediada por *Agrobacterium*, se empleó el método de Zhao (Patente de los Estados Unidos n.º 5.981.840 y Publicación Internacional de Patente Número WO 1998/32326). Brevemente, se aislaron embriones inmaduros de maíz y se pusieron en contacto los embriones con una suspensión de *Agrobacterium*, donde las bacterias fueron capaces de transferir un polinucleótido que codifica un polipéptido de PIP-72 a al menos una célula de al menos uno de los embriones inmaduros (etapa 1: la etapa de infección). En esta etapa, se sumergieron los embriones inmaduros en una suspensión de *Agrobacterium* para iniciar la inoculación. Los embriones se cocultivaron durante un tiempo con el *Agrobacterium* (etapa 2: la etapa de cocultivo). Los embriones inmaduros se cultivaron sobre medio sólido con antibiótico, pero sin un agente de selección, para la eliminación del *Agrobacterium* y para una fase de reposo para las células infectadas. A continuación, los embriones inoculados se cultivaron sobre medio que contenía un agente de selección y se recupera el callo transformado en crecimiento (etapa 4: la etapa de selección). Los embriones inmaduros se cultivaron sobre medio sólido con un agente de selección, dando como resultado el crecimiento selectivo de células transformadas. Después, los callos se regeneraron en plantas (etapa 5: la etapa de regeneración) y los callos se cultivaron en medio selectivo sobre medio sólido para regenerar las plantas.

Para la detección del polipéptido de PIP-72 en tejido foliar, se pulverizaron 4 perforaciones foliares liofilizadas/muestra y se resuspendieron en 100 ml de PBS que contenía TWEEN™ 20 al 0,1 % (PBST), beta-mercaoptoetanol al 1 % que contenía 1 comprimido/7 ml de inhibidor de proteinasa mini completo (Roche 1183615301). La suspensión se sometió a ultrasonidos durante 2 min y después se centrifugó a 4 °C, 20.000 g durante 15 min. A una alícuota de sobrenadante se le añadió 1/3 de volumen de tampón de muestra 3X NuPAGE® LDS (Invitrogen™, CA, EE. UU.), B-ME al 1 % que contenía 1 comprimido/7 ml de inhibidor de proteinasa mini completo. La reacción se calentó a 80 °C durante 10 min y después se centrifugó. Se cargó una muestra de sobrenadante en geles Midi de Bis-Tris al 4-12 % con tampón de ejecución MES según las instrucciones del fabricante (Invitrogen™) y se transfirieron a una membrana de nitrocelulosa usando un aparato iBlot® (Invitrogen™). La membrana de nitrocelulosa se incubó en PBST que contenía leche en polvo desnatada al 5 % durante 2 horas antes de incubar durante una noche en PBST con anticuerpo de conejo anti-PIP-72Aa purificado por afinidad. La membrana se enjuagó tres veces con PBST y después se incubó en PBST durante 15 min y después dos veces 5 min antes de incubar durante 2 horas en PBST con anticuerpo de cabra anti-conejo-HRP durante 3 horas. Las proteínas detectadas se visualizaron usando reactivos de transferencia de Western ECL (GE Healthcare n.º de cat. RPN2106) y película fotográfica Kodak® Biomax® MR. Para la detección de la proteína PIP-72Aa en las raíces, se liofilizaron las raíces y se añadieron 2 mg de polvo por muestra resuspendido en LDS, beta-

mercaptoetanol al 1 % que contenía 1 comprimido/7 ml de inhibidor de proteasa mini completo. La reacción se calentó a 80 °C durante 10 min y después se centrifugó a 4 °C, 20.000 g durante 15 min. Se cargó una muestra de sobrenadante en geles Midi de Bis-Tris al 4-12 % con tampón de ejecución MES según las instrucciones del fabricante (Invitrogen™) y se transfirieron a una membrana de nitrocelulosa usando un aparato iBlot® (Invitrogen™). La membrana de nitrocelulosa se incubó en PBST que contenía leche en polvo desnatada al 5 % durante 2 horas antes de incubar durante una noche en PBST con anticuerpo policlonal de conejo anti-PIP-72Aa purificado por afinidad. La membrana se enjuagó tres veces con PBST y después se incubó en PBST durante 15 min y después dos veces 5 min antes de incubar durante 2 horas en PBST con anticuerpo de cabra anti-conejo-HRP durante 3 horas. Las proteínas insecticidas unidas a anticuerpo se detectaron usando reactivos de transferencia de Western ECL™ (GE Healthcare, n.º de cat. RPN2106) y película fotográfica Kodak® Biomax® MR.

Las plantas de maíz transgénicas positivas para la expresión de proteínas insecticidas se ensayaron respecto de su actividad plaguicida usando bioensayos convencionales conocidos en la técnica. Dichos métodos incluyen, por ejemplo, bioensayos de escisión de la raíz y bioensayos de plantas completas. Véase, por ejemplo, la Publicación de Solicitud de Patente de los Estados Unidos n.º US 2003/0120054 y la Publicación Internacional n.º WO 2003/018810.

Ejemplo 7 - Construcciones de vector de expresión para la expresión de PIP-72Aa en plantas

Los vectores de expresión en plantas, PHP61666, PHP61668, PHP61664 se construyeron para incluir un casete de transgén que contenía PIP-72Aa nativo (SEQ ID NO: 1), PIP-72Aa optimizado para maíz, variante 1 (SEQ ID NO: 850) y PIP-72Aa optimizado para maíz, variante 2 (SEQ ID NO: 851), respectivamente, bajo el control del promotor del virus del mosaico de Mirabilis (MMV) [Dey N y Maiti IB, 1999, Plant Mol. Biol. 40(5):771-82] en combinación con un elemento potenciador. Los vectores adicionales, PHP64465, PHP64471 y PHP64468 que expresan el PIP-72Aa (variante 1 optimizada para maíz) con combinaciones diferentes de promotor, intrón y terminador también se ensayaron en eventos de maíz transgénicos. PHP64465 expresa PIP-72Aa (variante 1) bajo el control del promotor de poliubiquitina de maíz y la 5'UTR y el intrón asociados (Christensen AH y Quail RH, 1996, Transgenic Res 5:213-218) combinado con el potenciador 35S (Kay et al., 1987, Science 236(4806):1299-1302. PHP64471 y PHP64468 expresan la variante 1 bajo el control del promotor del virus del grabado del plátano [BSV(AY)TR] (Diehn S, Lu AL y Simmons CR, 2012, Patente de los Estados Unidos 8338662B2) con el intrón ZM-HPLV9 (Diehn S et al., 2011, documento US2011039696) o el intrón ZM-ADH1 (Callis et al, 1987, Genes Develop 1:1183-1200), respectivamente. PHP69828 expresa PIP-72Aa variante 3 optimizado para maíz (SEQ ID NO: 853) con los mismos elementos reguladores que en PHP64471.

Estas construcciones se usaron para generar eventos de maíz transgénicos para evaluar la eficacia contra el gusano de la raíz del maíz proporcionada por la expresión de PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2).

Los resultados de eficacia en invernadero para los eventos generados a partir de estas construcciones se muestran en la figura 8. Se observó la eficacia para cada uno de los eventos procedentes de las construcciones en relación con los eventos de control negativo, medida mediante la protección de la raíz frente al gusano de la raíz del maíz occidental. La protección de la raíz se midió de acuerdo con el número de nódulos de las raíces lesionados (CRWNIS = puntuación de lesión de nódulo por el gusano de la raíz del maíz) usando el método desarrollado por Oleson, et al. (2005) [J. Econ Entomol. 98(1):1-8]. La puntuación de lesión de la raíz se mide de "0" a "3", donde "0" indica ausencia de lesión visible, "1" indica 1 nódulo de daño radicular, "2" indica 2 nódulos de daño radicular y "3" indica una puntuación máxima de 3 nódulos de daño radicular. Las puntuaciones intermedias (por ejemplo, 1,5) indican fracciones adicionales de nódulos de daño (por ejemplo, un nódulo y medio lesionado).

La figura 8 muestra que la mayoría de los eventos de las construcciones de ensayo (cada una representa un solo evento de la construcción) tuvo un mayor rendimiento que el control negativo, con puntuaciones de lesión por el gusano de la raíz de < 1,0. Varias construcciones, tales como PHP64471 y PHP64468 mostraron puntuaciones de lesión por gusano de la raíz que promediaron < 0,2 a lo largo de todos los eventos ensayados.

Ejemplo 8 - Variantes de PIP-72Aa con múltiples sustituciones de aminoácidos

Para crear variantes de PIP-72Aa (SEQ ID NO:2) con múltiples cambios de aminoácidos, se generaron bibliotecas de variantes mediante reordenamiento de ADN sintético (Ness et al., 2002, Nature Biotechnology 20, 1251-5) de PIP-72Aa (SEQ ID NO: 1) y GBP_A3175 (SEQ ID NO: 19) o mediante mutagénesis de sitio dirigido (técnica QuikChange™ Lightning o técnica QuikChange™ II, Agilent, Santa Clara, CA). En la figura 5 se muestra un alineamiento de secuencia de aminoácidos de PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2) y GBP_A3175 (SEQ ID NO: 20). Brevemente, se llevaron a cabo reacciones de síntesis génica con los oligonucleótidos listados en la tabla 12.

Tabla 12

Nombre	Secuencia	Nombre	Secuencia
oligo 10	SEQ ID NO: 69	oligo 139	SEQ ID NO: 106
oligo 103	SEQ ID NO: 70	oligo 140	SEQ ID NO: 107

Nombre	Secuencia	Nombre	Secuencia
oligo 104	SEQ ID NO: 71	oligo 141	SEQ ID NO: 108
oligo 105	SEQ ID NO: 72	oligo 142	SEQ ID NO: 109
oligo 106	SEQ ID NO: 73	oligo 143	SEQ ID NO: 110
oligo 107	SEQ ID NO: 74	oligo 144	SEQ ID NO: 111
oligo 108	SEQ ID NO: 75	oligo 145	SEQ ID NO: 112
oligo 109	SEQ ID NO: 76	oligo 146	SEQ ID NO: 113
oligo 110	SEQ ID NO: 77	oligo 147	SEQ ID NO: 114
oligo 111	SEQ ID NO: 78	oligo 148	SEQ ID NO: 115
oligo 112	SEQ ID NO: 79	oligo 149	SEQ ID NO: 116
oligo 113	SEQ ID NO: 80	oligo 150	SEQ ID NO: 117
oligo 114	SEQ ID NO: 81	oligo 151	SEQ ID NO: 118
oligo 115	SEQ ID NO: 82	oligo 152	SEQ ID NO: 119
oligo 116	SEQ ID NO: 83	oligo 153	SEQ ID NO: 120
oligo 117	SEQ ID NO: 84	oligo 154	SEQ ID NO: 121
oligo 118	SEQ ID NO: 85	oligo 155	SEQ ID NO: 122
oligo 119	SEQ ID NO: 86	oligo 156	SEQ ID NO: 123
oligo 120	SEQ ID NO: 87	oligo 157	SEQ ID NO: 124
oligo 121	SEQ ID NO: 88	oligo 158	SEQ ID NO: 125
oligo 122	SEQ ID NO: 89	oligo 159	SEQ ID NO: 126
oligo 123	SEQ ID NO: 90	oligo 160	SEQ ID NO: 127
oligo 124	SEQ ID NO: 91	oligo 161	SEQ ID NO: 128
oligo 125	SEQ ID NO: 92	oligo 162	SEQ ID NO: 129
oligo 126	SEQ ID NO: 93	oligo 163	SEQ ID NO: 130
oligo 127	SEQ ID NO: 94	oligo 164	SEQ ID NO: 131
oligo 128	SEQ ID NO: 95	oligo 165	SEQ ID NO: 132
oligo 129	SEQ ID NO: 96	oligo 166	SEQ ID NO: 133
oligo 130	SEQ ID NO: 97	oligo 167	SEQ ID NO: 134
oligo 131	SEQ ID NO: 98	oligo 168	SEQ ID NO: 135
oligo 132	SEQ ID NO: 99	oligo 169	SEQ ID NO: 136
oligo 133	SEQ ID NO: 100	oligo 170	SEQ ID NO: 137
oligo 134	SEQ ID NO: 101	oligo 171	SEQ ID NO: 138
oligo 135	SEQ ID NO: 102	oligo 172	SEQ ID NO: 139
oligo 136	SEQ ID NO: 103	oligo 173	SEQ ID NO: 140
oligo 137	SEQ ID NO: 104	oligo 174	SEQ ID NO: 141
oligo 138	SEQ ID NO: 105	oligo 175	SEQ ID NO: 142

Se generaron varios genes sintéticos usando diferentes conjuntos de cebadores, como se indica en la tabla 13. Las reacciones de síntesis génica F46, F31 y F39 utilizaron cada una conjuntos de 10 cebadores oligonucleotídicos discretos. Las reacciones de síntesis génica deg7, deg15, deg20 utilizaron conjuntos de cebadores oligonucleotídicos con degeneración de secuencia, dando como resultado bibliotecas de secuencias. Las reacciones de síntesis génica

F46, F31, F39, deg7, deg15 y deg20 se combinaron y se exploraron como una sola biblioteca.

Tabla 13

Reacción	Cebadores
F46	10, 103, 104, 105, 106, 107, 108, 109, 110, 111
deg7	10, 112, 113, 114, 115, 116, 117, 118, 119, 120
deg15	10, 121, 122, 123, 124, 125, 126, 127, 128, 129
F31	10, 130, 131, 132, 133, 134, 135, 136, 137, 138
deg20	10, 139, 140, 141, 142, 143, 144, 145, 146, 147, 148, 149, 150, 151, 152, 153, 154, 155, 156, 157, 158, 159, 160, 161, 162, 163, 164, 165, 166
F39	10, 167, 168, 169, 170, 171, 172, 173, 174, 175

Se subclonaron fragmentos génicos sintéticos en el vector de expresión pCOLD™1 como se describe en el ejemplo 3. Los ADN plasmídicos resultantes se transformaron en *E. coli,* y la proteína se expresó como se describe en el ejemplo 3. Se llevaron a cabo bioensayos en gusano de la raíz del maíz occidental como se describe en el ejemplo 4 para determinar qué variantes génicas conservan actividad insecticida. Se llevó a cabo secuenciación de ADN en las variantes génicas activas. En la tabla 14 se listan las secuencias de nucleótidos y aminoácidos de las variantes de polipéptido PIP-72 activas resultantes. Se recuperaron cinco variantes activas de 59 variantes únicas que se exploraron. La tabla 15 muestra las sustituciones de aminoácidos de las variantes de polipéptido de PIP-72 activas resultantes, en comparación con PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2).

Tabla 14

% de identidad respecto de PIP72Aa SEQ ID NO: 2	Designación del clon	SEQ ID NO de polinucleótido	SEQ ID NO de polipéptido
53 %	PIP-72Aa-Fb-01	SEQ ID NO: 287	SEQ ID NO: 528
48 %	PIP-72Aa-Fb-09	SEQ ID NO: 288	SEQ ID NO: 529
56 %	PIP-72Aa-Fb-27	SEQ ID NO: 289	SEQ ID NO: 530
57 %	PIP-72Aa-Fb-28	SEQ ID NO: 290	SEQ ID NO: 531
67 %	PIP-72Aa-Fb-33	SEQ ID NO: 291	SEQ ID NO: 532

Tabla 15

Designación del clon	Polipéptido	Sustituciones de aminoácidos en comparación con PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2)
PIP-72Aa-Fb-01	SEQ ID NO: 528	G002A, T004S, T006K, S009A, I013V, S022T, S027K, F028P, G032A, N033P, K035A, Q036S, E037D, T038S, S042N, S044L, L049M, S050Y, L051V, K052Q, K053L, N054G, A056S, Q057A, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
PIP-72Aa-Fb-09	SEQ ID NO: 529	G002A, T004S, T006K, N008S, S009A, P012T, I013V, A016S, S022T, S027K, F028P, S030K, V031M, G032A, N033P, K035A, Q036S, E037D, S042N, S044L, L049M, S050Y, L051V, K052Q, K053L, N054G, A056S, Q057A, H058T, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
PIP-72Aa-Fb-27	SEQ ID NO: 530	G002A, T006K, N008S, S009A, P012T, A016S, S022T, S027K, F028P, S030K, G032A, N033P, K035A, Q036S, S042N, S044L, S050Y, L051V, K052Q, K053L, N054G, A056S, Q057A, H058T, Q063L, A064S, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, E083L
PIP-72Aa-Fb-28	SEQ ID NO: 531	G002A, T006K, N008S, S009A, P012T, A016S, S027K, F028P, S030K, G032A, N033P, K035A, Q036S, S042N, S044L, S050Y, K052Q, K053L, N054G, A056S, Q057A, H058T, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, E083L

Designación del clon	Polipéptido	Sustituciones de aminoácidos en comparación con PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2)
PIP-72Aa-Fb-33	SEQ ID NO: 532	G002A, T004S, S009A, I013V, S022T, G032A, E037D, T038S, S044L, L049M, L051V, K052Q, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L

Para generar polipéptidos de PIP-72 activos adicionales, se llevó a cabo mutagénesis dirigida al sitio adicional usando las secuencias de polinucleótidos de PIP-72Aa-Fb-9 (SEQ ID NO: 288), PIP-72Aa-Fb-27 (SEQ ID NO: 289) y PIP-72Aa-Fb-33 (SEQ ID NO: 291) como moldes mediante la técnica QuikChange™ (Agilent, 5301 Stevens Creek Blvd., Santa Clara CA) usando los cebadores oligonucleotídicos listados en la tabla 16. Los cebadores PIP-72Aa-Fb_9-27_1 (SEQ ID NO: 143), PIP-72Aa-Fb_9-27_2 (SEQ ID NO: 144), PIP-72Aa-Fb_9-27_3 (SEQ ID NO: 145), PIP-72Aa-Fb_9-27_12 (SEQ ID NO: 146), PIP-72Aa-Fb_9-27_13 (SEQ ID NO: 147), y PIP-72Aa-Fb_9-27_14 (SEQ ID NO: 148) se usaron para la mutagénesis de los moldes de ADN plasmídico de PIP-72Aa-Fb-09 (SEQ ID NO: 288) y PIP-72Aa-Fb-27 (SEQ ID NO: 289). Se usaron los cebadores PIP-72Aa-Fb_33_1 a PIP-72Aa-Fb_33_11 (SEQ ID NO: 149 a SEQ ID NO: 159) para la mutagénesis del molde de ADN plasmídico de PIP-72Aa-Fb-33 (SEQ ID NO: 291).

Tabla 16

Nombre del cebador	**Identificador de secuencia**		**Nombre del cebador**	**Identificador de secuencia**
PIP-72Aa-Fb_9-27_1	SEQ ID NO: 143		PIP-72Aa-Fb_33_10	SEQ ID NO: 158
PIP-72Aa-Fb_9-27_2	SEQ ID NO: 144		PIP-72Aa-Fb_33_11	SEQ ID NO: 159
PIP-72Aa-Fb_9-27_3	SEQ ID NO: 145		PIP-72Aa-Fb_33_12	SEQ ID NO: 160
PIP-72Aa-Fb_9-27_12	SEQ ID NO: 146		PIP-72Aa-Fb_33_13	SEQ ID NO: 161
PIP-72Aa-Fb_9-27_13	SEQ ID NO: 147		PIP-72Aa-Fb_33_14	SEQ ID NO: 162
PIP-72Aa-Fb_9-27_14	SEQ ID NO: 148		PIP-72Aa-Fb_33_15	SEQ ID NO: 163
PIP-72Aa-Fb_33_1	SEQ ID NO: 149		PIP-72Aa-Fb_33_16	SEQ ID NO: 164
PIP-72Aa-Fb_33_2	SEQ ID NO: 150		PIP-72Aa-Fb_33_17	SEQ ID NO: 165
PIP-72Aa-Fb_33_3	SEQ ID NO: 151		PIP-72Aa-Fb_33_18	SEQ ID NO: 166
PIP-72Aa-Fb_33_4	SEQ ID NO: 152		PIP-72Aa-Fb_33_19	SEQ ID NO: 167
PIP-72Aa-Fb_33_5	SEQ ID NO: 153		PIP-72Aa-Fb_33_20	SEQ ID NO: 168
PIP-72Aa-Fb_33_6	SEQ ID NO: 154		PIP-72Aa-Fb_33_21	SEQ ID NO: 169
PIP-72Aa-Fb_33_7	SEQ ID NO: 155		PIP-72Aa-Fb_33_22	SEQ ID NO: 170
PIP-72Aa-Fb_33_8	SEQ ID NO: 156		PIP-72Aa-Fb_33_9	SEQ ID NO: 157
PIP-72Aa-Fb_33_9	SEQ ID NO: 157		PIP-72Aa-Fb_33_10	SEQ ID NO: 158

Los ADN plasmídicos resultantes se transformaron en *E. coli,* y la proteína se expresó como se describe en el ejemplo 3. Se llevaron a cabo bioensayos en gusano de la raíz del maíz occidental como se describe en el ejemplo 4 para determinar qué variantes génicas conservan actividad insecticida. Se llevó a cabo secuenciación de ADN en las variantes génicas activas. En la tabla 17 se lista el porcentaje de identidad en comparación con PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2), la identificación del clon y las secuencias de polinucleótido y polipéptido de las variantes activas resultantes. Las variantes de polipéptido de PIP-72 de PIP-72Aa-Fb-9 (SEQ ID NO: 530) proporcionaron 33 variantes activas de 72 que se exploraron. Las variantes de polipéptido de PIP-72 de PIP-72Aa-Fb-27 (SEQ ID NO: 530) proporcionaron 11 variantes activas de 52 que se exploraron. Las variantes de polipéptido de PIP-72 de PIP-72Aa-Fb-33 (SEQ ID NO: 532) proporcionaron 47 variantes activas de 79 que se exploraron. La tabla 18 muestra las sustituciones de aminoácidos de las variantes de polipéptido de PIP-72 activas resultantes, en comparación con PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2).

Tabla 17

% de identidad respecto de PIP-72Aa	Designación del clon	SEQ ID NO de polinucleótido	SEQ ID NO: de polipéptido
55 %	D_D0414317	SEQ ID NO: 292	SEQ ID NO: 533
56 %	D_D0414326	SEQ ID NO: 293	SEQ ID NO: 534

% de identidad respecto de PIP-72Aa	Designación del clon	SEQ ID NO de polinucleótido	SEQ ID NO: de polipéptido
57 %	D_D0414327	SEQ ID NO: 294	SEQ ID NO: 535
55 %	D_D0414355	SEQ ID NO: 295	SEQ ID NO: 536
53 %	D_D0414366	SEQ ID NO: 296	SEQ ID NO: 537
57 %	D_D0414388	SEQ ID NO: 297	SEQ ID NO: 538
52 %	D_D0414411	SEQ ID NO: 298	SEQ ID NO: 539
53 %	D_D0414412	SEQ ID NO: 299	SEQ ID NO: 540
49 %	D_D0414416	SEQ ID NO: 300	SEQ ID NO: 541
48 %	D_D0414422	SEQ ID NO: 301	SEQ ID NO: 542
50 %	D_D0414424	SEQ ID NO: 302	SEQ ID NO: 543
49 %	D_D0414425	SEQ ID NO: 303	SEQ ID NO: 544
53 %	D_D0414427	SEQ ID NO: 304	SEQ ID NO: 545
46 %	D_D0414430	SEQ ID NO: 305	SEQ ID NO: 546
51 %	D_D0414433	SEQ ID NO: 306	SEQ ID NO: 547
50 %	D_D0414439	SEQ ID NO: 307	SEQ ID NO: 548
49 %	D_D0414449	SEQ ID NO: 308	SEQ ID NO: 549
49 %	D_D0414450	SEQ ID NO: 309	SEQ ID NO: 550
49 %	D_D0414453	SEQ ID NO: 310	SEQ ID NO: 551
48 %	D_D0414454	SEQ ID NO: 311	SEQ ID NO: 552
52 %	D_D0414455	SEQ ID NO: 312	SEQ ID NO: 553
50 %	D_D0414459	SEQ ID NO: 313	SEQ ID NO: 554
48 %	D_D0414462	SEQ ID NO: 314	SEQ ID NO: 555
50 %	D_D0414466	SEQ ID NO: 315	SEQ ID NO: 556
51 %	D_D0414470	SEQ ID NO: 316	SEQ ID NO: 557
49 %	D_D0414471	SEQ ID NO: 317	SEQ ID NO: 558
51 %	D_D0414475	SEQ ID NO: 318	SEQ ID NO: 559
50 %	D_D0414479	SEQ ID NO: 319	SEQ ID NO: 560
51 %	D_D0414486	SEQ ID NO: 320	SEQ ID NO: 561
50 %	D_D0414489	SEQ ID NO: 321	SEQ ID NO: 562
50 %	D_D0414493	SEQ ID NO: 322	SEQ ID NO: 563
69 %	D_D0419050	SEQ ID NO: 323	SEQ ID NO: 564
70 %	D_D0419051	SEQ ID NO: 324	SEQ ID NO: 565
70 %	D_D0419053	SEQ ID NO: 325	SEQ ID NO: 566
69 %	D_D0419057	SEQ ID NO: 326	SEQ ID NO: 567
71 %	D_D0419058	SEQ ID NO: 327	SEQ ID NO: 568
66 %	D_D0419060	SEQ ID NO: 328	SEQ ID NO: 569
71 %	D_D0419062	SEQ ID NO: 329	SEQ ID NO: 570
70 %	D_D0419064	SEQ ID NO: 330	SEQ ID NO: 571

% de identidad respecto de PIP-72Aa	Designación del clon	SEQ ID NO de polinucleótido	SEQ ID NO: de polipéptido
66 %	D_D0419066	SEQ ID NO: 331	SEQ ID NO: 572
69 %	D_D0419071	SEQ ID NO: 332	SEQ ID NO: 573
70 %	D_D0419072	SEQ ID NO: 333	SEQ ID NO: 574
69 %	D_D0419075	SEQ ID NO: 334	SEQ ID NO: 575
72 %	D_D0419077	SEQ ID NO: 335	SEQ ID NO: 576
71 %	D_D0419082	SEQ ID NO: 336	SEQ ID NO: 577
69 %	D_D0419083	SEQ ID NO: 337	SEQ ID NO: 578
66 %	D_D0419084	SEQ ID NO: 338	SEQ ID NO: 579
70 %	D_D0419087	SEQ ID NO: 339	SEQ ID NO: 580
69 %	D_D0419091	SEQ ID NO: 340	SEQ ID NO: 581
73 %	D_D0419093	SEQ ID NO: 341	SEQ ID NO: 582
70 %	D_D0419095	SEQ ID NO: 342	SEQ ID NO: 583
71 %	D_D0419096	SEQ ID NO: 343	SEQ ID NO: 584
70 %	D_D0419098	SEQ ID NO: 344	SEQ ID NO: 585
70 %	D_D0419099	SEQ ID NO: 345	SEQ ID NO: 586
70 %	D D0419101	SEQ ID NO: 346	SEQ ID NO: 587
69 %	D_D0419102	SEQ ID NO: 347	SEQ ID NO: 588
71 %	D_D0419106	SEQ ID NO: 348	SEQ ID NO: 589
70 %	D_D0419108	SEQ ID NO: 349	SEQ ID NO: 590
67 %	D_D0419109	SEQ ID NO: 350	SEQ ID NO: 591
67 %	D_D0419110	SEQ ID NO: 351	SEQ ID NO: 592
69 %	D_D0419111	SEQ ID NO: 352	SEQ ID NO: 593
67 %	D_D0419114	SEQ ID NO: 353	SEQ ID NO: 594
70 %	D_D0419115	SEQ ID NO: 354	SEQ ID NO: 595
72 %	D_D0419117	SEQ ID NO: 355	SEQ ID NO: 596
74 %	D_D0419118	SEQ ID NO: 356	SEQ ID NO: 597
67 %	D_D0419119	SEQ ID NO: 357	SEQ ID NO: 598
69 %	D_D0419120	SEQ ID NO: 358	SEQ ID NO: 599
72 %	D_D0419124	SEQ ID NO: 359	SEQ ID NO: 600
72 %	D_D0419126	SEQ ID NO: 360	SEQ ID NO: 601
71 %	D_D0419127	SEQ ID NO: 361	SEQ ID NO: 602
70 %	D_D0419128	SEQ ID NO: 362	SEQ ID NO: 603
71 %	D_D0419132	SEQ ID NO: 363	SEQ ID NO: 604
69 %	D_D0419138	SEQ ID NO: 364	SEQ ID NO: 605
65 %	D_D0419142	SEQ ID NO: 365	SEQ ID NO: 606
69 %	D_D0419145	SEQ ID NO: 366	SEQ ID NO: 607

Tabla 18

Designación del clon	Polipéptido	Sustituciones de aminoácidos en comparación con PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2)
D_D0414317	SEQ ID NO: 533	G002A, T004S, T006K, N008S, S009A, P012T, I013V, S022T, S027K, F028P, S030K, G032A, N033P, K035A, Q036S, S042N, S044L, S050Y, L051V, K052Q, K053L, N054G, A056S, Q057A, H058T, Q063L, A064S, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, E083L
D_D0414326	SEQ ID NO: 534	G002A, T006K, N008S, S009A, P012T, I013V, S022T, S027K, F028P, S030K, G032A, N033P, K035A, Q036S, S042N, S044L, S050Y, L051V, K052Q, K053L, N054G, A056S, Q057A, H058T, Q063L, A064S, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, E083L
D_D0414327	SEQ ID NO: 535	G002A, T006K, N008S, S009A, P012T, S022T, S027K, F028P, S030K, G032A, N033P, K035A, Q036S, S042N, S044L, L049M, S050Y, L051V, K053L, N054G, A056S, Q057A, H058T, Q063L, A064S, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, E083L
D_D0414355	SEQ ID NO: 536	G002A, T006K, N008S, S009A, P012T, A016S, S022T, S027K, F028P, S030K, G032A, N033P, K035A, Q036S, S042N, S044L, L049M, S050Y, L051V, K052Q, K053L, N054G, A056S, Q057A, H058T, Q063L, A064S, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, E083L
D_D0414366	SEQ ID NO: 537	G002A, T006K, N008S, S009A, P012T, A016S, S022T, S027K, F028P, S030K, G032A, N033P, K035A, Q036S, E037D, T038S, S042N, S044L, S050Y, L051V, K052Q, K053L, N054G, A056S, Q057A, H058T, Q063L, A064S, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, E083L
D_D0414388	SEQ ID NO: 538	G002A, T004S, T006K, N008S, P012T, S022T, S027K, F028P, S030K, G032A, N033P, K035A, Q036S, S042N, S044L, S050Y, L051V, K052Q, K053L, N054G, A056S, Q057A, H058T, Q063L, A064S, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, E083L
D_D0414411	SEQ ID NO: 539	G002A, T006K, P012T, A016S, S022T, S027K, F028P, S030K, V031M, G032A, N033P, K035A, Q036S, T038S, S042N, S044L, L049M, S050Y, L051V, K052Q, K053L, N054G, A056S, Q057A, H058T, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0414412	SEQ ID NO: 540	G002A, T006K, S009A, P012T, S022T, S027K, F028P, S030K, V031M, G032A, N033P, K035A, Q036S, T038S, S042N, S044L, S050Y, L051V, K052Q, K053L, N054G, A056S, Q057A, H058T, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0414416	SEQ ID NO: 541	G002A, T004S, T006K, S009A, P012T, I013V, A016S, S022T, S027K, F028P, S030K, V031M, G032A, N033P, K035A, Q036S, E037D, S042N, S044L, L049M, S050Y, L051V, K052Q, K053L, N054G, A056S, Q057A, H058T, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0414422	SEQ ID NO: 542	G002A, T004S, T006K, N008S, S009A, P012T, I013V, A016S, S022T, S027K, F028P, S030K, V031M, G032A, N033P, K035A, Q036S, T038S, S042N, S044L, L049M, S050Y, L051V, K052Q, K053L, N054G, A056S, Q057A, H058T, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0414424	SEQ ID NO: 543	G002A, T004S, T006K, N008S, P012T, A016S, S022T, S027K, F028P, S030K, V031M, G032A, N033P, K035A, Q036S, E037D, S042N, S044L, L049M, S050Y, L051V, K052Q, K053L, N054G, A056S, Q057A, H058T, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L

Designación del clon	Polipéptido	Sustituciones de aminoácidos en comparación con PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2)
D_D0414425	SEQ ID NO: 544	G002A, T004S, T006K, N008S, S009A, P012T, I013V, A016S, S022T, S027K, F028P, S030K, V031M, G032A, N033P, K035A, Q036S, E037D, S042N, S044L, S050Y, L051V, K052Q, K053L, N054G, A056S, Q057A, H058T, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0414427	SEQ ID NO: 545	G002A, T006K, N008S, P012T, S022T, S027K, F028P, S030K, V031M, G032A, N033P, K035A, Q036S, S042N, S044L, L049M, S050Y, L051V, K052Q, K053L, N054G, A056S, Q057A, H058T, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0414430	SEQ ID NO: 546	G002A, T004S, T006K, N008S, S009A, P012T, I013V, A016S, S022T, S027K, F028P, S030K, V031M, G032A, N033P, K035A, Q036S, E037D, T038S, S042N, S044L, L049M, S050Y, L051V, K052Q, K053L, N054G, A056S, Q057A, H058T, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0414433	SEQ ID NO: 547	G002A, T004S, T006K, N008S, P012T, A016S, S022T, S027K, F028P, S030K, V031M, G032A, N033P, K035A, Q036S, S042N, S044L, L049M, S050Y, L051V, K052Q, K053L, N054G, A056S, Q057A, H058T, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0414439	SEQ ID NO: 548	G002A, T004S, T006K, N008S, S009A, P012T, I013V, A016S, S022T, S027K, F028P, S030K, V031M, G032A, N033P, K035A, Q036S, S042N, S044L, S050Y, L051V, K052Q, K053L, N054G, A056S, Q057A, H058T, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0414449	SEQ ID NO: 549	G002A, T006K, N008S, S009A, P012T, I013V, A016S, S022T, S027K, F028P, S030K, V031M, G032A, N033P, K035A, Q036S, T038S, S042N, S044L, L049M, S050Y, L051V, K052Q, K053L, N054G, A056S, Q057A, H058T, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0414450	SEQ ID NO: 550	G002A, T004S, T006K, N008S, S009A, P012T, A016S, S022T, S027K, F028P, S030K, V031M, G032A, N033P, K035A, Q036S, T038S, S042N, S044L, L049M, S050Y, L051V, K052Q, K053L, N054G, A056S, Q057A, H058T, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0414453	SEQ ID NO: 551	G002A, T004S, T006K, N008S, S009A, P012T, I013V, A016S, S022T, S027K, F028P, S030K, V031M, G032A, N033P, K035A, Q036S, S042N, S044L, L049M, S050Y, L051V, K052Q, K053L, N054G, A056S, Q057A, H058T, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0414454	SEQ ID NO: 552	G002A, T004S, T006K, N008S, S009A, P012T, I013V, A016S, S022T, S027K, F028P, S030K, V031M, G032A, N033P, K035A, Q036S, E037D, T038S, S042N, S044L, S050Y, L051V, K052Q, K053L, N054G, A056S, Q057A, H058T, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0414455	SEQ ID NO: 553	G002A, T006K, S009A, P012T, I013V, S022T, S027K, F028P, S030K, V031M, G032A, N033P, K035A, Q036S, S042N, S044L, L049M, S050Y, L051V, K052Q, K053L, N054G, A056S, Q057A, H058T, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L

Designación del clon	Polipéptido	Sustituciones de aminoácidos en comparación con PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2)
D_D0414459	SEQ ID NO: 554	G002A, T004S, T006K, P012T, A016S, S022T, S027K, F028P, S030K, V031M, G032A, N033P, K035A, Q036S, E037D, T038S, S042N, S044L, L049M, S050Y, L051V, K052Q, K053L, N054G, A056S, Q057A, H058T, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0414462	SEQ ID NO: 555	G002A, T004S, T006K, N008S, S009A, P012T, A016S, S022T, S027K, F028P, S030K, V031M, G032A, N033P, K035A, Q036S, E037D, T038S, S042N, S044L, L049M, S050Y, L051V, K052Q, K053L, N054G, A056S, Q057A, H058T, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0414466 -	SEQ ID NO: 556	G002A, T004S, T006K, N008S, P012T, I013V, S022T, S027K, F028P, S030K, V031M, G032A, N033P, K035A, Q036S, E037D, T038S, S042N, S044L, S050Y, L051V, K052Q, K053L, N054G, A056S, Q057A, H058T, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0414470	SEQ ID NO: 557	G002A, T006K, N008S, S009A, P012T, S022T, S027K, F028P, S030K, V031M, G032A, N033P, K035A, Q036S, E037D, S042N, S044L, L049M, S050Y, L051V, K052Q, K053L, N054G, A056S, Q057A, H058T, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0414471	SEQ ID NO: 558	G002A, T004S, T006K, N008S, S009A, P012T, I013V, A016S, S022T, S027K, F028P, S030K, V031M, G032A, N033P, K035A, Q036S, E037D, S042N, S044L, S050Y, L051V, K052Q, K053L, N054G, A056S, Q057A, H058T, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0414475	SEQ ID NO: 559	G002A, T004S, T006K, P012T, I013V, S022T, S027K, F028P, S030K, V031M, G032A, N033P, K035A, Q036S, T038S, S042N, S044L, L049M, S050Y, L051V, K052Q, K053L, N054G, A056S, Q057A, H058T, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0414479	SEQ ID NO: 560	G002A, T004S, T006K, N008S, P012T, I013V, S022T, S027K, F028P, S030K, V031M, G032A, N033P, K035A, Q036S, T038S, S042N, S044L, L049M, S050Y, L051V, K052Q, K053L, N054G, A056S, Q057A, H058T, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0414486	SEQ ID NO: 561	G002A, T006K, N008S, S009A, P012T, I013V, S022T, S027K, F028P, S030K, V031M, G032A, N033P, K035A, Q036S, E037D, S042N, S044L, L049M, S050Y, L051V, K053L, N054G, A056S, Q057A, H058T, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0414489	SEQ ID NO: 562	G002A, T004S, T006K, N008S, S009A, P012T, I013V, A016S, S022T, S027K, F028P, S030K, V031M, G032A, N033P, K035A, Q036S, E037D, S042N, S044L, S050Y, L051V, K053L, N054G, A056S, Q057A, H058T, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L

Designación del clon	Polipéptido	Sustituciones de aminoácidos en comparación con PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2)
D_D0414493	SEQ ID NO: 563	G002A, T004S, T006K, N008S, P012T, I013V, A016S, S022T, S027K, F028P, S030K, V031M, G032A, N033P, K035A, Q036S, E037D, S042N, S044L, S050Y, L051V, K052Q, K053L, N054G, A056S, Q057A, H058T, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0419050	SEQ ID NO: 564	G002A, T004S, N008S, S009A, I013V, S022T, G032A, T038S, S044L, L049M, L051V, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0419051	SEQ ID NO: 565	G002A, T004S, S009A, I013V, S022T, G032A, E037D, T038S, S044L, L049M, L051V, K052Q, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, E083L
D_D0419053	SEQ ID NO: 566	G002A, T004S, S009A, S022T, G032A, T038S, S044L, L049M, L051V, K052Q, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0419057	SEQ ID NO: 567	G002A, T004S, S009A, I013V, S022T, G032A, E037D, T038S, S044L, L049M, L051V, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0419058	SEQ ID NO: 568	G002A, T004S, S009A, S022T, G032A, S044L, L049M, L051V, K052Q, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0419060	SEQ ID NO: 569	G002A, T004S, N008S, S009A, I013V, S022T, G032A, E037D, T038S, S044L, L049M, L051V, K052Q, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0419062	SEQ ID NO: 570	G002A, T004S, S009A, I013V, S022T, G032A, S044L, L051V, K052Q, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0419064	SEQ ID NO: 571	G002A, T004S, S009A, I013V, S022T, G032A, T038S, S044L, L051V, K052Q, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0419066	SEQ ID NO: 572	G002A, T004S, S009A, I013V, A016S, S022T, G032A, E037D, T038S, S044L, L049M, L051V, K052Q, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0419071	SEQ ID NO: 573	G002A, T004S, S009A, I013V, S022T, G032A, E037D, T038S, S044L, L049M, L051V, K052Q, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L
D_D0419072	SEQ ID NO: 574	G002A, T004S, S009A, I013V, S022T, G032A, S044L, L049M, L051V, K052Q, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0419075	SEQ ID NO: 575	G002A, T004S, S009A, I013V, S022T, G032A, T038S, S044L, L049M, L051V, K052Q, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0419077	SEQ ID NO: 576	G002A, T004S, S022T, G032A, E037D, T038S, S044L, L051V, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L

Designación del clon	Polipéptido	Sustituciones de aminoácidos en comparación con PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2)
D_D0419082	SEQ ID NO: 577	G002A, T004S, S022T, G032A, E037D, S044L, L049M, L051V, K052Q, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0419083	SEQ ID NO: 578	G002A, T004S, S009A, S022T, G032A, E037D, T038S, S044L, L049M, L051V, K052Q, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0419084	SEQ ID NO: 579	G002A, T004S, N008S, S009A, I013V, A016S, S022T, G032A, E037D, S044L, L049M, L051V, K052Q, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0419087	SEQ ID NO: 580	G002A, T004S, S009A, I013V, A016S, S022T, G032A, S044L, L049M, L051V, K052Q, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, E083L
D_D0419091	SEQ ID NO: 581	G002A, T004S, S009A, I013V, S022T, G032A, T038S, S044L, L049M, L051V, K052Q, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0419093	SEQ ID NO: 582	G002A, I013V, S022T, G032A, S044L, L051V, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L, L085A
D_D0419095	SEQ ID NO: 583	G002A, T004S, S009A, I013V, A016S, S022T, G032A, S044L, L049M, L051V, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0419096	SEQ ID NO: 584	G002A, T004S, S009A, S022T, G032A, T038S, S044L, L049M, L051V, K052Q, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, E083L, L085A
D_D0419098	SEQ ID NO: 585	G002A, T004S, S009A, I013V, A016S, S022T, G032A, E037D, T038S, S044L, L049M, L051V, K052Q, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q
D_D0419099	SEQ ID NO: 586	G002A, T004S, S022T, G032A, E037D, T038S, S044L, L049M, L051V, K052Q, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0419101	SEQ ID NO: 587	G002A, T004S, S009A, S022T, G032A, T038S, S044L, L049M, L051V, K052Q, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0419102	SEQ ID NO: 588	G002A, T004S, N008S, S009A, I013V, S022T, G032A, S044L, L049M, L051V, K052Q, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0419106	SEQ ID NO: 589	G002A, T004S, S009A, A016S, S022T, G032A, S044L, L049M, L051V, K052Q, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L
D_D0419108	SEQ ID NO: 590	G002A, T004S, S009A, I013V, S022T, G032A, E037D, T038S, S044L, L049M, L051V, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, E083L
D_D0419109	SEQ ID NO: 591	G002A, T004S, S009A, I013V, S022T, G032A, E037D, S044L, L049M, L051V, K052Q, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082F, E083V, L085V

Designación del clon	Polipéptido	Sustituciones de aminoácidos en comparación con PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2)
D_D0419110	SEQ ID NO: 592	G002A, N008S, S009A, I013V, S022T, G032A, E037D, T038S, S044L, L049M, L051V, K052Q, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0419111	SEQ ID NO: 593	G002A, T004S, S009A, I013V, S022T, G032A, E037D, S044L, L049M, L051V, K052Q, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0419114	SEQ ID NO: 594	G002A, T004S, N008S, I013V, S022T, G032A, E037D, T038S, S044L, L049M, L051V, K052Q, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0419115	SEQ ID NO: 595	G002A, T004S, S009A, S022T, G032A, E037D, T038S, S044L, L049M, L051V, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0419117	SEQ ID NO: 596	G002A, T004S, S009A, I013V, S022T, G032A, T038S, S044L, L049M, L051V, K052Q, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q
D_D0419118	SEQ ID NO: 597	G002A, T004S, S009A, I013V, S022T, G032A, T038S, S044L, L051V, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q
D_D0419119	SEQ ID NO: 598	G002A, S009A, I013V, A016S, S022T, G032A, T038S, S044L, L049M, L051V, K052Q, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L, S086N
D_D0419120	SEQ ID NO: 599	G002A, N008S, S009A, I013V, S022T, G032A, E037D, T038S, S044L, L049M, L051V, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0419124	SEQ ID NO: 600	G002A, T004S, S009A, I013V, S022T, G032A, S044L, L051V, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L
D_D0419126	SEQ ID NO: 601	G002A, T004S, S022T, G032A, E037D, T038S, S044L, L049M, L051V, K052Q, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T
D_D0419127	SEQ ID NO: 602	G002A, T004S, S009A, I013V, S022T, G032A, E037D, S044L, L049M, L051V, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, I082L, E083L
D_D0419128	SEQ ID NO: 603	G002A, T004S, S009A, I013V, S022T, G032A, S044L, L049M, L051V, K052Q, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, E083L, S086N
D_D0419132	SEQ ID NO: 604	G002A, T004S, S009A, I013V, S022T, G032A, E037D, T038S, S044L, L049M, L051V, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, I082L
D_D0419138	SEQ ID NO: 605	G002A, T004S, S009A, I013V, A016S, S022T, G032A, E037D, T038S, S044L, L049M, L051V, K052Q, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, I082L
D_D0419142	SEQ ID NO: 606	G002A, T004S, N008S, I013V, A016S, S022T, G032A, E037D, T038S, S044L, L049M, L051V, K052Q, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L, L085A

Designación del clon	Polipéptido	Sustituciones de aminoácidos en comparación con PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2)
D_D0419145	SEQ ID NO: 607	G002A, T004S, S009A, I013V, S022T, G032A, E037D, T038S, S044L, L051V, K052Q, Q063L, A064S, S065T, K067N, E069V, V070I, D071Y, N072D, N073D, A074K, K076T, Q078S, R080Q, L081T, I082L, E083L

Ejemplo 9 - Variantes de PIP-72Aa con múltiples sustituciones de aminoácidos

Para generar variantes de polipéptido de PIP-72 adicionales, se llevó a cabo mutagénesis de sitio dirigido usando los cebadores oligonucleotídicos listados en la tabla 19 para inducir sustituciones de aminoácidos a partir de PIP-72Da (SEQ ID NO: 10) en PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2) o a partir de PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2) en PIP-72Da (SEQ ID NO: 845 - resintetizado para facilitar la mutagénesis). EN la figura 6 se muestra un alineamiento de secuencia de aminoácidos de PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2) y PIP-72Da (SEQ ID NO: 10). Se subclonaron fragmentos génicos sintéticos en el vector de expresión pCOLD™1 como se describe en el ejemplo 3.

Tabla 19

Cebador	Identificador de secuencia		Cebador	Identificador de secuencia
72_DG_1aF	SEQ ID NO: 171		72_DG_5aF-2	SEQ ID NO: 181
72_DG_1bF	SEQ ID NO: 172		72_DG_5bF-2	SEQ ID NO: 182
72_DG_1cF	SEQ ID NO: 173		72_DG_5cF-2	SEQ ID NO: 183
72_DG_1dF	SEQ ID NO: 174		72_DG_5dF-2	SEQ ID NO: 184
72_DG_2F	SEQ ID NO: 175		72c_Div_1F	SEQ ID NO: 185
72_DG_3aF	SEQ ID NO: 176		72c_Div_2F	SEQ ID NO: 186
72_DG_3bF	SEQ ID NO: 177		72c_Div_3F	SEQ ID NO: 187
72_DG_3cF	SEQ ID NO: 178		72c_Div_4F	SEQ ID NO: 188
72_DG_3dF	SEQ ID NO: 179		72c_Div_5F-2	SEQ ID NO: 189
72_DG_4F	SEQ ID NO: 180			

Los ADN plasmídicos resultantes se transformaron en *E. coli,* y la proteína insecticida se expresó como se describe en el ejemplo 3. Se llevaron a cabo bioensayos en gusano de la raíz del maíz occidental como se describe en el ejemplo 4 para determinar qué variantes génicas conservan actividad insecticida. Se llevó a cabo secuenciación de ADN en las variantes génicas activas. En la tabla 20 se lista el porcentaje de identidad en comparación con PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2), la designación del clon, las secuencias de nucleótidos y aminoácidos de las variantes de polipéptido de PIP-72 activas resultantes. De las aproximadamente 180 variantes de polipéptido de PIP-72 únicas que se exploraron, se identificaron 156 variantes activas. La tabla 21 resume el % de identidad de las variantes activas, en comparación con PIP-72Aa (SEQ ID NO: 17), el número de clones con cada % de identidad y la identificación del clon. La tabla 22 muestra las sustituciones de aminoácidos de las variantes de polipéptido de PIP-72 activas resultantes, en comparación con PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2).

Tabla 20

% de identidad respecto de PIP-72Aa SEQ ID NO: 2	Designaciones de clon	Polinucleótido	Polipéptido
86 %	D_D0403719	SEQ ID NO: 367	SEQ ID NO: 608
86 %	D_D0403734	SEQ ID NO: 368	SEQ ID NO: 609
86 %	D_D0403823	SEQ ID NO: 369	SEQ ID NO: 610
86 %	D_D0403844	SEQ ID NO: 370	SEQ ID NO: 611
86 %	D_D0403865	SEQ ID NO: 371	SEQ ID NO: 612
86 %	D_D0403897	SEQ ID NO: 372	SEQ ID NO: 613
86 %	D_D0403907	SEQ ID NO: 373	SEQ ID NO: 614
95 %	D_D0404048	SEQ ID NO: 374	SEQ ID NO: 615

% de identidad respecto de PIP-72Aa SEQ ID NO: 2	Designaciones de clon	Polinucleótido	Polipéptido
98 %	D_D0404051	SEQ ID NO: 375	SEQ ID NO: 616
96 %	D_D0404052	SEQ ID NO: 376	SEQ ID NO: 617
98 %	D_D0404054	SEQ ID NO: 377	SEQ ID NO: 618
95 %	D_D0404056	SEQ ID NO: 378	SEQ ID NO: 619
98 %	D_D0404057	SEQ ID NO: 379	SEQ ID NO: 620
96 %	D_D0404062	SEQ ID NO: 380	SEQ ID NO: 621
95 %	D_D0404066	SEQ ID NO: 381	SEQ ID NO: 622
96 %	D_D0404067	SEQ ID NO: 382	SEQ ID NO: 623
95 %	D_D0404068	SEQ ID NO: 383	SEQ ID NO: 624
95 %	D_D0404073	SEQ ID NO: 384	SEQ ID NO: 625
98 %	D_D0404074	SEQ ID NO: 385	SEQ ID NO: 626
95 %	D_D0404078	SEQ ID NO: 386	SEQ ID NO: 627
88 %	D_D0404079	SEQ ID NO: 387	SEQ ID NO: 628
98 %	D_D0404098	SEQ ID NO: 388	SEQ ID NO: 629
92 %	D_D0404103	SEQ ID NO: 389	SEQ ID NO: 630
98 %	D_D0404111	SEQ ID NO: 390	SEQ ID NO: 631
99 %	D_D0404113	SEQ ID NO: 391	SEQ ID NO: 632
99 %	D_D0404116	SEQ ID NO: 392	SEQ ID NO: 633
98 %	D_D0404119	SEQ ID NO: 393	SEQ ID NO: 634
96 %	D_D0404120	SEQ ID NO: 394	SEQ ID NO: 635
96 %	D_D0404121	SEQ ID NO: 395	SEQ ID NO: 636
96 %	D_D0404122	SEQ ID NO: 396	SEQ ID NO: 637
96 %	D_D0404128	SEQ ID NO: 397	SEQ ID NO: 638
98 %	D_D0404130	SEQ ID NO: 398	SEQ ID NO: 639
95 %	D_D0404135	SEQ ID NO: 399	SEQ ID NO: 640
91 %	D_D0405129	SEQ ID NO: 400	SEQ ID NO: 641
92 %	D_D0405130	SEQ ID NO: 401	SEQ ID NO: 642
94 %	D_D0405132	SEQ ID NO: 402	SEQ ID NO: 643
95 %	D_D0405135	SEQ ID NO: 403	SEQ ID NO: 644
90 %	D_D0405137	SEQ ID NO: 404	SEQ ID NO: 645
94 %	D_D0405139	SEQ ID NO: 405	SEQ ID NO: 646
87 %	D_D0405141	SEQ ID NO: 406	SEQ ID NO: 647
85 %	D_D0405142	SEQ ID NO: 407	SEQ ID NO: 648
92 %	D_D0405145	SEQ ID NO: 408	SEQ ID NO: 649
99 %	D_D0405148	SEQ ID NO: 409	SEQ ID NO: 650
98 %	D_D0405151	SEQ ID NO: 410	SEQ ID NO: 651
98 %	D_D0405153	SEQ ID NO: 411	SEQ ID NO: 652
98 %	D_D0405157	SEQ ID NO: 412	SEQ ID NO: 653

% de identidad respecto de PIP-72Aa SEQ ID NO: 2	Designaciones de clon	Polinucleótido	Polipéptido
96 %	D_D0405159	SEQ ID NO: 413	SEQ ID NO: 654
99 %	D_D0405163	SEQ ID NO: 414	SEQ ID NO: 655
87 %	D_D0405169	SEQ ID NO: 415	SEQ ID NO: 656
99 %	D_D0405174	SEQ ID NO: 416	SEQ ID NO: 657
90 %	D_D0405177	SEQ ID NO: 417	SEQ ID NO: 658
93 %	D_D0405183	SEQ ID NO: 418	SEQ ID NO: 659
88 %	D_D0405187	SEQ ID NO: 419	SEQ ID NO: 660
95 %	D_D0405191	SEQ ID NO: 420	SEQ ID NO: 661
93 %	D_D0405192	SEQ ID NO: 421	SEQ ID NO: 662
93 %	D_D0405193	SEQ ID NO: 422	SEQ ID NO: 663
94 %	D_D0405199	SEQ ID NO: 423	SEQ ID NO: 664
91 %	D_D0405204	SEQ ID NO: 424	SEQ ID NO: 665
93 %	D_D0405205	SEQ ID NO: 425	SEQ ID NO: 666
98 %	D_D0405213	SEQ ID NO: 426	SEQ ID NO: 667
82 %	D_D0405218	SEQ ID NO: 427	SEQ ID NO: 668
82 %	D_D0405219	SEQ ID NO: 428	SEQ ID NO: 669
98 %	D_D0405227	SEQ ID NO: 429	SEQ ID NO: 670
96 %	D_D0405228	SEQ ID NO: 430	SEQ ID NO: 671
99 %	D_D0405230	SEQ ID NO: 431	SEQ ID NO: 672
96 %	D_D0405231	SEQ ID NO: 432	SEQ ID NO: 673
99 %	D_D0405233	SEQ ID NO: 433	SEQ ID NO: 674
94 %	D_D0405238	SEQ ID NO: 434	SEQ ID NO: 675
94 %	D_D0405239	SEQ ID NO: 435	SEQ ID NO: 676
96 %	D_D0405241	SEQ ID NO: 436	SEQ ID NO: 677
96 %	D_D0405242	SEQ ID NO: 437	SEQ ID NO: 678
98 %	D_D0405243	SEQ ID NO: 438	SEQ ID NO: 679
96 %	D_D0405244	SEQ ID NO: 439	SEQ ID NO: 680
99 %	D_D0405249	SEQ ID NO: 440	SEQ ID NO: 681
96 %	D_D0405251	SEQ ID NO: 441	SEQ ID NO: 682
98 %	D_D0405252	SEQ ID NO: 442	SEQ ID NO: 683
99 %	D_D0405254	SEQ ID NO: 443	SEQ ID NO: 684
99 %	D_D0405258	SEQ ID NO: 444	SEQ ID NO: 685
98 %	D_D0405260	SEQ ID NO: 445	SEQ ID NO: 686
98 %	D_D0405261	SEQ ID NO: 446	SEQ ID NO: 687
98 %	D_D0405281	SEQ ID NO: 447	SEQ ID NO: 688
93 %	D_D0405282	SEQ ID NO: 448	SEQ ID NO: 689
94 %	D_D0405284	SEQ ID NO: 449	SEQ ID NO: 690
96 %	D_D0405285	SEQ ID NO: 450	SEQ ID NO: 691

% de identidad respecto de PIP-72Aa SEQ ID NO: 2	Designaciones de clon	Polinucleótido	Polipéptido
95 %	D_D0405288	SEQ ID NO: 451	SEQ ID NO: 692
95 %	D_D0405289	SEQ ID NO: 452	SEQ ID NO: 693
95 %	D_D0405290	SEQ ID NO: 453	SEQ ID NO: 694
98 %	D_D0405291	SEQ ID NO: 454	SEQ ID NO: 695
95 %	D_D0405292	SEQ ID NO: 455	SEQ ID NO: 696
99 %	D_D0405294	SEQ ID NO: 456	SEQ ID NO: 697
94 %	D_D0405297	SEQ ID NO: 457	SEQ ID NO: 698
95 %	D_D0405299	SEQ ID NO: 458	SEQ ID NO: 699
94 %	D_D0405300	SEQ ID NO: 459	SEQ ID NO: 700
99 %	D_D0405302	SEQ ID NO: 460	SEQ ID NO: 701
94 %	D_D0405307	SEQ ID NO: 461	SEQ ID NO: 702
91 %	D_D0405309	SEQ ID NO: 462	SEQ ID NO: 703
99 %	D_D0405310	SEQ ID NO: 463	SEQ ID NO: 704
94 %	D_D0405311	SEQ ID NO: 464	SEQ ID NO: 705
96 %	D_D0405312	SEQ ID NO: 465	SEQ ID NO: 706
94 %	D_D0405313	SEQ ID NO: 466	SEQ ID NO: 707
96 %	D_D0405320	SEQ ID NO: 467	SEQ ID NO: 708
70 %	D_D0408199	SEQ ID NO: 468	SEQ ID NO: 709
70 %	D_D0408201	SEQ ID NO: 469	SEQ ID NO: 710
71 %	D_D0408212	SEQ ID NO: 470	SEQ ID NO: 711
76 %	D_D0408220	SEQ ID NO: 471	SEQ ID NO: 712
77 %	D_D0408221	SEQ ID NO: 472	SEQ ID NO: 713
73 %	D_D0408223	SEQ ID NO: 473	SEQ ID NO: 714
77 %	D_D0408226	SEQ ID NO: 474	SEQ ID NO: 715
73 %	D_D0408229	SEQ ID NO: 475	SEQ ID NO: 716
72 %	D_D0408231	SEQ ID NO: 476	SEQ ID NO: 717
73 %	D_D0408234	SEQ ID NO: 477	SEQ ID NO: 718
72 %	D_D0408238	SEQ ID NO: 478	SEQ ID NO: 719
72 %	D_D0408241	SEQ ID NO: 479	SEQ ID NO: 720
71 %	D_D0408246	SEQ ID NO: 480	SEQ ID NO: 721
76 %	D_D0408250	SEQ ID NO: 481	SEQ ID NO: 722
73 %	D_D0408253	SEQ ID NO: 482	SEQ ID NO: 723
72 %	D_D0408254	SEQ ID NO: 483	SEQ ID NO: 724
71 %	D_D0408261	SEQ ID NO: 484	SEQ ID NO: 725
70 %	D_D0408267	SEQ ID NO: 485	SEQ ID NO: 726
72 %	D_D0408268	SEQ ID NO: 486	SEQ ID NO: 727
73 %	D_D0408270	SEQ ID NO: 487	SEQ ID NO: 728
70 %	D_D0408275	SEQ ID NO: 488	SEQ ID NO: 729

% de identidad respecto de PIP-72Aa SEQ ID NO: 2	Designaciones de clon	Polinucleótido	Polipéptido
72 %	D_D0408276	SEQ ID NO: 489	SEQ ID NO: 730
74 %	D_D0408277	SEQ ID NO: 490	SEQ ID NO: 731
78 %	D_D0408283	SEQ ID NO: 491	SEQ ID NO: 732
74 %	D_D0408284	SEQ ID NO: 492	SEQ ID NO: 733
73 %	D_D0408286	SEQ ID NO: 493	SEQ ID NO: 734
76 %	D_D0408287	SEQ ID NO: 494	SEQ ID NO: 735
77 %	D_D0408294	SEQ ID NO: 495	SEQ ID NO: 736
73 %	D_D0408295	SEQ ID NO: 496	SEQ ID NO: 737
79 %	D_D0408296	SEQ ID NO: 497	SEQ ID NO: 738
74 %	D_D0408297	SEQ ID NO: 498	SEQ ID NO: 739
71 %	D_D0408298	SEQ ID NO: 499	SEQ ID NO: 740
74 %	D_D0408302	SEQ ID NO: 500	SEQ ID NO: 741
74 %	D_D0408308	SEQ ID NO: 501	SEQ ID NO: 742
73 %	D_D0408309	SEQ ID NO: 502	SEQ ID NO: 743
72 %	D_D0408314	SEQ ID NO: 503	SEQ ID NO: 744
74 %	D_D0408318	SEQ ID NO: 504	SEQ ID NO: 745
73 %	D_D0408319	SEQ ID NO: 505	SEQ ID NO: 746
72 %	D_D0408322	SEQ ID NO: 506	SEQ ID NO: 747
79 %	D_D0408329	SEQ ID NO: 507	SEQ ID NO: 748
78 %	D_D0408331	SEQ ID NO: 508	SEQ ID NO: 749
74 %	D_D0408338	SEQ ID NO: 509	SEQ ID NO: 750
78 %	D_D0408340	SEQ ID NO: 510	SEQ ID NO: 751
70 %	D_D0408353	SEQ ID NO: 511	SEQ ID NO: 752
78 %	D_D0408357	SEQ ID NO: 512	SEQ ID NO: 753
76 %	D_D0408359	SEQ ID NO: 513	SEQ ID NO: 754
73 %	D_D0408361	SEQ ID NO: 514	SEQ ID NO: 755
78 %	D_D0408366	SEQ ID NO: 515	SEQ ID NO: 756
74 %	D_D0408368	SEQ ID NO: 516	SEQ ID NO: 757
73 %	D_D0408370	SEQ ID NO: 517	SEQ ID NO: 758
73 %	D_D0408372	SEQ ID NO: 518	SEQ ID NO: 759
74 %	D_D0408373	SEQ ID NO: 519	SEQ ID NO: 760
72 %	D_D0408374	SEQ ID NO: 520	SEQ ID NO: 761
73 %	D_D0408377	SEQ ID NO: 521	SEQ ID NO: 762
72 %	D_D0408381	SEQ ID NO: 522	SEQ ID NO: 763
74 %	D_D0408382	SEQ ID NO: 523	SEQ ID NO: 764
73 %	D_D0408384	SEQ ID NO: 524	SEQ ID NO: 765
76 %	D_D0408385	SEQ ID NO: 525	SEQ ID NO: 766
72 %	D_D0408386	SEQ ID NO: 526	SEQ ID NO: 767

% de identidad respecto de PIP-72Aa SEQ ID NO: 2	Designaciones de clon	Polinucleótido	Polipéptido
74 %	D_D0408387	SEQ ID NO: 527	SEQ ID NO: 768
78 %	D_D0348839	SEQ ID NO: 770	SEQ ID NO: 772
85 %	D_D0347298	SEQ ID NO: 769	SEQ ID NO: 771

Tabla 21

Identidad respecto de PIP-72Aa (%)	N.º de variantes	Nombre de las variantes
46 %	1	D_D0414430
48 %	4	D_D0407437, D_D0414422, D_D0414454, D_D0414462
49 %	6	D_D0414416, D_D0414425, D_D0414449, D_D0414450, D_D0414453, D_D0414471
50 %	7	D_D0414424, D_D0414439, D_D0414459, D_D0414466, D_D0414479, D_D0414489, D_D0414493
51 %	4	D_D0414433, D_D0414470, D_D0414475, D_D0414486
52 %	2	D_D0414411, D_D0414455
53 %	4	D_D0407429, D_D0414366, D_D0414412, D_D0414427
55 %	2	D_D0414317, D_D0414355
56 %	2	D_D0407455, D_D0414326
57 %	3	D_D0407456, D_D0414327, D_D0414388
65 %	1	D_D0419142
66 %	3	D_D0419060, D_D0419066, D_D0419084
67 %	5	D_D0407461, D_D0419109, D_D0419110, D_D0419114, D_D0419119
69 %	11	D_D0419050, D_D0419057, D_D0419071, D_D0419075, D_D0419083, D_D0419091, D_D0419102, D_D0419111, D_D0419120, D_D0419138, D_D0419145
70 %	17	D_D0419051, D_D0419053, D_D0419064, D_D0419072, D_D0419087, D_D0419095, D_D0419098, D_D0419099, D_D0419101, D_D0419108, D_D0419115, D_D0419128, D_D0408199, D_D0408201, D_D0408267, D_D0408275, D_D0408353
71 %	11	D_D0419058, D_D0419062, D_D0419082, D_D0419096, D_D0419106, D_D0419127, D_D0419132, D_D0408212, D_D0408246, D_D0408261, D_D0408298
72 %	15	D_D0419077, D_D0419117, D_D0419124, D_D0419126, D_D0408231, D_D0408238, D_D0408241, D_D0408254, D_D0408268, D_D0408276, D_D0408314, D_D0408322, D_D0408374, D_D0408381, D_D0408386
73 %	15	D_D0419093, D_D0408223, D_D0408229, D_D0408234, D_D0408253, D_D0408270, D_D0408286, D_D0408295, D_D0408309, D_D0408319, D_D0408361, D_D0408370, D_D0408372, D_D0408377, D_D0408384
74 %	12	D_D0419118, D_D0408277, D_D0408284, D_D0408297, D_D0408302, D_D0408308, D_D0408318, D_D0408338, D_D0408368, D_D0408373, D_D0408382, D_D0408387
76 %	5	D_D0408220, D_D0408250, D_D0408287, D_D0408359, D_D0408385
77 %	3	D_D0408221, D_D0408226, D_D0408294
78 %	6	D_D0408283, D_D0408331, D_D0408340, D_D0408357, D_D0408366, D_D0348839
79 %	2	D_D0408296, D_D0408329
82 %	2	D_D0405218, D_D0405219

Identidad respecto de PIP-72Aa (%)	N.º de variantes	Nombre de las variantes
85 %	2	D_D0405142, D_D0347298
86 %	7	D_D0403719, D_D0403734, D_D0403823, D_D0403844, D_D0403865, D_ D0403897, D_D0403907
87 %	2	D_D0405141, D_D0405169
88 %	2	D_D0404079, D_D0405187
90 %	2	D_D0405137, D_D0405177
91 %	3	D_D0405129, D_D0405204, D_D0405309
92 %	3	D_D0404103, D_D0405130, D_D0405145
93 %	5	D_D0405183, D_D0405192, D_D0405193, D_D0405205, D_D0405282
94 %	11	D_D0405132, D_D0405139, D_D0405199, D_D0405238, D_D0405239, D_ D0405284, D_D0405297, D_D0405300, D_D0405307, D_D0405311, D_D0405313
95 %	14	D_D0404048, D_D0404056, D_D0404066, D_D0404068, D_D0404073, D_ D0404078, D_D0404135, D_D0405135, D_D0405191, D_D0405288, D_D0405289, D_D0405290, D_D0405292, D_D0405299
96 %	17	D_D0404052, D_D0404062, D_D0404067, D_D0404120, D_D0404121, D_ D0404122, D_D0404128, D_D0405159, D_D0405228, D_D0405231, D_D0405241, D_D0405242, D_D0405244, D_D0405251, D_D0405285, D_D0405312, D_D0405320
98 %	19	D_D0404051, D_D0404054, D_D0404057, D_D0404074, D_D0404098, D_ D0404111, D_D0404119, D_D0404130, D_D0405151, D_D0405153, D_D0405157, D_D0405213, D_D0405227, D_D0405243, D_D0405252, D_D0405260, D_ D0405261, D_D0405281, D_D0405291
99 %	13	D_D0404113, D_D0404116, D_D0405148, D_D0405163, D_D0405174, D_ D0405230, D_D0405233, D_D0405249, D_D0405254, D_D0405258, D_D0405294, D_D0405302, D_D0405310

Tabla 22

Designación del clon	Polipéptido	Sustituciones de aminoácidos en comparación con PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2)
D_D0403719	SEQ ID NO: 608	N011G, S027Q, S030P, N033S, T038S, S044D, K053N, D071E, A074Y, Q078S, R080E, E083L
D_D0403734	SEQ ID NO: 609	N011G, P012D, S027Q, S030K, G032A, N033P, T038S, S044A, K053N, D071E, R080Q, E083L
D_D0403823	SEQ ID NO: 610	N011G, P012D, S030K, G032A, N033P, S044D, K053N, D071E, N073D, A074Y, R080Q, E083L
D_D0403844 -	SEQ ID NO: 611	S009L, P012D, S027Q, S030K, N033P, T038S, S044A, D071E, N073D, Q078S, R080E, E083L
D_D0403865	SEQ ID NO: 612	N008S, N011G, P012D, S030K, N033S, T038S, S044D, K053N, D071E, A074Y, Q078S, R080E
D_D0403897	SEQ ID NO: 613	N011G, S027Q, S030K, G032A, N033P, T038S, S044D, K053N, D071E, N073D, Q078S, R080E
D_D0403907	SEQ ID NO: 614	N008S, N011G, P012D, S027Q, S030K, N033S, S044D, K053N, D071E, N073D, Q078S, R080Q
D_D0404048	SEQ ID NO: 615	N011K, V015A, K053R, H058A
D_D0404051	SEQ ID NO: 616	T038S, K053R

Designación del clon	Polipéptido	Sustituciones de aminoácidos en comparación con PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2)
D_D0404052	SEQ ID NO: 617	N011K, R080Q, E083Q
D_D0404054	SEQ ID NO: 618	N011K, T038S
D_D0404056	SEQ ID NO: 619	V015A, H019K, K053R, H058A
D_D0404057	SEQ ID NO: 620	N011K, A074T
D_D0404062	SEQ ID NO: 621	K053R, E083H, L085V
D_D0404066	SEQ ID NO: 622	K053R, H058A, E083H, L085V
D_D0404067	SEQ ID NO: 623	N011K, V015A, K053R
D_D0404068	SEQ ID NO: 624	N033S, K053R, A074T, R080E
D_D0404073	SEQ ID NO: 625	T038S, K053R, H058A, L085V
D_D0404074	SEQ ID NO: 626	K053R, E083H
D_D0404078	SEQ ID NO: 627	N011K, P012K, H019K, H058A
D_D0404079	SEQ ID NO: 628	N011K, S030G, G032D, T038S, K053R, S065T, D071E, A074T, L085V, S086A
D_D0404098	SEQ ID NO: 629	S065T, V070I
D_D0404103	SEQ ID NO: 630	V015A, H019K, V031I, G032D, N033S, T038S, K053R
D_D0404111	SEQ ID NO: 631	T038S, K053R
D_D0404113	SEQ ID NO: 632	K053N
D_D0404116	SEQ ID NO: 633	E083H
D_D0404119	SEQ ID NO: 634	P012K, H019K
D_D0404120	SEQ ID NO: 635	S030G, N033S, T038S
D_D0404121	SEQ ID NO: 636	H058A, R080E, L085V
D_D0404122	SEQ ID NO: 637	E083H, L085V, S086A
D_D0404128	SEQ ID NO: 638	N011K, V015A, E083H
D_D0404130	SEQ ID NO: 639	N011K, H019K
D_D0404135	SEQ ID NO: 640	S030G, V031I, N033S, T038S
D_D0405129	SEQ ID NO: 641	N011K, P012K, V015A, H019K, S065T, V070I, D071E, A074T
D_D0405130	SEQ ID NO: 642	H019K, K053R, H058A, S065T, V070I, D071E, A074T
D_D0405132	SEQ ID NO: 643	S030G, V031I, G032D, N033S, T038S
D_D0405135	SEQ ID NO: 644	N011K, P012K, V015A, H019K
D_D0405137	SEQ ID NO: 645	N011K, P012K, V015A, H019K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S
D_D0405139	SEQ ID NO: 646	N011K, P012K, V015A, H019K, K053S
D_D0405141	SEQ ID NO: 647	N011K, P012K, V015A, H019K, T038S, K053R, H058A, S065T, V070I, D071E, A074T
D_D0405142	SEQ ID NO: 648	N011K, P012K, V015A, H019K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S065T, V070I, D071E, A074T
D_D0405145	SEQ ID NO: 649	S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, K053R, H058A
D_D0405148	SEQ ID NO: 650	T038S
D_D0405151	SEQ ID NO: 651	V015A, H019K

Designación del clon	Polipéptido	Sustituciones de aminoácidos en comparación con PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2)
D_D0405153	SEQ ID NO: 652	K053R, H058A
D_D0405157	SEQ ID NO: 653	T038S, H058A
D_D0405159	SEQ ID NO: 654	K053R, H058A, A074T
D_D0405163	SEQ ID NO: 655	K053R
D_D0405169	SEQ ID NO: 656	N011K, P012K, V015A, H019K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, K053R, H058A
D_D0405174	SEQ ID NO: 657	H058A
D_D0405177	SEQ ID NO: 658	S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S065T, V070I, D071E, A074T
D_D0405183	SEQ ID NO: 659	N011K, P012K, V015A, H019K, T038S, H058A
D_D0405187	SEQ ID NO: 660	N011K, P012K, V015A, H019K, S030G, V031I, G032D, N033S, K053R, H058A
D_D0405191	SEQ ID NO: 661	S065T, V070I, D071E, A074T
D_D0405192	SEQ ID NO: 662	K053R, H058A, S065T, V070I, D071E, A074T
D_D0405193	SEQ ID NO: 663	N011K, P012K, V015A, H019K, N033S, T038S
D_D0405199	SEQ ID NO: 664	K053R, H058A, V070I, D071E, A074T
D_D0405204	SEQ ID NO: 665	S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, K053R, H058A, A074T
D_D0405205	SEQ ID NO: 666	N011K, P012K, V015A, H019K, K053R, H058A
D_D0405213	SEQ ID NO: 667	K053S, H058A
D_D0405218	SEQ ID NO: 668	N011K, P012K, V015A, H019K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, K053R, H058A, R080E, E083H, L085V, S086A
D_D0405219	SEQ ID NO: 669	N011K, P012K, V015A, H019K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, K053R, H058A, S065T, V070I, D071E, A074T
D_D0405227	SEQ ID NO: 670	R080E, S086A
D_D0405228	SEQ ID NO: 671	N011K, V015A, L085V
D_D0405230	SEQ ID NO: 672	H019K
D_D0405231	SEQ ID NO: 673	N011K, E083H, L085V
D_D0405233	SEQ ID NO: 674	N011K
D_D0405238	SEQ ID NO: 675	N011K, V015A, E083H, L085V, S086A
D_D0405239	SEQ ID NO: 676	N011K, H058A, R080E, L085V, S086A
D_D0405241	SEQ ID NO: 677	N011K, P012K, V015A
D_D0405242	SEQ ID NO: 678	N011K, R080E, S086A
D_D0405243	SEQ ID NO: 679	N011K, V015A
D_D0405244	SEQ ID NO: 680	N011K, V015A, H019K
D_D0405249	SEQ ID NO: 681	P012K
D_D0405251	SEQ ID NO: 682	P012K, V015A, H019K
D_D0405252	SEQ ID NO: 683	P012K, V015A
D_D0405254	SEQ ID NO: 684	V015A
D_D0405258	SEQ ID NO: 685	R080E
D_D0405260	SEQ ID NO: 686	H019K, K053R

Designación del clon	Polipéptido	Sustituciones de aminoácidos en comparación con PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2)
D_D0405261	SEQ ID NO: 687	E083H, L085V
D_D0405281	SEQ ID NO: 688	N033S, T038S
D_D0405282	SEQ ID NO: 689	S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, K053R
D_D0405284	SEQ ID NO: 690	V031I, G032D, T038S, R080E, L085V
D_D0405285	SEQ ID NO: 691	K053R, R080E, S086A
D_D0405288	SEQ ID NO: 692	S030G, N033S, R080E, S086A
D_D0405289	SEQ ID NO: 693	G032D, K053R, R080E, E083H
D_D0405290	SEQ ID NO: 694	S030G, V031I, G032D, N033S
D_D0405291	SEQ ID NO: 695	S030G, K053R
D_D0405292	SEQ ID NO: 696	N033S, K053R, R080E, S086A
D_D0405294	SEQ ID NO: 697	S030G
D_D0405297	SEQ ID NO: 698	S030G, V031I, G032D, N033S, K053R
D_D0405299	SEQ ID NO: 699	K053H, H058P, E083H, S086A
D_D0405300	SEQ ID NO: 700	G032D, N033S, T038S, L085V, S086A
D_D0405302	SEQ ID NO: 701	N033S
D_D0405307	SEQ ID NO: 702	N033S, T038S, K053R, H058A, R080E
D_D0405309	SEQ ID NO: 703	S030G, V031I, N033S, T038S, K053R, H058A, R080E, L085V
D_D0405310	SEQ ID NO: 704	G032D
D_D0405311	SEQ ID NO: 705	S030G, G032D, N033S, L085V, S086A
D_D0405312	SEQ ID NO: 706	S030G, V031I, T038S
D_D0405313	SEQ ID NO: 707	S030G, G032D, N033S, T038S, H058A
D_D0405320	SEQ ID NO: 708	S030G, N033S, H058A
D_D0408199	SEQ ID NO: 709	N008K, N011K, P012K, V015A, A016S, H019K, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S044D, K053R, H058A, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0408201	SEQ ID NO: 710	N008K, N011K, P012K, V015A, A016S, H019K, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S044D, A056T, H058A, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0408212	SEQ ID NO: 711	N008K, N011K, P012K, V015A, A016S, H019K, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S044D, H058A, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0408220	SEQ ID NO: 712	N008K, N011K, P012K, V015A, A016S, H019K, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S044D, H058A, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, E083H, L085V
D_D0408221	SEQ ID NO: 713	N011K, V015A, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S044D, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0408223	SEQ ID NO: 714	N011K, V015A, H019K, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S044D, K053R, H058A, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A

Designación del clon	Polipéptido	Sustituciones de aminoácidos en comparación con PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2)
D_D0408226	SEQ ID NO: 715	N011K, V015A, H019K, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S044D, K053R, H058A, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, R080E, E083H, L085V
D_D0408229	SEQ ID NO: 716	N008K, N011K, P012K, V015A, A016S, H019K, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S044D, K053R, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, Q078H, R080E, L085V, S086A
D_D0408231	SEQ ID NO: 717	N008K, N011K, P012K, V015A, A016S, H019K, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S044D, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0408234	SEQ ID NO: 718	N008K, N011K, P012K, V015A, A016S, H019K, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S044D, K053R, A056T, H058A, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, R080E, S086A
D_D0408238	SEQ ID NO: 719	P012K, V015A, H019K, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S044D, K053R, A056T, H058A, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0408241	SEQ ID NO: 720	N008K, N011K, P012K, V015A, A016S, H019K, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S044D, K053R, H058A, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, R080E, E083H, L085V, S086A
D_D0408246	SEQ ID NO: 721	N008K, N011K, P012K, V015A, A016S, H019K, S022R, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S044D, K053R, A056T, H058A, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, E083H, L085V, S086A
D_D0408250	SEQ ID NO: 722	N008K, N011K, P012K, V015A, A016S, H019K, V031I, N033S, S044D, K053R, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0408253	SEQ ID NO: 723	N008K, N011K, P012K, V015A, A016S, H019K, S030G, N033S, S044D, K053R, A056T, H058A, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0408254	SEQ ID NO: 724	N008K, N011K, P012K, V015A, A016S, H019K, S030G, G032D, N033S, S044D, K053R, A056T, H058A, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0408261	SEQ ID NO: 725	N008K, N011K, P012K, V015A, A016S, H019K, S030G, G032D, N033S, T038S, S044D, K053R, A056T, H058A, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0408267	SEQ ID NO: 726	N008K, N011K, P012K, V015A, A016S, H019K, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, K053R, A056T, H058A, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0408268	SEQ ID NO: 727	N008K, N011K, P012K, V015A, A016S, H019K, S030G, N033S, T038S, S044D, K053R, A056T, H058A, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0408270	SEQ ID NO: 728	N008K, N011K, P012K, V015A, A016S, H019K, V031I, G032D, N033S, S044D, K053R, S065T, S066N, V070I, D071E, N073S, A074T, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0408275	SEQ ID NO: 729	N008K, N011K, P012K, V015A, A016S, H019K, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, S044D, K053R, A056T, H058A, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A

Designación del clon	Polipéptido	Sustituciones de aminoácidos en comparación con PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2)
D_D0408276	SEQ ID NO: 730	N008K, N011K, P012K, V015A, A016S, H019K, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, K053R, H058A, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0408277	SEQ ID NO: 731	N008K, N011K, P012K, V015A, A016S, H019K, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, S044D, K053R, H058A, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, R080E, E083H, L085V
D_D0408283	SEQ ID NO: 732	N008K, N011K, P012K, V015A, A016S, H019K, S027K, S030G, N033S, S044D, K053R, A056T, H058A, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, R080E
D_D0408284	SEQ ID NO: 733	N008K, N011K, P012K, V015A, A016S, H019K, S030G, G032D, N033S, S044D, K053R, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0408286	SEQ ID NO: 734	N008K, N011K, P012K, V015A, A016S, H019K, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S044D, K053R, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, R080E, E083H, L085V, S086A
D_D0408287	SEQ ID NO: 735	N008K, N011K, P012K, V015A, A016S, H019K, N033S, S044D, K053R, H058A, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0408294	SEQ ID NO: 736	H019K, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S044D, K053R, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0408295	SEQ ID NO: 737	P012K, V015A, H019K, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S044D, K053R, H058A, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0408296	SEQ ID NO: 738	H019K, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S044D, K053R, A056T, H058A, V070I, D071E, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0408297	SEQ ID NO: 739	N008K, N011K, P012K, V015A, A016S, H019K, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S044D, H058A, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, R080E, E083H, S086A
D_D0408298	SEQ ID NO: 740	N008K, N011K, P012K, V015A, A016S, H019K, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S044D, K053R, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0408302	SEQ ID NO: 741	N011K, P012K, V015A, H019K, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S044D, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0408308	SEQ ID NO: 742	N011K, V015A, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S044D, K053R, H058A, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0408309	SEQ ID NO: 743	N011K, V015A, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S044D, K053R, A056T, H058A, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0408314	SEQ ID NO: 744	N008K, N011K, P012K, V015A, A016S, H019K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S044D, H058A, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0408318	SEQ ID NO: 745	N008K, N011K, P012K, V015A, A016S, H019K, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S044D, K053R, S065T, D071E, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A

Designación del clon	Polipéptido	Sustituciones de aminoácidos en comparación con PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2)
D_D0408319	SEQ ID NO: 746	N008K, N011K, P012K, V015A, A016S, H019K, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S044D, K053R, S065T, V070I, A074T, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0408322	SEQ ID NO: 747	N011K, P012K, V015A, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S044D, K053R, A056T, H058A, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0408329	SEQ ID NO: 748	N011K, V015A, H019K, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S044D, K053R, H058A, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, E083H
D_D0408331	SEQ ID NO: 749	N011K, V015A, H019K, G032D, N033S, S044D, K053R, H058A, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0408338	SEQ ID NO: 750	N008K, N011K, P012K, V015A, H019K, S030G, N033S, S044D, K053R, A056T, H058A, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0408340	SEQ ID NO: 751	H019K, S027K, S030G, V031I, N033S, T038S, S044D, K053R, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0408353	SEQ ID NO: 752	N008K, N011K, P012K, V015A, A016S, H019K, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S044D, K053S, H058A, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0408357	SEQ ID NO: 753	N008K, N011K, P012K, V015A, A016S, H019K, S030G, N033S, S044D, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0408359	SEQ ID NO: 754	N008K, N011K, P012K, V015A, H019K, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S044D, V070I, D071E, A074T, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0408361	SEQ ID NO: 755	N008K, N011K, P012K, V015A, A016S, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S044D, K053R, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0408366	SEQ ID NO: 756	N008K, N011K, P012K, V015A, A016S, H019K, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S044D, K053R, S065T, V070I, D071E, L085V, S086A
D_D0408368	SEQ ID NO: 757	N011K, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S044D, K053R, A056T, H058A, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0408370	SEQ ID NO: 758	N008K, N011K, P012K, V015A, H019K, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S044D, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0408372	SEQ ID NO: 759	N011K, V015A, H019K, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S044D, K053R, H058A, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0408373	SEQ ID NO: 760	N008K, N011K, P012K, V015A, A016S, H019K, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S044D, K053R, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, R080E, E083H, L085V

Designación del clon	Polipéptido	Sustituciones de aminoácidos en comparación con PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2)
D_D0408374	SEQ ID NO: 761	N008K, N011K, P012K, V015A, A016S, H019K, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, S044D, K053R, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0408377	SEQ ID NO: 762	N011K, P012K, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S044D, K053R, A056T, H058A, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0408381	SEQ ID NO: 763	N008K, N011K, P012K, V015A, A016S, H019K, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S044D, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0408382	SEQ ID NO: 764	N011K, P012K, H019K, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S044D, K053R, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0408384	SEQ ID NO: 765	N008K, N011K, P012K, V015A, A016S, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S044D, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0408385	SEQ ID NO: 766	N011K, P012K, H019K, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S044D, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0408386	SEQ ID NO: 767	N008K, N011K, P012K, V015A, A016S, H019K, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, S044D, H058A, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0408387	SEQ ID NO: 768	N008K, N011K, P012K, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S044D, K053R, S065T, V070I, D071E, N073S, A074T, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0348839	SEQ ID NO: 772	N008K, N011K, P012K, V015A, A016S, H019K, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S044D, Q078H, R080E, L081T, E083H, L085V, S086A
D_D0347298	SEQ ID NO: 771	N008K, N011K, P012K, V015A, A016S, H019K, S027K, S030G, V031I, G032D, N033S, T038S, S044D

Ejemplo 10 - Identificación de posiciones de aminoácidos que afectan a la función de PIP-72Aa

El alineamiento de secuencias de proteínas de PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2) y otros miembros activos de la familia, PIP-72Da (SEQ ID NO: 10), PIP-72Fa (SEQ ID NO: 18), GBP_A3175 (SEQ ID NO: 20) y PIP-72Gb (SEQ ID NO: 32) se muestra en la figura 2. A partir del alineamiento, se seleccionaron las posiciones de aminoácidos conservadas 7, 10, 20, 23, 24, 34, 60, 61,66, 68, 75, 77, 79, 84 para mutagénesis de saturación usando los cebadores oligonucleotídicos indicados en la tabla 23 (técnica QuikChange™, Agilent, 5301 Stevens Creek Blvd, Santa Clara, CA). Además, las posiciones 8, 11, 12, 15, 16, 19, 27, 30, 31, 32, 33, 53, 56, 58, 65, 70, 71, 73, 74, 78, 80, 81, 83, 85, 86, que difieren entre PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2) y PIP-72Da (SEQ ID NO: 10) se sometieron a mutagénesis de saturación usando una modificación del método QuikChange™ con ADN polimerasa de alta fidelidad Phusion® (New England Biolabs®, n.º de cat. M0530L, 240 County Road, Ipswich, MA 01938-2723), con los cebadores oligonucleotídicos indicados en la tabla 23. Los ADN plasmídicos resultantes se transformaron en *E. coli,* y la proteína se expresó como se describe en el ejemplo 3. Se llevaron a cabo bioensayos en gusano de la raíz del maíz occidental como se describe en el ejemplo 4 para determinar qué variantes génicas conservan actividad insecticida. La tabla 23 lista las posiciones que se abordaron y resume los datos que se obtuvieron. Se muestran las sustituciones de aminoácidos que se identificaron mediante análisis de secuencia de ADN. Para cada posición, se muestran las sustituciones de aminoácidos que proporcionaron variantes de PIP-72Aa que conservaban actividad contra el gusano de la raíz del maíz occidental.

Tabla 23

Posición	**Nombre del oligo**	**Identificador de secuencia del oligo**	**Sustituciones identificadas**	**Sustituciones activas**
N7	NNK7_F	SEQ ID NO: 190		

Posición	Nombre del oligo	Identificador de secuencia del oligo	Sustituciones identificadas	Sustituciones activas
	MNN7_R	SEQ ID NO: 191	A,V,C,E,F,G,H,I, K,L,M,P,Q,R, S,T, W,Y	A, V
N8	N8N_F	SEQ ID NO: 192	A,C,D,E,G,H,I,K, L,M,Q,R,S,T, V,F, P,W,Y	A, C, D, E, G, H, I, K , L, M, Q, R, S, T, V
	N8N_R	SEQ ID NO: 193		
S10	NNK10_F	SEQ ID NO: 194	A,E,F,G,H,I,K,L, N,P,Q,R,T,W	A, E, F, G, H, I, K, L , N, P, Q, R, T, W
	MNN10_R	SEQ ID NO: 195		
N11	N11N_F	SEQ ID NO: 196	A,C,D,E,G,H,I,K, L,M,Q,S,T,V, Y,P, R,W	A, C, D, E, G, H, I, K , L, M, Q, S, T, V, Y
	N11N_R	SEQ ID NO: 197		
P12	P12N_F	SEQ ID NO: 198	A,C,D,E,G,H,K,L, N,Q,R,S,T,V, W,Y, I	A, C, D, E, G, H, K, L , N, Q, R, S, T, V, W, Y
	P12N_R	SEQ ID NO: 199		
V15	V15N_F	SEQ ID NO: 200	A,C,I,M,R,D,F,G, H,L,P,Q,S,T, W,Y	A,C,I,M,R
	V15N_R	SEQ ID NO: 201		
A16	A16N_F	SEQ ID NO: 202	C,D,E,F,G,H,I,K, L,M,N,P,Q,R, S,T, V,W,Y	ninguna
	A16N_R	SEQ ID NO: 203		
H19	H19N_F	SEQ ID NO: 204	A,E,K,L,P,R,S,Y, C,D,F,G,I,M,N, T, V,W	A,E,K,L,P,R,S,Y
	H19N_R	SEQ ID NO: 205		
W20	NNK20_F	SEQ ID NO: 206	A,T,D,E,G,I,K,L, M,N,P,Q,R,S, V,Y	A, T
	MNN20_R	SEQ ID NO: 207		
D23	NNK23_F	SEQ ID NO: 208	A,G,H,K,M,N,Q,S, T,V,C,L,P,R, W,Y	A,G,H,K,M,N,Q,S ,T,V
	MNN23_R	SEQ ID NO: 209		
G24	NNK24_F	SEQ ID NO: 210	D,F,A,E,H,I,L,M, N,P,R,S,T,V, W,Y	D,F
	MNN24_R	SEQ ID NO: 211		
S27	S27N_F	SEQ ID NO: 212	A,C,D,E,F,G,H,N, Q,R,T,I,K,L, M,P, W,Y	A,C,D,E,F,G,H,N ,Q,R,T
	S27N_R	SEQ ID NO: 213		
S30	S30N_F	SEQ ID NO: 214	A,C,D,E,F,G,H,K, L,M,N,P,Q,R, T,V, W, Y	A,C,D,E,F,G,H,K ,L,M,N,P,Q,R, T, V,W,Y
	S30N_R	SEQ ID NO: 215		
V31	V31N_F	SEQ ID NO: 216	I,L,A,C,D,E,F,G, H,K,N,P,Q,R,S, T, W, Y	I,L
	V31N_R	SEQ ID NO: 217		
G32	G32N_F	SEQ ID NO: 218	A,D,E,F,H,K,L,M, N,P,Q,R,S,T, V,W, Y	A,D,E,F,H,K,L,M ,N,P,Q,R,S,T, V, W, Y
	G32N_R	SEQ ID NO: 219		
N33	N33N_F	SEQ ID NO: 220	A,C,D,E,F,G,H,I, K,L,P,Q,R,S,T, V, Y,W	A,C,D,E,F,G,H,I ,K,L,P,Q,R,S,T, V,Y
	N33N_R	SEQ ID NO: 221		
G34	NNK34_F	SEQ ID NO: 222	E,F,H,K,L,M,N,Q, R,S,T,Y,I,P,V, W	E,F,H,K,L,M,N,Q ,R,S,T,Y
	MNN34_R	SEQ ID NO: 223		
K53	K53N_F	SEQ ID NO: 224	A,C,D,E,F,H,I,L, M,N,p,Q,R,S,T, V, Y,G,W	A,C,D,E,F,H,I,L ,M,N,Q,R,S,T, V, Y
	K53N_R	SEQ ID NO: 225		
A56	A56N_F	SEQ ID NO: 226		

Posición	Nombre del oligo	Identificador de secuencia del oligo	Sustituciones identificadas	Sustituciones activas
	A56N_R	SEQ ID NO: 227	G,L,N,P,Q,R,S,T, C,D,E,F,H,I,K, Y	G,L,N,P,Q,R,S,T
H58	H58N_F	SEQ ID NO: 228	A,D,F,L,M,N,R,W, Y,C,G,I,K,P, S,T, V	A,D,F,L,M,N,R,W ,Y
	H58N_R	SEQ ID NO: 229		
Y60	NNK60_F	SEQ ID NO: 230	E,F,A,D,G,I,K,L, M,N,P,Q,R,S,T, V	E,F
	MNN60_R	SEQ ID NO: 231		
Y61	NNK61_F	SEQ ID NO: 232	A,C,D,G,I,K,L,N, P,R,S,T,V,W	ninguna
	MNN61_R	SEQ ID NO: 233		
S65	S65N_F	SEQ ID NO: 234	A,C,D,E,F,G,H,I, L,N,T,V,P,R,Y	A,C,D,E,F,G,H,I ,L,N,T,V
	S65N_R	SEQ ID NO: 235		
S66	NNK66_F	SEQ ID NO: 236	A,G,C,D,E,I,K,L, M,N,PI,R , T , V , W	A, G
	MNN66_R	SEQ ID NO: 237		
168	NNK68_F	SEQ ID NO: 238	D,L,V,A,C,E,F,G, H,K,M,N,P,Q, R,T, W, Y	D,L,V
	MNN68_R	SEQ ID NO: 239		
V70	V70N_F	SEQ ID NO: 240	C,I,A,D,F,G,H,L, M,N,P,Q,R,S, T,Y	C,I
	V70N_R	SEQ ID NO: 241		
D71	D71N_F	SEQ ID NO: 242	A,C,G,H,I,L,M,N, S,T,V,Y,F,P,R	A,C,G,H,I,L,M,N ,S,T,V,Y
	D71N_R	SEQ ID NO: 243		
N73	N73N_F	SEQ ID NO: 244	A,C,D,F,G,H,I,L, R,S,T,V,Y,P	A,C,D,F,G,H,I,L ,R,S,T,V,Y
	N73N_R	SEQ ID NO: 245		
A74	A74N_F	SEQ ID NO: 246	C,D,F,G,H,I,L,N, Q,R,S,T,V,Y,P	C,D,F,G,H,I,L,N ,Q,R,S,T,V,Y
	A74N_R	SEQ ID NO: 247		
V75	NNK75_F	SEQ ID NO: 248	C,I,L,A,D,F,G,H, K,M,P,Q,R,S, T,W, Y	C,I,L
	MNN75_R	SEQ ID NO: 249		
D77	NNK77_F	SEQ ID NO: 250	Y,A,E,F,G,H,K,L, M,N,P,Q,R,T, V,W	Y
	MNN77_R	SEQ ID NO: 251		
Q78	Q78N_F	SEQ ID NO: 252	A,C,D,F,G,H,I,L, M,N,R,S,T,V,Y, P	A,C,D,F,G,H,I,L ,M,N,R,S,T,V,Y
	Q78N_R	SEQ ID NO: 253		
R79	NNK79_F	SEQ ID NO: 254	A,C,D,E,F,H,K,L, N,Q,R,S,T,W, Y,I, P,V	A,C,D,E,F,H,K,L ,N,Q,R,S,T,W, Y
	MNN79_R	SEQ ID NO: 255		
R80	R80N_F	SEQ ID NO: 256	A,C,D,F,G,H,I,L, N,S,T,V,Y,P	A,C,D,F,G,H,I,L ,N,S,T,V,Y
	R80N_R	SEQ ID NO: 257		
L81	L81N_F	SEQ ID NO: 258	A,C,D,F,G,H,I,N, P,R,S,T,V,Y	A,C,D,F,G,H,I,N ,P,R,S,T,V
	L81N_R	SEQ ID NO: 259		
E83	E83N_F	SEQ ID NO: 260	A,C,D,F,G,H,I,K, L,N,P,R,S,T,V, Y	A,C,D,F,G,H,I,K ,L,N,P,R,S,T,V, Y
	E83N_R	SEQ ID NO: 261		
P84	NNK84_F	SEQ ID NO: 262		

Posición	Nombre del oligo	Identificador de secuencia del oligo	Sustituciones identificadas	Sustituciones activas
	MNN84_R	SEQ ID NO: 263	A,C,E,I,S,V,W,Y, F,G,H,L,N,R,T	A,C,E,I,S,V,W,Y
L85	L85N_F	SEQ ID NO: 264	C,G,V,A,D,E,F,H, I,N,P,Q,R,S, T,Y	C,G,V
	L85N_R	SEQ ID NO: 265		
S86	S86N_F	SEQ ID NO: 266	A,I,T,V,C,D,F,G, H,L,M,N,P,Q, R,Y	A,I,T,V
	S86N_R	SEQ ID NO: 267		

Ejemplo 11 - Identificación del motivo 1 y análisis de posiciones de aminoácidos que afectan a la función de PIP-72Aa

A partir del alineamiento de secuencias de proteínas de PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2) y otros miembros activos de la familia, incluyendo PIP-72Da (SEQ ID NO: 10), PIP-72Fa (SEQ ID NO: 18), GBP_A3175 (SEQ ID NO: 20) y PIP-72Gb (SEQ ID NO: 32) mostrados en la figura 2, se identificó el motivo conservado 1 como potencialmente importante para la función (subrayado en la figura 2 en relación con PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2)). Cada posición en el motivo 1 (37, 38, 39, 40, 41,42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50 y 51) se sometió a mutagénesis de saturación usando los cebadores oligonucleotídicos indicados en la tabla 24. Los ADN plasmídicos resultantes se transformaron en *E. coli* y la proteína se expresó como se describe en el ejemplo 3. Se llevaron a cabo bioensayos en gusano de la raíz del maíz occidental como se describe en el ejemplo 4 para determinar qué variantes génicas conservan actividad insecticida. La tabla 24 lista las posiciones que se sometieron a mutagénesis y resume los datos que se obtuvieron. Para cada posición, se muestran las sustituciones de aminoácidos que proporcionaron variantes del polipéptido PIP-72A que conservaban actividad contra el gusano de la raíz del maíz occidental. Asimismo, se indican las sustituciones de aminoácidos asociadas con la expresión de proteínas solubles en *E. coli*.

Tabla 24

Resto	Nombre del oligo	Identificador de secuencia	Sustituciones identificadas	Sustituciones activas	Expresión soluble
E37	37nnk_F	SEQ ID NO: 268	A, C, D, E, F, G, I, K, L, M, N, S, T, V, H, P, R, W, Y	A, C, D, F, G, I, K, L, M, N, S, T, V	A, C, D, E, F, G, I, K, L, M, N, S, T, V, H, R, W, Y
T38	T38N_F	SEQ ID NO: 269	A, C, D, E, F, G, H, I, L, M, N, Q, R, S, V, W, Y, K, P	A, C, D, E, F, G, H, I, L, M, N, Q, R, S, V, W, Y	A, C, D, E, F, G, H, I, L, M, N, Q, R, S, V, W, Y
	T38N_R	SEQ ID NO: 270			
W39	39nnk_F	SEQ ID NO: 271	F, A, C, D, E, G, H, I, K, L, M, N, P, Q, R, S, T, V, Y	F	F, W, Y
D40	40nnk_F	SEQ ID NO: 272	A, C, E, F, G, H,I, K, L, M, N, Q, R, S, T, V, W, Y, P	A, C, E, F, G, H, I, K, L, M, N, Q, R, S, T, V, W, Y	A, C, D, E, F, G, H, I, K, L, M, N, Q, R, S, T, V, W, Y, P
R41	41nnk_F	SEQ ID NO: 273	A, C, D, E, F, G, I, K, L, M, N, P, Q, S, T, V, W, Y	ninguna	F, I, L, N, V
S42	42nnk_F	SEQ ID NO: 274	A, C, D, E, F, G, I, K, L, M, N, Q, R, S, T, V, W, Y, P	A, C, D, E, F, G, I, K, L, M, N, Q, R, T, V, W, Y	A, C, D, E, F, G, I, K, L, M, N, Q, R, S, T, V, W, Y, P
D43	43nnk_F	SEQ ID NO: 275	A, C, E, F, G, H, I, K, L, N, P, Q, R, S, T, V, W, Y	ninguna	
S44	S44N_F	SEQ ID NO: 276			

Resto	Nombre del oligo	Identificador de secuencia	Sustituciones identificadas	Sustituciones activas	Expresión soluble
	S44N_R	SEQ ID NO: 277	A, D, E, G, L, M, N, P, Q, T, V, Y, H, I, K, R, W	A, D, E, G, L, M, N, P, Q, T, V, Y	A, D, E, G, L, M, N, P, Q, T, V, Y, H, I, K, R, W
R45	45nnk_F	SEQ ID NO: 278	K, R, S, A, C, D, E, F, G, H, L, M, N, P, Q, T, V, W, Y	K, S	K, R, L, M, Q, S, Y
G46	46nnk_F	SEQ ID NO: 279	A, Q, C, D, E, F, H, I, K, L, M, N, P, R, S, T, V, W, Y	A, Q	A, G, Q
F47	47nnk_F	SEQ ID NO: 280	C, V, Y, A, D, E, G, H, I, K, L, M, N, P, Q, R, S, T, W	C, V, Y	C, F, V, Y, H, L, M
V48	48nnk_F	SEQ ID NO: 281	I, L, A, C, D, E, F, G, H, K, M, N, P, Q, R, S, W	I, L,	I, L, V
L49	4 9nnk_ F	SEQ ID NO: 282	C, F, M, R, Y, A, D, E, G, H, I, K, N, P, Q, S, T, V, W	C, F, M, R, Y	C, F, L, M, R, Y
S50	50nnk_F	SEQ ID NO: 283	A, C, D, I, M, P, Q, S, T, V, F, G, H, K, L, N, R, W, Y	A, C, D, I, M, P, Q, T, V	A, C, D, I, M, Q, S, T, V, F, H, L, N, R, W, Y
L51	51nnk_F	SEQ ID NO: 284	A, C, M, V,D, E, F, G, H, K, N, P, Q, R, S, T, W, Y	A, C, M, V	A, C, L, M, V

Ejemplo 12 - Variantes de PIP-72Aa con múltiples sustituciones de aminoácidos en el motivo 1

Se generaron variantes de PIP-72Aa con múltiples sustituciones de aminoácidos seleccionadas en el motivo 1 mediante la técnica Quik-Change™ (Agilent, Santa Clara CA) usando una combinación de los cebadores oligonucleotídicos indicados en la tabla 25. Los ADN plasmídicos resultantes se transformaron en *E. coli,* y la proteína se expresó como se describe en el ejemplo 3. Se llevaron a cabo bioensayos en gusano de la raíz del maíz occidental como se describe en el ejemplo 4 para determinar qué variantes génicas conservan actividad insecticida. Se llevó a cabo secuenciación de ADN en las variantes génicas activas. En la tabla 26 se listan las secuencias de nucleótidos y aminoácidos de las variantes activas. De las 78 variantes exploradas, 20 tuvieron actividad detectable frente al gusano de la raíz del maíz occidental. Las variantes activas contenían entre 2 y 7 sustituciones de aminoácidos en relación con PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2). La tabla 27 muestra las sustituciones de aminoácidos de las variantes de polipéptido de PIP-72 activas resultantes, en comparación con PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2).

Tabla 25

cebador	Identificador de secuencia		cebador	Identificador de secuencia
CombiMM1:1_T	SEQ ID NO: 773		CombiMM1:17_T	SEQ ID NO: 789
CombiMM1:2_T	SEQ ID NO: 774		CombiMM1:18_T	SEQ ID NO: 790
CombiMM1:3_T	SEQ ID NO: 775		CombiMM1:19_T	SEQ ID NO: 791
CombiMM1:4_T	SEQ ID NO: 776		CombiMM1:20_T	SEQ ID NO: 792
CombiMM1:5_T	SEQ ID NO: 777		CombiMM1:21_T	SEQ ID NO: 793
CombiMM1:6_T	SEQ ID NO: 778		CombiMM1:22_T	SEQ ID NO: 794
CombiMM1:7_T	SEQ ID NO: 779		CombiMM1:23_T	SEQ ID NO: 795
CombiMM1:8_T	SEQ ID NO: 780		CombiMM1:24_T	SEQ ID NO: 796
CombiMM1:9_T	SEQ ID NO: 781		CombiMM1:25_T	SEQ ID NO: 797

cebador	Identificador de secuencia		cebador	Identificador de secuencia
CombiMM1:10_T	SEQ ID NO: 782		CombiMM1:26_T	SEQ ID NO: 798
CombiMM1:11_T	SEQ ID NO: 783		CombiMM1:27_T	SEQ ID NO: 799
CombiMM1:12_T	SEQ ID NO: 784		CombiMM1:28_T	SEQ ID NO: 800
CombiMM1:13_T	SEQ ID NO: 785		CombiMM1:29_T	SEQ ID NO: 801
CombiMM1:14_T	SEQ ID NO: 786		CombiMM1:30_T	SEQ ID NO: 802
CombiMM1:15_T	SEQ ID NO: 787		CombiMM1:31_T	SEQ ID NO: 803
CombiMM1:16_T	SEQ ID NO: 788		CombiMM1:32_T	SEQ ID NO: 804

Tabla 26

% de ID PIP-72Aa	Designación del clon	Polinucleótido	Polipéptido
95,35 %	D_D0416473	SEQ ID NO: 805	SEQ ID NO: 825
95,35 %	D_D0416474	SEQ ID NO: 806	SEQ ID NO: 826
96,51 %	D_D0416483	SEQ ID NO: 807	SEQ ID NO: 827
94,19 %	D_D0416488	SEQ ID NO: 808	SEQ ID NO: 828
95,35 %	D_D0416490	SEQ ID NO: 809	SEQ ID NO: 829
97,67 %	D_D0416492	SEQ ID NO: 810	SEQ ID NO: 830
97,67 %	D_D0416493	SEQ ID NO: 811	SEQ ID NO: 831
95,35 %	D_D0416502	SEQ ID NO: 812	SEQ ID NO: 832
96,51 %	D_D0416506	SEQ ID NO: 813	SEQ ID NO: 833
94,19 %	D_D0416507	SEQ ID NO: 814	SEQ ID NO: 834
94,19 %	D_D0416514	SEQ ID NO: 815	SEQ ID NO: 835
94,19 %	D_D0416520	SEQ ID NO: 816	SEQ ID NO: 836
91,86 %	D_D0416521	SEQ ID NO: 817	SEQ ID NO: 837
96,51 %	D_D0416527	SEQ ID NO: 818	SEQ ID NO: 838
94,19 %	D_D0416528	SEQ ID NO: 819	SEQ ID NO: 839
95,35 %	D_D0416542	SEQ ID NO: 820	SEQ ID NO: 840
94,19 %	D_D0416543	SEQ ID NO: 821	SEQ ID NO: 841
95,35 %	D_D0416551	SEQ ID NO: 822	SEQ ID NO: 842
91,86 %	D_D0416552	SEQ ID NO: 823	SEQ ID NO: 843
95,35 %	D_D0416555	SEQ ID NO: 824	SEQ ID NO: 844

Tabla 27

Des. del clon	polipéptido	Sustituciones en relación con la SEQ ID NO: 2
D_D0416473	SEQ ID NO: 825	E037V, T038S, D040E, S044A
D_D0416474	SEQ ID NO: 826	E037V, D040G, S044A, S050G
D_D0416483	SEQ ID NO: 827	L049M, S050C, L051M
D_D0416488	SEQ ID NO: 828	T038G, S044A, L049M, S050C, L051M
D_D0416490	SEQ ID NO: 829	D040G, S042T, S044N, S050C
D_D0416492	SEQ ID NO: 830	S050C, L051M

Des. del clon	polipéptido	Sustituciones en relación con la SEQ ID NO: 2
D_D0416493	SEQ ID NO: 831	S044N, L049M
D_D0416502	SEQ ID NO: 832	E037V, T038S, D040A, S050C
D_D0416506	SEQ ID NO: 833	E037C, T038G, S050C
D_D0416507	SEQ ID NO: 834	E037V, T038G, S044A, L049M, S050A
D_D0416514	SEQ ID NO: 835	E037V, T038G, D040E, S044N, S050C
D_D0416520	SEQ ID NO: 836	E037C, T038G, S042T, S044N, L049M
D_D0416521	SEQ ID NO: 837	E037V, T038S, D040G, S044A, V048I, S050C, L051M
D_D0416527	SEQ ID NO: 838	T038G, S042T, S050C
D_D0416528	SEQ ID NO: 839	E037D, D040A, S042T, L049M, S050C
D_D0416542	SEQ ID NO: 840	E037C, D040G, L049M, S050A
D_D0416543	SEQ ID NO: 841	E037C, T038S, D040E, S042T, S050C
D_D0416551	SEQ ID NO: 842	E037V, T038S, D040A, S042N
D_D0416552	SEQ ID NO: 843	E037V, D040E, S042T, S044N, L049M, S050C, L051M
D_D0416555	SEQ ID NO: 844	E037D, T038S, S044A, S050C

Ejemplo 13 - Identificación de posiciones de aminoácidos adicionales que afectan a la función de PIP-72Aa

Se sometieron las posiciones de aminoácidos 2, 3, 4, 5, 6, 9, 13, 14, 17, 18, 21, 22, 25, 26, 28, 29, 35, 36, 52, 54, 55, 57, 59, 62, 63, 64, 67, 69, 72, 76, 82 restantes a mutagénesis de saturación como se describe en el ejemplo 11, usando los cebadores oligonucleotídicos indicados en la tabla 27. Los ADN plasmídicos resultantes se transformaron en *E. coli,* y la proteína se expresó como se describe en el ejemplo 3. Se llevaron a cabo bioensayos en gusano de la raíz del maíz occidental como se describe en el ejemplo 4 para determinar qué variantes génicas conservan actividad insecticida. La tabla 28 lista las posiciones que se sometieron a mutagénesis y resume las sustituciones de aminoácidos identificadas mediante secuenciación de ADN y las sustituciones de aminoácidos que proporcionaron variantes de PIP-72Aa que conservaban actividad contra el gusano de la raíz del maíz occidental.

Tabla 28

POSICIÓN	NOMBRE DEL OLIGO	IDENTIFICADOR DE SECUENCIA	SUSTITUCIONES IDENTIFICADAS	SUSTITUCIONES ACTIVAS
G2	NNK2_HM	SEQ ID NO: 865	A,C,D,E,I,K,L,N,R,S,T,V,W,Y	A,C,D,E,I,K,L,N,R,S,T,V,W,Y
13	NNK3_HM	SEQ ID NO: 866	A,C,D,E,F,G,H,L,N,P,Q,R,S,V,W,Y	W
T4	NNK4_HM	SEQ ID NO: 867	A,D,E,F,G,H,I,K,L,P,R,S,V,W,Y	A,D,E,H,I,K,L,R,S,V,W,Y
V5	NNK5_HM	SEQ ID NO: 868	A,C,E,G,H,I,K,L,N,Q,R,S,T,W,Y	A,C,G,H,I,Y
T6	NNK6_HM	SEQ ID NO: 869	A,C,D,E,F,G,H,I,K,L,M,N,P,Q,R,S,V,W,Y	A,C,F,G,H,I,K,M,P,Q,R,S,W,Y
S9	NNK9	SEQ ID NO: 889	A,C,D,E,F,G,H,I,K,L,M,P,Q,R,T,V,W,Y	A,C,G,T
	MNN9	SEQ ID NO: 890		
I13	NNK13_HM	SEQ ID NO: 870	A,C,D,F,G,H,K,L,M,N,P,Q,R,S,T,V,W,Y	N,Q,V
E14	NNK14_HM	SEQ ID NO: 871	A,C,D,F,G,H,K,L,M,N,P,Q,R,S,T,V,W,Y	A,C,F,H,K,Q

POSICIÓN	NOMBRE DEL OLIGO	IDENTIFICADOR DE SECUENCIA	SUSTITUCIONES IDENTIFICADAS	SUSTITUCIONES ACTIVAS
I17	NNK17_HM	SEQ ID NO: 872	A,C,D,E,F,G,H,K,L,M,N,P,Q, R,S,T,V,W,Y	E,V
N18	NNK18_HM	SEQ ID NO: 873	A,C,D,E,F,G,H,I,K,L,M,Q,R, S,T,V,Y	S
G21	NNK21_HM	SEQ ID NO: 874	A,D,F,I,L,M,P,R,S,T,V,W	NINGUNA
S22	NNK22_HM	SEQ ID NO: 875	A,C,D,E,F,G,H,I,K,L,M,N,P, Q,R,T,V, W, Y	A,D,F,G,H,I,K,L,M,N,P,Q,R, T,V,Y
D25	NNK25_HM	SEQ ID NO: 876	A,C,E,F,G,H,L,N,P,Q,R,S,V, W	A,E,F,N,Q
T26	NNK26_HM	SEQ ID NO: 877	A,C,D,E,F,G,H,I,K,L,M,N,P, Q,R,S,V,W,Y	E,P
F28	NNK28	SEQ ID NO: 891	A,C,D,E,G,H,I,K,L,M,N,P,Q, R,S,T,V,W,Y	P,W,Y
	MNN28	SEQ ID NO: 892		
F29	NNK29	SEQ ID NO: 893	A,C,D,E,G,H,I,K,L,M,N,P,S, T,V,W,Y	A,C,I,L,Q,R,W,Y
	MNN29	SEQ ID NO: 894		
K35	NNK35	SEQ ID NO: 895	A,C,D,G,H,I,L,M,N,P,Q,R,S, T,V,W,Y	A,C,D,G,H,I,L,M,N,Q,R,S,T,V
	MNN35	SEQ ID NO: 896		
Q36	NNK36_HM	SEQ ID NO: 878	A,C,E,G,H,I,K,L,M,N,P,R,S, T,V,W,Y	A,C,E,G,H,I,K,L,N,P,R,S,T,V
K52	NNK52	SEQ ID NO: 897	A,C,D,E,F,G,H,I,L,M,N,P,R, S,T,V,W,Y	C,F,H,I,L,M,N,R,S,T,W,Y
	MNN52	SEQ ID NO: 898		
N54	NNK54_HM	SEQ ID NO: 879	A,C,D,E,F,G,I,K,L,M,P,Q,R, S,T,V,W,Y	C,D,E,F,G,K,M,Q,R,S,W
G55	NNK55_HM	SEQ ID NO: 880	A,C,D,E,F,H,I,K,L,M,N,P,Q, R,S,T,V,W,Y	NINGUNA
Q57	NNK57_HM	SEQ ID NO: 881	A,C,D,E,F,G,H,I,K,L,M,P,R, S,T,V,W	E,L,M,S,T
P59	NNK59_HM	SEQ ID NO: 882	A,C,D,E,F,G,H,I,K,L,M,N,Q, R,S,T,V,W,Y	NINGUNA
V62	NNK62_HM	SEQ ID NO: 883	A,C,D,E,F,G,H,K,L,M,N,P,Q, R,S,T,W,Y	NINGUNA
Q63	NNK63_HM	SEQ ID NO: 884	A,C,D,E,F,G,H,I,K,L,M,N,P, R,S,T,V,W,Y	C,G,I,L,M,N,T,V,Y
A64	NNK64_HM	SEQ ID NO: 885	C,D,E,F,G,H,I,K,L,M,N,P,Q, R,S,T,V,W,Y	F,G,H,R,S,Y
K67	NNK67	SEQ ID NO: 899	A,C,D,F,G,H,I,L,M,N,P,Q,R, S,T,V,W,Y	A,C,D,F,H,I,L,M,N,Q,R,S,T,V, W,Y
	MNN67	SEQ ID NO: 900		
E69	NNK69_HM	SEQ ID NO: 886	A,C,D,F,G,H,I,K,L,M,N,P,Q, R,S,T,V,Y	A,C,D,F,H,I,L,M,Q,R,S,T,V,Y
N72	NNK72_HM	SEQ ID NO: 887	A,C,D,E,F,G,I,K,L,M,P,Q,R, S,T,V,W,Y	A,C,D,E,G,K,M,P,Q,R,S,T,V, W
K76	NNK76	SEQ ID NO: 901		

POSICIÓN	NOMBRE DEL OLIGO	IDENTIFICADOR DE SECUENCIA	SUSTITUCIONES IDENTIFICADAS	SUSTITUCIONES ACTIVAS
	MNN76	SEQ ID NO: 902	A,C,D,E,F,G,H,I,L,N,P,Q,R,S,T,V,W,Y	A,C,F,H,I,L,Q,R,S,T,V,W,Y
182	NNK82_HM	SEQ ID NO: 888	A,D,E,F,G,H,K,L,M,N,P,Q,R,S,T,V,W,Y	A,L,M,R,V

Ejemplo 14 - Variantes de PIP-72Aa con actividad mejorada contra el gusano de la raíz del maíz occidental

Para crear variantes de PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2) con actividad aumentada contra el gusano de la raíz del maíz occidental, se generaron bibliotecas mediante reordenamiento de ADN sintético (Ness et al., 2002, Nature Biotechnology 20, 1251-5) de PIP-72Aa (SEQ ID NO: 1) y mediante mutagénesis de sitio dirigido (técnica QuikChange™ Lightning o técnica QuikChange™ II, Agilent, Santa Clara, CA). Se identificaron doce polipéptidos variantes de PIP-72 con actividad específica aumentada contra el gusano de la raíz del maíz occidental. Los polipéptidos variantes de PIP-72 A5, A5:10E, A5:10T, A5:10V, A5:10A, A5:10L, A5:10E/78H, A5:8M, A5:71H/83F, A5:4S/54Q/78H, A5:71H y 3_68 mostraron una actividad insecticida mejorada entre 1,2 y 2 veces contra el gusano de la raíz del maíz occidental en comparación con PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2). La tabla 29 muestra las sustituciones de aminoácidos en comparación con PIP-72Aa (SEQ ID NO: 2) para cada uno de los polipéptidos de PIP-72 variantes, el identificador de secuencia de aminoácidos correspondiente y el identificador de secuencia de ácido nucleico correspondiente. Las sustituciones de aminoácidos en comparación con A5 (SEQ ID NO: **) se marcan en negrita.

Tabla 29

Variante	sustituciones de a.a. en comparación con la SEQ ID NO: 2	Secuencia de polipéptido	Secuencia de polinucleótido
72Aa		SEQ ID NO: 2	SEQ ID NO: 1
Combi3_68	S10E, L49M, E83Y	SEQ ID NO: 903	SEQ ID NO: 915
A5	S30G, V31I, G32D, N33S, T38S, K53R, H57A	SEQ ID NO: 904	SEQ ID NO: 916
A5:10E	**S10E,** S30G, V31I, G32D, N33S, T38S, K53R, H57A	SEQ ID NO: 905	SEQ ID NO: 917
A5:10T	**S10T,** S30G, V31I, G32D, N33S, T38S, K53R, H57A	SEQ ID NO: 906	SEQ ID NO: 918
A5:10V	**S10V,** S30G, V31I, G32D, N33S, T38S, K53R, H57A	SEQ ID NO: 907	SEQ ID NO: 919
A5:10A	**S10A,** S30G, V31I, G32D, N33S, T38S, K53R, H57A	SEQ ID NO: 908	SEQ ID NO: 920
A5:10L	**S10L,** S30G, V31I, G32D, N33S, T38S, K53R, H57A	SEQ ID NO: 909	SEQ ID NO: 921
A5:10E/78H	**S10E,** S30G, V31I, G32D, N33S, T38S, K53R, H57A, **Q78H**	SEQ ID NO: 910	SEQ ID NO: 922
A5:8M	**N8M,** S30G, V31I, G32D, N33S, T38S, K53R, H57A	SEQ ID NO: 911	SEQ ID NO: 923
A5:71H/83F	S30G, V31I, G32D, N33S, T38S, K53R, H57A, **D71H, E83F**	SEQ ID NO: 912	SEQ ID NO: 924
A5:4S/54Q/78H	S30G, V31I, G32D, N33S, T38S, K53R, **N54Q,** H57A, **Q78H**	SEQ ID NO: 913	SEQ ID NO: 925
A5:71H	S30G, V31I, G32D, N33S, T38S, K53R, H57A, **D71H**	SEQ ID NO: 914	SEQ ID NO: 926

Para determinar la actividad contra el gusano de la raíz del maíz occidental, las proteínas de ensayo se ensayaron como se describe en el ejemplo 4. Se usó un sistema de puntuación numérico de 0-3 basándose en el tamaño y la mortalidad. En caso de que se observase falta de respuesta o crecimiento normal, se dio una puntuación de 0. Cuando el crecimiento estaba hasta cierto punto retardado sin mortalidad, se dio una puntuación de 1. Una puntuación de 2

significa una muerte parcial (se usaron múltiples insectos en cada pocillo) y una fuerte inhibición del crecimiento. Una puntuación de 3 indicó mortalidad completa. Cada tratamiento se repitió 6 veces para una puntuación máxima posible de 18. En este sistema de puntuación, una puntuación de 9 con 6 repeticiones de un tratamiento significa una respuesta del 50 % (9 de 18) del tratamiento y representó la ICL50 (inhibición del crecimiento y concentración letal para una respuesta del 50 %). Los datos de actividad se muestran en la tabla 30. Los números de ICL50 convertidos representan las medias de entre 2 y 20 experimentos.

Tabla 30

Variante	ICL50 convertida	intervalo inferior convertido	intervalo superior convertido	múltiplo de mejora	
PIP-72Aa SEQ ID NO: 2	56,68	48,32	66,69	1	n = 18
3_68 SEQ ID NO: 903	48,86	40,78	58,22	1,16	n = 4
A5 SEQ ID NO: 904	36,68	30,76	43,24	1,55	n = 20
A5:10E SEQ ID NO: 905	33,96	27,78	41,01	1,67	n = 10
A5:10T SEQ ID NO: 906	30,54	23,78	38,48	1,86	n = 4
A5:10V SEQ ID NO: 907	31,35	25,69	37,87	1,81	n = 4
A5:10A SEQ ID NO: 908	42,38	35,61	50,27	1,34	n = 2
A5:10L SEQ ID NO: 909	39,05	31,87	47,78	1,45	n = 2
A5:10E/78H SEQ ID NO: 910	36,04	28,64	44,66	1,57	n = 10
A5:8M SEQ ID NO: 911	25,02	19,34	30,90	2,27	n = 6
A5: 71H/83F SEQ ID NO: 912	32,24	26,72	38,44	1,78	n = 4
A5: 4S/54Q/78H SEQ ID NO: 913	29,01	23,42	35,20	1,95	n = 4
A5: 71H SEQ ID NO: 914	26,82	20,57	33,75	2,1	n = 2

Se han realizado esfuerzos para garantizar la precisión con respecto a los números utilizados (por ejemplo, cantidades, temperatura, concentraciones, etc.) pero han de permitirse cierto grado de error y desviación experimental.

LISTADO DE SECUENCIAS

<110> Pioneer HiBred International Inc Diehn, Scott English, James Liu, Lu Ong, Azalea Oral, Jarred Rosen, Barbara Schellenberger, Ute Udranszky, Ingrid Wei, Jun-Zhi Xie, Weiping Zhu, Genhai

<120> PROTEÍNAS INSECTICIDAS Y MÉTODOS PARA SU USO

<130> 5345-WO-PCT

<150> 61/877.625
<151> 13/09/2013

<160> 980

<170> PatentIn versión 3.5

<210> 1
<211> 261
<212> ADN
<213> Pseudomonas chlororaphis

<400> 1

```
atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg       60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac      120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac      180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg      240
ttgatcgagc cgctctcgta a                                                261
```

<210> 2
<211> 86
<212> PRT
<213> Pseudomonas chlororaphis

<400> 2

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

<210> 3
<211> 261
<212> ADN
<213> Pseudomonas rhodesiae

<400> 3

```
atgggtatta ctgttaaaaa caattcatcc aacacaattg aagttgcagt caaccattgg       60
ggaaaagatg gggatacaag cttcttctca atcgctaacg gcaagcagga aagctgggac      120
aggtctgaca gtcgcggctt tgtactctcc ttaaagagaa atggagcaca acacccatac      180
tatgttcagg ccagtagcca aattgaagtt gaccataacg cagtgaagga tcatggcgag      240
cctattcacc cgctctcgta a                                                261
```

<210> 4
<211> 86
<212> PRT
<213> Pseudomonas rhodesiae

<400> 4

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

<210> 5
<211> 261
<212> ADN
<213> Pseudomonas chlororaphis

<400> 5

```
atgggtatta ccgttaccaa caaatcatcg aaaaagattg aagtctcgat caacaaatgg       60
ggcagcgacg gcgacaccac cttctttgga gtcgacagcg gcaagcagga aagctgggac      120
cgatcggacg accgtggctt tgtgctgtcc ctgaaaagaa acggcaccca ggcgccttac      180
tatgtacagg caacgagcaa gatcgaagtt gatagcagca ccgtgaaaga ccacggtgag      240
actattcacc cggtcgcctg a                                               261
```

<210> 6
<211> 86
<212> PRT
<213> Pseudomonas chlororaphis

<400> 6

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

<210> 7
<211> 261
<212> ADN
<213> Pseudomonas mandelii

<400> 7

```
atgggtatta ccgttaccaa caaatcatcg aaaaagattg aagtctcggt caacaaatgg       60
ggcagcgacg gcgacaccac cttctttgga atcgacagcg gcaagcagga aagctgggac      120
agatcggacg accgtggctt tgtgctgtcc ctgaaaagga acggcaccca ggcgccttac      180
tatgtccagg ccacgagcaa gatcgaagtt gatagcagca ccgtgaaaga ccacggtgag      240
actattcacc cggtcgccta a                                               261
```

<210> 8
<211> 86

<212> PRT
<213> Pseudomonas mandelii

<400> 8

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

<210> 9
<211> 258
<212> ADN
<213> Pseudomonas congelans

<400> 9

```
atgggtatta ccgttaccaa caaatcatcg aaaaaaattg aagcctcgat caacaaatgg       60
ggtagcgacg gcgacaccaa gttcttcgga atcgatagcg gcaagcagga aagctgggac      120
cgatcagacg accgtggctt tgtgctgtca ctgaaaagga acggcaccca ggcgccttac      180
tatgtacagg ccacgagcaa gatcgaaatt gaaaacagta cggtgaaaga ccacggtgaa      240
accattcacc cggtcgcg                                                   258
```

<210> 10
<211> 86
<212> PRT
<213> Pseudomonas congelans

<400> 10

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

<210> 11
<211>
<212> ADN
<213> Pseudomonas mandelii

<400> 11

```
atgggtatta ccgttaccaa caaatcatcg aaaaaaattg aagcctcgat caacaaatgg       60
ggtagcgacg gcgacaccaa attcttcgga atcgatagcg gcaagcagga aagctgggac      120
agatcagacg atcgcggctt tgtgctatcc ctgaaaagga acggcaccca ggcgccttac      180
tatgtacagg ccacgagcaa gatcgaagtt gaaaacagta tggtgaaaga ccacggcgaa      240
actattcacc cggtcgcgta a                                                261
```

<210> 12
<211> 86
<212> PRT
<213> Pseudomonas mandelii

<400> 12

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

<210> 13
<211>
<212> ADN
<213> Pseudomonas ficuserectae

<400> 13

```
atgggtatta ccgttaccaa caaatcatcg aaaaaaattg aagcctcgat caacaaatgg       60
ggtagcgacg gcgacaccaa gttcttcgga atcgatagcg gcaagcagga aagctgggac      120
cgatcagacg accgtggctt tgtgctgtca ctgaaaagga acggcaccca ggcgccttac      180
tatgtacagg ccacgagcaa gatcgaaatt gaaaacagtg cggtgaaaga ccacggtgaa      240
accattcacc cggtcgcgta a                                                261
```

<210> 14
<211> 86
<212> PRT
<213> Pseudomonas ficuserectae

<400> 14

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

<210> 15

<211> 264
<212> ADN
<213> Pseudomonas congelans

<400> 15

```
atgagcatta ccgttaaaaa taacacctcg aatataattg aagttgccat taaccaatgg       60
gacacggacg gcgacactcg ttactctccg ctcgctgcgg gagcatcaga taagtgggtt      120
agaaaggaca gtagaggata tgttctttca ctaagacaag gaggtactga aaagccatat      180
tacgtactgg ttgacagcaa cattgtggtt gccaacactg aggtaaaaga caacgatacg      240
gttatttctc caatcagtag ataa                                            264
```

<210> 16
<211> 87
<212> PRT
<213> Pseudomonas congelans

<400> 16

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

<210> 17
<211> 273
<212> ADN
<213> Pseudomonas mosselii

<400> 17

```
atgaagctca cgatcaccaa tggcgcaagc acatcgattg acattgcagt gagtgcatgg       60
cgtaacgacg gcaatgacag ttactactcg atagctcaag gggaatctga tacctgggac      120
cgcagcgacg caagagggta cttgatggcg gtaaaaatga aatcccaggt aaaaacctac      180
tacatatccc aaaccagcaa gatagttgtt gaagacaaca ttgttaaaga ccacggccaa      240
acccttaacc cgctatacgc agtaaacaac atg                                  273
```

<210> 18
<211> 91
<212> PRT
<213> Pseudomonas mosselii

<400> 18

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

<210> 19
<211> 273
<212> ADN
<213> Burkholderia pseudomallei

<400> 19

```
atggcgataa gcgtcaaaaa cagcgcatcg aacacggttg aagtgtcgat caatcactgg       60
ggaacggacg gagacaccaa gccgttcaag atggcgcccg gagccagcga ttcctgggat      120
cgcaacgacc tacgtggctt cgtcatgtat gtgcagctgg gcgggtcggc gacgccgtac      180
tatgtgctga gcaccagtaa tatcgtgatc tacgacgaca aggtgacgga tagcgggcaa      240
acgctccttc ccgcaaacaa gcgttttggc tga                                   273
```

<210> 20
<211> 90
<212> PRT
<213> Burkholderia pseudomallei

<400> 20

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

<210> 21
<211> 270
<212> ADN
<213> desconocido

<220>
<223> codifica una proteína hipotética de la rizosfera del pasto varilla

<400> 21

```
atgagcatca caatcacaaa cggagcaagc agacagtcca attgcagtc agcgtatggg       60
ggcgagacgg tagtgacgat tattattcac tagagcccgg caaaggtgat acatggggac      120
gtaatgaccc aagaggttac ttgatggcca taaaggccaa cccaagcagg tgtatattac      180
gtcgcctttg acagtcaaat tgtcatagaa gacaaccttg taaaggatcg cggccgaact      240
atcaacccac tcgcttcgaa taatcaataa                                       270
```

<210> 22
<211> 89
<212> PRT
<213> desconocido

<220>
<223> Proteína hipotética de la rizosfera del pasto varilla

<400> 22

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

<210> 23
<211> 297
<212> ADN
<213> desconocido

<220>
<223> codifica una proteína hipotética de la rizosfera del pasto varilla

<400> 23

```
atgaacatga gcatcacagt caccaacggg gcaagcacag tagttaacgt ggcaatcagt       60
acatgggaaa aagacggcag tgacgcttac tggccattag agcaaggcaa aggtgatacc      120
tggaaacgta gtgacccaag gggttacttg atggccatac aggataaatc ccaaacaact      180
gaatactacg tcacctgcaa cagtgtaatt gtcatcgaag acaacctcgt gaaggatcac      240

ggccggactc ttaacccact cgccgcggcc gggaagaaaa atgtggtaaa tgcgtaa         297
```

<210> 24
<211> 98
<212> PRT
<213> desconocido

<220>
<223> Proteína hipotética de la rizosfera del pasto varilla

<400> 24

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

<210> 25
<211> 273
<212> ADN
<213> desconocido

<220>
<223> Proteína hipotética de la rizosfera del pasto varilla

<400> 25

```
atgagcatca caatcacaaa cggagcaagc agaacagtcc aaattgcagt cagcgtatgg       60
gggcgagacg gtagtgacga ttattattca ctagagcccg gcaaaggtga tacatgggga      120
cgtaatgacc caagaggtta cttgatggcc ataaaaggcc aaacccaagc aggtgtatat      180
tacgtcgcct ttgacagtca aattgtcata gaagacaacc ttgtaaagga tcgcggccga      240
actatcaacc cactcgcttc gaataatcaa taa                                   273
```

<210> 26
<211> 90
<212> PRT
<213> desconocido

<220>
<223> Proteína hipotética de la rizosfera del pasto varilla

<400> 26

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

<210> 27
<211> 297
<212> ADN
<213> Pseudomonas chlororaphis

<400> 27

```
atgaacatga gcatcacagt cacaaacggt gcaagcgcag tagttaaagt agccattagc       60
acatggcaga aagacggcaa tgacgatttc tggtcattag atcaaggcgc aagcgatacc      120
tggaaacgta gcgacccaag gggctacttg atggccgtac aagacaagtc ccgcacaact      180
gaatactacg tttcctgcaa cagcgccatc gttatcgaag acaatctcgt caaagatcac      240
ggtcgaactc ttaacccact cattgcggcc gggcagaaga acgtggctaa tgcgtaa         297
```

<210> 28
<211> 98
<212> PRT
<213> Pseudomonas chlororaphis

<400> 28

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

<210> 29
<211> 309
<212> ADN
<213> Pseudomonas protegens

<400> 29

```
atggaacaat caatccaaaa aaggaatata aatatgagca tatctatcac gaacgcagga       60
agcagagaga tccaagttgc agtcagtact tggagcacag atagcgacat cagtgatgcc      120
tattactctc tggcacccga caagggtgac aaatggaaac gtaacgaccc aagaggttac      180
ttaatgactg taaaaggcca atcccaacaa ggcgtatatt acgttgcctt tgacagcgaa      240
attttcatag aagacagcct tgtaaaggat cgcggaaaaa ctatcaccaa gctcgcgctg      300
gaagttcaa                                                             309
```

<210> 30
<211> 92
<212> PRT
<213> Pseudomonas protegens

<400> 30

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

<210> 31

<211> 288
<212> ADN
<213> Pseudomonas chlororaphis

<400> 31

```
atgagcatca cagtcacaaa cggggcaagc acagtagtta acgtggcaat cagcacatgg       60
gagaaagacg gcagtgacgc ttactaccca ttagagcaag gcaacggtga cacctggaaa      120
cgtagtgacc caaggggtta cttgatggcc atacaggata agtcccaaac aactgaatac      180
tacgtcacct gcaacagtgt aattgtcatc gaagacaacc tcgtgaagga tcacggccga      240
actcttaacc cagtcgctgc ggccgggaag agaaaagtgg caaatgcg                   288
```

<210> 32
<211> 96
<212> PRT
<213> Pseudomonas chlororaphis

<400> 32

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

<210> 33
<211> 267
<212> ADN
<213> Xenorhabdus bovienii

<400> 33

```
atgaagataa taaataatac acaaagtaat atcatagttt ctgttaataa atggggcgat       60
gatggacaaa cgggtcggtt tacggtatca cctggcagaa gtggatcatg gaatcgcact      120
gatgagcgcg gttttgtcat ggcaatactg aaaaaaggtg tacaagattc cttttatatt      180
ttttctgata gtgacatcaa ggttttcgac agttatgtta ctgataatgg cagaagaatc      240
aaacccgcaa ctgaccgata ttattag                                          267
```

<210> 34
<211> 88
<212> PRT
<213> Xenorhabdus bovienii

<400> 34

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

<210> 35
<211> 282
<212> ADN
<213> Photorhabdus luminescens

<400> 35

```
atgattattg ttaaaaattc ttcaaataag gtgactaaag tttcaattaa taagtggggg       60
aaagatggta atacaggtta ttgggatatt aatccgggag atacagcgag ttggaatcgc      120
actgatggtc gtggttttgt aatgtcaata atacgtgaga atgaggacca aaagtcatat      180
tttgtcttag caaatagcaa cattgttatt tatgataaag atgctactgg ttacggtaaa      240
aatgttcagg ataatggtcg ttggatatat cctttaaatt ga                         282
```

<210> 36
<211> 93
<212> PRT
<213> Photorhabdus luminescens

<400> 36

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

<210> 37
<211> 297
<212> ADN
<213> Pseudomonas chlororaphis

<400> 37

```
atgaacatga gcatcacagt cacaaacgga gcaagcgcag tagttaacgt ggcaatcagc       60
acatgggaga aagacggcag tgacgcttac tacccattag agcaaggcag cggtgacacc      120
tggaaacgta gtgacccaag gggttacttg atggccatac aggataaatc ccaaacaact      180
gaatactacg tctcctgcaa cagtgcaatt gtcatcgaag acaacctcgt aaaggatcac      240
ggccgaactc ttaacccagt cgctgcggcc gggaagaaaa aagtggcaaa tgcgtaa          297
```

<210> 38
<211> 98

<212> PRT
<213> Pseudomonas chlororaphis

<400> 38

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

<210> 39
<211> 40
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de clonación

<400> 39
atatatgcat gcatatgggt attaccgtta caaacaattc 40

<210> 40
<211> 31
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de clonación

<400> 40
aaggatcctt acgagagcgg ctcgatcaac c 31

<210> 41
<211> 39
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de clonación

<400> 41
gggaaacata tgggtattac tgttaaaaac aattcatcc 39

<210> 42
<211> 34
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de clonación

<400> 42
tttcccggat ccttacgaga gcggcagcaa tgtc 34

<210> 43

<211> 34
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de clonación

<400> 43
ttattcatat gggtattacc gttaccaaca aatc 34

<210> 44
<211> 35
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de clonación

<400> 44
aaggatcctc aggcgaccgg gtgaatagtc tcacc 35

<210> 45
<211> 34
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de clonación

<400> 45
ttattcatat gggtattacc gttaccaaca aatc 34

<210> 46
<211> 35
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de clonación

<400> 46
aaggatcctc aggcgaccgg gtgaatagtc tcacc 35

<210> 47
<211> 34
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de clonación

<400> 47
atcatcatat gggtattacc gttaccaaca aatc 34

<210> 48
<211> 34
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de clonación

<400> 48
aaggatcctt acgcgaccgg gtgaatggtt tcac 34

<210> 49

<211> 34
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de clonación

<400> 49
ttattcatat gggtattacc gttaccaaca aatc 34

<210> 50
<211> 36
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de clonación

<400> 50
aaggatcctt acgcgaccgg gtgaatggtt tcaccg 36

<210> 51
<211> 37
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de clonación

<400> 51
ttattcatat gggtattacc gttaccaaca aatcatc 37

<210> 52
<211> 35
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de clonación

<400> 52
aaggatcctt acgcgaccgg gtgaatagtt tcgcc 35

<210> 53
<211> 36
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de clonación

<400> 53
gggaaacata tgagcattac cgttaaaaat aacacc 36

<210> 54
<211> 38
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de clonación

<400> 54
tttcccggat ccttatctac tgattggaga aataaccg 38

<210> 55

<211> 31
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de clonación

<400> 55
atcatcatat gaagctcacg atcaccaatg g 31

<210> 56
<211> 34
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de clonación

<400> 56
ttggatcctt acatgttgtt tactgcgtat agcg 34

<210> 57
<211> 35
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de clonación

<400> 57
gagatcatat gaacatgagc atcacagtca ccaac 35

<210> 58
<211> 37
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de clonación

<400> 58
gtcttggatc cttacgcatt taccacattt ttcttcc 37

<210> 59
<211> 36
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de clonación

<400> 59
gagatcatat gaacatgagc atcacagtca caaacg 36

<210> 60
<211> 37
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de clonación

<400> 60
gtcttggatc cttacgcatt agccacgttc ttctgcc 37

<210> 61

<211> 32
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de clonación

<400> 61
aataacatat ggaacaatca atccaaaaaa gg 32

<210> 62
<211> 34
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de clonación

<400> 62
aaggatcctt attgaacttc cagcgcgagc ttgg 34

<210> 63
<211> 30
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de clonación

<400> 63
cagaacatat gagcatcaca gtcacaaacg 30

<210> 64
<211> 34
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de clonación

<400> 64
ttggatcctt acgcatttgc cacttttctc ttcc 34

<210> 65
<211> 36
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de clonación

<400> 65
gagatcatat gaacatgagc atcacagtca caaacg 36

<210> 66
<211> 37
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de clonación

<400> 66
gtcttggatc cttacgcatt tgccactttt ttcttcc 37

<210> 67

<211> 33
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de clonación

<400> 67
ttattcatat gagcatcaca gtcacaaacg gag 33

<210> 68
<211> 34
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de clonación

<400> 68
aaggatcctt acgcatttgc cacttttttc ttcc 34

<210> 69
<211> 24
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 69
aagcttgaat tcggatcctt acga 24

<210> 70
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 70
atcgaaggta ggcatatggc gatttctgtt aaaaacaatg cgtccaaccc cgtcgaagtc 60

<210> 71
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 71
gccatcaatc attggggtac agacggagac accaaaccgt tttccgtcgc gccgggcgcc 60

<210> 72
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 72
tccgatagct gggacaggaa cgaccttcgt ggcttcgtga tgtatgttca actgggcggc 60

<210> 73

<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 73
tccgcacacc cttactacgt tctgagcacc agcaacattg tgatctatga cgataaagtg 60

<210> 74
<211> 54
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 74
accgattcgg gccaaactct tctgccgctc tcgtaaggat ccgaattcaa gctt 54

<210> 75
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 75
gtctccgtct gtaccccaat gattgatggc gacttcgacg gggttggacg cattgttttt 60

<210> 76
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 76
acgaaggtcg ttcctgtccc agctatcgga ggcgcccggc gcgacggaaa acggtttggt 60

<210> 77
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 77
ggtgctcaga acgtagtaag ggtgtgcgga gccgcccagt tgaacataca tcacgaagcc 60

<210> 78
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 78
gagcggcaga agagtttggc ccgaatcggt cactttatcg tcatagatca caatgttgct 60

<210> 79

<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> S es G o C

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> s es g o c

<400> 79
atcgaaggta ggcatatggs cattagcgtt aaaaacagcg catccaacac ggtcgaagtc 60

<210> 80
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(1)
<223> k es g o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (50)..(50)
<223> s es g o c

<400> 80
kcaatcaatc attggggtac tgacggagac accaaaccgt ttaaaatggs cccgggcgct 60

<210> 81
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (7)..(7)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (40)..(40)
<223> m es a o c

<400> 81
agcgatwctt gggacaggaa cgaccttcgt ggcttcgtgm tgtacgtgca actggggggc 60

<210> 82
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(1)
<223> k es g o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (28)..(28)
<223> w es a o t

<400> 82
kcagcgactc cttactacgt tcttagcwct agcaatattg tcatttacga tgataaagtg 60

<210> 83
<211> 54
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 83
acagatagcg gccagacact gctgccgctc tcgtaaggat ccgaattcaa gctt 54

<210> 84
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (30)..(30)
<223> m es a o c

<400> 84
gtctccgtca gtaccccaat gattgattgm gacttcgacc gtgttggatg cgctgttttt 60

<210> 85
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 85
acgaaggtcg ttcctgtccc aagwatcgct agcgcccggg sccattttaa acggtttggt 60

<210> 86
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (3)..(3)

<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (30)..(30)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (51)..(51)
<223> k es g o t

<400> 86
agwgctaaga acgtagtaag gagtcgctgm gccccccagt tgcacgtaca kcacgaagcc 60

<210> 87
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 87
gagcggcagc agtgtctggc cgctatctgt cactttatca tcgtaaatga caatattgct 60

<210> 88
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> s es g o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (26)..(26)
<223> s es g o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (52)..(52)
<223> r es a o g

<400> 88
atcgaaggta ggcatatggs cattastgtt aaaaacagcg cgtccaacac trttgaagtc 60

<210> 89
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(1)
<223> k es g o t

<220>

<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> s es g o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (246)..(46)
<223> r es a o g

<400> 89
kcgatcaatc attggggtas tgacggagac accaagccgt ttaaartggc tccaggcgcc 60

<210> 90
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (6).. (6)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (8)..(8)
<223> s es g o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (40)..(40)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (46).. (46)
<223> s es g o c

<400> 90
agtgawastt gggacaggaa cgacttacgt ggcttcgtgw tgtacstgca gctgggtggc 60

<210> 91
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(1)
<223> k es g o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (29).. (29)
<223> s es g o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (43)..(43)
<223> r es a o g

<400> 91
kcggctaccc cttactacgt tttgtcaast agcaacattg tcrtttacga tgataaagtg 60

<210> 92
<211> 54
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (14)..(14)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (19)..(19)
<223> m es a o c

<400> 92
accgatagtg gccrgacgmt tttgccgctc tcgtaaggat ccgaattcaa gctt 54

<210> 93
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (11)..(11)
<223> s es g o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (30)..(30)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (38)..(38)
<223> y es c o t

<400> 93
gtctccgtca staccccaat gattgatcgm gacttcaaya gtgttggacg cgctgttttt 60

<210> 94
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 94
acgtaagtcg ttcctgtccc aastwtcact ggcgcctgga gccaytttaa acggcttggt 60

<210> 95
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (2)..(2)
<223> s es g o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (30)..(30)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (45)..(45)
<223> s es g o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (51)..(51)
<223> w es a o t

<400> 95
asttgacaaa acgtagtaag gggtagccgm gccacccagc tgcasgtaca wcacgaagcc 60

<210> 96
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (12)..(12)
<223> k es g o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (17)..(17)
<223> y es c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (47)..(47)
<223> y es c o t

<400> 96
gagcggcaaa akcgtcyggc cactatcggt cactttatca tcgtaaayga caatgttgct 60

<210> 97
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 97
atcgaaggta ggcatatggc aatttcagtt acaaacaatg cgtccaaccc cgtggaagtc 60

<210> 98
<211> 60
<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 98
gccatcaatc attggggtac ggacggagac accagcttct tttccgtcgc aaacggcaag 60

<210> 99
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 99
caggactctt gggacaggtc cgacctgcgt ggcttcgtga tgtccgtgca gaagaatggc 60

<210> 100
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 100
gcgcaacacc cttactacgt tctttccacc agcaatattg tcatttatga tgacaaggtg 60

<210> 101
<211> 54
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 101
acggattccg gccagacatt gctgccgctc tcgtaaggat ccgaattcaa gctt 54

<210> 102
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 102
gtctccgtcc gtaccccaat gattgatggc gacttccacg gggttggacg cattgtttgt 60

<210> 103
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 103
acgcaggtcg gacctgtccc aagagtcctg cttgccgttt gcgacggaaa agaagctggt 60

<210> 104
<211> 60
<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 104
ggtggaaaga acgtagtaag ggtgttgcgc gccattcttc tgcacggaca tcacgaagcc 60

<210> 105
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 105
gagcggcagc aatgtctggc cggaatccgt caccttgtca tcataaatga caatattgct 60

<210> 106
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (32)..(32)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (49)..(49)
<223> m es a o c

<400> 106
atcgaaggta ggcatatggc aattagtgtt amaaacartg cctccaacmc tgtggaagtc 60

<210> 107
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 107
gccatcaatc attggggtac tgacggagac accagcttct ttaaggtcgc caatggcgct 60

<210> 108
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 108
gccatcaatc attggggtac tgacggagac accagcttct ttaaggtcgc cccgggcgct 60

<210> 109
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 109
gccatcaatc attggggtac tgacggagac accagcccat ttaaggtcgc caatggcgct 60

<210> 110
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 110
gccatcaatc attggggtac tgacggagac accagcccat ttaaggtcgc cccgggcgct 60

<210> 111
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (8)..(8)
<223> s es g o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (26).. (26)
<223> y es c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (44)..(44)
<223> m es a o c

<400> 111
tcggatasct gggacaggar cgactyacgt ggcttcgtga tgtmtgtaca attaaatggc 60

<210> 112
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (8)..(8)
<223> s es g o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (26).. (26)
<223> y es c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (44)..(44)
<223> m es a o c

<400> 112
tcggatasct gggacaggar cgactyacgt ggcttcgtga tgtmtgtaca attaggggggc 60

<210> 113
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (8)..(8)
<223> s es g o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (26).. (26)
<223> y es c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (44)..(44)
<223> m es a o c

<400> 113
tcggatasct gggacaggar cgactyacgt ggcttcgtga tgtmtgtaca aaaaaatggc 60

<210> 114
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (8)..(8)
<223> s es g o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (26).. (26)

<223> y es c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (44)..(44)
<223> m es a o c

<400> 114
tcggatasct gggacaggar cgactyacgt ggcttcgtga tgtmtgtaca aaaaggggggc 60

<210> 115
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 115
tctgcacacc cttactacgt tcwgtctacc agcaawattg waatckacra cracgccgtg 60

<210> 116
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 116
tctcagcacc cttactacgt tcwgtctacc agcaawattg waatckacra cracgccgtg 60

<210> 117
<211> 54
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (2)..(2)
<223> m es a o c

<400> 117
amagattctg gccagaccct tttaccgctc tcgtaaggat ccgaattcaa gctt 54

<210> 118
<211> 54
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (2)..(2)
<223> m es a o c

<400> 118
amagatcaag gccagaccct tttaccgctc tcgtaaggat ccgaattcaa gctt 54

<210> 119
<211> 60

<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (42)..(42)
<223> k es g o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (53)..(53)
<223> y es c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (59)..(59)
<223> k es g o t

<400> 119
gtctccgtca gtaccccaat gattgatggc gacttccaca gkgttggagg caytgtttkt 60

<210> 120
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (5)..(5)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (11)..(11)
<223> y es c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> s es g o c

<400> 120
acgtragtcg ytcctgtccc agstatccga agcgccattg gcgaccttaa agaagctggt 60

<210> 121
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (5)..(5)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (11)..(11)

<223> y es c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> s es g o c

<400> 121
acgtragtcg ytcctgtccc agstatccga agcgcccggg gcgaccttaa agaagctggt 60

<210> 122
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (5)..(5)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (11)..(11)
<223> y es c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> s es g o c

<400> 122
acgtragtcg ytcctgtccc agstatccga agcgccattg gcgaccttaa atgggctggt 60

<210> 123
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (5)..(5)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (11)..(11)
<223> y es c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> s es g o c

<400> 123
acgtragtcg ytcctgtccc agstatccga agcgcccggg gcgaccttaa atgggctggt 60

<210> 124
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (8)..(8)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (47)..(47)
<223> k es g o t

<400> 124
ggtagacwga acgtagtaag ggtgtgcaga gccatttaat tgtacakaca tcacgaagcc 60

<210> 125
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (8)..(8)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (47)..(47)
<223> k es g o t

<400> 125
ggtagacwga acgtagtaag ggtgctgaga gccatttaat tgtacakaca tcacgaagcc 60

<210> 126
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (8)..(8)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (47)..(47)
<223> k es g o t

<400> 126
ggtagacwga acgtagtaag ggtgtgcaga gcccctaat tgtacakaca tcacgaagcc 60

<210> 127
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (8)..(8)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (47)..(47)
<223> k es g o t

<400> 127
ggtagacwga acgtagtaag ggtgctgaga gccccctaat tgtacakaca tcacgaagcc 60

<210> 128
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (8)..(8)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (47)..(47)
<223> k es g o t

<400> 128
ggtagacwga acgtagtaag ggtgtgcaga gccatttttt tgtacakaca tcacgaagcc 60

<210> 129
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (8)..(8)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (47)..(47)
<223> k es g o t

<400> 129
ggtagacwga acgtagtaag ggtgctgaga gccatttttt tgtacakaca tcacgaagcc 60

<210> 130
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature

<222> (8)..(8)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (47)..(47)
<223> k es g o t

<400> 130
ggtagacwga acgtagtaag ggtgtgcaga gccccctttt tgtacakaca tcacgaagcc 60

<210> 131
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (8)..(8)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (47)..(47)
<223> k es g o t

<400> 131
ggtagacwga acgtagtaag ggtgctgaga gccccctttt tgtacakaca tcacgaagcc 60

<210> 132
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (29)..(29)
<223> k es g o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (39)..(39)
<223> y es c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (42)..(42)
<223> y es c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (45)..(45)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (50)..(50)
<223> w es a o t

<220>

<221> misc_feature
<222> (55)..(55)
<223> w es a o t

<400> 132
gagcggtaaa agggtctggc cagaatctkt cacggcgtyg tygtmgattw caatwttgct 60

<210> 133
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (29).. (29)
<223> k es g o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (39)..(39)
<223> y es c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (42)..(42)
<223> y es c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (45)..(45)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (50)..(50)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (55)..(55)
<223> w es a o t

<400> 133
gagcggtaaa agggtctggc cttgatctkt cacggcgtyg tygtmgattw caatwttgct 60

<210> 134
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 134
atcgaaggta ggcatatggg tattagtgtt aaaaacagcg cgtccaacac ggtggaagtc 60

<210> 135
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 135
gccatcaatc attggggtac ggacggagac accagcccgt ttaaagtcgg tccgggcgcc 60

<210> 136
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 136
agtgatacct gggacaggaa cgaccttcgt ggcttcgtgc tttatgtaca gttgggcggc 60

<210> 137
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 137
gcggcgcacc cttactacgt tctgtctagc agcaacattg ttatctatga tgataaggtg 60

<210> 138
<211> 54
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 138
actgattcgg gccagaccct gcttccgctc tcgtaaggat ccgaattcaa gctt 54

<210> 139
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 139
gtctccgtcc gtaccccaat gattgatggc gacttccacc gtgttggacg cgctgttttt 60

<210> 140
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 140
acgaaggtcg ttcctgtccc aggtatcact ggcgcccgga ccgactttaa acgggctggt 60

<210> 141
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 141
gctagacaga acgtagtaag ggtgcgccgc gccgcccaac tgtacataaa gcacgaagcc 60

<210> 142
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 142
gagcggaagc agggtctggc ccgaatcagt caccttatca tcatagataa caatgttgct 60

<210> 143
<211> 75
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> s es g o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (32)..(32)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (34)..(34)
<223> k es g o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (46).. (46)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (55)..(55)
<223> k es g o t

<400> 143
ggtaggcata tggccattas cgttaaaaac arckcttcca acacgrttga agtckctatc 60
aatcattggg gtact 75

<210> 144
<211> 42
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (4)..(4)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (26)..(26)
<223> s es g o c

<400> 144
aaartggccc cgggcgctag cgawasctgg gacaggaacg ac 42

<210> 145
<211> 45
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (16)..(16)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (25)..(25)
<223> m es a o c

<400> 145
cttcgtggct tcgtgmtgta cgtgmagctg gggggctcag cgact 45

<210> 146
<211> 75
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (30)..(30)
<223> y es c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (42)..(42)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (44)..(44)
<223> y es c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (56)..(56)

<223> s es g o c

<400> 146

agtaccccaa tgattgatag mgacttcaay cgtgttggaa gmgytgtttt taacgstaat 60
ggccatatgc ctacc 75

<210> 147
<211> 42
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (17)..(17)
<223> s es g o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (19)..(19)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (39)..(39)
<223> y es c o t

<400> 147
gtcgttcctg tcccagstwt cgctagcgcc cggggccayt tt 42

<210> 148
<211> 45
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> k es g o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (30)..(30)
<223> k es g o t

<400> 148
agtcgctgag ccccccagct kcacgtacak cacgaagcca cgaag 45

<210> 149
<211> 75
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)

<223> s es g o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (32)..(32)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (34)..(34)
<223> k es g o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (46)..(46)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (55)..(55)
<223> k es g o t

<400> 149

ggtaggcata tggcaattas tgttacaaac artkcgtcca accccrttga agtckcgatc 60
aatcattggg gtacg 75

<210> 150
<211> 39
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> s es g o c

<400> 150
gtcgcaaacg gcaagcagga wasttgggac aggtccgac 39

<210> 151
<211> 45
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (16)..(16)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (25)..(25)
<223> m es a o c

<400> 151
ctgcgtggct tcgtgwtgtc cgtgmagaag aatggcgcgc aacac 45

<210> 152
<211> 57
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)
<223> r es a o g

<400> 152
gtgacggatt ccggccagtt amttttgccg ttaarttaag gatccgaatt caagctt 57

<210> 153
<211> 57
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)
<223> r es a o g

<400> 153
gtgacggatt ccggccagtt amttttgccg gctarttaag gatccgaatt caagctt 57

<210> 154
<211> 57
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)
<223> r es a o g

<400> 154
gtgacggatt ccggccagtt amttgaaccg ttaarttaag gatccgaatt caagctt 57

<210> 155
<211> 57
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)
<223> r es a o g

<400> 155
gtgacggatt ccggccagtt amttgaaccg gctarttaag gatccgaatt caagctt 57

<210> 156
<211> 57
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)
<223> r es a o g

<400> 156
gtgacggatt ccggccagac gmttttgccg ttaarttaag gatccgaatt caagctt 57

<210> 157
<211> 57
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)
<223> r es a o g

<400> 157
gtgacggatt ccggccagac gmttttgccg gctarttaag gatccgaatt caagctt 57

<210> 158
<211> 57

<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)
<223> r es a o g

<400> 158
gtgacggatt ccggccagac gmttgaaccg ttaarttaag gatccgaatt caagctt 57

<210> 159
<211> 57
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)
<223> r es a o g

<400> 159
gtgacggatt ccggccagac gmttgaaccg gctarttaag gatccgaatt caagctt 57

<210> 160
<211> 75
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (30)..(30)
<223> y es c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (42)..(42)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (44)..(44)

<223> y es c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (56)..(56)
<223> s es g o c

<400> 160

cgtaccccaa tgattgatcg mgacttcaay ggggttggac gmaytgtttg taacastaat 60
tgccatatgc ctacc 75

<210> 161
<211> 39
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (17)..(17)
<223> s es g o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (19)..(19)
<223> w es a o t

<400> 161
gtcggacctg tcccaastwt cctgcttgcc gtttgcgac 39

<210> 162
<211> 45
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> k es g o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (390)..(30)
<223> w es a o t

<400> 162
gtgttgcgcg ccattcttct kcacggacaw cacgaagcca cgcag 45

<210> 163
<211> 57
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature

<222> (23)..(23)
<223> y es c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (36)..(36)
<223> k es g o t

<400> 163
aagcttgaat tcggatcctt aayttaacgg caaaaktaac tggccggaat ccgtcac 57

<210> 164
<211> 57
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> y es c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (36)..(36)
<223> k es g o t

<400> 164
aagcttgaat tcggatcctt aaytagccgg caaaaktaac tggccggaat ccgtcac 57

<210> 165
<211> 57
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> y es c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (36)..(36)
<223> k es g o t

<400> 165
aagcttgaat tcggatcctt aayttaacgg ttcaaktaac tggccggaat ccgtcac 57

<210> 166
<211> 57
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> y es c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (36)..(36)
<223> k es g o t

<400> 166
aagcttgaat tcggatcctt aaytagccgg ttcaaktaac tggccggaat ccgtcac 57

<210> 167
<211> 57
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> y es c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (36)..(36)
<223> k es g o t

<400> 167
aagcttgaat tcggatcctt aayttaacgg caaaakcgtc tggccggaat ccgtcac 57

<210> 168
<211> 57
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> y es c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (36)..(36)
<223> k es g o t

<400> 168
aagcttgaat tcggatcctt aaytagccgg caaaakcgtc tggccggaat ccgtcac 57

<210> 169
<211> 57
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> y es c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (36)..(36)

<223> k es g o t

<400> 169
aagcttgaat tcggatcctt aayttaacgg ttcaakcgtc tggccggaat ccgtcac 57

<210> 170
<211> 57
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> y es c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (36)..(36)
<223> k es g o t

<400> 170
aagcttgaat tcggatcctt aaytagccgg ttcaakcgtc tggccggaat ccgtcac 57

<210> 171
<211> 69
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> s es g o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)
<223> y es c o t

<400> 171

accgttacaa acaattcgtc caasaaaatc gaagyggcca tcaataaatg gggtagcgac 60
ggagacacc 69

<210> 172
<211> 69
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> s es g o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)

<223> y es c o t

<400> 172

accgttacaa acaattcgtc caasaaaatc gaagyggcca tcaatcactg gggtagcgac 60
ggagacacc 69

<210> 173
<211> 69
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> s es g o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)
<223> y es c o t

<400> 173

accgttacaa acaattcgtc caasccgatc gaagyggcca tcaataaatg gggtagcgac 60
ggagacacc 69

<210> 174
<211> 69
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> s es g o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)
<223> y es c o t

<400> 174

accgttacaa acaattcgtc caasccgatc gaagyggcca tcaatcactg gggtagcgac 60
ggagacacc 69

<210> 175
<211> 78
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature

<222> (31)..(31)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (34)..(34)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (38)..(38)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (41)..(41)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (55)..(55)
<223> w es a o t

<400> 175

tggggtagcg acggagacac cagcttcttt rgcrttgrta rcggcaagca ggaawcctgg 60
gacaggtccg acagccgt 78

<210> 176
<211> 57
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 176
ggcttcgtgc tttccctgaa gaagaatggc gcgcaacacc cttactacgt tcaggcc 57

<210> 177
<211> 57
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 177
ggcttcgtgc tttccctgaa gaagaatggc gcgcaagcac cttactacgt tcaggcc 57

<210> 178
<211> 57
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 178
ggcttcgtgc tttccctgaa gcgcaatggc gcgcaacacc cttactacgt tcaggcc 57

<210> 179
<211> 57
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 179
ggcttcgtgc tttccctgaa gcgcaatggc gcgcaagcac cttactacgt tcaggcc 57

<210> 180
<211> 63
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (19)..(19)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (34)..(34)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (38)..(38)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (46)..(46)
<223> r es a o g

<400> 180

ccttactacg ttcaggccwc cagcaaaatt gaarttgama acaacrccgt gaaagatcag 60
ggc 63

<210> 181
<211> 55
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (31)..(31)
<223> s es g o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (34)..(34)
<223> k es g o t

<400> 181
gtgaaagatc agggcgaatt gatcgagccg stgkcttaag gatccgaatt caagc 55

<210> 182
<211> 55
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (31)..(31)
<223> s es g o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (34)..(34)
<223> k es g o t

<400> 182
gtgaaagatc agggcgaatt gatccacccg stgkcttaag gatccgaatt caagc 55

<210> 183
<211> 55
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (31)..(31)
<223> s es g o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (34)..(34)
<223> k es g o t

<400> 183
gtgaaagatc agggccgttt gatcgagccg stgkcttaag gatccgaatt caagc 55

<210> 184
<211> 55
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (31)..(31)
<223> s es g o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (34)..(34)
<223> k es g o t

<400> 184
gtgaaagatc agggccgttt gatccacccg stgkcttaag gatccgaatt caagc 55

<210> 185
<211> 69
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 185

accgttacaa acaattcgtc caagaagatc gaagctgcca tcaataaatg gggtagcgac 60
ggagacacc 69

<210> 186
<211> 78
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 186

tggggtagcg acggagacac cagcttcttt ggcattgaca gcggcaagca ggaatcttgg 60
gacaggtccg acagccgt 78

<210> 187
<211> 57
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 187
ggcttcgtgc tttccctgaa gcgtaatggc gcgcaagctc cttactacgt tcaggcc 57

<210> 188
<211> 63
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 188

ccttactacg ttcaggccac tagcaaaatt gaaattgaaa acaacacggt gaaagatcag 60
ggc 63

<210> 189
<211> 55
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<400> 189
gtgaaagatc agggcgaatt gatccacccg gtcgcataag gatccgaatt caagc 55

<210> 190
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>

<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> k es g o t

<400> 190
atatgggtat taccgttaca nnkaattcgt ccaaccccat cga 43

<210> 191
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, c o t

<400> 191
tcgatggggt tggacgaatt mnntgtaacg gtaataccca tat 43

<210> 192
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> k es g o t

<400> 192
atgggtatta ccgttacaaa cnnktcgtcc aaccccatcg aag 43

<210> 193
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, c o t

<400> 193
cttcgatggg gttggacgam nngtttgtaa cggtaatacc cat 43

<210> 194
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> k es g o t

<400> 194
ttaccgttac aaacaattcg nnkaacccca tcgaagtcgc cat 43

<210> 195
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)

<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(23)
<223> n es g, a, c o t

<400> 195
atggcgactt cgatggggtt mnncgaattg tttgtaacgg taa 43

<210> 196
<211> 48
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (28)..(28)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (29)..(29)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (30)..(30)
<223> k es g o t

<400> 196
ggtattaccg ttacaaacaa ttcgtccnnk cccatcgaag tcgccatc 48

<210> 197
<211> 48
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (19)..(19)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n es g, a, c o t

<400> 197
gatggcgact tcgatgggmn nggacgaatt gtttgtaacg gtaatacc 48

<210> 198
<211> 44
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (25)..(25)
<223> k es g o t

<400> 198
cgttacaaac aattcgtcca acnnkatcga agtcgccatc aatc 44

<210> 199
<211> 44
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, c o t

<400> 199
gattgatggc gacttcgatm nngttggacg aattgtttgt aacg 44

<210> 200
<211> 46
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (25)..(25)
<223> k es g o t

<400> 200
caattcgtcc aaccccatcg aannkgccat caatcattgg ggtagc 46

<210> 201
<211> 46
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> n es g, a, c o t

<400> 201
gctaccccaa tgattgatgg cmnnttcgat ggggttggac gaattg 46

<210> 202
<211> 45
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> k es g o t

<400> 202
cgtccaaccc catcgaagtc nnkatcaatc attggggtag cgacg 45

<210> 203

<211> 45
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (25)..(25)
<223> n es g, a, c o t

<400> 203
cgtcgctacc ccaatgattg atmnngactt cgatggggtt ggacg 45

<210> 204
<211> 44
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> k es g o t

<400> 204
ccatcgaagt cgccatcaat nnktggggta gcgacggaga cacc 44

<210> 205
<211> 44
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature

<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> n es g, a, c o t

<400> 205
ggtgtctccg tcgctacccc amnnattgat ggcgacttcg atgg 44

<210> 206
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> k es g o t

<400> 206
tcgaagtcgc catcaatcat nnkggtagcg acggagacac cag 43

<210> 207
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, c o t

<400> 207
ctggtgtctc cgtcgctacc mnnatgattg atggcgactt cga 43

<210> 208
<211> 43
<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> k es g o t

<400> 208
ccatcaatca ttggggtagc nnkggagaca ccagcttctt ttc 43

<210> 209
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, c o t

<400> 209
gaaaagaagc tggtgtctcc mnngctaccc caatgattga tgg 43

<210> 210
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> k es g o t

<400> 210
tcaatcattg gggtagcgac nnkgacacca gcttcttttc cgt 43

<210> 211
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, c o t

<400> 211
acggaaaaga agctggtgtc mnngtcgcta ccccaatgat tga 43

<210> 212
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> k es g o t

<400> 212
ggggtagcga cggagacacc nnkttctttt ccgtcggtaa egg 43

<210> 213
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, c o t

<400> 213
ccgttaccga cggaaaagaa mnnggtgtct ccgtcgctac ccc 43

<210> 214
<211> 44
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (25)..(25)
<223> k es g o t

<400> 214
cgacggagac accagcttct ttnnkgtcgg taacggcaag cagg 44

<210> 215
<211> 44
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n es g, a, c o t

<220>

<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, c o t

<400> 215
cctgcttgcc gttaccgacm nnaaagaagc tggtgtctcc gtcg 44

<210> 216
<211> 45
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> k es g o t

<400> 216
ggagacacca gcttcttttc cnnkggtaac ggcaagcagg aaacc 45

<210> 217
<211> 45
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> n es g, a, c o t

<400> 217
ggtttcctgc ttgccgttac cmnnggaaaa gaagctggtg tctcc 45

<210> 218
<211> 48
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (25)..(25)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (26)..(26)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (27)..(27)
<223> k es g o t

<400> 218
ggagacacca gcttcttttc cgtcnnkaac ggcaagcagg aaacctgg 48

<210> 219
<211> 48
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> n es g, a, c o t

<400> 219
ccaggtttcc tgcttgccgt tmnngacgga aaagaagctg gtgtctcc 48

<210> 220
<211> 42
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)

<223> k es g o t

<400> 220
ccagcttctt ttccgtcggt nnkggcaagc aggaaacctg gg 42

<210> 221
<211> 42
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, c o t

<400> 221
cccaggtttc ctgcttgccm nnaccgacgg aaaagaagct gg 42

<210> 222
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> k es g o t

<400> 222
gcttcttttc cgtcggtaac nnkaagcagg aaacctggga cag 43

<210> 223
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>

<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, c o t

<400> 223
ctgtcccagg tttcctgctt mnngttaccg acggaaaaga age 43

<210> 224
<211> 44
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> k es g o t

<400> 224
gcttcgtgct ttccctgaag nnkaatggcg cgcaacaccc ttac 44

<210> 225
<211> 44
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> n es g, a, c o t

<400> 225
gtaagggtgt tgcgcgccat tmnncttcag ggaaagcacg aagc 44

<210> 226
<211> 46
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (25)..(25)
<223> k es g o t

<400> 226
gctttccctg aagaagaatg gcnnkcaaca cccttactac gttcag 46

<210> 227
<211> 46
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> n es g, a, c o t

<400> 227
ctgaacgtag taagggtgtt gmnngccatt cttcttcagg gaaagc 46

<210> 228
<211> 44
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)

<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> k es g o t

<400> 228
ctgaagaaga atggcgcgca annkccttac tacgttcagg ccag 44

<210> 229
<211> 44
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, c o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, c o t

<400> 229
ctggcctgaa cgtagtaagg mnnttgcgcg ccattcttct tcag 44

<210> 230
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> k es g o t

<400> 230
agaatggcgc gcaacaccct nnktacgttc aggccagcag caa 43

<210> 231
<211> 44
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (44)..(44)
<223> n es a, c, g o t

<400> 231
ttgctgctgg cctgaacgta mnnagggtgt tgcgcgccat tctn 44

<210> 232
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> k es g o t

<400> 232
atggcgcgca acacccttac nnkgttcagg ccagcagcaa aat 43

<210> 233
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, t o c

<400> 233
attttgctgc tggcctgaac mnngtaaggg tgttgcgcgc cat 43

<210> 234
<211> 45
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> k es g o t

<400> 234
caccettact acgttcaggc cnnkagcaaa attgaagtcg acaac 45

<210> 235
<211> 45
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> n es g, a, t o c

<400> 235
gttgtcgact tcaattttgc tmnnggcctg aacgtagtaa gggtg 45

<210> 236
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> k es g o t

<400> 236
cttactacgt tcaggccagc nnkaaaattg aagtcgacaa caa 43

<210> 237
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, t o c

<400> 237
ttgttgtcga cttcaatttt mnngctggcc tgaacgtagt aag 43

<210> 238
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature

<222> (21)..(21)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> k es g o t

<400> 238
acgttcaggc cagcagcaaa nnkgaagtcg acaacaacgc cgt 43

<210> 239
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, t o c

<400> 239
acggcgttgt tgtcgacttc mnntttgctg ctggcctgaa cgt 43

<210> 240
<211> 41
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> k es g o t

<400> 240

ggccagcagc aaaattgaan nkgacaacaa cgccgtgaaa g 41

<210> 241
<211> 41
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, t o c

<400> 241
ctttcacggc gttgttgtcm nnttcaattt tgctgctggc c 41

<210> 242
<211> 44
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> k es g o t

<400> 242
ccagcagcaa aattgaagtc nnkaacaacg ccgtgaaaga tcag 44

<210> 243
<211> 44
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> n es g, a, t o c

<400> 243
ctgatctttc acggcgttgt tmnngacttc aattttgctg ctgg 44

<210> 244
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> k es g o t

<400> 244
gcaaaattga agtcgacaac nnkgccgtga aagatcaggg ccg 43

<210> 245
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, t o c

<400> 245
cggccctgat ctttcacggc mnngttgtcg acttcaattt tgc 43

<210> 246
<211> 47
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (25)..(25)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (26).. (26)
<223> k es g o t

<400> 246
gcaaaattga agtcgacaac aacnnkgtga aagatcaggg ccggttg 47

<210> 247
<211> 47
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> n es g, a, t o c

<400> 247
caaccggccc tgatctttca cmnngttgtt gtcgacttca attttgc 47

<210> 248
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n es g, a, t o c

<220>

<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> k es g o t

<400> 248
ttgaagtcga caacaacgcc nnkaaagatc agggccggtt gat 43

<210> 249
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, t o c

<400> 249
atcaaccggc cctgatcttt mnnggcgttg ttgtcgactt caa 43

<210> 250
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> k es g o t

<400> 250
tcgacaacaa cgccgtgaaa nnkcagggcc ggttgatcga gcc 43

<210> 251
<211> 43

<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, t o c

<400> 251
ggctcgatca accggccctg mnntttcacg gcgttgttgt cga 43

<210> 252
<211> 42
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> k es g o t

<400> 252
gacaacaacg ccgtgaaaga tnnkggccgg ttgatcgagc eg 42

<210> 253
<211> 42
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (19)..(19)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)

<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n es g, a, t o c

<400> 253
cggctcgatc aaccggccmn natctttcac ggcgttgttg tc 42

<210> 254
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> k es g o t

<400> 254
acaacgccgt gaaagatcag nnkcggttga tcgagccgct etc 43

<210> 255
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, t o c

<400> 255
gagagegget cgatcaaccg mnnctgatct ttcacggcgt tgt 43

<210> 256
<211> 49
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (25)..(25)
<223> k es g o t

<400> 256
caacgccgtg aaagatcagg gcnnkttgat cgagccgctc tcgtaaggr 49

<210> 257
<211> 48
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (25)..(25)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (26)..(26)
<223> n es g, a, t o c

<400> 257
ccttacgaga gcggctcgat caamnngccc tgatctttca cggcgttg 48

<210> 258
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> k es g o t

<400> 258
ccgtgaaaga tcagggccgg nnkatcgagc cgctctcgta agg 43

<210> 259
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, t o c

<400> 259
ccttacgaga gcggctcgat mnnccggccc tgatctttca egg 43

<210> 260
<211> 44
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (25)..(25)
<223> k es g o t

<400> 260
gaaagatcag ggccggttga tcnnkccgct ctcgtaagga teeg 44

<210> 261
<211> 44
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>

<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, t o c

<400> 261
cggatcctta egagageggm nngatcaacc ggccctgatc tttc 44

<210> 262
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> k es g o t

<400> 262
atcagggccg gttgatcgag nnkctctcgt aaggatccga att 43

<210> 263
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature

<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, t o c

<400> 263
aattcggatc cttacgagag mnnctcgatc aaccggccct gat 43

<210> 264
<211> 45
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> k es g o t

<400> 264
cagggccggt tgatcgagcc gnnktcgtaa ggatccgaat tcaag 45

<210> 265
<211> 45
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> n es g, a, t o c

<400> 265
cttgaattcg gatccttacg amnncggctc gatcaaccgg ccctg 45

<210> 266
<211> 42
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> k es g o t

<400> 266
gccggttgat cgagccgctc nnktaaggat ccgaattcaa gc 42

<210> 267
<211> 42
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, t o c

<400> 267
gcttgaattc ggatccttam nngagcggct cgatcaaccg gc 42

<210> 268
<211> 45
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> k es g o t

<400> 268
tccgtcggta acggcaagca gnnkacctgg gacaggtccg acagc 45

<210> 269
<211> 42
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> k es g o t

<400> 269
cggtaacggc aagcaggaan nktgggacag gtccgacagc eg 42

<210> 270
<211> 42
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, t o c

<400> 270
cggctgtcgg acctgtccca mnnttcctgc ttgccgttac eg 42

<210> 271
<211> 45
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature

<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> k es g o t

<400> 271
ggtaacggca agcaggaaac cnnkgacagg tccgacagcc gtggc 45

<210> 272
<211> 45
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> k es g o t

<400> 272
aacggcaagc aggaaacctg gnnkaggtcc gacagccgtg gcttc 45

<210> 273
<211> 45
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> k es g o t

<400> 273

ggcaagcagg aaacctggga cnnktccgac agccgtggct tcgtg 45

<210> 274
<211> 45
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> k es g o t

<400> 274
aagcaggaaa cctgggacag gnnkgacagc cgtggcttcg tgctt 45

<210> 275
<211> 45
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> k es g o t

<400> 275
caggaaacct gggacaggtc cnnkagccgt ggcttcgtgc tttcc 45

<210> 276
<211> 42
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> k es g o t

<400> 276
gaaacctggg acaggtccga cnnkcgtggc ttcgtgcttt cc 42

<210> 277
<211> 42
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (19)..(19)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n es g, a, t o c

<400> 277
ggaaagcacg aagccacgmn ngtcggacct gtcccaggtt tc 42

<210> 278
<211> 45
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> k es g o t

<400> 278
acctgggaca ggtccgacag cnnkggcttc gtgctttccc tgaag 45

<210> 279
<211> 45
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> k es g o t

<400> 279
tgggacaggt ccgacagccg tnnkttcgtg ctttccctga agaag 45

<210> 280
<211> 45
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> k es g o t

<400> 280
gacaggtccg acagccgtgg cnnkgtgctt tccctgaaga agaat 45

<210> 281
<211> 45
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, t o c

<220>

<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> k es g o t

<400> 281
aggtccgaca gccgtggctt cnnkctttcc ctgaagaaga atggc 45

<210> 282
<211> 45
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> k es g o t

<400> 282
tccgacagcc gtggcttcgt gnnktccctg aagaagaatg gcgcg 45

<210> 283
<211> 45
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> k es g o t

<400> 283
gacagccgtg gcttcgtgct tnnkctgaag aagaatggcg cgcaa 45

<210> 284
<211> 45

<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n es g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> k es g o t

<400> 284
agccgtggct tcgtgctttc cnnkaagaag aatggcgcgc aacac 45

<210> 285
<211> 16
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de 16S

<400> 285
taccttgtta cgactt 16

<210> 286
<211> 20
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de 16S

<400> 286
agagtttgat cmtggctcag 20

<210> 287
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 287

```
atggcgattt ctgttaaaaa caatgcgtcc aaccccgtcg aagtcgccat caatcattgg       60
ggtacagacg gagacaccaa accgttttcc gtcgcgccgg gcgcctccga tagctgggac      120
aggaacgacc ttcgtggctt cgtgatgtat gttcaactgg gcggctccgc acacccttac      180
tacgttctga gcaccagcaa cattgtgatc tatgacgata aagtgaccga ttcgggccaa      240
actcttctgc cgctctcgta a                                               261
```

<210> 288
<211> 261

<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 288

atggccatta gcgttaaaaa cagcgcatcc aacacggtcg aagtctcaat caatcattgg 60
ggtactgacg gagacaccaa accgtttaaa atggccccgg gcgctagcga tacttgggac 120
aggaacgacc ttcgtggctt cgtgatgtac gtgcaactgg ggggctcagc gactccttac 180
tacgttctta gcactagcaa tattgtcatt tacgatgata aagtgacaga tagcggccag 240
acactgctgc cgctctcgta a 261

<210> 289
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 289

atggccatta ctgttaaaaa cagcgcgtcc aacactattg aagtctcgat caatcattgg 60
ggtactgacg gagacaccaa gccgtttaaa gtggctccag gcgccagtga aacttgggac 120
aggaacgact tacgtggctt cgtgttgtac gtgcagctgg gtggctcggc taccccttac 180
tacgttttgt caagtagcaa cattgtcatt tacgatgata aagtgaccga tagtggccag 240
acgattttgc cgctctcgta a 261

<210> 290
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 290

atggccatta ctgttaaaaa cagcgcgtcc aacactattg aagtctcgat caatcattgg 60
ggtagtgacg gagacaccaa gccgtttaaa gtggctccag gcgccagtga aacttgggac 120
aggaacgact tacgtggctt cgtgttgtac ctgcagctgg gtggctcggc taccccttac 180
tacgttttgt caactagcaa cattgtcatt tacgatgata aagtgaccga tagtggccag 240
acgattttgc cgctctcgta a 261

<210> 291
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 291

atggcaattt cagttacaaa caatgcgtcc aaccccgtgg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga ctcttgggac 120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgatgtcc gtgcagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag 240
acattgctgc cgctctcgta a 261

<210> 292
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 292

atggccatta gcgttaaaaa cagcgcttcc aacacggttg aagtcgctat caatcattgg 60
ggtactgacg gagacaccaa gccgtttaaa gtggctccag gcgccagtga aacttgggac 120
aggaacgact tacgtggctt cgtgttgtac gtgcagctgg gtggctcggc taccccttac 180
tacgttttgt caagtagcaa cattgtcatt tacgatgata aagtgaccga tagtggccag 240
acgattttgc cgctctcgta a 261

<210> 293
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 293

atggccatta ctgttaaaaa cagcgcttcc aacacggttg aagtcgctat caatcattgg 60
ggtactgacg gagacaccaa gccgtttaaa gtggctccag gcgccagtga aacttgggac 120
aggaacgact tacgtggctt cgtgctgtac gtgcagctgg ggggctcggc tacccttac 180
tacgttttgt caagtagcaa cattgtcatt tacgatgata aagtgaccga tagtggccag 240
acgattttgc cgctctcgta a 261

<210> 294
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 294

atggccatta ctgttaaaaa cagcgcgtcc aacactattg aagtcgctat caatcattgg 60
ggtactgacg gagacaccaa gccgtttaaa gtggctccag gcgccagtga aacttgggac 120
aggaacgact tacgtggctt cgtgatgtac gtgaagctgg ggggctcggc tacccttac 180
tacgttttgt caagtagcaa cattgtcatt tacgatgata aagtgaccga tagtggccag 240
acgattttgc cgctctcgta a 261

<210> 295
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 295

atggccatta ctgttaaaaa cagcgcgtcc aacactattg aagtctcgat caatcattgg 60
ggtactgacg gagacaccaa gccgtttaaa gtggccccgg gcgctagcga aacctgggac 120
aggaacgact tacgtggctt cgtgatgtac gtgcagctgg ggggctcggc taccccttac 180
tacgttttgt caagtagcaa cattgtcatt tacgatgata aagtgaccga tagtggccag 240
acgattttgc cgctctcgta a 261

<210> 296
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 296

atggccatta ctgttaaaaa cagcgcgtcc aacactattg aagtctcgat caatcattgg 60
ggtactgacg gagacaccaa gccgtttaaa gtggccccgg gcgctagcga tagctgggac 120
aggaacgact tacgtggctt cgtgttgtac gtgcagctgg gtggctcggc taccccttac 180
tacgttttgt caagtagcaa cattgtcatt tacgatgata aagtgaccga tagtggccag 240
acgattttgc cgctctcgta a 261

<210> 297
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 297

atggccatta gcgttaaaaa cagctcttcc aacacgattg aagtcgctat caatcattgg 60
ggtactgacg gagacaccaa gccgtttaaa gtggctccag gcgccagtga aacttgggac 120
aggaacgact tacgtggctt cgtgttgtac gtgcagctgg gtggctcggc taccccttac 180
tacgttttgt caagtagcaa cattgtcatt tacgatgata aagtgaccga tagtggccag 240
acgattttgc cgctctcgta a 261

<210> 298
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 298

atggccatta ccgttaaaaa caactcttcc aacacgattg aagtctctat caatcattgg 60
ggtactgacg gagacaccaa accgtttaaa atggccccgg gcgctagcga aagctgggac 120
aggaacgacc ttcgtggctt cgtgatgtac gtgcaactgg ggggctcagc gactccttac 180
tacgttctta gcactagcaa tattgtcatt tacgatgata aagtgacaga tagcggccag 240
acactgctgc cgctctcgta a 261

<210> 299
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 299

atggccatta ccgttaaaaa caacgcttcc aacacgattg aagtcgctat caatcattgg 60
ggtactgacg gagacaccaa accgtttaaa atggccccgg gcgctagcga aagctgggac 120
aggaacgacc ttcgtggctt cgtgctgtac gtgcagctgg ggggctcagc gactccttac 180
tacgttctta gcactagcaa tattgtcatt tacgatgata aagtgacaga tagcggccag 240
acactgctgc cgctctcgta a 261

<210> 300
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 300

atggccatta gcgttaaaaa caacgcttcc aacacggtcg aagtctctat caatcattgg 60
ggtactgacg gagacaccaa accgtttaaa atggccccgg gcgctagcga tacttgggac 120
aggaacgacc ttcgtggctt cgtgatgtac gtgcaactgg ggggctcagc gactccttac 180
tacgttctta gcactagcaa tattgtcatt tacgatgata aagtgacaga tagcggccag 240
acactgctgc cgctctcgta a 261

<210> 301
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 301

atggccatta gcgttaaaaa cagcgcatcc aacacggtcg aagtctcaat caatcattgg 60
ggtactgacg gagacaccaa accgtttaaa atggccccgg gcgctagcga aagctgggac 120
aggaacgacc ttcgtggctt cgtgatgtac gtgcaactgg ggggctcagc gactccttac 180
tacgttctta gcactagcaa tattgtcatt tacgatgata aagtgacaga tagcggccag 240
acactgctgc cgctctcgta a 261

<210> 302
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 302

atggccatta gcgttaaaaa cagctcttcc aacacgattg aagtctctat caatcattgg 60
ggtactgacg gagacaccaa accgtttaaa atggccccgg gcgctagcga tacctgggac 120
aggaacgacc ttcgtggctt cgtgatgtac gtgcaactgg ggggctcagc gactccttac 180
tacgttctta gcactagcaa tattgtcatt tacgatgata aagtgacaga tagcggccag 240
acactgctgc cgctctcgta a 261

<210> 303
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 303

atggccatta gcgttaaaaa cagcgcatcc aacacggtcg aagtctcaat caatcattgg 60
ggtactgacg gagacaccaa accgtttaaa atggccccgg gcgctagcga tacttgggac 120
aggaacgacc ttcgtggctt cgtgctgtac gtgcagctgg ggggctcagc gactccttac 180
tacgttctta gcactagcaa tattgtcatt tacgatgata aagtgacaga tagcggccag 240
acactgctgc cgctctcgta a 261

<210> 304
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 304

atggccatta ccgttaaaaa cagctcttcc aacacgattg aagtcgctat caatcattgg 60
ggtactgacg gagacaccaa accgtttaaa atggccccgg gcgctagcga aacctgggac 120
aggaacgacc ttcgtggctt cgtgatgtac gtgcagctgg ggggctcagc gactccttac 180
tacgttctta gcactagcaa tattgtcatt tacgatgata aagtgacaga tagcggccag 240
acactgctgc cgctctcgta a 261

<210> 305
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 305

atggccatta gcgttaaaaa cagcgcatcc aacacggtcg aagtctcaat caatcattgg 60
ggtactgacg gagacaccaa accgtttaaa atggccccgg gcgctagcga tagctgggac 120
aggaacgacc ttcgtggctt cgtgatgtac gtgcaactgg ggggctcagc gactccttac 180
tacgttctta gcactagcaa tattgtcatt tacgatgata aagtgacaga tagcggccag 240
acactgctgc cgctctcgta a 261

<210> 306
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 306

atggccatta gcgttaaaaa cagctcttcc aacacgattg aagtctctat caatcattgg 60
ggtactgacg gagacaccaa accgtttaaa atggccccgg gcgctagcga aacctgggac 120
aggaacgacc ttcgtggctt cgtgatgtac gtgcagctgg ggggctcagc gactccttac 180
tacgttctta gcactagcaa tattgtcatt tacgatgata aagtgacaga tagcggccag 240
acactgctgc cgctctcgta a 261

<210> 307
<211> 261
<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 307

atggccatta gcgttaaaaa cagcgcatcc aacacggtcg aagtctcaat caatcattgg 60
ggtactgacg gagacaccaa accgtttaaa atggccccgg gcgctagcga aacctgggac 120
aggaacgacc ttcgtggctt cgtgctgtac gtgcagctgg ggggctcagc gactccttac 180
tacgttctta gcactagcaa tattgtcatt tacgatgata aagtgacaga tagcggccag 240
acactgctgc cgctctcgta a 261

<210> 308
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 308

atggccatta ccgttaaaaa cagcgcttcc aacacggttg aagtctctat caatcattgg 60
ggtactgacg gagacaccaa accgtttaaa atggccccgg gcgctagcga aagctgggac 120
aggaacgacc ttcgtggctt cgtgatgtac gtgcaactgg ggggctcagc gactccttac 180
tacgttctta gcactagcaa tattgtcatt tacgatgata aagtgacaga tagcggccag 240
acactgctgc cgctctcgta a 261

<210> 309
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 309

atggccatta gcgttaaaaa cagcgcatcc aacacgattg aagtctctat caatcattgg 60
ggtactgacg gagacaccaa accgtttaaa atggccccgg gcgctagcga aagctgggac 120
aggaacgacc ttcgtggctt cgtgatgtac gtgcaactgg ggggctcagc gactccttac 180
tacgttctta gcactagcaa tattgtcatt tacgatgata aagtgacaga tagcggccag 240
acactgctgc cgctctcgta a 261

<210> 310
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 310

atggccatta gcgttaaaaa cagcgcatcc aacacggtcg aagtctcaat caatcattgg 60
ggtactgacg gagacaccaa accgtttaaa atggccccgg gcgctagcga aacctgggac 120
aggaacgacc ttcgtggctt cgtgatgtac gtgcaactgg ggggctcagc gactccttac 180
tacgttctta gcactagcaa tattgtcatt tacgatgata aagtgacaga tagcggccag 240
acactgctgc cgctctcgta a 261

<210> 311

<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 311

```
atggccatta gcgttaaaaa cagcgcatcc aacacggtcg aagtctcaat caatcattgg        60
ggtactgacg gagacaccaa accgtttaaa atggccccgg gcgctagcga tagctgggac       120
aggaacgacc ttcgtggctt cgtgctgtac gtgcagctgg ggggctcagc gactccttac       180
tacgttctta gcactagcaa tattgtcatt tacgatgata aagtgacaga tagcggccag       240
acactgctgc cgctctcgta a                                                 261
```

<210> 312
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 312

```
atggccatta ccgttaaaaa caacgcttcc aacacggttg aagtcgctat caatcattgg        60
ggtactgacg gagacaccaa accgtttaaa atggccccgg gcgctagcga aacctgggac       120
aggaacgacc ttcgtggctt cgtgatgtac gtgcagctgg ggggctcagc gactccttac       180
tacgttctta gcactagcaa tattgtcatt tacgatgata aagtgacaga tagcggccag       240
acactgctgc cgctctcgta a                                                 261
```

<210> 313
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 313

```
atggccatta gcgttaaaaa caactcttcc aacacgattg aagtctctat caatcattgg        60
ggtactgacg gagacaccaa accgtttaaa atggccccgg gcgctagcga tagctgggac       120
aggaacgacc ttcgtggctt cgtgatgtac gtgcaactgg ggggctcagc gactccttac       180
tacgttctta gcactagcaa tattgtcatt tacgatgata aagtgacaga tagcggccag       240
acactgctgc cgctctcgta a                                                 261
```

<210> 314
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 314

```
atggccatta gcgttaaaaa cagcgcttcc aacacgattg aagtctctat caatcattgg      60
ggtactgacg gagacaccaa accgtttaaa atggccccgg gcgctagcga tagctgggac     120
aggaacgacc ttcgtggctt cgtgatgtac gtgcaactgg ggggctcagc gactccttac     180
tacgttctta gcactagcaa tattgtcatt tacgatgata aagtgacaga tagcggccag     240
acactgctgc cgctctcgta a                                               261
```

<210> 315
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 315

```
atggccatta gcgttaaaaa cagctcttcc aacacggttg aagtcgctat caatcattgg      60
ggtactgacg gagacaccaa accgtttaaa atggccccgg gcgctagcga tagctgggac     120
aggaacgacc ttcgtggctt cgtgctgtac gtgcagctgg ggggctcagc gactccttac     180
tacgttctta gcactagcaa tattgtcatt tacgatgata aagtgacaga tagcggccag     240
acactgctgc cgctctcgta a                                               261
```

<210> 316
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 316

```
atggccatta ccgttaaaaa cagcgcttcc aacacgattg aagtcgctat caatcattgg      60
ggtactgacg gagacaccaa accgtttaaa atggccccgg gcgctagcga tacctgggac     120
aggaacgacc ttcgtggctt cgtgatgtac gtgcaactgg ggggctcagc gactccttac     180
tacgttctta gcactagcaa tattgtcatt tacgatgata aagtgacaga tagcggccag     240
acactgctgc cgctctcgta a                                               261
```

<210> 317
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 317

```
atggccatta gcgttaaaaa cagcgcatcc aacacggtcg aagtctcaat caatcattgg      60
ggtactgacg gagacaccaa accgtttaaa atggccccgg gcgctagcga tacctgggac     120
aggaacgacc ttcgtggctt cgtgctgtac gtgcagctgg ggggctcagc gactccttac     180
tacgttctta gcactagcaa tattgtcatt tacgatgata aagtgacaga tagcggccag     240
acactgctgc cgctctcgta a                                               261
```

<210> 318
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 318

atggccatta gtgttaaaaa caactcttcc aacacggttg aagtcgctat caatcattgg 60
ggtactgacg gagacaccaa accgtttaaa atggccccgg gcgctagcga aagctgggac 120
aggaacgacc ttcgtggctt cgtgatgtac gtgcaactgg ggggctcagc gactccttac 180
tacgttctta gcactagcaa tattgtcatt tacgatgata aagtgacaga tagcggccag 240
acactgctgc cgctctcgta a 261

<210> 319
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 319

atggccatta gcgttaaaaa cagctcttcc aacacggttg aagtcgctat caatcattgg 60
ggtactgacg gagacaccaa accgtttaaa atggccccgg gcgctagcga aagctgggac 120
aggaacgacc ttcgtggctt cgtgatgtac gtgcagctgg ggggctcagc gactccttac 180
tacgttctta gcactagcaa tattgtcatt tacgatgata aagtgacaga tagcggccag 240
acactgctgc cgctctcgta a 261

<210> 320
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 320

atggccatta ccgttaaaaa cagcgcttcc aacacggttg aagtcgctat caatcattgg 60
ggtactgacg gagacaccaa accgtttaaa atggccccgg gcgctagcga tacctgggac 120
aggaacgacc ttcgtggctt cgtgatgtac gtgaagctgg ggggctcagc gactccttac 180
tacgttctta gcactagcaa tattgtcatt tacgatgata aagtgacaga tagcggccag 240
acactgctgc cgctctcgta a 261

<210> 321
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 321

atggccatta gcgttaaaaa cagcgcatcc aacacggtcg aagtctcaat caatcattgg 60
ggtactgacg gagacaccaa accgtttaaa atggccccgg gcgctagcga tacttgggac 120
aggaacgacc ttcgtggctt cgtgctgtac gtgaagctgg ggggctcagc gactccttac 180
tacgttctta gcactagcaa tattgtcatt tacgatgata aagtgacaga tagcggccag 240
acactgctgc cgctctcgta a 261

<210> 322
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 322

atggccatta gcgttaaaaa cagctcttcc aacacggttg aagtctctat caatcattgg 60
ggtactgacg gagacaccaa accgtttaaa atggccccgg gcgctagcga tacctgggac 120
aggaacgacc ttcgtggctt cgtgctgtac gtgcagctgg ggggctcagc gactccttac 180
tacgttctta gcactagcaa tattgtcatt tacgatgata aagtgacaga tagcggccag 240
acactgctgc cgctctcgta a 261

<210> 323
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 323

atggcaatta gtgttacaaa cagtgcgtcc aaccccgttg aagtcgcgat caatcattgg 60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga aagttgggac 120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgatgtcc gtgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag 240
acattgctgc cgctctcgta a 261

<210> 324
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 324

atggcaattt cagttacaaa caatgcgtcc aaccccgtgg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga ctcttgggac 120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgatgtcc gtgcagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag 240
ttaattttgc cgttaagtta a 261

<210> 325
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 325

atggcaattt cagttacaaa caatgcgtcc aaccccattg aagtcgcgat caatcattgg 60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga aagttgggac 120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgatgtcc gtgcagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag 240
acattgctgc cgctctcgta a 261

<210> 326
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 326

atggcaatta gtgttacaaa caatgcgtcc aaccccgttg aagtcgcgat caatcattgg 60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga ctcttgggac 120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgatgtcc gtgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag 240
acattgctgc cgctctcgta a 261

<210> 327
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 327

atggcaatta gtgttacaaa caatgcgtcc aaccccattg aagtcgcgat caatcattgg 60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga aacttgggac 120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgatgtcc gtgcagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag 240
acattgctgc cgctctcgta a 261

<210> 328
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 328

atggcaatta gtgttacaaa cagtgcgtcc aaccccgttg aagtcgcgat caatcattgg 60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga tagttgggac 120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgatgtcc gtgcagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag 240
acattgctgc cgctctcgta a 261

<210> 329
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 329

atggcaattt cagttacaaa caatgcgtcc aaccccgtgg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga aacttgggac 120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgttgtcc gtgcagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag 240
acattgctgc cgctctcgta a 261

<210> 330
<211> 261
<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 330

atggcaattt cagttacaaa caatgcgtcc aaccccgtgg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga aagttgggac 120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgttgtcc gtgcagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag 240
acattgctgc cgctctcgta a 261

<210> 331
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 331

atggcaattt cagttacaaa caatgcgtcc aaccccgttg aagtctcgat caatcattgg 60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga tagttgggac 120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgatgtcc gtgcagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag 240
acattgctgc cgctctcgta g 261

<210> 332
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 332

atggcaattt cagttacaaa caatgcgtcc aaccccgttg aagtcgcgat caatcattgg 60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga ctcttgggac 120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgatgtcc gtgcagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag 240
acgcttgaac cgttaagtta a 261

<210> 333
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 333

atggcaattt cagttacaaa caatgcgtcc aaccccgtgg aagtcgcgat caatcattgg 60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga aacttgggac 120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgatgtcc gtgcagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag 240
acattgctgc cgctctcgta a 261

<210> 334

<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 334

```
atggcaattt cagttacaaa caatgcgtcc aaccccgtgg aagtcgccat caatcattgg       60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga aagttgggac      120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgatgtcc gtgcagaaga atggcgcgca acacccttac      180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag      240
acattgctgc cgctctcgta a                                               261
```

<210> 335
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 335

```
atggcaattt cagttacaaa caattcgtcc aaccccattg aagtcgcgat caatcattgg       60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga ctcttgggac      120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgttgtcc gtgaagaaga atggcgcgca acacccttac      180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag      240
acattgctgc cgctctcgta a                                               261
```

<210> 336
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 336

```
atggcaatta gtgttacaaa caattcgtcc aaccccattg aagtcgcgat caatcattgg       60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga tacttgggac      120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgatgtcc gtgcagaaga atggcgcgca acacccttac      180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag      240
acattgctgc cgctctcgta a                                               261
```

<210> 337
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 337

```
atggcaattt cagttacaaa caatgcgtcc aaccccattg aagtcgcgat caatcattgg       60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga ctcttgggac      120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgatgtcc gtgcagaaga atggcgcgca acacccttac      180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag      240
acattgctgc cgctctcgta a                                               261
```

<210> 338
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 338

atggcaattt cagttacaaa cagtgcgtcc aaccccgttg aagtctcgat caatcattgg 60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga tacttgggac 120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgatgtcc gtgcagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag 240
acattgctgc cgctctcgta a 261

<210> 339
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 339

atggcaattt cagttacaaa caatgcgtcc aaccccgttg aagtctcgat caatcattgg 60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga aacttgggac 120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgatgtcc gtgcagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag 240
acgattttgc cgttaagtta a 261

<210> 340
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 340

atggcaattt cagttacaaa caatgcgtcc aaccccgtgg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga aagttgggac 120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgatgtcc gtgcagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag 240
acattgctgc cgctctcgta a 261

<210> 341
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 341

atggcaatta ctgttacaaa caattcgtcc aaccccgttg aagtcgcgat caatcattgg 60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga aacttgggac 120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgttgtcc gtgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag 240
acgcttttgc cggctagtta a 261

<210> 342
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 342

atggcaatta gtgttacaaa caatgcgtcc aaccccgttg aagtctcgat caatcattgg 60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga aacttgggac 120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgatgtcc gtgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag 240
acattgctgc cgctctcgta a 261

<210> 343
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 343

atggcaattt cagttacaaa caatgcgtcc aaccccattg aagtcgcgat caatcattgg 60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga aagttgggac 120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgatgtcc gtgcagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag 240
ttaattttgc cggctagtta a 261

<210> 344
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 344

atggcaatta gtgttacaaa caatgcgtcc aaccccgttg aagtctcgat caatcattgg 60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga tagttgggac 120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgatgtcc gtgcagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag 240
ttaattgaac cgttaagtta a 261

<210> 345
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 345

atggcaatta gtgttacaaa caattcgtcc aaccccattg aagtcgcgat caatcattgg 60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga ctcttgggac 120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgatgtcc gtgcagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag 240
acattgctgc cgctctcgta a 261

<210> 346
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 346

atggcaatta gtgttacaaa caatgcgtcc aaccccattg aagtcgcgat caatcattgg 60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga aagttgggac 120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgatgtcc gtgcagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag 240
acattgctgc cgctctcgta a 261

<210> 347
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 347

atggcaatta gtgttacaaa cagtgcgtcc aaccccgttg aagtcgcgat caatcattgg 60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga aacttgggac 120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgatgtcc gtgcagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag 240
acattgctgc cgctctcgta a 261

<210> 348
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 348

atggcaatta gtgttacaaa caatgcgtcc aaccccattg aagtctcgat caatcattgg 60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga aacttgggac 120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgatgtcc gtgcagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag 240
acgcttgaac cgttaagtta a 261

<210> 349
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>

<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 349

```
atggcaattt cagttacaaa caatgcgtcc aaccccgtgg aagtcgccat caatcattgg       60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga ctcttgggac      120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgatgtcc gtgaagaaga atggcgcgca acacccttac      180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag      240
acgattttgc cgttaagtta a                                                261
```

<210> 350
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 350

```
atggcaattt cagttacaaa caatgcgtcc aaccccgttg aagtcgcgat caatcattgg       60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga tacttgggac      120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgatgtcc gtgcagaaga atggcgcgca acacccttac      180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag      240
acatttgtac cggtttctta a                                                261
```

<210> 351
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 351

```
atggcaatta ctgttacaaa cagtgcgtcc aaccccgttg aagtcgcgat caatcattgg       60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga tagttgggac      120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgatgtcc gtgcagaaga atggcgcgca acacccttac      180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag      240
acattgctgc cgctctcgta a                                                261
```

<210> 352
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 352

```
atggcaattt cagttacaaa caatgcgtcc aaccccgtgg aagtcgcgat caatcattgg       60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga tacttgggac      120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgatgtcc gtgcagaaga atggcgcgca acacccttac      180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag      240
acattgctgc cgctctcgta a                                                261
```

<210> 353
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 353

atggcaatta gtgttacaaa cagttcgtcc aaccccgttg aagtcgcgat caatcattgg 60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga ctcttgggac 120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgatgtcc gtgcagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag 240
acattgctgc cgctctcgta a 261

<210> 354
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 354

atggcaatta gtgttacaaa caatgcgtcc aaccccattg aagtcgcgat caatcattgg 60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga ctcttgggac 120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgatgtcc gtgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag 240
acattgctgc cgctctcgta a 261

<210> 355
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 355

atggcaattt cagttacaaa caatgcgtcc aaccccgttg aagtcgcgat caatcattgg 60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga aagttgggac 120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgatgtcc gtgcagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag 240
ttaattgaac cgttaagtta a 261

<210> 356
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 356

atggcaattt cagttacaaa caatgcgtcc aaccccgttg aagtcgcgat caatcattgg 60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga aagttgggac 120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgttgtcc gtgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag 240
ttaattgaac cgttaagtta a 261

<210> 357
<211> 261

<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 357

atggcaatta ctgttacaaa caatgcgtcc aaccccgttg aagtctcgat caatcattgg 60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga aagttgggac 120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgatgtcc gtgcagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag 240
acgcttttgc cgttaaatta a 261

<210> 358
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 358

atggcaatta ctgttacaaa cagtgcgtcc aaccccgttg aagtcgcgat caatcattgg 60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga tagttgggac 120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgatgtcc gtgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag 240
acattgctgc cgctctcgta a 261

<210> 359
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 359

atggcaattt cagttacaaa caatgcgtcc aaccccgttg aagtcgcgat caatcattgg 60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga aacttgggac 120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgttgtcc gtgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag 240
acattgctgc cgctctcgta a 261

<210> 360
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 360

atggcaatta gtgttacaaa caattcgtcc aaccccattg aagtcgcgat caatcattgg 60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga ctcttgggac 120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgatgtcc gtgcagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag 240
acgattgaac cgttaagtta a 261

<210> 361
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 361

```
atggcaattt cagttacaaa caatgcgtcc aaccccgttg aagtcgcgat caatcattgg      60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga tacttgggac     120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgatgtcc gtgaagaaga atggcgcgca acacccttac     180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag     240
ttacttttgc cgttaagtta a                                               261
```

<210> 362
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 362

```
atggcaattt cagttacaaa caatgcgtcc aaccccgtgg aagtcgccat caatcattgg      60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga aacttgggac     120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgatgtcc gtgcagaaga atggcgcgca acacccttac     180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag     240
acgattttgc cgttaaatta a                                               261
```

<210> 363
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 363

```
atggcaattt cagttacaaa caatgcgtcc aaccccgtgg aagtcgccat caatcattgg      60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga tagttgggac     120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgatgtcc gtgaagaaga atggcgcgca acacccttac     180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag     240
ttacttgaac cgttaagtta a                                               261
```

<210> 364
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 364

```
atggcaatta gtgttacaaa caatgcgtcc aaccccgttg aagtctcgat caatcattgg      60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga ctcttgggac     120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgatgtcc gtgcagaaga atggcgcgca acacccttac     180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag     240
ttacttgaac cgttaagtta a                                               261
```

<210> 365
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 365

```
atggcaatta gtgttacaaa cagttcgtcc aaccccgttg aagtctcgat caatcattgg      60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga ctcttgggac     120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgatgtcc gtgcagaaga atggcgcgca acacccttac     180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag     240
acgcttttgc cggctagtta a                                               261
```

<210> 366
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 366

```
atggcaattt cagttacaaa caatgcgtcc aaccccgttg aagtcgcgat caatcattgg      60
ggtacggacg gagacaccag cttcttttcc gtcgcaaacg gcaagcagga tagttgggac     120
aggtccgacc tgcgtggctt cgtgttgtcc gtgcagaaga atggcgcgca acacccttac     180
tacgttcttt ccaccagcaa tattgtcatt tatgatgaca aggtgacgga ttccggccag     240
acattgctgc cgctctcgta a                                               261
```

<210> 367
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 367

```
atgggtatta ccgttacaaa caactcgtcc ggcccgatcg aagtcgccat caatcattgg      60
ggtagcgacg gagacaccca attctttcct gtcggcagcg gcaagcagga atcttgggac     120
aggtccgacg atcgtggctt cgtgctttcc ctgaagaata atggcgcgca acacccttac     180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gagaacaact acgtgaaaga ttctggcgag     240
ttgatcctgc cgctctcgta a                                               261
```

<210> 368
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 368

atgggtatta ccgttacaaa caactcgtcc ggcgacatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccca attctttaag gtcgccccag gcaagcagga atcttgggac 120
aggtccgacg ctcgtggctt cgtgctttcc ctgaagaata atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gagaacaacg cggtgaaaga tcagggccag 240
ttgatcctgc cgctctcgta a 261

<210> 369
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 369

atgggtatta ccgttacaaa caactcgtcc ggcgacatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacacctc cttctttaag gtcgccccag gcaagcagga aacttgggac 120
aggtccgacg atcgtggctt cgtgctttcc ctgaagaata atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gagaacgact acgtgaaaga tcagggccag 240
ttgatcctgc cgctctcgta a 261

<210> 370
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 370

atgggtatta ccgttacaaa caacttgtcc aacgacatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccca attctttaag gtcggcccag gcaagcagga atcttgggac 120
aggtccgacg ctcgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gagaacgacg cggtgaaaga ttctggcgag 240
ttgatcctgc cgctctcgta a 261

<210> 371
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 371

atgggtatta ccgttacaaa cagctcgtcc ggcgacatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacacctc cttctttaag gtcggcagcg gcaagcagga atcttgggac 120
aggtccgacg atcgtggctt cgtgctttcc ctgaagaata atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gagaacaact acgtgaaaga ttctggcgag 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 372
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>

<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 372

atgggtatta ccgttacaaa caactcgtcc ggcccgatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccca attctttaag gtcgccccag gcaagcagga atcttgggac 120
aggtccgacg atcgtggctt cgtgctttcc ctgaagaata atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gagaacgacg cggtgaaaga ttctggcgag 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 373
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 373

atgggtatta ccgttacaaa cagctcgtcc ggcgacatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccca attctttaag gtcggcagcg gcaagcagga aacttgggac 120
aggtccgacg atcgtggctt cgtgctttcc ctgaagaata atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gagaacgacg cggtgaaaga ttctggccag 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 374
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 374

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagccgatcg aagcggccat caatcactgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca agcaccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 375
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 375

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aacccgatcg aagtggccat caatcactgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 376
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 376

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagccgatcg aagtggccat caatcactgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccag 240
ttgatccagc cgctctcgta a 261

<210> 377
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 377

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagccgatcg aagtggccat caatcactgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 378
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 378

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aacccgatcg aagcggccat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca agcaccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 379
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 379

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagccgatcg aagtggccat caatcactgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtt gacaacaaca ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 380
<211> 261

<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 380

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtggccat caatcactgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgt 240
ttgatccacc cggtgtctta a 261

<210> 381
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 381

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca agcaccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgt 240
ttgatccacc cggtgtctta a 261

<210> 382
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 382

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagccgatcg aagcggccat caatcactgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 383
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 383

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttagc gttggtagcg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg cctccagcaa aattgaagtt gacaacaaca ccgtgaaaga tcagggcgaa 240
ttgatcgagc cgctgtctta a 261

<210> 384
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 384

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca agcaccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgt 240
ttgatcgagc cggtgtctta a 261

<210> 385
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 385

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aacccgatcg aagtggccat caatcactgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgt 240
ttgatccacc cgctgtctta a 261

<210> 386
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 386

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagaaaatcg aagtggccat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca agcaccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 387
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 387

```
atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagccgatcg aagtggccat caatcactgg      60
ggtagcgacg gagacactag cttctttggc gttgataacg gcaagcagga atcctgggac     120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca acacccttac     180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaagtt gaaaacaaca ccgtgaaaga tcagggccgt     240
ttgatcgagc cggtggctta a                                               261
```

<210> 388
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 388

```
atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg      60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac     120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac     180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg     240
ttgatcgagc cgctctcgta a                                               261
```

<210> 389
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 389

```
atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aacccgatcg aagcggccat caataaatgg      60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttagc attgatagcg gcaagcagga atcctgggac     120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca acacccttac     180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg     240
ttgatcgagc cgctctcgta a                                               261
```

<210> 390
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 390

```
atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg      60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga atcctgggac     120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca acacccttac     180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg     240
ttgatcgagc cgctctcgta a                                               261
```

<210> 391
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 391

```
atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg       60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac      120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaca atggcgcgca acacccttac      180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg      240
ttgatcgagc cgctgtctta a                                                261
```

<210> 392
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 392

```
atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg       60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac      120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac      180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgt      240
ttgatccacc cgctgtctta a                                                261
```

<210> 393
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 393

```
atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aacaaaatcg aagtggccat caataaatgg       60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac      120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac      180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg      240
ttgatcgagc cgctctcgta a                                                261
```

<210> 394
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 394

```
atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aacccgatcg aagtggccat caatcactgg       60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttggc gttggtagcg gcaagcagga atcctgggac      120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac      180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg      240
ttgatcgagc cgctctcgta a                                                261
```

<210> 395
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>

<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 395

```
atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg       60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac      120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca agcaccttac      180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggcgaa      240
ttgatcgagc cggtgtctta a                                                261
```

<210> 396
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 396

```
atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg       60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac      120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac      180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgt      240
ttgatccacc cggtggctta a                                                261
```

<210> 397
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 397

```
atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagccgatcg aagcggccat caatcactgg       60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac      120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac      180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgt      240
ttgatccacc cgctgtctta a                                                261
```

<210> 398
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 398

```
atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagccgatcg aagtggccat caataaatgg       60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac      120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac      180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg      240
ttgatcgagc cgctctcgta a                                                261
```

<210> 399
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 399

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttggc attggtagcg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtt gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgt 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 400
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 400

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagaagatcg aagctgccat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccactagcaa aattgaaatt gaaaacaaca cggtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 401
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 401

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcgcgca agctccttac 180
tacgttcagg ccactagcaa aattgaaatt gaaaacaaca cggtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 402
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 402

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttggc attgacagcg gcaagcagga atcttgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 403
<211> 261

<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 403

```
atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagaagatcg aagctgccat caataaatgg      60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac     120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac     180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg     240
ttgatcgagc cgctctcgta a                                               261
```

<210> 404
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 404

```
atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagaagatcg aagctgccat caataaatgg      60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttggc attgacagcg gcaagcagga atcttgggac     120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac     180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg     240
ttgatcgagc cgctctcgta a                                               261
```

<210> 405
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 405

```
atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagaagatcg aagctgccat caataaatgg      60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac     120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagagta atggcgcgca acacccttac     180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg     240
ttgatcgagc cgctctcgta a                                               261
```

<210> 406
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 406

```
atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagaagatcg aagctgccat caataaatgg      60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga atcttgggac     120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcgcgca agctccttac     180
tacgttcagg ccactagcaa aattgaaatt gaaaacaaca cggtgaaaga tcagggccgg     240
ttgatcgagc cgctctcgta a                                               261
```

<210> 407
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 407

```
atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagaagatcg aagctgccat caataaatgg   60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttggc attgacagcg gcaagcagga atcttgggac  120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac  180
tacgttcagg ccactagcaa aattgaaatt gaaaacaaca cggtgaaaga tcagggccgg  240
ttgatcgagc cgctctcgta a                                            261
```

<210> 408
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 408

```
atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg   60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttggc attgacagcg gcaagcagga atcttgggac  120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcgcgca agctccttac  180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg  240
ttgatcgagc cgctctcgta a                                            261
```

<210> 409
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 409

```
atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg   60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga atcttgggac  120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac  180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg  240
ttgatcgagc cgctctcgta a                                            261
```

<210> 410
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 410

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagctgccat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 411
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 411

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcgcgca agctccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 412
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 412

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga atcttgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca agctccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 413
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 413

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcgcgca agctccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaaca cggtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 414
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 414

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 415
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 415

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagaagatcg aagctgccat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttggc attgacagcg gcaagcagga atcttgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcgcgca agctccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 416
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 416

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca agctccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 417
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 417

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttggc attgacagcg gcaagcagga atcttgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccactagcaa aattgaaatt gaaaacaaca cggtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 418
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>

<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 418

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagaagatcg aagctgccat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga atcttgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca agctccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg cggtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 419
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 419

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagaagatcg aagctgccat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttggc attgacagcg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcgcgca agctccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 420
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 420

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccactagcaa aattgaaatt gaaaacaaca cggtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 421
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 421

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcgcgca agctccttac 180
tacgttcagg ccactagcaa aattgaaatt gaaaacaaca cggtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 422
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 422

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagaagatcg aagctgccat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtagcg gcaagcagga atcttgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 423
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 423

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcgcgca agctccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaaatt gaaaacaaca cggtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 424
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 424

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttggc attgacagcg gcaagcagga atcttgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcgcgca agctccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaaca cggtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 425
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 425

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagaagatcg aagctgccat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcgcgca agctccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 426
<211> 261

<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 426

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagagta atggcgcgca agctccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 427
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 427

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagaagatcg aagctgccat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttggc attgacagcg gcaagcagga atcttgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcgcgca agctccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggcgaa 240
ttgatccacc cggtcgcata a 261

<210> 428
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 428

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagaagatcg aagctgccat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttggc attgacagcg gcaagcagga atcttgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcgcgca agctccttac 180
tacgttcagg ccactagcaa aattgaaatt gaaaacaaca cggtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 429
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 429

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtggccat caatcactgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggcgaa 240
ttgatcgagc cgctggctta a 261

<210> 430
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 430

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagccgatcg aagcggccat caatcactgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgt 240
ttgatcgagc cggtgtctta a 261

<210> 431
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 431

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtggccat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 432
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 432

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagccgatcg aagtggccat caatcactgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgt 240
ttgatccacc cggtgtctta a 261

<210> 4
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 433

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagccgatcg aagtggccat caatcactgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 434
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 434

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagccgatcg aagcggccat caatcactgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgt 240
ttgatccacc cggtggctta a 261

<210> 435
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 435

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagccgatcg aagtggccat caatcactgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca agcaccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggcgaa 240
ttgatcgagc cggtggctta a 261

<210> 436
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 436

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagaaaatcg aagcggccat caatcactgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 437
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 437

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagccgatcg aagtggccat caatcactgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggcgaa 240
ttgatcgagc cgctggctta a 261

<210> 438
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 438

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagccgatcg aagcggccat caatcactgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 439
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 439

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagccgatcg aagcggccat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 440
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 440

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aacaaaatcg aagtggccat caatcactgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 441
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>

<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 441

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aacaaaatcg aagcggccat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 442
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 442

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aacaaaatcg aagcggccat caatcactgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 443
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 443

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aacccgatcg aagcggccat caatcactgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 444
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 444

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggcgaa 240
ttgatcgagc cgctgtctta a 261

<210> 445
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 445

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aacccgatcg aagtggccat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 446
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 446

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgt 240
ttgatccacc cggtgtctta a 261

<210> 447
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 447

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttagc gttggtagcg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 448
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 448

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttggc attgatagcg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 449
<211> 261

<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 449

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttagc attgataacg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggcgaa 240
ttgatcgagc cggtgtctta a 261

<210> 450
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 450

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggcgaa 240
ttgatcgagc cgctggctta a 261

<210> 451
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 451

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttggc gttggtagcg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggcgaa 240
ttgatcgagc cgctggctta a 261

<210> 452
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 452

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttagc gttgataacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggcgaa 240
ttgatccacc cgctgtctta a 261

<210> 453
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 453

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttggc attgatagcg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 454
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 454

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttggc gttggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 455
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 455

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttagc gttggtagcg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggcgaa 240
ttgatcgagc cgctggctta a 261

<210> 456
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 456

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttggc gttggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 457
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 457

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttggc attgatagcg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 458
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 458

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcaca atggcgcgca acccccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgt 240
ttgatccacc cgctcgctta a 261

<210> 459
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 459

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttagc gttgatagcg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgt 240
ttgatcgagc cggtggctta a 261

<210> 460
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 460

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttagc gttggtagcg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 461
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 461

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttagc gttggtagcg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca agcaccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggcgaa 240
ttgatcgagc cgctgtctta a 261

<210> 462
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 462

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttggc attggtagcg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca agcaccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggcgaa 240
ttgatcgagc cggtgtctta a 261

<210> 463
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 463

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttagc gttgataacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 464
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>

<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 464

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttggc gttgatagcg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgt 240
ttgatcgagc cggtggctta a 261

<210> 465
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 465

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttggc attggtaacg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 466
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 466

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttggc gttgatagcg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca agcaccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 467
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 467

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttggc gttggtagcg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca agcaccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 468
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 468

atgggtatta ccgttacaaa caaatcgtcc aaaaaaatcg aagctagcat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca agcaccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcatggcgaa 240
accatccacc cggtagcata a 261

<210> 469
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 469

atgggtatta ccgttacaaa caaatcgtcc aaaaaaatcg aagctagcat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcactca agcaccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcatggcgaa 240
accatccacc cggtagcata a 261

<210> 470
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 470

atgggtatta ccgttacaaa caaatcgtcc aaaaaaatcg aagctagcat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca agcaccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcatggcgaa 240
accatccacc cggtagcata a 261

<210> 471
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 471

atgggtatta ccgttacaaa caaatcgtcc aaaaaaatcg aagctagcat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca agcaccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcagggccgt 240
ttgatccacc cggtgtctta a 261

<210> 472
<211> 261

<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 472

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagccgatcg aagcggccat caatcactgg 60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcatggcgaa 240
accatccacc cggtagcata a 261

<210> 473
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 473

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagccgatcg aagcggccat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca agcaccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcatggcgaa 240
accatccacc cggtagcata a 261

<210> 474
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 474

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagccgatcg aagcggccat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcgcgca agcaccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcagggcgaa 240
ttgatccacc cggtgtctta a 261

<210> 475
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 475

atgggtatta ccgttacaaa caaatcgtcc aaaaaaatcg aagctagcat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcatggcgaa 240
ttgatcgagc cggtggctta a 261

<210> 476
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 476

atgggtatta ccgttacaaa caaatcgtcc aaaaaaatcg aagctagcat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcatggcgaa 240
accatccacc cggtagcata a 261

<210> 477
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 477

atgggtatta ccgttacaaa caaatcgtcc aaaaaaatcg aagctagcat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcactca agcaccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcagggcgaa 240
ttgatcgagc cgctggctta a 261

<210> 478
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 478

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aacaaaatcg aagcggccat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcactca agcaccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcatggcgaa 240
accatccacc cggtagcata a 261

<210> 479
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 479

atgggtatta ccgttacaaa caaatcgtcc aaaaaaatcg aagctagcat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca agcaccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcagggcgaa 240
ttgatccacc cggtggctta a 261

<210> 480
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 480

atgggtatta ccgttacaaa caaatcgtcc aaaaaaatcg aagctagcat caataaatgg 60
ggtagagacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcactca agcaccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcagggccgt 240
ttgatccacc cggtggctta a 261

<210> 481
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 481

atgggtatta ccgttacaaa caaatcgtcc aaaaaaatcg aagctagcat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttagc attggtagcg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcatggcgaa 240
accatccacc cggtagcata a 261

<210> 482
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 482

atgggtatta ccgttacaaa caaatcgtcc aaaaaaatcg aagctagcat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttggc gttggtagcg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcactca agcaccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcatggcgaa 240
accatccacc cggtagcata a 261

<210> 483
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 483

```
atgggtatta ccgttacaaa caaatcgtcc aaaaaaatcg aagctagcat caataaatgg      60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttggc gttgatagcg gcaagcagga aacctgggac     120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcactca agcaccttac     180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcatggcgaa     240
accatccacc cggtagcata a                                               261
```

<210> 484
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 484

```
atgggtatta ccgttacaaa caaatcgtcc aaaaaaatcg aagctagcat caataaatgg      60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttggc gttgatagcg gcaagcagga atcctgggac     120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcactca agcaccttac     180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcatggcgaa     240
accatccacc cggtagcata a                                               261
```

<210> 485
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 485

```
atgggtatta ccgttacaaa caaatcgtcc aaaaaaatcg aagctagcat caataaatgg      60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga atcctgggac     120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcactca agcaccttac     180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcatggcgaa     240
accatccacc cggtagcata a                                               261
```

<210> 486
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 486

```
atgggtatta ccgttacaaa caaatcgtcc aaaaaaatcg aagctagcat caataaatgg      60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttggc gttggtagcg gcaagcagga atcctgggac     120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcactca agcaccttac     180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcatggcgaa     240
accatccacc cggtagcata a                                               261
```

<210> 487
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>

<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 487

atgggtatta ccgttacaaa caaatcgtcc aaaaaaatcg aagctagcat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttagc attgatagcg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccaccaacaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcatggcgaa 240
accatccacc cggtagcata a 261

<210> 488
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 488

atgggtatta ccgttacaaa caaatcgtcc aaaaaaatcg aagctagcat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcactca agcaccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcatggcgaa 240
accatccacc cggtagcata a 261

<210> 489
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 489

atgggtatta ccgttacaaa caaatcgtcc aaaaaaatcg aagctagcat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca agcaccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcatggcgaa 240
accatccacc cggtagcata a 261

<210> 490
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 490

atgggtatta ccgttacaaa caaatcgtcc aaaaaaatcg aagctagcat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca agcaccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcagggcgaa 240
ttgatccacc cggtgtctta a 261

<210> 491
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 491

atgggtatta ccgttacaaa caaatcgtcc aaaaaaatcg aagctagcat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc gttggtagcg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcactca agcaccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcagggcgaa 240
ttgatcgagc cgctgtctta a 261

<210> 492
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 492

atgggtatta ccgttacaaa caaatcgtcc aaaaaaatcg aagctagcat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttggc gttgatagcg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcatggcgaa 240
accatccacc cggtagcata a 261

<210> 493
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 493

atgggtatta ccgttacaaa caaatcgtcc aaaaaaatcg aagctagcat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcagggcgaa 240
ttgatccacc cggtggctta a 261

<210> 494
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 494

atgggtatta ccgttacaaa caaatcgtcc aaaaaaatcg aagctagcat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttagc gttggtagcg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca agcaccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcatggcgaa 240
accatccacc cggtagcata a 261

<210> 495
<211> 261

<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 495

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aacccgatcg aagtggccat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcatggcgaa 240
accatccacc cggtagcata a 261

<210> 496
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 496

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aacaaaatcg aagcggccat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcgcgca agcaccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcatggcgaa 240
accatccacc cggtagcata a 261

<210> 497
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 497

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aacccgatcg aagtggccat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcactca agcaccttac 180
tacgttcagg cctccagcaa aattgaaatt gaaaacaacg ccgtgaaaga tcagggcgaa 240
accatccacc cggtagcata a 261

<210> 498
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 498

atgggtatta ccgttacaaa caaatcgtcc aaaaaaatcg aagctagcat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca agcaccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcagggcgaa 240
ttgatccacc cgctggctta a 261

<210> 499
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 499

```
atgggtatta ccgttacaaa caaatcgtcc aaaaaaatcg aagctagcat caataaatgg   60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga atcctgggac  120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca acacccttac  180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcatggcgaa  240
accatccacc cggtagcata a                                            261
```

<210> 500
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 500

```
atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagaaaatcg aagcggccat caataaatgg   60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga atcctgggac  120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac  180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcatggcgaa  240
accatccacc cggtagcata a                                            261
```

<210> 501
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 501

```
atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagccaatcg aagcggccat caatcactgg   60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga atcctgggac  120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca agcaccttac  180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcatggcgaa  240
accatccacc cggtagcata a                                            261
```

<210> 502
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 502

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagccgatcg aagcggccat caatcactgg 60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcactca agcaccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcatggcgaa 240
accatccacc cggtagcata a 261

<210> 503
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 503

atgggtatta ccgttacaaa caaatcgtcc aaaaaaatcg aagctagcat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttggc attgatagcg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca agcaccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcatggcgaa 240
accatccacc cggtagcata a 261

<210> 504
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 504

atgggtatta ccgttacaaa caaatcgtcc aaaaaaatcg aagctagcat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaagtt gaaaacaacg ccgtgaaaga tcatggcgaa 240
accatccacc cggtagcata a 261

<210> 505
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 505

atgggtatta ccgttacaaa caaatcgtcc aaaaaaatcg aagctagcat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gacaacaaca ccgtgaaaga tcatggcgaa 240
accatccacc cggtagcata a 261

<210> 506
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 506

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagaaaatcg aagcggccat caatcactgg 60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcactca agcaccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcatggcgaa 240
accatccacc cggtagcata a 261

<210> 507
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 507

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagccgatcg aagcggccat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcgcgca agcaccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcagggccgt 240
ttgatccacc cgctgtctta a 261

<210> 508
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 508

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagccgatcg aagcggccat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttagc gttgatagcg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca agcaccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcatggcgaa 240
accatccacc cggtagcata a 261

<210> 509
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 509

atgggtatta ccgttacaaa caaatcgtcc aaaaaaatcg aagcggccat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttggc gttggtagcg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcactca agcaccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcatggcgaa 240
accatccacc cggtggctta a 261

<210> 510
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>

<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 510

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aacccgatcg aagtggccat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc attggtagcg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcatggcgaa 240
accatccacc cggtagcata a 261

<210> 511
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 511

atgggtatta ccgttacaaa caaatcgtcc aaaaaaatcg aagctagcat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagagca atggcgcgca agcaccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcatggcgaa 240
accatccacc cggtagcata a 261

<210> 512
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 512

atgggtatta ccgttacaaa caaatcgtcc aaaaaaatcg aagctagcat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttggc gttggtagcg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcagggcgaa 240
accatccacc cggtagcata a 261

<210> 513
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 513

atgggtatta ccgttacaaa caaatcgtcc aaaaaaatcg aagcggccat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg cctccagcaa aattgaaatt gaaaacaaca ccgtgaaaga tcatggcgaa 240
accatccacc cggtagcata a 261

<210> 514
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 514

atgggtatta ccgttacaaa caaatcgtcc aaaaaaatcg aagctagcat caatcactgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttggc atcgatagcg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcatggcgaa 240
accatccacc cggtagcata a 261

<210> 515
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 515

atgggtatta ccgttacaaa caaatcgtcc aaaaaaatcg aagctagcat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgt 240
ttgatcgagc cggtggctta a 261

<210> 516
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 516

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagccgatcg aagtggccat caatcactgg 60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcactca agcaccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcatggcgaa 240
accatccacc cggtagcata a 261

<210> 517
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 517

atgggtatta ccgttacaaa caaatcgtcc aaaaaaatcg aagcggccat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcatggcgaa 240
accatccacc cggtagcata a 261

<210> 518
<211> 261

<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 518

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagccgatcg aagcggccat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca agcaccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcatggcgaa 240
accatccacc cggtagcata a 261

<210> 519
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 519

atgggtatta ccgttacaaa caaatcgtcc aaaaaaatcg aagctagcat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcagggcgaa 240
ttgatccacc cggtgtctta a 261

<210> 520
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 520

atgggtatta ccgttacaaa caaatcgtcc aaaaaaatcg aagctagcat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcatggcgaa 240
accatccacc cggtagcata a 261

<210> 521
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 521

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagaaaatcg aagtggccat caatcactgg 60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcactca agcaccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcatggcgaa 240
accatccacc cggtagcata a 261

<210> 522
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 522

```
atgggtatta ccgttacaaa caaatcgtcc aaaaaaatcg aagctagcat caataaatgg   60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga atcctgggac  120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac  180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcatggcgaa  240
accatccacc cggtagcata a                                            261
```

<210> 523
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 523

```
atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagaaaatcg aagtggccat caataaatgg   60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga atcctgggac  120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca acacccttac  180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcatggcgaa  240
accatccacc cggtagcata a                                            261
```

<210> 524
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 524

```
atgggtatta ccgttacaaa caaatcgtcc aaaaaaatcg aagctagcat caatcactgg   60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga atcctgggac  120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac  180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcatggcgaa  240
accatccacc cggtagcata a                                            261
```

<210> 525
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 525

```
atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aagaaaatcg aagtggccat caataaatgg   60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga atcctgggac  120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac  180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcatggcgaa  240
accatccacc cggtagcata a                                            261
```

<210> 526
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 526

```
atgggtatta ccgttacaaa caaatcgtcc aaaaaaatcg aagctagcat caataaatgg   60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga aacctgggac  120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca agcaccttac  180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcatggcgaa  240
accatccacc cggtagcata a                                            261
```

<210> 527
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 527

```
atgggtatta ccgttacaaa caaatcgtcc aaaaaaatcg aagtggccat caatcactgg   60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga atcctgggac  120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgca atggcgcgca acacccttac  180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcatggcgaa  240
accatccacc cggtagcata a                                            261
```

<210> 528
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 528

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

<210> 529
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 529

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

<210> 530
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 530

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

<210> 531
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 531

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

<210> 532
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 532

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

<210> 533
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 533

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

<210> 534
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 534

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

<210> 535
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 535

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

<210> 536
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 536

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

<210> 537
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 537

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

<210> 538
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 538

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

<210> 539
<211> 86

<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 539

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

<210> 540
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 540

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

<210> 541
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 541

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

<210> 542
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 542

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

<210> 543
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 543

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

<210> 544
<211> 86

<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 544

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

<210> 545
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 545

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

<210> 546
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 546

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

<210> 547
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 547

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

<210> 548
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 548

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

<210> 549
<211> 86

<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 549

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

<210> 550
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 550

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

<210> 551
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 551

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

<210> 552
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 552

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

<210> 553
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 553

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

<210> 554

<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 554

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

<210> 555
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 555

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

<210> 556
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 556

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

<210> 557
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 557

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

<210> 558
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 558

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

<210> 559
<211> 86
<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 559

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

<210> 560
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 560

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

<210> 561
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 561

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

<210> 562
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 562

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

<210> 563
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 563

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

<210> 564
<211> 86
<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 564

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

<210> 565
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 565

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

<210> 566
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 566

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

<210> 567
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 567

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

<210> 568
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 568

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

<210> 569
<211> 86

<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 569

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

<210> 570
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 570

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

<210> 571
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 571

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

<210> 572
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 572

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

<210> 573
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 573

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

<210> 574
<211> 86

<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 574

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

<210> 575
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 575

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

<210> 576
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 576

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

<210> 577
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 577

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

<210> 578
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 578

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

<210> 579

<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 579

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

<210> 580
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 580

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

<210> 581
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 581

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

<210> 582
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 582

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

<210> 583
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 583

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

<210> 584
<211> 86
<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 584

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

<210> 585
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 585

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

<210> 586
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 586

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

<210> 587
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 587

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

<210> 588
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 588

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

<210> 589
<211> 86
<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 589

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

<210> 590
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 590

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

<210> 591
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 591

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

<210> 592
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 592

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

<210> 593
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 593

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

<210> 594
<211> 86

<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 594

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

<210> 595
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 595

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

<210> 596
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 596

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

<210> 597
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 597

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

<210> 598
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 598

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

<210> 599
<211> 86

<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 599

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

<210> 600
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 600

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

<210> 601
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 601

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

<210> 602
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 602

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

<210> 603
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 603

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

<210> 604
<211> 86
<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 604

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

<210> 605
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 605

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

<210> 606
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 606

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

<210> 607
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 607

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

<210> 608
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 608

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

<210> 609

<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 609

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

<210> 610
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 610

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

<210> 611
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 611

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

<210> 612
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 612

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

<210> 613
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 613

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

<210> 614
<211> 86

<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 614

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

<210> 615
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 615

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

<210> 616
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 616

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

<210> 617
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 617

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

<210> 618
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 618

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

<210> 619

<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 619

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

<210> 620
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 620

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

<210> 621
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 621

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

<210> 622
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 622

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

<210> 623
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 623

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

<210> 624
<211> 86

<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 624

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

<210> 625
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 625

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

<210> 626
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 626

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

<210> 627
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 627

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

<210> 628
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 628

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

<210> 629

<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 629

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

<210> 630
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 630

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

<210> 631
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 631

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

<210> 632
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 632

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

<210> 633
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 633

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

<210> 634
<211> 86

<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 634

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

<210> 635
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 635

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

<210> 636
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 636

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

<210> 637
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 637

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

<210> 638
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 638

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

<210> 639
<211> 86
<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 639

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

<210> 640
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 640

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

<210> 641
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 641

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

<210> 642
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 642

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

<210> 643
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 643

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

<210> 644

<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 644

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

<210> 645
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 645

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

<210> 646
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 646

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

<210> 647
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 647

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

<210> 648
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 648

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

<210> 649
<211> 86
<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 649

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

<210> 650
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 650

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

<210> 651
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 651

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

<210> 652
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 652

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

<210> 653
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 653

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

<210> 654
<211> 86

<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 654

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

<210> 655
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 655

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

<210> 656
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 656

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

<210> 657
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 657

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

<210> 658
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 658

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

<210> 659
<211> 86

<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 659

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

<210> 660
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 660

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

<210> 661
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 661

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

<210> 662
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 662

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

<210> 663
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 663

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

<210> 664
<211> 86
<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 664

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

<210> 665
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 665

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

<210> 666
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 666

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

<210> 667
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 667

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

<210> 668
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 668

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

<210> 669
<211> 86
<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 669

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

<210> 670
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 670

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

<210> 671
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 671

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

<210> 672
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 672

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

<210> 673
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 673

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

<210> 674
<211> 86

<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 674

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

<210> 675
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 675

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

<210> 676
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 676

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

<210> 677
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 677

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

<210> 678
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 678

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

<210> 679

<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 679

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

<210> 680
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 680

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

<210> 681
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 681

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

<210> 682
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 682

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

<210> 683
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 683

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

<210> 684
<211> 86

<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 684

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

<210> 685
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 685

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

<210> 686
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 686

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

<210> 687
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 687

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

<210> 688
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 688

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

<210> 689
<211> 86
<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 689

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

<210> 690
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 690

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

<210> 691
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 691

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

<210> 692
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 692

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

<210> 693
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 693

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

<210> 694
<211> 86
<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 694

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

<210> 695
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 695

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

<210> 696
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 696

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

<210> 697
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 697

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

<210> 698
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 698

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

<210> 699
<211> 86

<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 699

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

<210> 700
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 700

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

<210> 701
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 701

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

<210> 702
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 702

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

<210> 703
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 703

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

<210> 704
<211> 86

<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 704

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

<210> 705
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 705

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

<210> 706
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 706

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

<210> 707
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 707

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

<210> 708
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 708

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

<210> 709
<211> 86

<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 709

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

<210> 710
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 710

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

<210> 711
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 711

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

<210> 712
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 712

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

<210> 713
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 713

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

<210> 714
<211> 86

<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 714

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

<210> 715
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 715

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

<210> 716
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 716

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

<210> 717
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 717

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

<210> 718
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 718

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

<210> 719
<211> 86

<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 719

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

<210> 720
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 720

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

<210> 721
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 721

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

<210> 722
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 722

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

<210> 723
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 723

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

<210> 724
<211> 86

<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 724

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

<210> 725
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 725

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

<210> 726
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 726

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

<210> 727
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 727

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

<210> 728
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 728

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

<210> 729
<211> 86
<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 729

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

<210> 730
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 730

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

<210> 731
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 731

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

<210> 732
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 732

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

<210> 733
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 733

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

<210> 734
<211> 86

<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 734

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

<210> 735
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 735

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

<210> 736
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 736

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

<210> 737
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 737

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

<210> 738
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 738

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

<210> 739

<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 739

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

<210> 740
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 740

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

<210> 741
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 741

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

<210> 742
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 742

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

<210> 743
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 743

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

<210> 744
<211> 86
<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 744

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

<210> 745
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 745

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

<210> 746
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 746

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

<210> 747
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 747

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

<210> 748
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 748

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

<210> 749
<211> 86

<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 749

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

<210> 750
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 750

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

<210> 751
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 751

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

<210> 752
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 752

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

<210> 753
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 753

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

<210> 754

<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 754

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

<210> 755
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 755

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

<210> 756
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 756

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

<210> 757
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 757

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

<210> 758
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 758

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

<210> 759
<211> 86

<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 759

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

<210> 760
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 760

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

<210> 761
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 761

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

<210> 762
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 762

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

<210> 763
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 763

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

<210> 764
<211> 86

<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 764

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

<210> 765
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 765

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

<210> 766
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 766

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

<210> 767
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 767

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

<210> 768
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 768

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

<210> 769
<211> 261
<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 769

```
atgggtatta ccgttaccaa caaatcatcg aaaaaaattg aagcctcgat caacaaatgg       60
ggtagcgacg gcgacaccaa gttcttcgga atcgatagcg gcaagcagga aagctgggac      120
cgatcagacg accgtggctt tgtgctgtca ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac      180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg      240
ttgatcgagc cgctctcgta a                                                261
```

<210> 770
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 770

```
atgggtatta ccgttaccaa caaatcatcg aaaaaaattg aagcctcgat caacaaatgg       60
ggtagcgacg gcgacaccaa gttcttcgga atcgatagcg gcaagcagga aagctgggac      120
cgatcagacg accgtggctt tgtgctgtca ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac      180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga ccacggcgaa      240
accatccacc cggtcgcgta a                                                261
```

<210> 771
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 771

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

<210> 772
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 772

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

    50                  55                  60
Ser Ser Lys Ile Glu Val Asp Asn Asn Ala Val Lys Asp His Gly Glu
65                  70                  75                  80
Thr Ile His Pro Val Ala
                85
```

<210> 773
<211> 81
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (29)..(29)
<223> s es g o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)
<223> v es a, g o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (52)..(52)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (55)..(55)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (61)..(61)
<223> m es a o c

<400> 773

```
gtcggtaacg gcaagcagtg cggttgggsc aggavcgacg cacgtggctt crtcmtgtgt       60
mtgaagaaga atggcgcgca a                                                 81
```

<210> 774
<211> 81
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>

<221> misc_feature
<222> (29)..(29)
<223> s es g o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (45)..(45)
<223> v es a, c o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (52)..(52)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (55)..(55)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (58)..(58)
<223> d es a, g o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (61)..(61)
<223> m es a o c

<400> 774

gtcggtaacg gcaagcagtg cggttgggsc aggavcgacg cacgtggctt crtcmtgdcc 60
mtgaagaaga atggcgcgca a 81

<210> 775
<211> 81
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (29)..(29)
<223> s es g o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)
<223> v es a, c o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (41)..(41)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (52)..(52)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature

<222> (55)..(55)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (61)..(61)
<223> m es a o c

<400> 775

gtcggtaacg gcaagcagtg cggttgggsc aggavcgaca rccgtggctt crtcmtgtgt 60
mtgaagaaga atggcgcgca a 81

<210> 776
<211> 81
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (29)..(29)
<223> s es g o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)
<223> v es a, c o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (41)..(41)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (52)..(52)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (55)..(55)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (58)..(58)
<223> d es a, g o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (61)..(61)
<223> m es a o c

<400> 776

gtcggtaacg gcaagcagtg cggttgggsc aggavcgaca rccgtggctt crtcmtgdcc 60
mtgaagaaga atggcgcgca a 81

<210> 777
<211> 81

<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (30)..(30)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)
<223> v es a, c o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (52)..(52)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (55)..(55)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (61)..(61)
<223> m es a o c

<400> 777

gtcggtaacg gcaagcagtg cggttgggaw aggavcgacg cacgtggctt crtcmtgtgt 60
mtgaagaaga atggcgcgca a 81

<210> 778
<211> 81
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (30)..(30)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)
<223> v es a, c o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (52)..(52)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (55)..(55)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (58)..(58)
<223> d es a, g o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (61)..(61)
<223> m es a o c

<400> 778

gtcggtaacg gcaagcagtg cggttgggaw aggavcgacg cacgtggctt crtcmtgdcc 60
mtgaagaaga atggcgcgca a 81

<210> 779
<211> 81
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (30)..(30)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)
<223> v es a, c o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (41)..(41)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (52)..(52)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (55)..(55)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (61)..(61)
<223> m es a o c

<400> 779

gtcggtaacg gcaagcagtg cggttgggaw aggavcgaca rccgtggctt crtcmtgtgt 60
mtgaagaaga atggcgcgca a 81

<210> 780
<211> 81
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (30)..(30)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)
<223> v es a, c o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (41)..(41)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (52)..(52)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (55)..(55)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (58)..(58)
<223> d es a, g o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (61)..(61)
<223> m es a o c

<400> 780

gtcggtaacg gcaagcagtg cggttgggaw aggavcgaca rccgtggctt crtcmtgdcc 60
mtgaagaaga atggcgcgca a 81

<210> 781
<211> 81
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (29)..(29)
<223> s es g o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)

<223> v es a, c o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (52)..(52)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (55)..(55)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (61)..(61)
<223> m es a o c

<400> 781

gtcggtaacg gcaagcagtg cwcttgggsc aggavcgacg cacgtggctt crtcmtgtgt 60
mtgaagaaga atggcgcgca a 81

<210> 782
<211> 81
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (29)..(29)
<223> s es g o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)
<223> v es a, c o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (52)..(52)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (55)..(55)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (58)..(58)
<223> d es a, g o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (61)..(61)
<223> m es a o c

<400> 782

gtcggtaacg gcaagcagtg cwcttgggsc aggavcgacg cacgtggctt crtcmtgdcc 60
mtgaagaaga atggcgcgca a 81

<210> 783
<211> 81
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (29)..(29)
<223> s es g o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)
<223> v es a, c o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (41)..(41)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (52)..(52)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (55)..(55)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (61)..(61)
<223> m es a o c

<400> 783

gtcggtaacg gcaagcagtg cwcttgggsc aggavcgaca rccgtggctt crtcmtgtgt 60
mtgaagaaga atggcgcgca a 81

<210> 784
<211> 81
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>

<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (29)..(29)
<223> s es g o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)
<223> v es a, c o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (41)..(41)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (52)..(52)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (55)..(55)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (58)..(58)
<223> d es a, g o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (61)..(61)
<223> m es a o c

<400> 784

gtcggtaacg gcaagcagtg cwcttgggsc aggavcgaca rccgtggctt crtcmtgdcc 60
mtgaagaaga atggcgcgca a 81

<210> 785
<211> 81
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (30)..(30)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature

<222> (35)..(35)
<223> v es a, c o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (52)..(52)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (55)..(55)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (61)..(61)
<223> m es a o c

<400> 785

gtcggtaacg gcaagcagtg cwcttgggaw aggavcgacg cacgtggctt crtcmtgtgt 60
mtgaagaaga atggcgcgca a 81

<210> 786
<211> 81
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (30)..(30)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)
<223> v es a, c o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (52)..(52)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (55)..(55)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (58)..(58)
<223> d es a, g o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (61)..(61)

<223> m es a o c

<400> 786

gtcggtaacg gcaagcagtg cwcttgggaw aggavcgacg cacgtggctt crtcmtgdcc 60
mtgaagaaga atggcgcgca a 81

<210> 787
<211> 81
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (30)..(30)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)
<223> v es a, c o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (41)..(41)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (52)..(52)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (55)..(55)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (61)..(61)
<223> m es a o c

<400> 787

gtcggtaacg gcaagcagtg cwcttgggaw aggavcgaca rccgtggctt crtcmtgtgt 60
mtgaagaaga atggcgcgca a 81

<210> 788
<211> 81
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>

<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (30)..(30)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)
<223> v es a, c o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (41)..(41)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (52)..(52)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (55)..(55)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (58)..(58)
<223> d es a, g o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (61)..(61)
<223> m es a o c

<400> 788

gtcggtaacg gcaagcagtg cwcttgggaw aggavcgaca rccgtggctt crtcmtgdcc 60
mtgaagaaga atggcgcgca a 81

<210> 789
<211> 81
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature

<222> (29)..(29)
<223> s es g o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)
<223> v es a, c o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (52)..(52)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (55)..(55)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (61)..(61)
<223> m es a o c

<400> 789

gtcggtaacg gcaagcaggw wggttgggsc aggavcgacg cacgtggctt crtcmtgtgt 60
mtgaagaaga atggcgcgca a 81

<210> 790
<211> 81
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (29)..(29)
<223> s es g o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)
<223> v es a, c o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (52)..(52)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (55)..(55)

<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (58)..(58)
<223> d es a, g o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (61)..(61)
<223> m es a o c

<400> 790

gtcggtaacg gcaagcaggw wggttgggsc aggavcgacg cacgtggctt crtcmtgdcc 60
mtgaagaaga atggcgcgca a 81

<210> 791
<211> 81
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (29).. (29)
<223> s es g o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)
<223> v es a, c o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (41)..(41)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (52)..(52)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (55)..(55)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (61)..(61)
<223> m es a o c

<400> 791

gtcggtaacg gcaagcaggw wggttgggsc aggavcgaca rccgtggctt crtcmtgtgt 60
mtgaagaaga atggcgcgca a 81

<210> 792
<211> 81
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (29)..(29)
<223> s es g o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)
<223> v es a, c o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (41)..(41)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (52)..(52)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (55)..(55)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (58)..(58)
<223> d es a, c o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (61)..(61)
<223> m es a o c

<400> 792

gtcggtaacg gcaagcaggw wggttgggsc aggavcgaca rccgtggctt crtcmtgdcc 60
mtgaagaaga atggcgcgca a 81

<210> 793
<211> 81
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (30)..(30)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)
<223> v es a, c o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (52)..(52)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (55)..(55)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (61)..(61)
<223> m es a o c

<400> 793

gtcggtaacg gcaagcaggw wggttgggaw aggavcgacg cacgtggctt crtcmtgtgt 60
mtgaagaaga atggcgcgca a 81

<210> 794
<211> 81
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (30)..(30)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)
<223> v es a, c o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (52)..(52)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (55)..(55)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (58)..(58)
<223> d es a, c o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (61)..(61)
<223> m es a o c

<400> 794

gtcggtaacg gcaagcaggw wggttgggaw aggavcgacg cacgtggctt crtcmtgdcc 60
mtgaagaaga atggcgcgca a 81

<210> 795
<211> 81
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (30)..(30)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)
<223> v es a, c o g

<220>

<221> misc_feature
<222> (41)..(41)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (52)..(52)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (55)..(55)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (61)..(61)
<223> m es a o c

<400> 795

gtcggtaacg gcaagcaggw wggttgggaw aggavcgaca rccgtggctt crtcmtgtgt 60
mtgaagaaga atggcgcgca a 81

<210> 796
<211> 81
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (30)..(30)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)
<223> v es a, c o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (41)..(41)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (52)..(52)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature

<222> (55)..(55)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (58)..(58)
<223> d es a, g o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (61)..(61)
<223> m es a o c

<400> 796

gtcggtaacg gcaagcaggw wggttgggaw aggavcgaca rccgtggctt crtcmtgdcc 60
mtgaagaaga atggcgcgca a 81

<210> 797
<211> 81
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (29)..(29)
<223> s es g o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)
<223> v es a, c o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (52)..(52)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (55)..(55)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (61)..(61)
<223> m es a o c

<400> 797

gtcggtaacg gcaagcaggw wwcttgggsc aggavcgacg cacgtggctt crtcmtgtgt 60
mtgaagaaga atggcgcgca a 81

<210> 798
<211> 81
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (29)..(29)
<223> s es g o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)
<223> v es a, c o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (52)..(52)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (55)..(55)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (58)..(58)
<223> d es a, g o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (61)..(61)
<223> m es a o c

<400> 798

gtcggtaacg gcaagcaggw wwcttgggsc aggavcgacg cacgtggctt crtcmtgdcc 60
mtgaagaaga atggcgcgca a 81

<210> 799
<211> 81
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (29)..(29)
<223> s es g o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)
<223> v es a, c o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (41)..(41)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (52)..(52)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (55)..(55)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (61)..(61)
<223> m es a o c

<400> 799

gtcggtaacg gcaagcaggw wwcttgggsc aggavcgaca rccgtggctt crtcmtgtgt 60
mtgaagaaga atggcgcgca a 81

<210> 800
<211> 81
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(29)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (29)..(29)
<223> s es g o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)
<223> v es a, c o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (41)..(41)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (52)..(52)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (55)..(55)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (58)..(58)
<223> d es a, g o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (61)..(61)
<223> m es a o c

<400> 800

gtcggtaacg gcaagcaggw wwcttgggsc aggavcgaca rccgtggctt crtcmtgdcc 60
mtgaagaaga atggcgcgca a 81

<210> 801
<211> 81
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(212)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (30)..(30)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)
<223> v es a, c o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (52)..(52)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (55)..(55)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (61)..(61)
<223> m es a o c

<400> 801

gtcggtaacg gcaagcaggw wwcttgggaw aggavcgacg cacgtggctt crtcmtgtgt 60
mtgaagaaga atggcgcgca a 81

<210> 802
<211> 81
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature

<222> (22)..(22)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (30)..(30)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)
<223> v es a, c o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (52)..(52)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (55)..(55)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (58)..(58)
<223> d es a, g o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (61)..(61)
<223> m es a o c

<400> 802

gtcggtaacg gcaagcaggw wwcttgggaw aggavcgacg cacgtggctt crtcmtgdcc 60
mtgaagaaga atggcgcgca a 81

<210> 803
<211> 81
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (30)..(30)

<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)
<223> v es a, c o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (41)..(41)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (52)..(52)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (55)..(55)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (61)..(61)
<223> m es a o c

<400> 803

gtcggtaacg gcaagcaggw wwcttgggaw aggavcgaca rccgtggctt crtcmtgtgt 60
mtgaagaaga atggcgcgca a 81

<210> 804
<211> 81
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (30)..(30)
<223> w es a o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)
<223> v es a, c o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (41)..(41)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (52)..(52)
<223> r es a o g

<220>
<221> misc_feature
<222> (55)..(55)
<223> m es a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (58)..(58)
<223> d es a, g o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (61)..(61)
<223> m es a o c

<400> 804

gtcggtaacg gcaagcaggw wwcttgggaw aggavcgaca rccgtggctt crtcmtgdcc 60
mtgaagaaga atggcgcgca a 81

<210> 805
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 805

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcaggt aagttgggaa 120
aggtccgacg cccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 806
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 806

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcaggt tacttggggc 120
aggagcgacg cacgtggctt cgtcctgggc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 807
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 807

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtcatgtgt atgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 808
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 808

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aggttgggat 120
aggagcgacg cacgtggctt cgtcatgtgt atgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 809
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 809

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctggggc 120
aggaccgaca accgtggctt cgtcctgtgt ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240

ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 810
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 810

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtcctgtgt atgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 811
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 811

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac 120
aggtccgaca accgtggctt cgtcatgtcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 812
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 812

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcaggt atcttgggcc 120
aggagcgaca gccgtggctt cgtcctgtgt ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 813
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 813

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagtg cggttgggat 120
aggagcgaca gccgtggctt cgtcctgtgt ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 814
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 814

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcaggt aggttgggat 120
aggagcgacg cacgtggctt cgtcatggcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 815
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 815

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcaggt aggttgggaa 120
aggagcgaca accgtggctt cgtcctgtgt ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 816
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 816

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagtg cggttgggat 120
aggaccgaca accgtggctt cgtcatgtcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 817
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 817

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcaggt ttcttggggc 120
aggagcgacg cacgtggctt catcctgtgt atgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 818
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 818

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aggttgggat 120
aggaccgaca gccgtggctt cgtcctgtgt ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240

ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 819
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 819

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga tacttgggcc 120
aggaccgaca gccgtggctt cgtcatgtgt ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 820
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 820

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagtg cacttggggc 120
aggagcgaca gccgtggctt cgtcatggcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 821
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 821

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagtg ctcttgggaa 120
aggaccgaca gccgtggctt cgtcctgtgt ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcgta a 261

<210> 822
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 822

```
atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg      60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcaggt ttcttgggcc     120
aggaacgaca gccgtggctt cgtcctgtcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac     180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg     240
ttgatcgagc cgctctcgta a                                               261
```

<210> 823
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 823

```
atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg      60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcaggt aacttgggaa     120
aggaccgaca accgtggctt cgtcatgtgt atgaagaaga atggcgcgca acacccttac     180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg     240
ttgatcgagc cgctctcgta a                                               261
```

<210> 824
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 824

```
atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg      60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga ttcttgggat     120
aggagcgacg cacgtggctt cgtcctgtgt ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac     180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg     240
ttgatcgagc cgctctcgta a                                               261
```

<210> 825
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 825

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

<210> 826
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 826

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

                85
```

<210> 827
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 827

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

<210> 828
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 828

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

<210> 829
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 829

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

<210> 830
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 830

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

<210> 831
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 831

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

<210> 832
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 832

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

<210> 833

<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 833

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

<210> 834
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 834

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

<210> 835
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 835

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

            85
```

<210> 836
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 836

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

<210> 837
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 837

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

<210> 838

<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 838

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

<210> 839
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 839

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

<210> 840
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 840

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

<210> 841
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 841

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

            85
```

<210> 842
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 842

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

<210> 843
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 843

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

<210> 844
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 844

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

                85
```

<210> 845
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 845

atgggtatta ccgttacaaa caaatcgtcc aaaaaaatcg aagctagcat caataaatgg 60
ggtagcgacg gagacaccaa attctttggc atcgatagcg gcaagcagga atcctgggac 120
aggtccgacg accgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcactca agcaccttac 180
tacgttcagg ccaccagcaa aattgaaatt gaaaactcta ccgtgaaaga tcatggcgaa 240
accatccacc cggtagcata a 261

<210> 846
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> prueba

<220>
<221> misc_feature
<222> (2)..(2)
<223> Xaa en la posición 2 es Gly, Ala, Cys, Asp, Glu, Ile, Lys, Leu, Asn, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (3)..(3)
<223> Xaa en la posición 3 es Ile o Trp

<220>
<221> misc_feature
<222> (4)..(4)
<223> Xaa en la posición 4 es Thr, Ala, Asp, Glu, His, Ile, Lys, Leu, Arg, Ser, Val, Trp o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (5)..(5)
<223> Xaa en la posición 5 es Val, Ala, Cys, Gly, His, Ile o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (6)..(6)
<223> Xaa en la posición 6 es Thr, Ala, Cys, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Met, Pro, Gln, Arg, Ser, Trp o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (7)..(7)
<223> Xaa en la posición 7 es Asn, Ala o Val

<220>
<221> misc_feature
<222> (8)..(8)
<223> Xaa en la posición 8 es Asn, Ala, Cys, Asp, Glu, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Met, Gln, Arg, Ser, Thr o Val

<220>
<221> misc_feature
<222> (9)..(9)
<223> Xaa en la posición 9 es Ser, Ala, Cys, Gly o Thr

<220>
<221> misc_feature
<222> (10)..(10)
<223> Xaa en la posición 10 es Ser, Ala, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Asn, Pro, Gln, Arg, Thr o Trp

<220>
<221> misc_feature
<222> (11)..(11)
<223> Xaa en la posición 11 es Asn, Ala, Cys, Asp, Glu, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Met, Gln, Ser, Thr, Val o Tyr

<220>

<221> misc_feature
<222> (12)..(12)
<223> Xaa en la posición 12 es Pro, Ala, Cys, Asp, Glu, Gly, His, Lys, Leu, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (13)..(13)
<223> Xaa en la posición 13 es Ile, Asn, Gln o Val

<220>
<221> misc_feature
<222> (14)..(14)
<223> Xaa en la posición 14 es Glu, Ala, Cys, Phe, His, Lys o G

<220>
<221> misc_feature
<222> (15)..(15)
<223> Xaa en la posición 15 es Val, Ala, Cys, Ile, Met o Arg

<220>
<221> misc_feature
<222> (17)..(17)
<223> Xaa en la posición 17 es Ile, Glu o Val

<220>
<221> misc_feature
<222> (18)..(18)
<223> Xaa en la posición 18 es Asn o Ser

<220>
<221> misc_feature
<222> (19)..(19)

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> Xaa en la posición 20 es Trp, Ala o Thr

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> Xaa en la posición 22 es Ser, Ala, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Arg, Thr, Val o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> Xaa en la posición 23 es Asp, Ala, Gly, His, Lys, Met, Asn, Gln, Ser, Thr o Val

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> Xaa en la posición 24 es Gly, Asp o Phe

<220>
<221> misc_feature
<222> (25)..(25)
<223> Xaa en la posición 25 es Asp, Ala, Glu, Phe, Asn o Gln

<220>
<221> misc_feature
<222> (26)..(26)
<223> Xaa en la posición 26 es Thr, Glu o Pro

<220>
<221> misc_feature
<222> (27)..(27)

<223> Xaa en la posición 27 es Ser, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Asn, Gln, Arg o Thr

<220>
<221> misc_feature
<222> (28)..(28)
<223> Xaa en la posición 28 es Phe, Pro, Trp o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (29)..(29)
<223> Xaa en la posición 29 es Phe, Ala, Cys, Ile, Leu, Gln, Arg, Trp o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (30)..(30)
<223>Xaa en la posición 30 es Ser, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Lys, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Arg, Thr, Val, Trp o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (31)..(31)
<223> Xaa en la posición 31 es Val, Ile o Leu

<220>
<221> misc_feature
<222> (32)..(32)
<223> Xaa en la posición 32 es Gly, Ala, Asp, Glu, Phe, His, Lys, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (33)..(33)
<223> Xaa en la posición 33 es Asn, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Pro, Gln, Arg, Ser, Thr, Val o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (34)..(34)
<223> Xaa en la posición 34 es Gly, Glu, Phe, His, Lys, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)
<223> Xaa en la posición 35 es Lys, Ala, Cys, Asp, Gly, His, Ile, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr o Val

<220>
<221> misc_feature
<222> (36)..(36)
<223> Xaa en la posición 36 es Gln, Ala, Cys, Glu, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Asn, Pro, Arg, Ser, Thr o Val

<220>
<221> misc_feature
<222> (37)..(37)
<223> Xaa en la posición 37 es Glu, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, Ile, Lys, Leu, Met, Asn, Ser, Thr o Val

<220>
<221> misc_feature
<222> (38)..(38)
<223> Xaa en la posición 38 es Thr, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Val, Trp o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (39)..(39)
<223> Xaa en la posición 39 es Trp o Phe

<220>
<221> misc_feature
<222> (40)..(40)
<223> Xaa en la posición 40 es Asp, Ala, Cys, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (42)..(42)
<223> Xaa en la posición 42 es Ser, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, Ile, Lys, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Thr, Val, Trp o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (44)..(44)
<223> Xaa en la posición 44 es Ser, Ala, Asp, Glu, Gly, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Thr, Val o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (45)..(45)
<223> Xaa en la posición 45 es Arg, Lys o Ser

<220>
<221> misc_feature
<222> (46)..(46)
<223> Xaa en la posición 46 es Gly, Ala o Gln

<220>
<221> misc_feature
<222> (47)..(47)
<223> Xaa en la posición 47 es Phe, Cys, Val o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (48)..(48)
<223> Xaa en la posición 48 es Val, Ile o Leu

<220>
<221> misc_feature
<222> (49)..(49)
<223> Xaa en la posición 49 es Leu, Cys, Phe, Met, Arg o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (50)..(50)
<223> Xaa en la posición 50 es Ser, Ala, Cys, Asp, Ile, Met, Pro, Gln, Thr o Val

<220>
<221> misc_feature
<222> (51)..(51)
<223> Xaa en la posición 51 es Leu, Ala, Cys, Met o Val

<220>
<221> misc_feature
<222> (52)..(52)
<223> Xaa en la posición 52 es Lys, Cys, Phe, His, Ile, Leu, Met, Asn, Arg, Ser, Thr, Trp o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (53)..(53)
<223> Xaa en la posición 53 es Lys, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, His, Ile, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Val o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (54)..(54)
<223> Xaa en la posición 54 es Asn, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, Lys, Met, Gln, Arg, Ser o Trp

<220>
<221> misc_feature
<222> (56)..(56)
<223> Xaa en la posición 56 es Ala, Gly, Leu, Asn, Pro, Gln, Arg, Ser o Thr

<220>
<221> misc_feature
<222> (57)..(57)
<223> Xaa en la posición 57 es Gln, Glu, Leu, Met, Ser o Thr

<220>
<221> misc_feature
<222> (58)..(58)
<223> Xaa en la posición 58 es His, Ala, Asp, Phe, Leu, Met, Asn, Arg, Trp o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (60)..(60)
<223> Xaa en la posición 60 es Tyr, Glu o Phe

<220>
<221> misc_feature
<222> (63)..(63)
<223> Xaa en la posición 63 es Gln, Cys, Gly, Ile, Leu, Met, Asn, Thr, Val o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (64)..(64)
<223> Xaa en la posición 64 es Ala, Phe, Gly, His, Arg, Ser o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (65)..(65)
<223> Xaa en la posición 65 es Ser, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Asn, Thr o Val

<220>
<221> misc_feature
<222> (66)..(66)
<223> Xaa en la posición 66 es Ser, Ala o Gly

<220>
<221> misc_feature
<222> (67)..(67)
<223> Xaa en la posición 67 es Lys, Ala, Cys, Asp, Phe, His, Ile, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (68)..(68)
<223> Xaa en la posición 68 es Ile, Asp, Leu o Val

<220>
<221> misc_feature
<222> (69)..(69)
<223> Xaa en la posición 69 es Glu, Ala, Cys, Asp, Phe, His, Ile, Leu, Met, Gln, Arg, Ser, Thr, Val o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (70)..(70)
<223> Xaa en la posición 70 es Val, Cys o Ile

<220>
<221> misc_feature
<222> (71)..(71)
<223> Xaa en la posición 71 es Asp, Ala, Cys, Gly, His, Ile, Leu, Met, Asn, Ser, Thr, Val o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (72)..(72)
<223> Xaa en la posición 72 es Asn, Ala, Cys, Asp, Glu, Gly, Lys, Met, Pro, Gln, Arg, Ser, Thr, Val o Trp

<220>
<221> misc_feature
<222> (73)..(73)
<223> Xaa en la posición 73 es Asn, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Ser, Thr, Val o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (74)..(74)
<223> Xaa en la posición 74 es Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Val o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (75)..(75)
<223> Xaa en la posición 75 es Val, Cys, Ile o Leu

<220>
<221> misc_feature
<222> (76)..(76)
<223> Xaa en la posición 76 es Lys, Ala, Cys, Phe, His, Ile, Leu, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (77)..(77)
<223> Xaa en la posición 77 es Asp, Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (78)..(78)
<223> Xaa en la posición 78 es Gln, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Met, Asn, Arg, Ser, Thr, Val o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (79)..(79)
<223> Xaa en la posición 79 es Gly, Arg, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, His, Lys, Leu, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Trp o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (80)..(80)
<223> Xaa en la posición 80 es Arg, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Asn, Ser, Thr, Val o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (81)..(81)
<223> Xaa en la posición 81 es Leu, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Asn, Pro, Arg, Ser, Thr o Val

<220>
<221> misc_feature
<222> (82)..(82)
<223> Xaa en la posición 82 es Ile, Ala, Leu, Met, Arg y Val

<220>
<221> misc_feature
<222> (82)..(82)
<223> Xaa en la posición 82 es Ile, Ala, Leu, Met, Arg o Val

<220>
<221> misc_feature
<222> (83)..(83)
<223> Xaa en la posición 83 es Glu, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Asn, Pro, Arg, Ser, Thr, Val o Tyr

<220>

<221> misc_feature
<222> (84)..(84)
<223> Xaa en la posición 84 es Pro, Ala, Cys, Glu, Ile, Ser, Val, Trp o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (85)..(85)
<223> Xaa en la posición 85 es Leu, Cys, Gly o Val

<220>
<221> misc_feature
<222> (86)..(86)
<223> Xaa en la posición 86 es Ser, Ala, Ile, Thr o Val

<400> 846

```
Met Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Ala
1               5                  10                  15
Xaa Xaa Xaa Xaa Gly Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
            20                  25                  30
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Arg Xaa Asp Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
        35                  40                  45
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Gly Xaa Xaa Xaa Pro Xaa Tyr Val Xaa Xaa
    50                  55                  60
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
65                  70                  75                  80
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
                85
```

<210> 847
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> pip

<220>
<221> misc_feature
<222> (2)..(2)
<223> Xaa en la posición 2 es Gly, Lys o Ala

<220>
<221> misc_feature
<222> (3)..(3)
<223> Xaa en la posición 3 es Ile o Leu

<220>
<221> misc_feature
<222> (4)..(4)
<223> Xaa en la posición 4 es Thr o Ser

<220>
<221> misc_feature
<222> (5)..(5)
<223> Xaa en la posición 5 es Val o Ile

<220>
<221> misc_feature
<222> (6)..(6)
<223> Xaa en la posición 6 es Thr o Lys

<220>
<221> misc_feature
<222> (8)..(8)

<223> Xaa en la posición 8 es Asn, Lys, Gly o Ser

<220>
<221> misc_feature
<222> (9)..(9)
<223> Xaa en la posición 9 es Ser o Ala

<220>
<221> misc_feature
<222> (11)..(11)
<223> Xaa en la posición 11 es Asn, Lys, His o Thr

<220>
<221> misc_feature
<222> (12)..(12)
<223> Xaa en la posición 12 es Pro, Thr, Lys o Ser

<220>
<221> misc_feature
<222> (13)..(13)
<223> Xaa en la posición 13 es Ile o Val

<220>
<221> misc_feature
<222> (14)..(14)
<223> Xaa en la posición 14 es Glu o Asp

<220>
<221> misc_feature
<222> (15)..(15)
<223> Xaa en la posición 15 es Val, Ala o Ile

<220>
<221> misc_feature
<222> (16)..(16)
<223> Xaa en la posición 16 es Ala o Ser

<220>
<221> misc_feature
<222> (17)..(17)
<223> Xaa en la posición 17 es Ile o Val

<220>
<221> misc_feature
<222> (18)..(18)
<223> Xaa en la posición 18 es Asn o Ser

<220>
<221> misc_feature
<222> (19)..(19)
<223> Xaa en la posición 19 es His, Lys, Arg, Gln o Ala

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> Xaa en la posición 21 es Gly o Arg

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> Xaa en la posición 22 es Ser, Lys, Asn, Asp o Thr

<220>
<221> misc_feature
<222> (25)..(25)
<223> Xaa en la posición 25 es Asp o Asn

<220>
<221> misc_feature
<222> (26)..(26)
<223> Xaa en la posición 26 es Thr o Asp

<220>
<221> misc_feature
<222> (27)..(27)
<223> Xaa en la posición 27 es Ser, Thr, Asn o Lys

<220>
<221> misc_feature
<222> (28)..(28)
<223> Xaa en la posición 28 es Phe, Tyr o Pro

<220>
<221> misc_feature
<222> (29)..(29)
<223> Xaa en la posición 29 es Phe o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (30)..(30)
<223> Xaa en la posición 30 es Ser, Gly o Lys

<220>
<221> misc_feature
<222> (31)..(31)
<223> Xaa en la posición 31 es Val, Ile o Met

<220>
<221> misc_feature
<222> (32)..(32)
<223> Xaa en la posición 32 es Gly, Ala o Asp

<220>
<221> misc_feature
<222> (33)..(33)
<223> Xaa en la posición 33 es Asn, Ser, Gln o Pro

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)
<223> Xaa en la posición 35 es Lys, Glu o Ser

<220>
<221> misc_feature
<222> (36)..(36)
<223> Xaa en la posición 36 es Gln, Asn o Ser

<220>
<221> misc_feature
<222> (37)..(37)
<223> Xaa en la posición 37 es Glu o Asp

<220>
<221> misc_feature
<222> (38)..(38)
<223> Xaa en la posición 38 es Thr o Ser

<220>
<221> misc_feature
<222> (42)..(42)
<223> Xaa en la posición 42 es Ser o Asn

<220>
<221> misc_feature
<222> (44)..(44)
<223> Xaa en la posición 44 es Ser, Asp, Ala o Leu

<220>
<221> misc_feature
<222> (47)..(47)
<223> Xaa en la posición 47 es Phe o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (48)..(48)
<223> Xaa en la posición 48 es Leu o Met

<220>
<221> misc_feature
<222> (49)..(49)
<223> Xaa en la posición 49 es Leu o Met

<220>
<221> misc_feature
<222> (50)..(50)
<223> Xaa en la posición 50 es Ser, Ala o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (51)..(51)
<223> Xaa en la posición 51 es Leu o Val

<220>
<221> misc_feature
<222> (52)..(52)
<223> Xaa en la posición 52 es Lys o Gln

<220>
<221> misc_feature
<222> (53)..(53)
<223> Xaa en la posición 53 es Lys, Arg, Met o Leu

<220>
<221> misc_feature
<222> (54)..(54)
<223> Xaa en la posición 54 es Asn, Lys o Gly

<220>
<221> misc_feature
<222> (55)..(55)
<223> Xaa en la posición 55 es Gly o Ser

<220>
<221> misc_feature
<222> (56)..(56)
<223> Xaa en la posición 56 es Ala, Thr, Gln o Ser

<220>
<221> misc_feature
<222> (57)..(57)
<223> Xaa en la posición 57 es Gln, Val o Ala

<220>
<221> misc_feature
<222> (58)..(58)
<223> Xaa en la posición 58 es His, Ala, Lys, Tyr o Thr

<220>

<221> misc_feature
<222> (59)..(59)
<223> Xaa en la posición 59 es Pro o Thr

<220>
<221> misc_feature
<222> (62)..(62)
<223> Xaa en la posición 62 es Val o Ile

<220>
<221> misc_feature
<222> (63)..(63)
<223> Xaa en la posición 63 es Gln, Ser o Leu

<220>
<221> misc_feature
<222> (64)..(64)
<223> Xaa en la posición 64 es Ala, Gln o Ser

<220>
<221> misc_feature
<222> (65)..(65)
<223> Xaa en la posición 65 es Ser o Thr

<220>
<221> misc_feature
<222> (67)..(67)
<223> Xaa en la posición 67 es Lys, Gln, Arg o Asn

<220>
<221> misc_feature
<222> (69)..(69)
<223> Xaa en la posición 69 es Glu, Lys o Val

<220>
<221> misc_feature
<222> (70)..(70)
<223> Xaa en la posición 70 es Val o Ile

<220>
<221> misc_feature
<222> (71)..(71)
<223> Xaa en la posición 71 es Asp, Glu o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (72)..(72)
<223> Xaa en la posición 72 es Asn, His, Ser o Asp

<220>
<221> misc_feature
<222> (73)..(73)
<223> Xaa en la posición 73 es Asn, Ser o Asp

<220>
<221> misc_feature
<222> (74)..(74)
<223> Xaa en la posición 74 es Ala, Thr, Met, Ile o Lys

<220>
<221> misc_feature
<222> (76)..(76)
<223> Xaa en la posición 76 es Lys o Thr

<220>
<221> misc_feature

<222> (78)..(78)
<223> Xaa en la posición 78 es Gln, His o Ser

<220>
<221> misc_feature
<222> (80)..(80)
<223> Xaa en la posición 80 es Arg, Glu o Gln

<220>
<221> misc_feature
<222> (81)..(81)
<223> Xaa en la posición 81 es Leu, Pro, Ala o Thr

<220>
<221> misc_feature
<222> (82)..(82)
<223> Xaa en la posición 82 es Ile o Leu

<220>
<221> misc_feature
<222> (83)..(83)
<223> Xaa en la posición 83 es Glu, His, Asn, Gln o Leu

<220>
<221> misc_feature
<222> (85)..(85)
<223> Xaa en la posición 85 es Leu, Val o Ala

<220>
<221> misc_feature
<222> (86)..(86)
<223> Xaa en la posición 86 es Ser, Ala, Tyr o Asn

<400> 847

```
Met Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Asn Xaa Xaa Ser Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
1               5                   10                  15
Xaa Xaa Xaa Trp Xaa Xaa Asp Gly Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
            20                  25                  30
Xaa Gly Xaa Xaa Xaa Xaa Trp Asp Arg Xaa Asp Xaa Arg Gly Xaa Xaa
        35                  40                  45
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Tyr Tyr Xaa Xaa Xaa
    50                  55                  60
Xaa Ser Xaa Ile Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Val Xaa Asp Xaa Gly Xaa
65                  70                  75                  80
Xaa Xaa Xaa Pro Xaa Xaa
                85
```

<210> 848
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> pip

<220>
<221> misc_feature
<222> (2)..(2)
<223> Xaa en la posición 2 es Gly, Lys, Ala o Arg

<220>
<221> misc_feature
<222> (3)..(3)

<223> Xaa en la posición 3 es Ile, Leu o Val

<220>
<221> misc_feature
<222> (4)..(4)
<223> Xaa en la posición 4 es Thr o Ser

<220>
<221> misc_feature
<222> (5)..(5)
<223> Xaa en la posición 5 es Val, Ile o Leu

<220>
<221> misc_feature
<222> (6)..(6)
<223> Xaa en la posición 6 es Thr, Lys, Ser o Arg

<220>
<221> misc_feature
<222> (8)..(8)
<223> Xaa en la posición 8 es Asn, Lys, Gly, Ser, Gln, Arg, Thr o Ala

<220>
<221> misc_feature
<222> (9)..(9)
<223> Xaa en la posición 9 es Ser, Ala o Thr

<220>
<221> misc_feature
<222> (11)..(11)
<223> Xaa en la posición 11 es Asn, Lys, Thr, Gln, Arg, His o Ser

<220>
<221> misc_feature
<222> (12)..(12)
<223> Xaa en la posición 12 es Pro, Thr, Lys, Ser o Arg

<220>
<221> misc_feature
<222> (13)..(13)
<223> Xaa en la posición 13 es Ile, Val o Leu

<220>
<221> misc_feature
<222> (14)..(14)
<223> Xaa en la posición 14 es Glu o Asp

<220>
<221> misc_feature
<222> (15)..(15)
<223> Xaa en la posición 15 es Val, Ala, Ile o Leu

<220>
<221> misc_feature
<222> (16)..(16)
<223> Xaa en la posición 16 es Ala o Ser

<220>
<221> misc_feature
<222> (17)..(17)
<223> Xaa en la posición 17 es Ile, Val o Leu

<220>
<221> misc_feature
<222> (18)..(18)
<223> Xaa en la posición 18 es Asn, Ser, Gln o Thr

<220>
<221> misc_feature
<222> (19)..(19)
<223> Xaa en la posición 19 es His, Lys, Ala, Gln, Asn o Arg

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> Xaa en la posición 21 es Gly, Arg o Lys

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> Xaa en la posición 22 es Ser, Lys, Asn, Thr, Arg, Asp, Glu o Gln

<220>
<221> misc_feature
<222> (25)..(25)
<223> Xaa en la posición 25 es Asp, Asn, Glu o Gln

<220>
<221> misc_feature
<222> (26).. (26)
<223> Xaa en la posición 26 es Thr, Asp, Ser o Glu

<220>
<221> misc_feature
<222> (27)..(27)
<223> Xaa en la posición 27 es Ser, Thr, Lys, Asn, Gln o Arg

<220>
<221> misc_feature
<222> (28)..(28)
<223> Xaa en la posición 28 es Phe, Tyr, Pro o Trp

<220>
<221> misc_feature
<222> (29)..(29)
<223> Xaa en la posición 29 es Phe, Tyr o Trp

<220>
<221> misc_feature
<222> (30)..(30)
<223> Xaa en la posición 30 es Ser, Gly, Lys, Thr o Arg

<220>
<221> misc_feature
<222> (31)..(31)
<223> Xaa en la posición 31 es Val, Ile, Met o Leu

<220>
<221> misc_feature
<222> (32)..(32)
<223> Xaa en la posición 32 es Gly, Ala, Asp o Glu

<220>
<221> misc_feature
<222> (33)..(33)
<223> Xaa en la posición 33 es Asn, Ser, Gln, Pro o Thr

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)
<223> Xaa en la posición 35 es Lys, Glu, Ser, Arg o Thr

<220>
<221> misc_feature
<222> (36)..(36)
<223> Xaa en la posición 36 es Gln, Ser, Asn o Thr

<220>
<221> misc_feature
<222> (37)..(37)
<223> Xaa en la posición 37 es Glu o Asp

<220>
<221> misc_feature
<222> (38)..(38)
<223> Xaa en la posición 38 es Thr o Ser

<220>
<221> misc_feature
<222> (42)..(42)
<223> Xaa en la posición 42 es Ser, Asn, Thr o Gln

<220>
<221> misc_feature
<222> (44)..(44)
<223> Xaa en la posición 44 es Ser, Asp, Ala, Leu, Thr, Glu, Ile o Val

<220>
<221> misc_feature
<222> (47)..(47)
<223> Xaa en la posición 47 es Phe, Tyr o Trp

<220>
<221> misc_feature
<222> (48)..(48)
<223> Xaa en la posición 48 es Leu, Met, Ile o Val

<220>
<221> misc_feature
<222> (49)..(49)
<223> Xaa en la posición 49 es Leu, Met, Ile o Val

<220>
<221> misc_feature
<222> (50)..(50)
<223> Xaa en la posición 50 es Ser, Ala, Tyr o Thr

<220>
<221> misc_feature
<222> (51)..(51)
<223> Xaa en la posición 51 es Leu, Val o Ile

<220>
<221> misc_feature
<222> (52)..(52)
<223> Xaa en la posición 52 es Lys, Gln, Arg o Asn

<220>
<221> misc_feature
<222> (53)..(53)
<223> Xaa en la posición 53 es Lys, Arg, Met, Leu, Ile o Val

<220>
<221> misc_feature
<222> (54)..(54)
<223> Xaa en la posición 54 es Asn, Lys, Gly, Gln o Arg

<220>

<221> misc_feature
<222> (55)..(55)
<223> Xaa en la posición 55 es Gly, Ser o Thr

<220>
<221> misc_feature
<222> (56)..(56)
<223> Xaa en la posición 56 es Ala, Thr, Gln, Ser o Asn

<220>
<221> misc_feature
<222> (57)..(57)
<223> Xaa en la posición 57 es Gln, Val, Ala, Asn, Leu o Ile

<220>
<221> misc_feature
<222> (58)..(58)
<223> Xaa en la posición 58 es His, Ala, Lys, Tyr o Thr

<220>
<221> misc_feature
<222> (59)..(59)
<223> Xaa en la posición 59 es Pro, Thr o Ser

<220>
<221> misc_feature
<222> (62)..(62)
<223> Xaa en la posición 62 es Val, Ile o Leu

<220>
<221> misc_feature
<222> (63)..(63)
<223> Xaa en la posición 63 es Gln, Ser, Leu, Asn, Thr, Ile o Val

<220>
<221> misc_feature
<222> (64)..(64)
<223> Xaa en la posición 64 es Ala, Gln, Ser, Asn o Thr

<220>
<221> misc_feature
<222> (65)..(65)
<223> Xaa en la posición 65 es Ser o Thr

<220>
<221> misc_feature
<222> (67)..(67)
<223> Xaa en la posición 67 es Lys, Gln, Asn o Arg

<220>
<221> misc_feature
<222> (69)..(69)
<223> Xaa en la posición 69 es Glu, Val, Asp, Lys, Arg, Ile o Leu

<220>
<221> misc_feature
<222> (70)..(70)
<223> Xaa en la posición 70 es Val, Ile o Leu

<220>
<221> misc_feature
<222> (71)..(71)
<223> Xaa en la posición 71 es Asp, Glu, Tyr o Trp

<220>
<221> misc_feature

<222> (72)..(72)
<223> Xaa en la posición 72 es Asn, His, Ser, Asp, Gln, Thr o Glu

<220>
<221> misc_feature
<222> (73)..(73)
<223> Xaa en la posición 73 es Asn, Ser, Asp, Gln, Thr o Glu

<220>
<221> misc_feature
<222> (74)..(74)
<223> Xaa en la posición 74 es Ala, Thr, Met, Ile, Lys, Ser, Leu, Val o Arg

<220>
<221> misc_feature
<222> (76)..(76)
<223> Xaa en la posición 76 es Lys, Thr, Arg o Ser

<220>
<221> misc_feature
<222> (78)..(78)
<223> Xaa en la posición 78 es Gln, His, Ser, Asn o Thr

<220>
<221> misc_feature
<222> (80)..(80)
<223> Xaa en la posición 80 es Arg, Glu, Gln, Lys, Asp o Asn

<220>
<221> misc_feature
<222> (81)..(81)
<223> Xaa en la posición 81 es Leu, Pro, Thr, Ile, Val, Ala o Ser

<220>
<221> misc_feature
<222> (82)..(82)
<223> Xaa en la posición 82 es Ile, Leu o Val

<220>
<221> misc_feature
<222> (83)..(83)
<223> Xaa en la posición 83 es Glu, His, Asn, Leu, Gln, Ile o Val

<220>
<221> misc_feature
<222> (85)..(85)
<223> Xaa en la posición 85 es Leu, Val o Ala

<220>
<221> misc_feature
<222> (86)..(86)
<223> Xaa en la posición 86 es Ser, Ala, Tyr, Asn o Thr

<400> 848

```
Met Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Asn Xaa Xaa Ser Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
1               5                   10                  15
Xaa Xaa Xaa Trp Xaa Xaa Asp Gly Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
            20                  25                  30

Xaa Gly Xaa Xaa Xaa Xaa Trp Asp Arg Xaa Asp Xaa Arg Gly Xaa Xaa
        35                  40                  45
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Tyr Tyr Xaa Xaa Xaa
    50                  55                  60
Xaa Ser Xaa Ile Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Val Xaa Asp Xaa Gly Xaa
65                  70                  75                  80
Xaa Xaa Xaa Pro Xaa Xaa
                85
```

<210> 849
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<220>
<221> misc_feature
<222> (2)..(2)
<223> Xaa en la posición 2 es Gly, Ala, Cys, Asp, Glu, Ile, Lys, Leu, Asn, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (3)..(3)
<223> Xaa en la posición 3 es Ile, Leu, Val o Trp

<220>
<221> misc_feature
<222> (4)..(4)
<223> Xaa en la posición 4 es Thr, Ala, Asp, Glu, His, Ile, Lys, Leu, Arg, Ser, Val, Trp o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (5)..(5)
<223> Xaa en la posición 5 es Val, Ala, Cys, Gly, His, Ile, Leu o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (6)..(6)
<223> Xaa en la posición 6 es Thr, Ala, Cys, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Met, Pro, Gln, Arg, Ser, Trp o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (7)..(7)
<223> Xaa en la posición 7 es Asn, Ala o Val

<220>
<221> misc_feature
<222> (8)..(8)
<223> Xaa en la posición 8 es Asn, Lys, Gly, Ser, Gln, Arg, Thr, Ala, Cys, Asp, Glu, His, Ile, Leu, Met o Val

<220>
<221> misc_feature
<222> (9)..(9)
<223> Xaa en la posición 9 es Ser, Ala, Cys, Gly o Thr

<220>
<221> misc_feature

<222> (11)..(11)
<223> Xaa en la posición 11 es Asn, Lys, Thr, Gln, Arg, Ser, Ala, Cys, Asp, Glu, Gly, His, Ile, Leu, Met, Val o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (12)..(12)
<223> Xaa en la posición 12 es Pro, Thr, Lys, Ser, Arg, Ala, Cys, Asp, Glu, Gly, His, Leu, Asn, Gln, Arg, Val, Trp o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (13)..(13)
<223> Xaa en la posición 13 es Ile, Asn, Gln, Leu o Val

<220>
<221> misc_feature
<222> (14)..(14)
<223> Xaa en la posición 14 es Glu, Ala, Cys, Phe, His, Lys o Gln

<220>
<221> misc_feature
<222> (15)..(15)
<223> Xaa en la posición 15 es Val, Ala, Ile, Leu, Cys, Met o Arg

<220>
<221> misc_feature
<222> (16)..(16)
<223> Xaa en la posición 16 es Ala o Ser

<220>
<221> misc_feature
<222> (17)..(17)
<223> Xaa en la posición 17 es Ile, Glu, Leu o Val

<220>
<221> misc_feature
<222> (18)..(18)
<223> Xaa en la posición 18 es Asn, Gln, Thr o Ser

<220>
<221> misc_feature
<222> (19)..(19)
<223> Xaa en la posición 19 es His, Lys, Ala, Arg, Glu, Leu, Pro, Ser o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> Xaa en la posición 20 es Trp, Ala o Thr

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> Xaa en la posición 21 es Gly, Arg o Lys

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> Xaa en la posición 22 es Ser, Ala, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Arg, Thr, Val o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> Xaa en la posición 23 es Asp, Ala, Gly, His, Lys, Met, Asn, Gln, Ser, Thr o Val

<220>
<221> misc_feature

<222> (24)..(24)
<223> Xaa en la posición 24 es Gly, Asp o Phe

<220>
<221> misc_feature
<222> (25)..(25)
<223> Xaa en la posición 25 es Asp, Ala, Glu, Phe, Asn o Gln

<220>
<221> misc_feature
<222> (26)..(26)
<223> Xaa en la posición 26 es Thr, Glu, Asp, Ser o Pro

<220>
<221> misc_feature
<222> (27)..(27)
<223> Xaa en la posición 27 es Ser, Thr, Lys, Arg, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Asn o Gln

<220>
<221> misc_feature
<222> (28)..(28)
<223> Xaa en la posición 28 es Phe, Tyr, Pro o Trp

<220>
<221> misc_feature
<222> (29)..(29)
<223> Xaa en la posición 29 es Phe, Ala, Cys, Ile, Leu, Gln, Arg, Trp o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (30)..(30)
<223>Xaa en la posición 30 es Ser, Gly, Lys, Thr, Arg, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, His, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Val, Trp o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (31)..(31)
<223> Xaa en la posición 31 es Val, Ile, Met o Leu

<220>
<221> misc_feature
<222> (32)..(32)
<223> Xaa en la posición 32 es Gly, Ala, Asp, Glu, Phe, His, Lys, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (33)..(33)
<223> Xaa en la posición 33 es Asn, Ser, Gln, Pro, Thr, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Arg, Val o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (34)..(34)
<223> Xaa en la posición 34 es Gly, Glu, Phe, His, Lys, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (35)..(35)
<223> Xaa en la posición 35 es Lys, Glu, Ala, Cys, Asp, Gly, His, Ile, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr o Val

<220>
<221> misc_feature
<222> (36)..(36)
<223> Xaa en la posición 36 es Gln, Ala, Cys, Glu, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Asn, Pro, Arg, Ser, Thr o Val

<220>
<221> misc_feature
<222> (37)..(37)
<223> Xaa en la posición 37 es Glu, Asp, Ala, Cys, Phe, Gly, Ile, Lys, Leu, Met, Asn, Ser, Thr o Val

<220>
<221> misc_feature
<222> (38)..(38)
<223> Xaa en la posición 38 es Thr, Ser, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Val, Trp o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (39)..(39)
<223> Xaa en la posición 39 es Trp o Phe

<220>
<221> misc_feature
<222> (40)..(40)
<223> Xaa en la posición 40 es Asp, Ala, Cys, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (42)..(42)
<223> Xaa en la posición 42 es Ser, Asn, Thr, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, Ile, Lys, Leu, Met, Arg, Val, Trp, Tyr o Gln

<220>
<221> misc_feature
<222> (44)..(44)
<223> Xaa en la posición 44 es Ser, Asp, Ala, Leu, Thr, Glu, Ile, Ala, Gly, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Val, Tyr o Val

<220>
<221> misc_feature
<222> (45)..(45)
<223> Xaa en la posición 45 es Arg, Lys o Ser

<220>
<221> misc_feature
<222> (46)..(46)
<223> Xaa en la posición 46 es Gly, Ala o Gln

<220>
<221> misc_feature
<222> (47)..(47)
<223> Xaa en la posición 47 es Phe, Tyr Cys, Val o Trp

<220>
<221> misc_feature
<222> (48)..(48)
<223> Xaa en la posición 48 es Leu, Met, Ile, Cys, Phe, Met, Arg, Tyr o Val

<220>
<221> misc_feature
<222> (49)..(49)
<223> Xaa en la posición 49 es Leu, Met, Ile o Val

<220>
<221> misc_feature
<222> (50)..(50)
<223> Xaa en la posición 50 es Ser, Ala, Tyr, Cys, Asp, Ile, Met, Pro, Gln, Val o Thr

<220>
<221> misc_feature
<222> (51)..(51)

<223> Xaa en la posición 51 es Leu, Val, Ala, Cys, Met o Ile

<220>
<221> misc_feature
<222> (52)..(52)
<223> Xaa en la posición 52 es Lys, Cys, Phe, His, Ile, Leu, Met, Asn, Arg, Ser, Thr, Trp o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (53)..(53)
<223> Xaa en la posición 53 es Lys, Arg, Met, Leu, Ile, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, His, Asn, Gln, Ser, Thr, Tyr o Val

<220>
<221> misc_feature
<222> (54)..(54)
<223> Xaa en la posición 54 es Asn, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, Lys, Met, Gln, Arg, Ser o Trp

<220>
<221> misc_feature
<222> (55)..(55)
<223> Xaa en la posición 55 es Gly, Ser o Thr

<220>
<221> misc_feature
<222> (56)..(56)
<223> Xaa en la posición 56 es Ala, Thr, Gln, Ser, Gly, Leu, Pro, Arg o Asn

<220>
<221> misc_feature
<222> (57)..(57)
<223> Xaa en la posición 57 es Gln, Glu, Leu, Met, Val, Ala, Asn, Ile, Ser o Thr

<220>
<221> misc_feature
<222> (58)..(58)
<223> Xaa en la posición 58 es His, Ala, Lys, Asp, Phe, Leu, Met, Asn, Arg, Trp, Tyr o Thr

<220>
<221> misc_feature
<222> (59)..(59)
<223> Xaa en la posición 59 es Pro, Thr o Ser

<220>
<221> misc_feature
<222> (60)..(60)
<223> Xaa en la posición 60 es Tyr, Glu o Phe

<220>
<221> misc_feature
<222> (62)..(62)
<223> Xaa en la posición 62 es Val, Ile o Leu

<220>
<221> misc_feature
<222> (63)..(63)
<223> Xaa en la posición 63 es Gln, Ser, Leu, Asn, Thr, Ile o Val

<220>
<221> misc_feature
<222> (64)..(64)
<223> Xaa en la posición 64 es Ala, Gln, Asn, Phe, Gly, His, Arg, Ser o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (65)..(65)
<223> Xaa en la posición 65 es Ser, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Asn, Val o Thr

<220>
<221> misc_feature
<222> (66)..(66)
<223> Xaa en la posición 66 es Ser, Ala o Gly

<220>
<221> misc_feature
<222> (67)..(67)
<223> Xaa en la posición 67 es Lys, Gln, Asn o Arg

<220>
<221> misc_feature
<222> (68)..(68)
<223> Xaa en la posición 68 es Ile, Asp, Leu o Val

<220>
<221> misc_feature
<222> (69)..(69)
<223> Xaa en la posición 69 es Glu, Ala, Cys, Asp, Phe, His, Ile, Leu, Met, Gln, Arg, Ser, Thr, Val o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (70)..(70)
<223> Xaa en la posición 70 es Val, Ile, Cys o Leu

<220>
<221> misc_feature
<222> (71)..(71)
<223> Xaa en la posición 71 es Asp, Glu, Tyr, Ala, Cys, Gly, His, Ile, Leu, Met, Asn, Ser, Thr, Val o Trp

<220>
<221> misc_feature
<222> (72)..(72)
<223> Xaa en la posición 72 es Asn, Ala, Cys, Asp, Glu, Gly, Lys, Met, Pro, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, His o Trp

<220>
<221> misc_feature
<222> (73)..(73)
<223> Xaa en la posición 73 es Asn, Ser, Asp, Gln, Thr, Ala, Cys, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Val, Tyr o Glu

<220>
<221> misc_feature
<222> (74)..(74)
<223> Xaa en la posición 74 es Ala, Thr, Met, Ile, Lys, Ser, Leu, Val, Cys, Asp, Phe, Gly, His, Asn, Gln, Tyr o Arg

<220>
<221> misc_feature
<222> (75)..(75)
<223> Xaa en la posición 75 es Val, Cys, Ile o Leu

<220>
<221> misc_feature
<222> (76)..(76)
<223> Xaa en la posición 76 es Lys, Ala, Cys, Phe, His, Ile, Leu, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (77)..(77)
<223> Xaa en la posición 77 es Asp, Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (78)..(78)
<223> Xaa en la posición 78 es Gln, His, Ser, Asn, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, Ile, Leu, Met, Asn, Arg, Val, Tyr o Thr

<220>
<221> misc_feature
<222> (79)..(79)
<223> Xaa en la posición 79 es Gly, Arg, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, His, Lys, Leu, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Trp o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (80)..(80)
<223> Xaa en la posición 80 es Arg, Glu, Gln, Lys, Asp, Ala, Cys, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Ser, Thr, Val, Tyr o Asn

<220>
<221> misc_feature
<222> (81)..(81)
<223> Xaa en la posición 81 es Leu, Pro, Thr, Ile, Val, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, His o Ser

<220>
<221> misc_feature
<222> (82)..(82)
<223> Xaa en la posición 82 es Ile, Ala, Leu, Met, Arg y Val

<220>
<221> misc_feature
<222> (83)..(83)
<223> Xaa en la posición 83 es Glu, His, Asn, Leu, Gln, Ile, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, Lys, Pro, Arg, Ser, Thr, Tyr o Val

<220>
<221> misc_feature
<222> (84)..(84)
<223> Xaa en la posición 84 es Pro, Ala, Cys, Glu, Ile, Ser, Val, Trp o Tyr

<220>
<221> misc_feature
<222> (85)..(85)
<223> Xaa en la posición 85 es Leu, Val, Cys, Gly o Ala

<220>
<221> misc_feature
<222> (86)..(86)
<223> Xaa en la posición 86 es Ser, Ala, Tyr, Asn, Ile, Val o Thr

<400> 849

```
Met Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Ser Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
1               5                   10                  15
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
            20                  25                  30
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Arg Xaa Asp Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
        35                  40                  45
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Tyr Xaa Xaa Xaa
    50                  55                  60
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
65                  70                  75                  80
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
                85
```

<210> 850
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 850

```
atggcgatca ccgtgacgaa caactcctcc aacccgatcg aggtggcgat caaccactgg       60
ggcagcgacg gcgacaccag cttcttctcc gtcggcaacg gcaagcagga gacctgggac      120
aggtccgaca gccgcggctt cgtgctctcc ctgaagaaga acggcgctca gcacccgtac      180
tacgtccagg ccagcagcaa gatcgaggtc gacaacaacg ccgtgaagga ccagggtcgg      240
ctgatcgagc cgctctcgtg a                                                261
```

<210> 851
<211> 261
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia codificante para el polipéptido de PIP-72

<400> 851

```
atggcgatca cggtgacgaa caactcgagc aaccctatcg aggtcgcgat caaccactgg       60
ggctctgacg gggacacgag cttcttcagc gtcgggaacg ggaagcagga gacgtgggac      120
cgcagcgact cgcgcggctt cgtcctgtcg ctcaagaaga acggtgccca gcacccgtac      180
tacgtgcagg cgtcgtcgaa gatcgaggtc gacaacaacg cggtcaagga ccagggcagg      240
ctcatcgagc cgctgtcctg a                                                261
```

<210> 852
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> polipéptido de PIP-72

<400> 852

```
Met Ala Ile Thr Val Thr Asn Asn Ser Ser Asn Pro Ile Glu Val Ala
1               5                  10                  15
Ile Asn His Trp Gly Ser Asp Gly Asp Thr Ser Phe Phe Ser Val Gly
            20                  25                  30
Asn Gly Lys Gln Glu Thr Trp Asp Arg Ser Asp Ser Arg Gly Phe Val
        35                  40                  45

Leu Ser Leu Lys Lys Asn Gly Ala Gln His Pro Tyr Tyr Val Gln Ala
    50                  55                  60
Ser Ser Lys Ile Glu Val Asp Asn Asn Ala Val Lys Asp Gln Gly Arg
65                  70                  75                  80
Leu Ile Glu Pro Leu Ser
                85
```

<210> 853
<211> 258
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Secuencia codificante de PIP-72Aa con codones optimizados para maíz

<400> 853

atgggtatca cggtcaccaa caacagcagc aaccctatcg aagtggcgat caaccactgg 60
ggcagcgacg gcgacaccag cttcttcagc gtcggcaacg gcaagcagga aacgtgggac 120
aggtccgact cacgcggctt cgtgctgtcc ctgaagaaga acggcgcgca gcatccgtac 180
tacgtgcagg cgtcgtcgaa gatcgaggtg gacaacaacg cggtcaagga ccagggtagg 240
ctgattgagc cgctgtct 258

<210> 854
<211> 258
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Secuencia codificante de PIP-72Aa con codones optimizados para maíz

<400> 854

atggggatca cagtcaccaa caacagcagc aacccaatcg aggtcgcgat caaccactgg 60
ggaagcgacg gagacacctc gttcttcagc gtcggcaacg gcaagcagga gacttgggac 120
aggtcagact ccagaggctt cgtactgtcc ctgaagaaga acggcgctca gcatccgtac 180
tacgtgcaag cctcgtcgaa gatcgaggtg gacaacaacg cggtcaagga tcagggtagg 240
ctgatcgagc cactgtct 258

<210> 855
<211> 258
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Secuencia codificante de PIP-72Aa con codones optimizados para maíz

<400> 855

atgggaatca ctgtcaccaa caactcgtcc aaccctatcg aggtcgcgat caaccactgg 60
ggttccgatg gggacacgtc cttcttcagc gtcggcaatg gcaagcagga gacgtgggac 120
aggtccgact ccagaggctt cgtgctctcg ctgaagaaga acggcgctca gcacccttac 180
tacgtgcagg cctcgtcgaa gatcgaggtg gacaacaacg cggttaagga tcagggtagg 240
ctgattgagc ctctgtct 258

<210> 856
<211> 258
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Secuencia codificante de PIP-72Aa con codones optimizados para maíz

<400> 856

atgggaatca cagtcaccaa caacagcagc aacccgatcg aggtcgcgat caaccactgg 60
ggtagcgacg gcgacaccag cttcttctcc gtgggcaacg gcaaacagga gacgtgggac 120
aggtcagaca gccgcggctt cgtgctgtcc ctcaagaaga acggcgccca gcacccatac 180
tacgtgcaag cctcgtcgaa gatcgaggtg gacaacaacg cggtgaagga ccagggtaga 240
ctgattgagc cgctgagc 258

<210> 857
<211> 258
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Secuencia codificante de PIP-72Aa con codones optimizados para maíz

<400> 857

```
atgggtatca cagtcaccaa caactcctca aacccgatcg aggtggcgat caaccactgg   60
ggcagcgacg gcgatacctc attcttcagc gttgggaacg gcaagcagga gacgtgggat  120
cggtctgaca gcagagggtt tgttctgtcg ctgaagaaga acggcgctca gcacccatac  180
tacgtccaag cctcctcgaa gatcgaggtt gacaacaacg ccgttaagga tcagggcaga  240
ctgattgagc cactgtcc                                               258
```

<210> 858
<211> 258
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Secuencia codificante de PIP-72Aa con codones optimizados para maíz

<400> 858

```
atgggaataa cagtcaccaa caacagcagc aacccgatcg aagtggcgat caaccactgg   60
ggtagcgacg gcgacacctc cttcttcagc gtcggcaacg gcaagcagga gacgtgggac  120
aggtccgact ctcgcggatt cgtcctgtcg ctcaagaaga acggtgccca gcacccctac  180
tacgtgcagg cctcgtcgaa gatcgaggtg gacaacaacg cggtcaagga ccaagggagg  240
ctgatcgagc cgctgtcg                                               258
```

<210> 859
<211> 258
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Secuencia codificante de PIP-72Aa con codones optimizados para maíz

<400> 859

```
atggggatca cggtgacgaa caactcctcc aatccgatcg aggtggcgat caaccactgg   60
ggatcagacg gtgacacgag cttcttcagc gttggcaacg ggaagcagga gacgtgggac  120
aggtctgaca gcagaggttt tgtgctgtcg ctcaagaaga acggcgctca acacccatac  180
tacgtccaag cctcctctaa gatcgaggtg gacaacaacg ctgtgaagga tcagggcaga  240
ctcatcgagc cactgtcg                                               258
```

<210> 860
<211> 258
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Secuencia codificante de PIP-72Aa con codones optimizados para maíz

<400> 860

```
atgggaatca ccgtcaccaa caacagcagc aaccctatcg aagtcgctat caaccactgg   60
ggaagcgacg gcgacacctc cttcttcagc gtcggcaatg gcaagcagga gacgtgggac  120
aggtccgact ccagaggatt cgtgctgtcc ctgaagaaga acggcgctca gcacccatac  180
tacgtgcaag cttcgtcgaa gatcgaggtg gacaacaacg cggtcaagga tcaagggagg  240
ctgatcgagc cgctgtcc                                               258
```

<210> 861
<211> 258
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Secuencia codificante de PIP-72Aa con codones optimizados para maíz

<400> 861

atgggtatca cggtgaccaa caactcctcc aacccgatcg aggtggcgat caaccactgg 60
ggctcggacg gcgacacgag cttcttcagc gtcggcaacg ggaagcagga gacgtgggac 120
cgctctgaca gcagaggttt cgtgctgtcg ctcaagaaga acggcgctca acacccgtac 180
tacgtccaag cctcctccaa gatcgaggtc gacaacaacg ccgtgaagga ccaaggcaga 240
ctcatcgagc cgctgtcg 258

<210> 862
<211> 258
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Secuencia codificante de PIP-72Aa con codones optimizados para maíz

<400> 862

atgggtataa ccgtgacgaa caactcctca aatccgatcg aggtcgcgat caaccactgg 60
gggtcagacg gtgacacgag cttcttctcc gtgggcaacg gtaagcagga gacctgggat 120
aggtcggact caaggggctt tgtgctgagc ctcaagaaga acggtgctca gcacccgtac 180
tacgtccaag cgagctccaa gatcgaggtg gacaacaacg ctgtcaagga ccaaggtagg 240
ctgatcgaac cgctgagc 258

<210> 863
<211> 258
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Secuencia codificante de PIP-72Aa con codones optimizados para maíz

<400> 863

atggggatca cagtcaccaa caacagcagc aacccgatcg aagtcgcgat caaccactgg 60
ggaagcgacg gcgacacctc gttcttcagc gtcggcaacg gcaagcagga gacgtgggat 120
aggtccgact cacgcggctt cgtgctgtcc ctgaagaaga acggcgccca gcatccgtac 180
tacgtgcaag cctcgtcgaa gatcgaggtg gacaacaacg cggtgaagga ccagggtaga 240
ctgatcgagc cactgtcc 258

<210> 864
<211> 258
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Secuencia codificante de PIP-72Aa con codones optimizados para maíz

<400> 864

atgggtatca cggtgacgaa caactcctcc aatcctatcg aggtcgcgat caaccactgg 60
gggtcagacg gtgacacgag cttcttctcc gtgggcaacg gcaagcagga gacctgggac 120
aggtcggact caaggggctt cgtcctgagc ctcaagaaga acggcgctca gcacccgtac 180
tacgtccaag cgagctccaa gatcgaggtg gacaacaacg ccgtcaagga ccagggtagg 240
ctgatcgaac cgctgagc 258

<210> 865
<211> 42

<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> k = g o t

<400> 865
tatcgaaggt aggcatatgn nkattaccgt tacaaacaat tc 42

<210> 866
<211> 42
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> k = g o t

<400> 866
cgaaggtagg catatgggtn nkaccgttac aaacaattcg tc 42

<210> 867
<211> 42
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)

<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> k = g o t

<400> 867
gaaggtaggc atatgggtat tnnkgttaca aacaattcgt cc 42

<210> 868
<211> 41
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> k = g o t

<400> 868
gtaggcatat gggtattacc nnkacaaaca attcgtccaa c 41

<210> 869
<211> 44
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> k = g o t

<400> 869
ggcatatggg tattaccgtt nnkaacaatt cgtccaaccc catc 44

<210> 870
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> k = g o t

<400> 870
caaacaattc gtccaacccc nnkgaagtcg ccatcaatca ttg 43

<210> 871
<211> 42
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> k = g o t

<400> 871
aacaattcgt ccaaccccat cnnkgtcgcc atcaatcatt gg 42

<210> 872
<211> 41
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Polipéptido variante de PIP-72

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> k = g o t

<400> 872
ccaaccccat cgaagtcgcc nnkaatcatt ggggtagcga c 41

<210> 873
<211> 41
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (18)..(18)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (19)..(19)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> k = g o t

<400> 873
ccatcgaagt cgccatcnnk cattggggta gcgacggaga c 41

<210> 874
<211> 42
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (19)..(19)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> k = g o t

<400> 874
gtcgccatca atcattggnn kagcgacgga gacaccagct tc 42

<210> 875
<211> 42
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>

<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> k = g o t

<400> 875
gtcgccatca atcattgggg tnnkgacgga gacaccagcttc 42

<210> 876
<211> 45
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (25)..(25)
<223> k = g o t

<400> 876
caatcattgg ggtagcgacg gannkaccag cttcttttcc gtcgg 45

<210> 877
<211> 45
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature

<222> (24)..(24)
<223> k = g o t

<400> 877
cattggggta gcgacggaga cnnkagcttc ttttccgtcg gtaac 45

<210> 878
<211> 44
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> k = g o t

<400> 878
tttccgtcgg taacggcaag nnkgaaacct gggacaggtc cgac 44

<210> 879
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> k = g o t

<400> 879
cgtgctttcc ctgaagaagn nkggcgcgca acacccttac tac 43

<210> 880
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> k = g o t

<400> 880
tgctttccct gaagaagaat nnkgcgcaac acccttacta cgt 43

<210> 881
<211> 42
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> k = g o t

<400> 881
cctgaagaag aatggcgcgn nkcaccctta ctacgttcag gc 42

<210> 882
<211> 42
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> k = g o t

<400> 882
gaagaatggc gcgcaacacn nktactacgttcaggccagc ag 42

<210> 883
<211> 41
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> k = g o t

<400> 883
cgcgcaacac ccttactacn nkcaggccag cagcaaaatt g 41

<210> 884
<211> 42
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> k = g o t

<400> 884
cgcaacaccc ttactacgtt nnkgccagca gcaaaattga ag 42

<210> 885
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature

<222> (22)..(22)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> k = g o t

<400> 885
caacaccctt actacgttca gnnkagcagc aaaattgaag tcg 43

<210> 886
<211> 42
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (24)..(24)
<223> k = g o t

<400> 886
gttcaggcca gcagcaaaattnnkgtcgac aacaacgccg tg 42

<210> 887
<211> 42
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> k = g o t

<400> 887

gcagcaaaat tgaagtcgac nnkaacgccg tgaaagatca gg 42

<210> 888
<211> 42
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (20)..(20)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> k = g o t

<400> 888
gaaagatcag ggccggttgn nkgagccgct ctcgtaagga tc 42

<210> 889
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(2)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n es a, c, g o t

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> k = g o t

<400> 889
gtattaccgt tacaaacaat nnktccaacc ccatcgaagt cgc 43

<210> 890
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> m = a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n = g, a, t o c

<400> 890
gcgacttcga tggggttgga mnnattgttt gtaacggtaa tac 43

<210> 891
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> k = g o t

<400> 891
gtagcgacgg agacaccagc nnkttttccg tcggtaacgg caa 43

<210> 892
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> m = a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)

<223> n = g, a, t o c

<400> 892
ttgccgttac cgacggaaaa mnngctggtg tctccgtcgc tac 43

<210> 893
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> k = a o c

<400> 893
gcgacggaga caccagcttc nnktccgtcg gtaacggcaa gca 43

<210> 894
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> m = a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n = g, a, t o c

<400> 894
tgcttgccgt taccgacgga mnngaagctg gtgtctccgt cgc 43

<210> 895
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>

<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> k = g o c

<400> 895
tcttttccgt cggtaacggc nnkcaggaaa cctgggacag gtc 43

<210> 896
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> m = a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n = g, a, t o c

<400> 896
gacctgtccc aggtttcctg mnngccgtta ccgacggaaa aga 43

<210> 897
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> k = g o t

<400> 897
gtggcttcgt gctttccctg nnkaagaatg gcgcgcaaca ccc 43

<210> 898
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> m = a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n = g, a, t o c

<400> 898
gggtgttgcg cgccattctt mnncagggaa agcacgaagc cac 43

<210> 899
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> m = a o c

<400> 899
actacgttca ggccagcagc nnkattgaag tcgacaacaa cgc 43

<210> 900
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (2)..(23)

<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> m = a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n = g, a, t o c

<400> 900
gcgttgttgt cgacttcaat mnngctgctg gcctgaacgt agt 43

<210> 901
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> k = g o t

<400> 901
aagtcgacaa caacgccgtg nnkgatcagg gccggttgat cga 43

<210> 902
<211> 43
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador de mutagénesis

<220>
<221> misc_feature
<222> (21)..(21)
<223> m = a o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (22)..(22)
<223> n = g, a, t o c

<220>
<221> misc_feature
<222> (23)..(23)
<223> n = g, a, t o c

<400> 902
tcgatcaacc ggccctgatc mnncacggcg ttgttgtcga ctt 43

<210> 903
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Polipéptido variante de PIP-72

<400> 903

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

<210> 904
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Polipéptido variante de PIP-72

<400> 904

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

<210> 905
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Polipéptido variante de PIP-72

<400> 905

```
Met Gly Ile Thr Val Thr Asn Asn Ser Glu Asn Pro Ile Glu Val Ala
1               5                  10                  15
Ile Asn His Trp Gly Ser Asp Gly Asp Thr Ser Phe Phe Gly Ile Asp
            20                  25                  30
Ser Gly Lys Gln Glu Ser Trp Asp Arg Ser Asp Ser Arg Gly Phe Val
        35                  40                  45

Leu Ser Leu Lys Arg Asn Gly Ala Gln Ala Pro Tyr Tyr Val Gln Ala
    50                  55                  60
Ser Ser Lys Ile Glu Val Asp Asn Asn Ala Val Lys Asp Gln Gly Arg
65                  70                  75                  80
Leu Ile Glu Pro Leu Ser
                85
```

<210> 906
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Polipéptido variante de PIP-72

<400> 906

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

<210> 907
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Polipéptido variante de PIP-72

<400> 907

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

<210> 908
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Polipéptido variante de PIP-72

<400> 908

```
Met Gly Ile Thr Val Thr Asn Asn Ser Ala Asn Pro Ile Glu Val Ala
1               5                  10                  15
Ile Asn His Trp Gly Ser Asp Gly Asp Thr Ser Phe Phe Gly Ile Asp
            20                  25                  30
Ser Gly Lys Gln Glu Ser Trp Asp Arg Ser Asp Ser Arg Gly Phe Val
        35                  40                  45

Leu Ser Leu Lys Arg Asn Gly Ala Gln Ala Pro Tyr Tyr Val Gln Ala
    50                  55                  60
Ser Ser Lys Ile Glu Val Asp Asn Asn Ala Val Lys Asp Gln Gly Arg
65                  70                  75                  80
Leu Ile Glu Pro Leu Ser
                85
```

<210> 909
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Polipéptido variante de PIP-72

<400> 909

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

<210> 910
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Polipéptido variante de PIP-72

<400> 910

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

<210> 911
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Polipéptido variante de PIP-72

<400> 911

```
Met Gly Ile Thr Val Thr Asn Met Ser Ser Asn Pro Ile Glu Val Ala
1               5                  10                  15
Ile Asn His Trp Gly Ser Asp Gly Asp Thr Ser Phe Phe Gly Ile Asp
            20                  25                  30
Ser Gly Lys Gln Glu Ser Trp Asp Arg Ser Asp Ser Arg Gly Phe Val
        35                  40                  45

Leu Ser Leu Lys Arg Asn Gly Ala Gln Ala Pro Tyr Tyr Val Gln Ala
    50                  55                  60
Ser Ser Lys Ile Glu Val Asp Asn Asn Ala Val Lys Asp Gln Gly Arg
65                  70                  75                  80
Leu Ile Glu Pro Leu Ser
                85
```

<210> 912
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Polipéptido variante de PIP-72

<400> 912

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

<210> 913

<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Polipéptido variante de PIP-72

<400> 913

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

<210> 914
<211> 86
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Polipéptido variante de PIP-72

<400> 914

```
Met Gly Ile Thr Val Thr Asn Asn Ser Ser Asn Pro Ile Glu Val Ala
1               5                  10                  15
Ile Asn His Trp Gly Ser Asp Gly Asp Thr Ser Phe Phe Gly Ile Asp
            20                  25                  30
Ser Gly Lys Gln Glu Ser Trp Asp Arg Ser Asp Ser Arg Gly Phe Val
        35                  40                  45

Leu Ser Leu Lys Arg Asn Gly Ala Gln Ala Pro Tyr Tyr Val Gln Ala
    50                  55                  60
Ser Ser Lys Ile Glu Val His Asn Asn Ala Val Lys Asp Gln Gly Arg
65                  70                  75                  80
Leu Ile Glu Pro Leu Ser
                85
```

<210> 915
<211> 258
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Polipéptido variante de PIP-72

<400> 915

```
atgggtatta ccgttacaaa caattcggaa aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg       60
ggtagcgacg gagacaccag cttcttttcc gtcggtaacg gcaagcagga aacctgggac      120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgatgtcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccttac      180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg      240
ttgatctatc cgctctcg                                                    258
```

<210> 916
<211> 258
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Polipéptido variante de PIP-72

<400> 916

```
atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg       60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttggc attgacagcg gcaagcagga atcttgggac      120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcgcgca agctccttac      180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg      240
ttgatcgagc cgctctcg                                                    258
```

<210> 917
<211> 258
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Polipéptido variante de PIP-72

<400> 917

```
atgggtatta ccgttacaaa caattcggaa aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg       60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttggc attgacagcg gcaagcagga atcttgggac      120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcgcgca agctccttac      180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg      240
ttgatcgagc cgctctcg                                                    258
```

<210> 918
<211> 258
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Polipéptido variante de PIP-72

<400> 918

```
atgggtatta ccgttacaaa caattcgacg aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg       60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttggc attgacagcg gcaagcagga atcttgggac      120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcgcgca agctccttac      180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg      240
ttgatcgagc cgctctcg                                                    258
```

<210> 919
<211> 258
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Polipéptido variante de PIP-72

<400> 919

atgggtatta ccgttacaaa caattcggtt aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttggc attgacagcg gcaagcagga atcttgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcgcgca agctccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcg 258

<210> 920
<211> 258
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Polipéptido variante de PIP-72

<400> 920

atgggtatta ccgttacaaa caattcggct aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttggc attgacagcg gcaagcagga atcttgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcgcgca agctccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcg 258

<210> 921
<211> 258
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Polipéptido variante de PIP-72

<400> 921

atgggtatta ccgttacaaa caattcgttg aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttggc attgacagcg gcaagcagga atcttgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcgcgca agctccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcg 258

<210> 922
<211> 258
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Polipéptido variante de PIP-72

<400> 922

atgggtatta ccgttacaaa caattcggaa aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttggc attgacagcg gcaagcagga atcttgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcgcgca agctccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcatggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcg 258

<210> 923
<211> 258
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Polipéptido variante de PIP-72

<400> 923

atgggtatta ccgttacaaa catgtcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttggc attgacagcg gcaagcagga atcttgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcgcgca agctccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcg 258

<210> 924
<211> 258
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Polipéptido variante de PIP-72

<400> 924

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aggtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttggc attgacagcg gcaagcagga atcttgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcgcgca agctccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc cataacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcttcc cgctctcg 258

<210> 925
<211> 258
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Polipéptido variante de PIP-72

<400> 925

atgggcatta gcgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aagtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttggc attgacagcg gcaagcagga gtcttgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgtc aaggcgccca agctccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcatggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcc 258

<210> 926
<211> 258
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Polipéptido variante de PIP-72

<400> 926

atgggtatta ccgttacaaa caattcgtcc aaccccatcg aggtcgccat caatcattgg 60
ggtagcgacg gagacaccag cttctttggc attgacagcg gcaagcagga atcttgggac 120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagcgta atggcgcgca agctccttac 180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc cacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccgg 240
ttgatcgagc cgctctcg 258

<210> 927
<211> 86
<212> PRT
<213> Pseudomonas chlororaphis

<400> 927

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

Ser Ser Lys Ile Glu Val Asp Asn Asn Ala Val Lys Asp Gln Gly Gln
65                  70                  75                  80
Leu Ile Glu Pro Leu Ser
                85
```

<210> 928
<211> 86
<212> PRT
<213> Pseudomonas brassicacearum

<400> 928

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

<210> 929
<211> 86
<212> PRT
<213> Pseudomonas sp. QTF5

<400> 929

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

<210> 930
<211> 86
<212> PRT
<213> Halomonas anticariensis

<400> 930

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

<210> 931
<211> 90
<212> PRT
<213> Burkholderia pseudomallei

<400> 931

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

<210> 932
<211> 91
<212> PRT
<213> Pseudomonas entomophila

<400> 932

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

<210> 933
<211> 91
<212> PRT
<213> Pseudomonas entomophila

<400> 933

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

<210> 934
<211> 96
<212> PRT
<213> Pseudomonas chlororaphis

<400> 934

```
Met Ser Ile Thr Val Thr Asn Gly Ala Ser Thr Val Val Asn Val Ala


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

<210> 935
<211> 96
<212> PRT
<213> Pseudomonas chlororaphis

<400> 935

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

<210> 936
<211> 89
<212> PRT
<213> Burkholderia multivorans

<400> 936

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

<210> 937
<211> 90
<212> PRT
<213> Burkholderia pseudomallei

<400> 937

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

    50                  55                  60
Thr Ser Asn Ile Val Ile Tyr Asp Asp Lys Val Thr Asp Ser Gly Gln
65                  70                  75                  80
Thr Leu Leu Pro Ala Asn Lys Arg Phe Gly
                85                  90
```

<210> 938
<211> 92
<212> PRT
<213> Burkholderia pseudomallei

<400> 938

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

<210> 939
<211> 95
<212> PRT
<213> Pseudomonas chlororaphis

<400> 939

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

<210> 940
<211> 96
<212> PRT
<213> Pseudomonas chlororaphis

<400> 940

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

<210> 941
<211> 91
<212> PRT
<213> Pseudomonas mosselii

<400> 941

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

<210> 942
<211> 76
<212> PRT
<213> Burkholderia thailandensis

<400> 942

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

<210> 943
<211> 91
<212> PRT
<213> Pseudomonas protegens

<400> 943

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

<210> 944
<211> 91
<212> PRT
<213> Pseudomonas plecoglossicida

<400> 944

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

<210> 945
<211> 90
<212> PRT
<213> Desconocido

<220>
<223> desconocido

<400> 945

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

<210> 946
<211> 98
<212> PRT
<213> Pseudomonas chlororaphis

<400> 946

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

<210> 947
<211> 85
<212> PRT
<213> Paludibacterium yongneupense

<400> 947

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

Asp Lys Ala Glu Thr Trp Asp Arg Thr Asp Ala Arg Gly Phe Val Met
        35                  40                  45
Ala Thr Ile Val Lys Gly Val Gly Arg Ser Gln Ile Val Phe Ala Gly
    50                  55                  60
Thr Glu Val Val Val Asp Glu Lys Tyr Leu Ser Gly Ser Val Lys Thr
65                  70                  75                  80
Glu Ala Val Glu Ala
                85
```

<210> 948
<211> 76
<212> PRT
<213> Burkholderia thailandensis

<400> 948

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

<210> 949
<211> 258
<212> ADN
<213> Pseudomonas chlororaphis

<400> 949

```
atgggtatta ccgttaaaaa caattcgtcc aaccccatcg aagttgccat caatcgttgg       60
ggtaacgacg gagacaccaa cttcttttcc gtcggtaacg gcaaacagga aacctgggac      120
aggtccgaca gccgtggctt cgtgctttcc ctgaagaaga atggcgcgca acacccgtac      180
tacgttcagg ccagcagcaa aattgaagtc gacaacaacg ccgtgaaaga tcagggccag      240
ttgatcgagc cgctctcg                                                   258
```

<210> 950
<211> 258
<212> ADN
<213> Pseudomonas brassicacearum

<400> 950

```
atgggcatta ctgttaaaaa taactcatcc aacaccattg aagttgcggt caatcattgg       60
ggcagcgacg gagataccag cttcttttca atcgctaacg gcaagcagga aagctgggac      120
aggtccgaca gccgcggttt tgtactctcc ttgaagaaaa atggagcaca acatccgtac      180
tacgttcagg ccagtagcag aattgaagtc gacaataatg cagtgaagga tcagggccag      240
cctattcaac ccctctcc                                                   258
```

<210> 951
<211> 258
<212> ADN
<213> Pseudomonas sp. QTF5

<400> 951

```
atgggcatta ccgttacaaa taactcatca cacactattg aagttgcaat caatcagtgg       60
ggagatgacg gggatacgag ttttttttca atagctaacg gcaaaaacga aagctgggat      120
cggtctgacg atcgcggctt tgttctctct ttacaaaaaa atggagcaca atatccgtat      180
tacgttcagg ccagtagcaa tattaaagtt gacaataacg gagtaacgga tcagggcgag      240
gctatttatc ctctagcc                                                   258
```

<210> 952
<211> 258
<212> ADN
<213> Halomonas anticariensis

<400> 952

atgactatcc aagtcacaaa taacgcccaa caagaggttg aagttgccat caatgagtgg 60
ggtaccggcg gcgataccag ctttttcaca ttacatcaag gcaagtccga gaaatgggat 120
cgcgtcgatg aacgcggctt tgtgatggca gtgaaacata ggggggcgca acgcccatat 180
tacgtccagc atcaaagcaa cattaacatc tatgaccata gagttaccga tcacgactcg 240
attattcgta cgatagac 258

<210> 953
<211> 270
<212> ADN
<213> Burkholderia pseudomallei

<400> 953

atggcgataa gcgtcaaaaa cagcgcatcg aacacggttg aagtgtcgat caatcactgg 60
ggaacggacg gagacaccaa gccgttcaag atggcgcccg gagccagcga ttcctggaat 120
cgcaccgacc tacgtggctt cgtcatgtat gtgcagctgg gcgggtcggc gacgccgtac 180
tatgtgctga gcaccagcaa tatcgtgatc tacgacgaca aggtgacgga tagcgggcaa 240
acgctccttc ccgcaaacaa gcgttttggc 270

<210> 954
<211> 273
<212> ADN
<213> Pseudomonas entomophila

<400> 954

atgaagctca cgatcaccaa tggcgcaagc acatcgattg atattgcagt gagtgcatgg 60
cgtaacgacg gcaatgacag ttactactcg atagctcaag gagagtctga tacctgggac 120
cgcagcgacg ccagagggta cttgatggcg gtaaaaatga aatcccaagt aaaaacctac 180
tatatttctc aagccagcaa gatcgttgtt gaagacaacc ttgtgaaaga ccacggtcaa 240
actattaatc cgctgtacgc agtaaatagc atg 273

<210> 955
<211> 273
<212> ADN
<213> Pseudomonas entomophila

<400> 955

atgaagctca cgatcaccaa tggcgcaagc acatcgattg aaattgcagt gagtgcatgg 60
cgtaacgacg gcaatgacag ttactactcg atagctcaag gggaatctga tacctgggac 120
cgcagcgacg caagagggta cttgatggcg gtaaaaatga aatcccaggt aaaaacctac 180
tacatatccc aaaccagcaa gatagttgtt gaagacaaca ttgttaaaga ccacggccaa 240
acccttaacc cgctatacgc agcaaacaac atg 273

<210> 956
<211> 291
<212> ADN
<213> Pseudomonas chlororaphis

<400> 956

atgagcatca cagtcaccaa cggggcaagc acagtagtta acgtggcaat cagtacatgg 60
gagaaagacg gcagtgacgc ttactggcca ttagagcaag gcaaaggtga tacctggaaa 120
cgtagtgacc caaggggtta cttgatggcc atacaggata aatcccaaac aactgaatac 180
tacgtcacct gcaacagtgt aattgtcatc gaagacaacc tcgtgaagga tcacggccgg 240
actcttaacc cagtcgccgc ggccgggaag aaaaatgtgg taaatgcgta a 291

<210> 957
<211> 288

<212> ADN
<213> Pseudomonas chlororaphis

<400> 957

atgagcatca cagtcacaaa cggtgcaagc gcagtagtta aagtagccat tagcacatgg 60
cagaaagacg gcaatgacga tttctggtca ttagatcaag gcgcaagcga tacctggaaa 120
cgtagcgaca caaggggcta cttgatggcc gtgcaagaca agtcccgcac aactgaatac 180
tacgtttcct gcaacagcgc catcgttatc gaagacaacc tcgtcaaaga tcacggtcga 240
actcttaacc cactcattgc ggccgggcag aagaacgtgg cgaatgcg 288

<210> 958
<211> 267
<212> ADN
<213> Burkholderia multivorans

<400> 958

atggcaatta ctgtgacgaa caaatcggca gaagatgtcc aggtgtccat cagcacctgg 60
ggcaatcacg gcgacccgaa tccgtacccg gtcaagaccg gggtcacgga aagctgggac 120
cgcaaggacc cgcgcggctt cgtgctgtac ctgcagaaag gggcgacggc gcagccgtac 180
tacgtacagg ccggcgcagc aatcgtgttc ttctccttcc aggaggtcac ggacaacggc 240
gagccgatcc acccggtgag tgcgccg 267

<210> 959
<211> 270
<212> ADN
<213> Burkholderia pseudomallei

<400> 959

atggcgataa gcgtcaaaaa cagcgcatcg aacacggttg aagtgtcgat caatcactgg 60
ggaacggacg gagacaccaa gccgttcaag atggcgcccg gagccagcga ttcctggaat 120
cgcaacgacc tacgtggctt cgtcatgtat gtgcagttgg gcgggtcggc gacgccgtac 180
tatgtgctga gcaccagtaa tatcgtgatc tacgacgaca aggtgacgga tagcgggcaa 240
acgctccttc ccgcaaacaa gcgttttggc 270

<210> 960
<211> 276
<212> ADN
<213> Burkholderia pseudomallei

<400> 960

atggcgataa gcgtcaaaaa cagcgcatcg aacacggttg aagtgtcgat caataactgg 60
gaaacggacg tagacaccag caccaagccg ttcaagatgg cgcccggagc cagcgattcc 120
tggaatcgca ccgacctacg tggctacgtc atctatgtgc agctgggcgg gtcggcgacg 180
ccgtactatg tgatgagcac cagcaatatc gtgatctacg acgacaaggt gacggatagc 240
gggcaaacgc tccttcccgc aaacaagcgt tttggc 276

<210> 961
<211> 285
<212> ADN
<213> Pseudomonas chlororaphis

<400> 961

atgagcatca aaatcacaaa cggggccacc agagaggtcc aagtcgcagt cagcttttgg 60
tatacagatg gtaaagccgg tgacgtcagt gatacctatt acccactgaa gcccggcagt 120
ggtgaagaat ggaaacgcaa tgacccaaga ggttacttga tgaccataaa aggccaatcc 180
caagcaggtg tatattacgt tgcctttgac agcgaaatcc tcatagaaga caaccttgta 240
aaggaccgcg gcgaaaccat tacccgacta tctttgaagt ttgaa 285

<210> 962
<211> 288
<212> ADN
<213> Pseudomonas chlororaphis

<400> 962

atgagcatca cagtcacaaa cggagcaagc gcagtagtta acgtggcaat cagcacatgg 60

gagaaagacg gcagtgacgc ttactaccca ttagagcaag gcagcggtga cacctggaaa 120
cgtagtgacc caaggggtta cttgatggcc atacaggata aatcccaaac aactgaatac 180
tacgtctcct gcaacagtgc aattgtcatc gaagacaacc tcgtaaagga tgacggccga 240
actcttaacc cagtcgctgc ggccgggaag aaaaaagtgg taaatgcg 288

<210> 963
<211> 273
<212> ADN
<213> Pseudomonas mosselii

<400> 963

atgaagctca cgatcaccaa tggcgcaagc acctcagttg acattgcagt gagtacatgg 60
cgtaacgacg gcaatgacag ctactactca atagctcaag gggaatctga tacctgggac 120
cgcagcgacg caagagggta cttgatggcg gtaaaaatga aatcccaggt aaaaacctac 180
tacatctccc aaaccagcaa gatcgttgtt gaagacaacc ttgtgaaaga ccacggtcaa 240
acgcttaatc cgctatatgc agtgaataac atg 273

<210> 964
<211> 228
<212> ADN
<213> Burkholderia thailandensis

<400> 964

gtgtcgatca atcactgggg aacggacggc gacaccaagc cgttcaagat ggcgcccgga 60
gccagcgatt cctggaattg caccgacttt cgcggctacg tcatgtatgt gcagctgggc 120
gggtcggcga cgccgtacta tgtgctgagc accagcaata tcgtgatcta cgacgacaag 180
gtgacggata gcgggcaaac gctccttccc gcaaacaagc gttttggc 228

<210> 965
<211> 273
<212> ADN
<213> Pseudomonas protegens

<400> 965

atgggtacaa tctcggtctc aaacggtgca agcggggaaa ttaatgtttc agttagcaca 60
tggcaaaaag acggtgttga cacttatttc acaatagccc cgggcaactt tgaaacttgg 120
acgcgcaacg atccaagagg ctatttaatg gccgtaaatg gcaacaccaa gaaaaacgaa 180
tactacatct cccccaccag caaaatagtt atcgaggaca accttgtaaa ggaccacggc 240
caaactattt acccattaat tctagctaac gcg 273

<210> 966

<211> 276
<212> **ADN**
<213> Pseudomonas plecoglossicida

<400> 966

atgaagctca cgatcaccaa tggcgcaagc acctcagttg acattgcagt gagtacatgg 60
cgtaacgacg gtaatgacag ctactactca atagctcaag gggaatctga tacttgggac 120
cgcagcgacg caagagggta cttgatggcg gtaaaaatga aatcccaagt aaaaacctac 180
tacatctccc aaaccagtaa gatcgttgtt gaagacaaca ttgtaaaaga ccacggccaa 240
acgcttaatc cgctatacgc attaaataac atgtag 276

<210> 967
<211> 270
<212> ADN
<213> Desconocido

<220>
<223> desconocido

<400> 967

atgagcatca caatcacaaa cggagcaagc agaacggtcc aaattgcagt cagcgtatgg 60
gggcgagacg gcagtgacga ttattatgca ctggagcccg gcaaaggtga tacatggggg 120
cgtaatgacc caagaggtta cttgatggcc ataaaaggcc agacccaagc aggtgtatat 180

tacgttgcct ttgacagtca aatcgtcata gaagacaacc ttgtaaagga tcgcggccga 240
actatcaacc cactcgcttc gaacaatcaa 270

<210> 968
<211> 288
<212> ADN
<213> Pseudomonas chlororaphis

<400> 968

atgagcatca cagtcacaaa cggggcaagc acagtagtta acgtggcaat cagtacatgg 60
gagaaagacg gcagtgacgc ttactaccca ttacagcaag gcagcggtga cacctggaaa 120
cgtagtgacc caaggggtta cttgatggcc attcaggata aatcccaaac aactgaatac 180
tacgtctcct gcaacagtgt aattgtcatc gaagacaacg tcgtgaagga tcacggccgg 240
actcttaacc cagtcgctgc ggccgggaag aaaaaagtgg caaatgcg 288

<210> 969
<211> 255
<212> ADN
<213> Paludibacterium yongneupense

<400> 969

atgatcaaag ttatcaataa aaccggtctt ccgatcaagg tttcgatcaa ccactgggga 60
agcggcggcg atacgagcta cttcacgata gaaaaagaca aggctgaaac gtgggaccgc 120
actgacgccc gtggcttcgt gatggcaacg atcgtcaagg gcgtcggtcg ctcacaaatc 180
gtgttcgcag gcacggaggt cgtcgttgat gaaaaatatc tctcaggctc ggttaaaacc 240
gaggcagtag aagca 255

<210> 970
<211> 228
<212> ADN
<213> Burkholderia thailandensis

<400> 970

gtgtcgatca atcactgggg aacggacgga gacaccaatc cgttcaagat ggcgcccgga 60
gccagcgatt cctggaatcg caccgacctt cgcggctacg tcatgtatgt gcagttgggc 120
gggtcggcga cgccgtacta tgtgctgagt accagcaata tcgtgatcta cgacgacaag 180
gtgacggata gcgggcaaac gctccttccc gcaaaccagc gttttggc 228

<210> 971
<211> 38
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Cebador de clonación

<400> 971
atgatcatat gggtattacc gttaaaaaca attcgtcc 38

<210> 972
<211> 38
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Cebador de clonación

<400> 972
atggatcctt acgagagcgg ctcgatcaac tggccctg 38

<210> 973
<211> 38
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Cebador de clonación

<400> 973
atgatcatat gggcattact gttaaaaata actcatcc 38

<210> 974
<211> 35
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Cebador de clonación

<400> 974
atggatcctt aggagagggg ttgaataggc tggcc 35

<210> 975
<211> 34
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Cebador de clonación

<400> 975
atgatcatat gaagctcacg atcaccaatg gcgc 34

<210> 976

<211> 35
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Cebador de clonación

<400> 976
atggatcctt acatgttgtt tgctgcgtat agcgg 35

<210> 977
<211> 37
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Cebador de clonación

<400> 977
atgatcatat gagcatcaca gtcacaaacg gagcaag 37

<210> 978
<211> 36
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Cebador de clonación

<400> 978
atggatcctt acgcatttac cacttttttc ttcccg 36

<210> 979
<211> 37
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Cebador de clonación

<400> 979
atgatcatat gagcatcaaa atcacaaacg gggccac 37

<210> 980
<211> 39
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Cebador de clonación

<400> 980
atggatcctt attcaaactt caaagatagt cgggtaatg 39

REIVINDICACIONES

1. Una construcción de ADN que comprende una molécula de ácido nucleico heteróloga que codifica un polipéptido de PIP-72 que tiene actividad insecticida contra el gusano de la raíz del maíz occidental (*Diabrotica virgifera virgifera*), en donde el polipéptido de PIP-72 codificado comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 80 % de identidad respecto de la SEQ ID NO: 2.

2. La construcción de ADN de la reivindicación 1, en donde:

A. el polipéptido de PIP-72 codificado comprende de 1 a 17 sustituciones de aminoácidos en la posición de aminoácido 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 42, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 56, 57, 58, 59, 60, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 81, 82, 83, 84, 85 u 86, en comparación con el aminoácido correspondiente de la SEQ ID NO: 2; o

B. el polipéptido de PIP-72 codificado comprende de 1 a 17 sustituciones de aminoácidos en la posición de aminoácido 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 17, 18, 19, 20, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 42, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 56, 58, 60, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 81, 82, 83, 84, 85 u 86 en comparación con el aminoácido correspondiente de SEQ ID NO: 2; o

C. el polipéptido de PIP-72 codificado de la reivindicación 1 o 2B, que tiene actividad insecticida contra el gusano de la raíz del maíz occidental, comprende una secuencia de aminoácidos de la fórmula:

```
Met Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Ala
1               5                   10                  15

Xaa Xaa Xaa Xaa Gly Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
            20                  25                  30

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Arg Xaa Asp Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
        35                  40                  45

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Gly Xaa Gln Xaa Pro Xaa Tyr Val Xaa Xaa
    50                  55                  60

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
65                  70                  75                  80

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
                85          (SEQ ID NO: 846)
```

en donde

Xaa en la posición 2 es Gly, Ala, Cys, Asp, Glu, Ile, Lys, Leu, Asn, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 3 es Ile o Trp;
Xaa en la posición 4 es Thr, Ala, Asp, Glu, His, Ile, Lys, Leu, Arg, Ser, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 5 es Val, Ala, Cys, Gly, His, Ile o Tyr;
Xaa en la posición 6 es Thr, Ala, Cys, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Met, Pro, Gln, Arg, Ser, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 7 es Asn, Ala o Val;
Xaa en la posición 8 es Asn, Ala, Cys, Asp, Glu, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Met, Gln, Arg, Ser, Thr o Val;
Xaa en la posición 9 es Ser, Ala, Cys, Gly o Thr;
Xaa en la posición 10 es Ser, Ala, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Asn, Pro, Gln, Arg, Thr o Trp;
Xaa en la posición 11 es Asn, Ala, Cys, Asp, Glu, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Met, Gln, Ser, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 12 es Pro, Ala, Cys, Asp, Glu, Gly, His, Lys, Leu, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 13 es Ile, Asn, Gln o Val;
Xaa en la posición 14 es Glu, Ala, Cys, Phe, His, Lys o Gln;
Xaa en la posición 15 es Val, Ala, Cys, Ile, Met o Arg;
Xaa en la posición 17 es Ile, Glu o Val;
Xaa en la posición 18 es Asn o Ser;
Xaa en la posición 19 es His, Ala, Glu, Lys, Leu, Pro, Arg, Ser o Tyr;
Xaa en la posición 20 es Trp, Ala o Thr;
Xaa en la posición 22 es Ser, Ala, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Arg, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 23 es Asp, Ala, Gly, His, Lys, Met, Asn, Gln, Ser, Thr o Val;
Xaa en la posición 24 es Gly, Asp o Phe;
Xaa en la posición 25 es Asp, Ala, Glu, Phe, Asn o Gln;
Xaa en la posición 26 es Thr, Glu o Pro;

Xaa en la posición 27 es Ser, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Asn, Gln, Arg o Thr;
Xaa en la posición 28 es Phe, Pro, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 29 es Phe, Ala, Cys, Ile, Leu, Gln, Arg, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 30 es Ser, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Lys, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Arg, Thr, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 31 es Val, Ile o Leu;
Xaa en la posición 32 es Gly, Ala, Asp, Glu, Phe, His, Lys, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 33 es Asn, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Pro, Gln, Arg, Ser, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 34 es Gly, Glu, Phe, His, Lys, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr o Tyr;
Xaa en la posición 35 es Lys, Ala, Cys, Asp, Gly, His, Ile, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr o Val;
Xaa en la posición 36 es Gln, Ala, Cys, Glu, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Asn, Pro, Arg, Ser, Thr o Val;
Xaa en la posición 37 es Glu, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, Ile, Lys, Leu, Met, Asn, Ser, Thr o Val;
Xaa en la posición 38 es Thr, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 39 es Trp o Phe;
Xaa en la posición 40 es Asp, Ala, Cys, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 42 es Ser, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, Ile, Lys, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Thr, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 44 es Ser, Ala, Asp, Glu, Gly, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 45 es Arg, Lys o Ser;
Xaa en la posición 46 es Gly, Ala o Gln;
Xaa en la posición 47 es Phe, Cys, Val o Tyr;
Xaa en la posición 48 es Val, Ile o Leu;
Xaa en la posición 49 es Leu, Cys, Phe, Met, Arg o Tyr;
Xaa en la posición 50 es Ser, Ala, Cys, Asp, Ile, Met, Pro, Gln, Thr o Val;
Xaa en la posición 51 es Leu, Ala, Cys, Met o Val;
Xaa en la posición 52 es Lys, Cys, Phe, His, Ile, Leu, Met, Asn, Arg, Ser, Thr, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 53 es Lys, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, His, Ile, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 54 es Asn, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, Lys, Met, Gln, Arg, Ser o Trp;
Xaa en la posición 56 es Ala, Gly, Leu, Asn, Pro, Gln, Arg, Ser o Thr;
Xaa en la posición 57 es Gln, Glu, Leu, Met, Ser o Thr;
Xaa en la posición 58 es His, Ala, Asp, Phe, Leu, Met, Asn, Arg, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 60 es Tyr, Glu o Phe;
Xaa en la posición 63 es Gln, Cys, Gly, Ile, Leu, Met, Asn, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 64 es Ala, Phe, Gly, His, Arg, Ser o Tyr;
Xaa en la posición 65 es Ser, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Asn, Thr o Val;
Xaa en la posición 66 es Ser, Ala o Gly;
Xaa en la posición 67 es Lys, Ala, Cys, Asp, Phe, His, Ile, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 68 es Ile, Asp, Leu o Val;
Xaa en la posición 69 es Glu, Ala, Cys, Asp, Phe, His, Ile, Leu, Met, Gln, Arg, Ser, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 70 es Val, Cys o Ile;
Xaa en la posición 71 es Asp, Ala, Cys, Gly, His, Ile, Leu, Met, Asn, Ser, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 72 es Asn, Ala, Cys, Asp, Glu, Gly, Lys, Met, Pro, Gln, Arg, Ser, Thr, Val o Trp;
Xaa en la posición 73 es Asn, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Ser, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 74 es Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 75 es Val, Cys, Ile o Leu;
Xaa en la posición 76 es Lys, Ala, Cys, Phe, His, Ile, Leu, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 77 es Asp Tyr;
Xaa en la posición 78 es Gln, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Met, Asn, Arg, Ser, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 79 es Gly, Arg, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, His, Lys, Leu, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 80 es Arg, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Asn, Ser, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 81 es Leu, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Asn, Pro, Arg, Ser, Thr o Val;
Xaa en la posición 82 es Ile, Ala, Leu, Met, Arg o Val;
Xaa en la posición 83 es Glu, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Asn, Pro, Arg, Ser, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 84 es Pro, Ala, Cys, Glu, Ile, Ser, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 85 es Leu, Cys, Gly o Val; y Xaa en la posición 86 es Ser, Ala, Ile, Thr o Val

en donde dicha secuencia de aminoácidos tiene al menos un 80 % de identidad respecto de la SEQ ID NO: 2; o

D. el polipéptido de PIP-72 codificado de la reivindicación 1 o 2A, que tiene actividad insecticida contra el gusano de la raíz del maíz occidental, comprende una secuencia de aminoácidos de la fórmula:

Met Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Ser Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
1 5 10 15

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
20 25 30

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Arg Xaa Asp Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
35 40 45

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Tyr Xaa Xaa Xaa
50 55 60

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
65 70 75 80

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
85

SEQ ID NO: 849

en donde

Xaa en la posición 2 es Gly, Ala, Cys, Asp, Glu, Ile, Lys, Leu, Asn, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 3 es Ile, Leu, Val o Trp;
Xaa en la posición 4 es Thr, Ala, Asp, Glu, His, Ile, Lys, Leu, Arg, Ser, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 5 es Val, Ala, Cys, Gly, His, Ile, Leu o Tyr;
Xaa en la posición 6 es Thr, Ala, Cys, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Met, Pro, Gln, Arg, Ser, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 7 es Asn, Ala o Val;
Xaa en la posición 8 es Asn, Lys, Gly, Ser, Gln, Arg, Thr, Ala, Cys, Asp, Glu, His, Ile, Leu, Met o Val;
Xaa en la posición 9 es Ser, Ala, Cys, Gly o Thr;
Xaa en la posición 11 es Asn, Lys, Thr, Gln, Arg, Ser, Ala, Cys, Asp, Glu, Gly, His, Ile, Leu, Met, Val o Tyr;
Xaa en la posición 12 es Pro, Thr, Lys, Ser, Arg, Ala, Cys, Asp, Glu, Gly, His, Leu, Asn, Gln, Arg, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 13 es Ile, Asn, Gln, Leu o Val;
Xaa en la posición 14 es Glu, Ala, Cys, Phe, His, Lys, Asp o Gln;
Xaa en la posición 15 es Val, Ala, Ile, Leu, Cys, Met o Arg;
Xaa en la posición 16 es Ala o Ser;
Xaa en la posición 17 es Ile, Glu, Leu o Val;
Xaa en la posición 18 es Asn, Gln, Thr o Ser;
Xaa en la posición 19 es His, Lys, Ala, Arg, Glu, Leu, Pro, Ser o Tyr;
Xaa en la posición 20 es Trp, Ala o Thr;
Xaa en la posición 21 es Gly, Arg o Lys;
Xaa en la posición 22 es Ser, Ala, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Arg, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 23 es Asp, Ala, Gly, His, Lys, Met, Asn, Gln, Ser, Thr o Val;
Xaa en la posición 24 es Gly, Asp o Phe;
Xaa en la posición 25 es Asp, Ala, Glu, Phe, Asn o Gln;
Xaa en la posición 26 es Thr, Glu, Asp, Ser o Pro;
Xaa en la posición 27 es Ser, Thr, Lys, Arg, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Asn o Gln;
Xaa en la posición 28 es Phe, Tyr, Pro o Trp;
Xaa en la posición 29 es Phe, Ala, Cys, Ile, Leu, Gln, Arg, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 30 es Ser, Gly, Lys, Thr, Arg, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, His, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 31 es Val, Ile, Met o Leu;
Xaa en la posición 32 es Gly, Ala, Asp, Glu, Phe, His, Lys, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 33 es Asn, Ser, Gln, Pro, Thr, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Arg, Val o Tyr;
Xaa en la posición 34 es Gly, Glu, Phe, His, Lys, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr o Tyr;
Xaa en la posición 35 es Lys, Glu, Ala, Cys, Asp, Gly, His, Ile, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr o Val;
Xaa en la posición 36 es Gln, Ala, Cys, Glu, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Asn, Pro, Arg, Ser, Thr o Val;
Xaa en la posición 37 es Glu, Asp, Ala, Cys, Phe, Gly, Ile, Lys, Leu, Met, Asn, Ser, Thr o Val;
Xaa en la posición 38 es Thr, Ser, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 39 es Trp o Phe;
Xaa en la posición 40 es Asp, Ala, Cys, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 42 es Ser, Asn, Thr, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, Ile, Lys, Leu, Met, Arg, Val, Trp, Tyr o Gln;
Xaa en la posición 44 es Ser, Asp, Ala, Leu, Thr, Glu, Ile, Ala, Gly, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Val, Tyr o Val;
Xaa en la posición 45 es Arg, Lys o Ser;

Xaa en la posición 46 es Gly, Ala o Gln;
Xaa en la posición 47 es Phe, Tyr Cys, Val o Trp;
Xaa en la posición 48 es Leu, Met, Ile, Cys, Phe, Met, Arg, Tyr o Val;
Xaa en la posición 49 es Leu, Met, Ile o Val;
Xaa en la posición 50 es Ser, Ala, Tyr, Cys, Asp, Ile, Met, Pro, Gln, Val o Thr;
Xaa en la posición 51 es Leu, Val, Ala, Cys, Met o Ile;
Xaa en la posición 52 es Lys, Cys, Phe, His, Ile, Leu, Met, Asn, Arg, Ser, Thr, Gln, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 53 es Lys, Arg, Met, Leu, Ile, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, His, Asn, Gln, Ser, Thr, Tyr o Val;
Xaa en la posición 54 es Asn, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, Lys, Met, Gln, Arg, Ser o Trp;
Xaa en la posición 55 es Gly, Ser o Thr;
Xaa en la posición 56 es Ala, Thr, Gln, Ser, Gly, Leu, Pro, Arg o Asn;
Xaa en la posición 57 es Gln, Glu, Leu, Met, Ser, Val, Ala, Asn, Ile o Thr;
Xaa en la posición 58 es His, Ala, Lys, Asp, Phe, Leu, Met, Asn, Arg, Trp, Tyr o Thr;
Xaa en la posición 59 es Pro, Thr o Ser;
Xaa en la posición 60 es Tyr, Glu o Phe;
Xaa en la posición 62 es Val, Ile o Leu;
Xaa en la posición 63 es Gln, Ser, Cys, Gly, Ile, Leu, Met, Asn, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 64 es Ala, Gln, Asn, Phe, Gly, His, Arg, Ser o Tyr;
Xaa en la posición 65 es Ser, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Asn, Val o Thr;
Xaa en la posición 66 es Ser, Ala o Gly;
Xaa en la posición 67 es Lys, Gln, Asn o Arg;
Xaa en la posición 68 es Ile, Asp, Leu o Val;
Xaa en la posición 69 es Glu, Ala, Cys, Asp, Phe, His, Ile, Leu, Met, Gln, Arg, Ser, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 70 es Val, Ile, Cys o Leu;
Xaa en la posición 71 es Asp, Glu, Tyr, Ala, Cys, Gly, His, Ile, Leu, Met, Asn, Ser, Thr, Val o Trp;
Xaa en la posición 72 es Asn, Ala, Cys, Asp, Glu, Gly, Lys, Met, Pro, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, His o Trp;
Xaa en la posición 73 es Asn, Ser, Asp, Gln, Thr, Ala, Cys, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Val, Tyr o Glu;
Xaa en la posición 74 es Ala, Thr, Met, Ile, Lys, Ser, Leu, Val, Cys, Asp, Phe, Gly, His, Asn, Gln, Tyr o Arg;
Xaa en la posición 75 es Val, Cys, Ile o Leu;
Xaa en la posición 76 es Lys, Ala, Cys, Phe, His, Ile, Leu, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 77 es Asp Tyr;
Xaa en la posición 78 es Gln, His, Ser, Asn, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, Ile, Leu, Met, Asn, Arg, Val, Tyr o Thr;
Xaa en la posición 79 es Gly, Arg, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, His, Lys, Leu, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 80 es Arg, Glu, Gln, Lys, Asp, Ala, Cys, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Ser, Thr, Val, Tyr o Asn;
Xaa en la posición 81 es Leu, Pro, Thr, Ile, Val, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, His o Ser;
Xaa en la posición 82 es Ile, Ala, Leu, Met, Arg y Val;
Xaa en la posición 83 es Glu, His, Asn, Leu, Gln, Ile, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, Lys, Pro, Arg, Ser, Thr, Tyr o Val;
Xaa en la posición 84 es Pro, Ala, Cys, Glu, Ile, Ser, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 85 es Leu, Val, Cys, Gly o Ala; y Xaa en la posición 86 es Ser, Ala, Tyr, Asn, Ile, Val o Thr

en donde dicha secuencia de aminoácidos tiene al menos un 80 % de identidad respecto de la SEQ ID NO: 2; o

E. el polipéptido de PIP-72 codificado de una cualquiera de las reivindicaciones 1, 2A o 2B comprende un motivo de aminoácidos representado por las posiciones 37-51 de SEQ ID NO: 846, SEQ ID NO: 847, SEQ ID NO: 848 o SEQ ID NO: 849.

3. Un polinucleótido aislado que comprende una molécula de ácido nucleico que codifica un polipéptido de PIP-72 que tiene actividad insecticida contra el gusano de la raíz del maíz occidental (*Diabrotica virgifera virgifera*), en donde el polipéptido de PIP-72 codificado comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 80 % de identidad respecto de la SEQ ID NO: 2.

4. El polinucleótido aislado de la reivindicación 3, en donde:

A. el polipéptido de PIP-72 codificado comprende de 1 a 17 sustituciones de aminoácidos en la posición de aminoácido 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 42, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 56, 57, 58, 59, 60, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 81, 82, 83, 84, 85 u 86, en comparación con el aminoácido correspondiente de la SEQ ID NO: 2; o

B. el polipéptido de PIP-72 codificado comprende de 1 a 17 sustituciones de aminoácidos en la posición de aminoácido 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 17, 18, 19, 20, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 42, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 56, 58, 60, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76,77, 78, 79, 80, 81, 82, 83, 84, 85 y 86 en comparación con el aminoácido correspondiente de SEQ ID NO: 2; o

C. el polipéptido de PIP-72 codificado de la reivindicación 3 o 4A, que tiene actividad insecticida contra el gusano de la raíz del maíz occidental, comprende una secuencia de aminoácidos de la fórmula:

```
Met Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Ala
1               5                   10                  15

Xaa Xaa Xaa Xaa Gly Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
            20                  25                  30

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Arg Xaa Asp Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
        35                  40                  45

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Gly Xaa Gln Xaa Pro Xaa Tyr Val Xaa Xaa
    50                  55                  60

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa

65                  70                  75                  80

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
                85          (SEQ ID NO: 846)
```

en donde

Xaa en la posición 2 es Gly, Ala, Cys, Asp, Glu, Ile, Lys, Leu, Asn, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 3 es Ile o Trp;
Xaa en la posición 4 es Thr, Ala, Asp, Glu, His, Ile, Lys, Leu, Arg, Ser, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 5 es Val, Ala, Cys, Gly, His, Ile o Tyr;
Xaa en la posición 6 es Thr, Ala, Cys, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Met, Pro, Gln, Arg, Ser, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 7 es Asn, Ala o Val;
Xaa en la posición 8 es Asn, Ala, Cys, Asp, Glu, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Met, Gln, Arg, Ser, Thr o Val;
Xaa en la posición 9 es Ser, Ala, Cys, Gly o Thr;
Xaa en la posición 10 es Ser, Ala, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Asn, Pro, Gln, Arg, Thr o Trp;
Xaa en la posición 11 es Asn, Ala, Cys, Asp, Glu, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Met, Gln, Ser, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 12 es Pro, Ala, Cys, Asp, Glu, Gly, His, Lys, Leu, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 13 es Ile, Asn, Gln o Val;
Xaa en la posición 14 es Glu, Ala, Cys, Phe, His, Lys o Gln;
Xaa en la posición 15 es Val, Ala, Cys, Ile, Met o Arg;
Xaa en la posición 17 es Ile, Glu o Val;
Xaa en la posición 18 es Asn o Ser;
Xaa en la posición 19 es His, Ala, Glu, Lys, Leu, Pro, Arg, Ser o Tyr;
Xaa en la posición 20 es Trp, Ala o Thr;
Xaa en la posición 22 es Ser, Ala, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Arg, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 23 es Asp, Ala, Gly, His, Lys, Met, Asn, Gln, Ser, Thr o Val;
Xaa en la posición 24 es Gly, Asp o Phe;
Xaa en la posición 25 es Asp, Ala, Glu, Phe, Asn o Gln;
Xaa en la posición 26 es Thr, Glu o Pro;
Xaa en la posición 27 es Ser, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Asn, Gln, Arg o Thr;
Xaa en la posición 28 es Phe, Pro, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 29 es Phe, Ala, Cys, Ile, Leu, Gln, Arg, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 30 es Ser, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Lys, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Arg, Thr, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 31 es Val, Ile o Leu;
Xaa en la posición 32 es Gly, Ala, Asp, Glu, Phe, His, Lys, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 33 es Asn, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Pro, Gln, Arg, Ser, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 34 es Gly, Glu, Phe, His, Lys, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr o Tyr;
Xaa en la posición 35 es Lys, Ala, Cys, Asp, Gly, His, Ile, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr o Val;
Xaa en la posición 36 es Gln, Ala, Cys, Glu, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Asn, Pro, Arg, Ser, Thr o Val;
Xaa en la posición 37 es Glu, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, Ile, Lys, Leu, Met, Asn, Ser, Thr o Val;
Xaa en la posición 38 es Thr, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 39 es Trp o Phe;
Xaa en la posición 40 es Asp, Ala, Cys, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 42 es Ser, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, Ile, Lys, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Thr, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 44 es Ser, Ala, Asp, Glu, Gly, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 45 es Arg, Lys o Ser;

Xaa en la posición 46 es Gly, Ala o Gln;
Xaa en la posición 47 es Phe, Cys, Val o Tyr;
Xaa en la posición 48 es Val, Ile o Leu;
Xaa en la posición 49 es Leu, Cys, Phe, Met, Arg o Tyr;
Xaa en la posición 50 es Ser, Ala, Cys, Asp, Ile, Met, Pro, Gln, Thr o Val;
Xaa en la posición 51 es Leu, Ala, Cys, Met o Val;
Xaa en la posición 52 es Lys, Cys, Phe, His, Ile, Leu, Met, Asn, Arg, Ser, Thr, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 53 es Lys, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, His, Ile, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 54 es Asn, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, Lys, Met, Gln, Arg, Ser o Trp;
Xaa en la posición 56 es Ala, Gly, Leu, Asn, Pro, Gln, Arg, Ser o Thr;
Xaa en la posición 57 es Gln, Glu, Leu, Met, Ser o Thr;
Xaa en la posición 58 es His, Ala, Asp, Phe, Leu, Met, Asn, Arg, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 60 es Tyr, Glu o Phe;
Xaa en la posición 63 es Gln, Cys, Gly, Ile, Leu, Met, Asn, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 64 es Ala, Phe, Gly, His, Arg, Ser o Tyr;
Xaa en la posición 65 es Ser, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Asn, Thr o Val;
Xaa en la posición 66 es Ser, Ala o Gly;
Xaa en la posición 67 es Lys, Ala, Cys, Asp, Phe, His, Ile, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 68 es Ile, Asp, Leu o Val;
Xaa en la posición 69 es Glu, Ala, Cys, Asp, Phe, His, Ile, Leu, Met, Gln, Arg, Ser, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 70 es Val, Cys o Ile;
Xaa en la posición 71 es Asp, Ala, Cys, Gly, His, Ile, Leu, Met, Asn, Ser, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 72 es Asn, Ala, Cys, Asp, Glu, Gly, Lys, Met, Pro, Gln, Arg, Ser, Thr, Val o Trp;
Xaa en la posición 73 es Asn, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Ser, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 74 es Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 75 es Val, Cys, Ile o Leu;
Xaa en la posición 76 es Lys, Ala, Cys, Phe, His, Ile, Leu, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 77 es Asp Tyr;
Xaa en la posición 78 es Gln, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Met, Asn, Arg, Ser, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 79 es Gly, Arg, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, His, Lys, Leu, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 80 es Arg, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Asn, Ser, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 81 es Leu, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Asn, Pro, Arg, Ser, Thr o Val;
Xaa en la posición 82 es Ile, Ala, Leu, Met, Arg o Val;
Xaa en la posición 83 es Glu, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Asn, Pro, Arg, Ser, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 84 es Pro, Ala, Cys, Glu, Ile, Ser, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 85 es Leu, Cys, Gly o Val; y Xaa en la posición 86 es Ser, Ala, Ile, Thr o Val

en donde dicha secuencia de aminoácidos tiene al menos un 80 % de identidad respecto de la SEQ ID NO: 2; o

D. el polipéptido de PIP-72 codificado de la reivindicación 3 o 4B, que tiene actividad insecticida contra el gusano de la raíz del maíz occidental, comprende una secuencia de aminoácidos de la fórmula:

```
Met Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Asn Xaa Xaa Ser Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
1               5                   10                  15

Xaa Xaa Xaa Trp Xaa Xaa Asp Gly Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa

            20                  25                  30

Xaa Gly Xaa Xaa Xaa Xaa Trp Asp Arg Xaa Asp Xaa Arg Gly Xaa Xaa
        35                  40                  45

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Tyr Tyr Xaa Xaa Xaa
    50                  55                  60

Xaa Ser Xaa Ile Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Val Xaa Asp Xaa Gly Xaa
65                  70                  75                  80

Xaa Xaa Xaa Pro Xaa Xaa
                85      SEQ ID NO: 847
```

en donde

Xaa en la posición 2 es Gly, Lys o Ala;
Xaa en la posición 3 es Ile o Leu;
Xaa en la posición 4 es Thr o Ser;

Xaa en la posición 5 es Val o Ile;
Xaa en la posición 6 es Thr o Lys;
Xaa en la posición 8 es Asn, Lys, Gly o Ser;
Xaa en la posición 9 es Ser o Ala;
Xaa en la posición 11 es Asn, Lys, His o Thr;
Xaa en la posición 12 es Pro, Thr, Lys o Ser;
Xaa en la posición 13 es Ile o Val;
Xaa en la posición 14 es Glu o Asp;
Xaa en la posición 15 es Val, Ala o Ile;
Xaa en la posición 16 es Ala o Ser;
Xaa en la posición 17 es Ile o Val;
Xaa en la posición 18 es Asn o Ser;
Xaa en la posición 19 es His, Lys, Arg, Gln o Ala; Xaa en la posición 21 es Gly o Arg;
Xaa en la posición 22 es Ser, Lys, Asn, Asp o Thr; Xaa en la posición 25 es Asp o Asn;
Xaa en la posición 26 es Thr o Asp;
Xaa en la posición 27 es Ser, Thr, Asn o Lys;
Xaa en la posición 28 es Phe, Tyr o Pro;
Xaa en la posición 29 es Phe o Tyr;
Xaa en la posición 30 es Ser, Gly o Lys;
Xaa en la posición 31 es Val, Ile o Met;
Xaa en la posición 32 es Gly, Ala o Asp;
Xaa en la posición 33 es Asn, Ser, Gln o Pro;
Xaa en la posición 35 es Lys, Glu o Ser;
Xaa en la posición 36 es Gln, Asn o Ser;
Xaa en la posición 37 es Glu o Asp;
Xaa en la posición 38 es Thr o Ser;
Xaa en la posición 42 es Ser o Asn;
Xaa en la posición 44 es Ser, Asp, Ala o Leu;
Xaa en la posición 47 es Phe o Tyr;
Xaa en la posición 48 es Leu o Met;
Xaa en la posición 49 es Leu o Met;
Xaa en la posición 50 es Ser, Ala o Tyr;
Xaa en la posición 51 es Leu o Val;
Xaa en la posición 52 es Lys o Gln;
Xaa en la posición 53 es Lys, Arg, Met o Leu;
Xaa en la posición 54 es Asn, Lys o Gly;
Xaa en la posición 55 es Gly o Ser;
Xaa en la posición 56 es Ala, Thr, Gln o Ser;
Xaa en la posición 57 es Gln, Val o Ala;
Xaa en la posición 58 es His, Ala, Lys, Tyr o Thr; Xaa en la posición 59 es Pro o Thr;
Xaa en la posición 62 es Val o Ile;
Xaa en la posición 63 es Gln, Ser o Leu;
Xaa en la posición 64 es Ala, Gln o Ser;
Xaa en la posición 65 es Ser o Thr;
Xaa en la posición 67 es Lys, Gln, Arg o Asn;
Xaa en la posición 69 es Glu, Lys o Val;
Xaa en la posición 70 es Val o Ile;
Xaa en la posición 71 es Asp, Glu o Tyr;
Xaa en la posición 72 es Asn, His, Ser o Asp;
Xaa en la posición 73 es Asn, Ser o Asp;
Xaa en la posición 74 es Ala, Thr, Met, Ile o Lys; Xaa en la posición 76 es Lys o Thr;
Xaa en la posición 78 es Gln, His o Ser;
Xaa en la posición 80 es Arg, Glu o Gln;
Xaa en la posición 81 es Leu, Pro, Ala o Thr;
Xaa en la posición 82 es Ile o Leu;
Xaa en la posición 83 es Glu, His, Asn, Gln o Leu: Xaa en la posición 85 es Leu, Val o Ala; y
Xaa en la posición 86 es Ser, Ala, Tyr o Asn

en donde dicha secuencia de aminoácidos tiene al menos un 80 % de identidad respecto de la SEQ ID NO: 2; o

E. en donde el polipéptido de PIP-72 codificado de la reivindicación 3 o 4B, que tiene actividad insecticida contra el gusano de la raíz del maíz occidental, comprende una secuencia de aminoácidos de la fórmula:

```
Met Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Asn Xaa Xaa Ser Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
1               5                   10                  15

Xaa Xaa Xaa Trp Xaa Xaa Asp Gly Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
            20                  25                  30

Xaa Gly Xaa Xaa Xaa Xaa Trp Asp Arg Xaa Asp Xaa Arg Gly Xaa Xaa
        35                  40                  45


Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Tyr Tyr Xaa Xaa Xaa
    50                  55                  60

Xaa Ser Xaa Ile Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Val Xaa Asp Xaa Gly Xaa
65                  70                  75                  80

Xaa Xaa Xaa Pro Xaa Xaa
                85      SEQ ID NO: 848
```

en donde

Xaa en la posición 2 es Gly, Lys, Ala o Arg;
Xaa en la posición 3 es Ile, Leu o Val;
Xaa en la posición 4 es Thr o Ser;
Xaa en la posición 5 es Val, Ile o Leu;
Xaa en la posición 6 es Thr, Lys, Ser o Arg;
Xaa en la posición 8 es Asn, Lys, Gly, Ser, Gln, Arg, Thr o Ala;
Xaa en la posición 9 es Ser, Ala o Thr;
Xaa en la posición 11 es Asn, Lys, Thr, Gln, Arg, His o Ser;
Xaa en la posición 12 es Pro, Thr, Lys, Ser o Arg;
Xaa en la posición 13 es Ile, Val o Leu;
Xaa en la posición 14 es Glu o Asp;
Xaa en la posición 15 es Val, Ala, Ile o Leu;
Xaa en la posición 16 es Ala o Ser;
Xaa en la posición 17 es Ile, Val o Leu;
Xaa en la posición 18 es Asn, Ser, Gln o Thr;
Xaa en la posición 19 es His, Lys, Ala, Gln, Asn o Arg;
Xaa en la posición 21 es Gly, Arg o Lys;
Xaa en la posición 22 es Ser, Lys, Asn, Thr, Arg, Asp, Glu o Gln;
Xaa en la posición 25 es Asp, Asn, Glu o Gln;
Xaa en la posición 26 es Thr, Asp, Ser o Glu;
Xaa en la posición 27 es Ser, Thr, Lys, Asn, Gln o Arg;
Xaa en la posición 28 es Phe, Tyr, Pro o Trp;
Xaa en la posición 29 es Phe, Tyr o Trp;
Xaa en la posición 30 es Ser, Gly, Lys, Thr o Arg;
Xaa en la posición 31 es Val, Ile, Met o Leu;
Xaa en la posición 32 es Gly, Ala, Asp o Glu;
Xaa en la posición 33 es Asn, Ser, Gln, Pro o Thr;
Xaa en la posición 35 es Lys, Glu, Ser, Arg o Thr;
Xaa en la posición 36 es Gln, Ser, Asn o Thr;
Xaa en la posición 37 es Glu o Asp;
Xaa en la posición 38 es Thr o Ser;
Xaa en la posición 42 es Ser, Asn, Thr o Gln;
Xaa en la posición 44 es Ser, Asp, Ala, Leu, Thr, Glu, Ile o Val;
Xaa en la posición 47 es Phe, Tyr o Trp;
Xaa en la posición 48 es Leu, Met, Ile o Val;
Xaa en la posición 49 es Leu, Met, Ile o Val;
Xaa en la posición 50 es Ser, Ala, Tyr o Thr;
Xaa en la posición 51 es Leu, Val o Ile;
Xaa en la posición 52 es Lys, Gln, Arg o Asn;
Xaa en la posición 53 es Lys, Arg, Met, Leu, Ile o Val;
Xaa en la posición 54 es Asn, Lys, Gly, Gln o Arg;
Xaa en la posición 55 es Gly, Ser o Thr;
Xaa en la posición 56 es Ala, Thr, Gln, Ser o Asn;

Xaa en la posición 57 es Gln, Val, Ala, Asn, Leu o Ile;
Xaa en la posición 58 es His, Ala, Lys, Tyr o Thr;
Xaa en la posición 59 es Pro, Thr o Ser;
Xaa en la posición 62 es Val, Ile o Leu;
Xaa en la posición 63 es Gln, Ser, Leu, Asn, Thr, Ile o Val;
Xaa en la posición 64 es Ala, Gln, Ser, Asn o Thr;
Xaa en la posición 65 es Ser o Thr;
Xaa en la posición 67 es Lys, Gln, Asn o Arg;
Xaa en la posición 69 es Glu, Val, Asp, Lys, Arg, Ile o Leu;
Xaa en la posición 70 es Val, Ile o Leu;
Xaa en la posición 71 es Asp, Glu, Tyr o Trp;
Xaa en la posición 72 es Asn, His, Ser, Asp, Gln, Thr o Glu;
Xaa en la posición 73 es Asn, Ser, Asp, Gln, Thr o Glu;
Xaa en la posición 74 es Ala, Thr, Met, Ile, Lys, Ser, Leu, Val o Arg;
Xaa en la posición 76 es Lys, Thr, Arg o Ser;
Xaa en la posición 78 es Gln, His, Ser, Asn o Thr;
Xaa en la posición 80 es Arg, Glu, Gln, Lys, Asp o Asn;
Xaa en la posición 81 es Leu, Pro, Thr, Ile, Val, Ala o Ser;
Xaa en la posición 82 es Ile, Leu o Val;
Xaa en la posición 83 es Glu, His, Asn, Leu, Gln, Ile o Val;
Xaa en la posición 85 es Leu, Val o Ala; y
Xaa en la posición 86 es Ser, Ala, Tyr, Asn o Thr

en donde dicha secuencia de aminoácidos tiene al menos un 80 % de identidad respecto de la SEQ ID NO: 2; o

F. en donde el polipéptido de PIP-72 codificado de la reivindicación 3 o 4B, que tiene actividad insecticida contra el gusano de la raíz del maíz occidental, comprende una secuencia de aminoácidos de la fórmula:

```
Met Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
1               5                  10                  15

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
            20                  25                  30

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Arg Xaa Asp Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
        35                  40                  45

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Tyr Xaa Xaa Xaa
    50                  55                  60

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
65                  70                  75                  80

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
                85       SEQ ID NO: 849
```

en donde

Xaa en la posición 2 es Gly, Ala, Cys, Asp, Glu, Ile, Lys, Leu, Asn, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 3 es Ile, Leu, Val o Trp;
Xaa en la posición 4 es Thr, Ala, Asp, Glu, His, Ile, Lys, Leu, Arg, Ser, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 5 es Val, Ala, Cys, Gly, His, Ile, Leu o Tyr;
Xaa en la posición 6 es Thr, Ala, Cys, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Met, Pro, Gln, Arg, Ser, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 7 es Asn, Ala o Val;
Xaa en la posición 8 es Asn, Lys, Gly, Ser, Gln, Arg, Thr, Ala, Cys, Asp, Glu, His, Ile, Leu, Met o Val;
Xaa en la posición 9 es Ser, Ala, Cys, Gly o Thr;
Xaa en la posición 10 es Ser, Ala, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Asn, Pro, Gln, Arg, Thr o Trp;
Xaa en la posición 11 es Asn, Lys, Thr, Gln, Arg, Ser, Ala, Cys, Asp, Glu, Gly, His, Ile, Leu, Met, Val o Tyr;
Xaa en la posición 12 es Pro, Thr, Lys, Ser, Arg, Ala, Cys, Asp, Glu, Gly, His, Leu, Asn, Gln, Arg, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 13 es Ile, Asn, Gln, Leu o Val;
Xaa en la posición 14 es Glu, Ala, Cys, Phe, His, Lys, Asp o Gln;
Xaa en la posición 15 es Val, Ala, Ile, Leu, Cys, Met o Arg;
Xaa en la posición 16 es Ala o Ser;
Xaa en la posición 17 es Ile, Glu, Leu o Val;
Xaa en la posición 18 es Asn, Gln, Thr o Ser;

Xaa en la posición 19 es His, Lys, Ala, Arg, Glu, Leu, Pro, Ser o Tyr;
Xaa en la posición 20 es Trp, Ala o Thr;
Xaa en la posición 21 es Gly, Arg o Lys;
Xaa en la posición 22 es Ser, Ala, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Arg, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 23 es Asp, Ala, Gly, His, Lys, Met, Asn, Gln, Ser, Thr o Val;
Xaa en la posición 24 es Gly, Asp o Phe;
Xaa en la posición 25 es Asp, Ala, Glu, Phe, Asn o Gln;
Xaa en la posición 26 es Thr, Glu, Asp, Ser o Pro;
Xaa en la posición 27 es Ser, Thr, Lys, Arg, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Asn o Gln;
Xaa en la posición 28 es Phe, Tyr, Pro o Trp;
Xaa en la posición 29 es Phe, Ala, Cys, Ile, Leu, Gln, Arg, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 30 es Ser, Gly, Lys, Thr, Arg, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, His, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 31 es Val, Ile, Met o Leu;
Xaa en la posición 32 es Gly, Ala, Asp, Glu, Phe, His, Lys, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 33 es Asn, Ser, Gln, Pro, Thr, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Arg, Val o Tyr;
Xaa en la posición 34 es Gly, Glu, Phe, His, Lys, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr o Tyr;
Xaa en la posición 35 es Lys, Glu, Ala, Cys, Asp, Gly, His, Ile, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr o Val;
Xaa en la posición 36 es Gln, Ala, Cys, Glu, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Asn, Pro, Arg, Ser, Thr o Val;
Xaa en la posición 37 es Glu, Asp, Ala, Cys, Phe, Gly, Ile, Lys, Leu, Met, Asn, Ser, Thr o Val;
Xaa en la posición 38 es Thr, Ser, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 39 es Trp o Phe;
Xaa en la posición 40 es Asp, Ala, Cys, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 42 es Ser, Asn, Thr, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, Ile, Lys, Leu, Met, Arg, Val, Trp, Tyr o Gln;
Xaa en la posición 44 es Ser, Asp, Ala, Leu, Thr, Glu, Ile, Ala, Gly, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Val, Tyr o Val;
Xaa en la posición 45 es Arg, Lys o Ser;
Xaa en la posición 46 es Gly, Ala o Gln;
Xaa en la posición 47 es Phe, Tyr Cys, Val o Trp;
Xaa en la posición 48 es Leu, Met, Ile, Cys, Phe, Met, Arg, Tyr o Val;
Xaa en la posición 49 es Leu, Met, Ile o Val;
Xaa en la posición 50 es Ser, Ala, Tyr, Cys, Asp, Ile, Met, Pro, Gln, Val o Thr;
Xaa en la posición 51 es Leu, Val, Ala, Cys, Met o Ile;
Xaa en la posición 52 es Lys, Cys, Phe, His, Ile, Leu, Met, Asn, Arg, Ser, Thr, Gln, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 53 es Lys, Arg, Met, Leu, Ile, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, His, Asn, Gln, Ser, Thr, Tyr o Val;
Xaa en la posición 54 es Asn, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, Lys, Met, Gln, Arg, Ser o Trp;
Xaa en la posición 55 es Gly, Ser o Thr;
Xaa en la posición 56 es Ala, Thr, Gln, Ser, Gly, Leu, Pro, Arg o Asn;
Xaa en la posición 57 es Gln, Glu, Leu, Met, Ser, Val, Ala, Asn, Ile o Thr;
Xaa en la posición 58 es His, Ala, Lys, Asp, Phe, Leu, Met, Asn, Arg, Trp, Tyr o Thr;
Xaa en la posición 59 es Pro, Thr o Ser;
Xaa en la posición 60 es Tyr, Glu o Phe;
Xaa en la posición 62 es Val, Ile o Leu;
Xaa en la posición 63 es Gln, Ser, Cys, Gly, Ile, Leu, Met, Asn, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 64 es Ala, Gln, Asn, Phe, Gly, His, Arg, Ser o Tyr;
Xaa en la posición 65 es Ser, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Asn, Val o Thr;
Xaa en la posición 66 es Ser, Ala o Gly;
Xaa en la posición 67 es Lys, Gln, Asn o Arg;
Xaa en la posición 68 es Ile, Asp, Leu o Val;
Xaa en la posición 69 es Glu, Ala, Cys, Asp, Phe, His, Ile, Leu, Met, Gln, Arg, Ser, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 70 es Val, Ile, Cys o Leu;
Xaa en la posición 71 es Asp, Glu, Tyr, Ala, Cys, Gly, His, Ile, Leu, Met, Asn, Ser, Thr, Val o Trp;
Xaa en la posición 72 es Asn, Ala, Cys, Asp, Glu, Gly, Lys, Met, Pro, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, His o Trp;
Xaa en la posición 73 es Asn, Ser, Asp, Gln, Thr, Ala, Cys, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Val, Tyr o Glu;
Xaa en la posición 74 es Ala, Thr, Met, Ile, Lys, Ser, Leu, Val, Cys, Asp, Phe, Gly, His, Asn, Gln, Tyr o Arg;
Xaa en la posición 75 es Val, Cys, Ile o Leu;
Xaa en la posición 76 es Lys, Ala, Cys, Phe, His, Ile, Leu, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 77 es Asp Tyr;
Xaa en la posición 78 es Gln, His, Ser, Asn, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, Ile, Leu, Met, Asn, Arg, Val, Tyr o Thr;
Xaa en la posición 79 es Gly, Arg, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, His, Lys, Leu, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 80 es Arg, Glu, Gln, Lys, Asp, Ala, Cys, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Ser, Thr, Val, Tyr o Asn;
Xaa en la posición 81 es Leu, Pro, Thr, Ile, Val, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, His o Ser;
Xaa en la posición 82 es Ile, Ala, Leu, Met, Arg y Val;
Xaa en la posición 83 es Glu, His, Asn, Leu, Gln, Ile, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, Lys, Pro, Arg, Ser, Thr, Tyr o Val;
Xaa en la posición 84 es Pro, Ala, Cys, Glu, Ile, Ser, Val, Trp o Tyr;

Xaa en la posición 85 es Leu, Val, Cys, Gly o Ala; y Xaa en la posición 86 es Ser, Ala, Tyr, Asn, Ile, Val o Thr

en donde dicha secuencia de aminoácidos tiene al menos un 80 % de identidad respecto de la SEQ ID NO: 2; o

G. en donde el polipéptido de PIP-72 codificado de una cualquiera de las reivindicaciones 3 a 4F comprende un motivo de aminoácidos representado por las posiciones 37-51 de SEQ ID NO: 846, SEQ ID NO: 847, SEQ ID NO: 848 o SEQ ID NO: 849.

5. Un casete de expresión que comprende el polinucleótido aislado de una cualquiera de las reivindicaciones 3 a 4G unido operativamente a un elemento regulador heterólogo; opcionalmente en donde el elemento regulador es un promotor capaz de expresar una proteína en plantas.

6. Una planta transgénica:

A. que comprende la construcción de ADN de la reivindicación 1; o

B. transformada de manera estable con la construcción de ADN de la reivindicación 1.

7. Una semilla producida a partir de la planta de la reivindicación 6, en donde la semilla comprende la construcción de ADN de la reivindicación 1.

8. Una planta descendiente producida a partir de la semilla de la reivindicación 7.

9. Una célula hospedadora transformada con la construcción de ADN de la reivindicación 1; opcionalmente en donde la célula hospedadora es una célula bacteriana o una célula vegetal; preferentemente en donde la célula vegetal es una célula vegetal de monocotiledónea o dicotiledónea.

10. Un polipéptido de PIP-72 recombinante que tiene actividad insecticida contra el gusano de la raíz del maíz occidental (*Diabrotica virgifera virgifera*), en donde el polipéptido de PIP-72 comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 80 % de identidad respecto de la SEQ ID NO: 2.

11. El polipéptido de PIP-72 recombinante de la reivindicación 10, en donde:

A. el polipéptido de PIP-72 comprende de 1 a 17 sustituciones de aminoácidos en la posición de aminoácido 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 42, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 56, 57, 58, 59, 60, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 81, 82, 83, 84, 85 u 86, en comparación con el aminoácido correspondiente de la SEQ ID NO: 2; o

B. el polipéptido de PIP-72 comprende de 1 a 17 sustituciones de aminoácidos en la posición de aminoácido 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 17, 18, 19, 20, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 42, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 56, 58, 60, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 81, 82, 83, 84, 85 u 86 en comparación con el aminoácido correspondiente de SEQ ID NO: 2; o

C. en donde el polipéptido de PIP-72 de la reivindicación 10 u 11B, que tiene actividad insecticida contra el gusano de la raíz del maíz occidental, comprende una secuencia de aminoácidos de la fórmula:

```
Met Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Ala
1               5                  10                  15

Xaa Xaa Xaa Xaa Gly Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
            20                  25                  30

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Arg Xaa Asp Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
        35                  40                  45

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Gly Xaa Gln Xaa Pro Xaa Tyr Val Xaa Xaa
    50                  55                  60

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
65                  70                  75                  80

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
                85        SEQ ID NO: 846
```

en donde

Xaa en la posición 2 es Gly, Ala, Cys, Asp, Glu, Ile, Lys, Leu, Asn, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr;

Xaa en la posición 3 es Ile o Trp;
Xaa en la posición 4 es Thr, Ala, Asp, Glu, His, Ile, Lys, Leu, Arg, Ser, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 5 es Val, Ala, Cys, Gly, His, Ile o Tyr;
Xaa en la posición 6 es Thr, Ala, Cys, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Met, Pro, Gln, Arg, Ser, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 7 es Asn, Ala o Val;
Xaa en la posición 8 es Asn, Ala, Cys, Asp, Glu, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Met, Gln, Arg, Ser, Thr o Val;
Xaa en la posición 9 es Ser, Ala, Cys, Gly o Thr;
Xaa en la posición 10 es Ser, Ala, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Asn, Pro, Gln, Arg, Thr o Trp;
Xaa en la posición 11 es Asn, Ala, Cys, Asp, Glu, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Met, Gln, Ser, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 12 es Pro, Ala, Cys, Asp, Glu, Gly, His, Lys, Leu, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 13 es Ile, Asn, Gln o Val;
Xaa en la posición 14 es Glu, Ala, Cys, Phe, His, Lys o Gln;
Xaa en la posición 15 es Val, Ala, Cys, Ile, Met o Arg;
Xaa en la posición 17 es Ile, Glu o Val;
Xaa en la posición 18 es Asn o Ser;
Xaa en la posición 19 es His, Ala, Glu, Lys, Leu, Pro, Arg, Ser o Tyr;
Xaa en la posición 20 es Trp, Ala o Thr;
Xaa en la posición 22 es Ser, Ala, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Arg, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 23 es Asp, Ala, Gly, His, Lys, Met, Asn, Gln, Ser, Thr o Val;
Xaa en la posición 24 es Gly, Asp o Phe;
Xaa en la posición 25 es Asp, Ala, Glu, Phe, Asn o Gln;
Xaa en la posición 26 es Thr, Glu o Pro;
Xaa en la posición 27 es Ser, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Asn, Gln, Arg o Thr;
Xaa en la posición 28 es Phe, Pro, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 29 es Phe, Ala, Cys, Ile, Leu, Gln, Arg, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 30 es Ser, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Lys, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Arg, Thr, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 31 es Val, Ile o Leu;
Xaa en la posición 32 es Gly, Ala, Asp, Glu, Phe, His, Lys, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 33 es Asn, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Pro, Gln, Arg, Ser, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 34 es Gly, Glu, Phe, His, Lys, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr o Tyr;
Xaa en la posición 35 es Lys, Ala, Cys, Asp, Gly, His, Ile, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr o Val;
Xaa en la posición 36 es Gln, Ala, Cys, Glu, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Asn, Pro, Arg, Ser, Thr o Val;
Xaa en la posición 37 es Glu, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, Ile, Lys, Leu, Met, Asn, Ser, Thr o Val;
Xaa en la posición 38 es Thr, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 39 es Trp o Phe;
Xaa en la posición 40 es Asp, Ala, Cys, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 42 es Ser, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, Ile, Lys, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Thr, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 44 es Ser, Ala, Asp, Glu, Gly, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 45 es Arg, Lys o Ser;
Xaa en la posición 46 es Gly, Ala o Gln;
Xaa en la posición 47 es Phe, Cys, Val o Tyr;
Xaa en la posición 48 es Val, Ile o Leu;
Xaa en la posición 49 es Leu, Cys, Phe, Met, Arg o Tyr;
Xaa en la posición 50 es Ser, Ala, Cys, Asp, Ile, Met, Pro, Gln, Thr o Val;
Xaa en la posición 51 es Leu, Ala, Cys, Met o Val;
Xaa en la posición 52 es Lys, Cys, Phe, His, Ile, Leu, Met, Asn, Arg, Ser, Thr, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 53 es Lys, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, His, Ile, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 54 es Asn, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, Lys, Met, Gln, Arg, Ser o Trp;
Xaa en la posición 56 es Ala, Gly, Leu, Asn, Pro, Gln, Arg, Ser o Thr;
Xaa en la posición 57 es Gln, Glu, Leu, Met, Ser o Thr;
Xaa en la posición 58 es His, Ala, Asp, Phe, Leu, Met, Asn, Arg, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 60 es Tyr, Glu o Phe;
Xaa en la posición 63 es Gln, Cys, Gly, Ile, Leu, Met, Asn, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 64 es Ala, Phe, Gly, His, Arg, Ser o Tyr;
Xaa en la posición 65 es Ser, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Asn, Thr o Val;
Xaa en la posición 66 es Ser, Ala o Gly;
Xaa en la posición 67 es Lys, Ala, Cys, Asp, Phe, His, Ile, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 68 es Ile, Asp, Leu o Val;
Xaa en la posición 69 es Glu, Ala, Cys, Asp, Phe, His, Ile, Leu, Met, Gln, Arg, Ser, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 70 es Val, Cys o Ile;
Xaa en la posición 71 es Asp, Ala, Cys, Gly, His, Ile, Leu, Met, Asn, Ser, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 72 es Asn, Ala, Cys, Asp, Glu, Gly, Lys, Met, Pro, Gln, Arg, Ser, Thr, Val o Trp;
Xaa en la posición 73 es Asn, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Ser, Thr, Val o Tyr;

Xaa en la posición 74 es Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 75 es Val, Cys, Ile o Leu;
Xaa en la posición 76 es Lys, Ala, Cys, Phe, His, Ile, Leu, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 77 es Asp Tyr;
Xaa en la posición 78 es Gln, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Met, Asn, Arg, Ser, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 79 es Gly, Arg, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, His, Lys, Leu, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 80 es Arg, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Asn, Ser, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 81 es Leu, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Asn, Pro, Arg, Ser, Thr o Val;
Xaa en la posición 82 es Ile, Ala, Leu, Met, Arg o Val;
Xaa en la posición 83 es Glu, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Asn, Pro, Arg, Ser, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 84 es Pro, Ala, Cys, Glu, Ile, Ser, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 85 es Leu, Cys, Gly o Val; y Xaa en la posición 86 es Ser, Ala, Ile, Thr o Val

en donde dicha secuencia de aminoácidos tiene al menos un 80 % de identidad respecto de la SEQ ID NO: 2; o

D. el polipéptido de PIP-72 de la reivindicación 10 u 11A, que tiene actividad insecticida contra el gusano de la raíz del maíz occidental, comprende una secuencia de aminoácidos de la fórmula:

```
Met Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Ser Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
1               5                  10                  15

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
            20                  25                  30

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Arg Xaa Asp Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
        35                  40                  45

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Tyr Xaa Xaa Xaa
    50                  55                  60

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
65                  70                  75                  80

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
                85
```

SEQ ID NO: 849

en donde

Xaa en la posición 2 es Gly, Ala, Cys, Asp, Glu, Ile, Lys, Leu, Asn, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 3 es Ile, Leu, Val o Trp;
Xaa en la posición 4 es Thr, Ala, Asp, Glu, His, Ile, Lys, Leu, Arg, Ser, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 5 es Val, Ala, Cys, Gly, His, Ile, Leu o Tyr;
Xaa en la posición 6 es Thr, Ala, Cys, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Met, Pro, Gln, Arg, Ser, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 7 es Asn, Ala o Val;
Xaa en la posición 8 es Asn, Lys, Gly, Ser, Gln, Arg, Thr, Ala, Cys, Asp, Glu, His, Ile, Leu, Met o Val;
Xaa en la posición 9 es Ser, Ala, Cys, Gly o Thr;
Xaa en la posición 11 es Asn, Lys, Thr, Gln, Arg, Ser, Ala, Cys, Asp, Glu, Gly, His, Ile, Leu, Met, Val o Tyr;
Xaa en la posición 12 es Pro, Thr, Lys, Ser, Arg, Ala, Cys, Asp, Glu, Gly, His, Leu, Asn, Gln, Arg, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 13 es Ile, Asn, Gln, Leu o Val;
Xaa en la posición 14 es Glu, Ala, Cys, Phe, His, Lys, Asp o Gln;
Xaa en la posición 15 es Val, Ala, Ile, Leu, Cys, Met o Arg;
Xaa en la posición 16 es Ala o Ser;
Xaa en la posición 17 es Ile, Glu, Leu o Val;
Xaa en la posición 18 es Asn, Gln, Thr o Ser;
Xaa en la posición 19 es His, Lys, Ala, Arg, Glu, Leu, Pro, Ser o Tyr;
Xaa en la posición 20 es Trp, Ala o Thr;
Xaa en la posición 21 es Gly, Arg o Lys;
Xaa en la posición 22 es Ser, Ala, Asp, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Arg, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 23 es Asp, Ala, Gly, His, Lys, Met, Asn, Gln, Ser, Thr o Val;
Xaa en la posición 24 es Gly, Asp o Phe;
Xaa en la posición 25 es Asp, Ala, Glu, Phe, Asn o Gln;
Xaa en la posición 26 es Thr, Glu, Asp, Ser o Pro;
Xaa en la posición 27 es Ser, Thr, Lys, Arg, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Asn o Gln;
Xaa en la posición 28 es Phe, Tyr, Pro o Trp;
Xaa en la posición 29 es Phe, Ala, Cys, Ile, Leu, Gln, Arg, Trp o Tyr;

Xaa en la posición 30 es Ser, Gly, Lys, Thr, Arg, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, His, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 31 es Val, Ile, Met o Leu;
Xaa en la posición 32 es Gly, Ala, Asp, Glu, Phe, His, Lys, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 33 es Asn, Ser, Gln, Pro, Thr, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Arg, Val o Tyr;
Xaa en la posición 34 es Gly, Glu, Phe, His, Lys, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr o Tyr;
Xaa en la posición 35 es Lys, Glu, Ala, Cys, Asp, Gly, His, Ile, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr o Val;
Xaa en la posición 36 es Gln, Ala, Cys, Glu, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Asn, Pro, Arg, Ser, Thr o Val;
Xaa en la posición 37 es Glu, Asp, Ala, Cys, Phe, Gly, Ile, Lys, Leu, Met, Asn, Ser, Thr o Val;
Xaa en la posición 38 es Thr, Ser, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 39 es Trp o Phe;
Xaa en la posición 40 es Asp, Ala, Cys, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Met, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 42 es Ser, Asn, Thr, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, Ile, Lys, Leu, Met, Arg, Val, Trp, Tyr o Gln;
Xaa en la posición 44 es Ser, Asp, Ala, Leu, Thr, Glu, Ile, Ala, Gly, Leu, Met, Asn, Pro, Gln, Val, Tyr o Val;
Xaa en la posición 45 es Arg, Lys o Ser;
Xaa en la posición 46 es Gly, Ala o Gln;
Xaa en la posición 47 es Phe, Tyr Cys, Val o Trp;
Xaa en la posición 48 es Leu, Met, Ile, Cys, Phe, Met, Arg, Tyr o Val;
Xaa en la posición 49 es Leu, Met, Ile o Val;
Xaa en la posición 50 es Ser, Ala, Tyr, Cys, Asp, Ile, Met, Pro, Gln, Val o Thr;
Xaa en la posición 51 es Leu, Val, Ala, Cys, Met o Ile;
Xaa en la posición 52 es Lys, Cys, Phe, His, Ile, Leu, Met, Asn, Arg, Ser, Thr, Gln, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 53 es Lys, Arg, Met, Leu, Ile, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, His, Asn, Gln, Ser, Thr, Tyr o Val;
Xaa en la posición 54 es Asn, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, Lys, Met, Gln, Arg, Ser o Trp;
Xaa en la posición 55 es Gly, Ser o Thr;
Xaa en la posición 56 es Ala, Thr, Gln, Ser, Gly, Leu, Pro, Arg o Asn;
Xaa en la posición 57 es Gln, Glu, Leu, Met, Ser, Val, Ala, Asn, Ile o Thr;
Xaa en la posición 58 es His, Ala, Lys, Asp, Phe, Leu, Met, Asn, Arg, Trp, Tyr o Thr;
Xaa en la posición 59 es Pro, Thr o Ser;
Xaa en la posición 60 es Tyr, Glu o Phe;
Xaa en la posición 62 es Val, Ile o Leu;
Xaa en la posición 63 es Gln, Ser, Cys, Gly, Ile, Leu, Met, Asn, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 64 es Ala, Gln, Asn, Phe, Gly, His, Arg, Ser o Tyr;
Xaa en la posición 65 es Ser, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Asn, Val o Thr;
Xaa en la posición 66 es Ser, Ala o Gly;
Xaa en la posición 67 es Lys, Gln, Asn o Arg;
Xaa en la posición 68 es Ile, Asp, Leu o Val;
Xaa en la posición 69 es Glu, Ala, Cys, Asp, Phe, His, Ile, Leu, Met, Gln, Arg, Ser, Thr, Val o Tyr;
Xaa en la posición 70 es Val, Ile, Cys o Leu;
Xaa en la posición 71 es Asp, Glu, Tyr, Ala, Cys, Gly, His, Ile, Leu, Met, Asn, Ser, Thr, Val o Trp;
Xaa en la posición 72 es Asn, Ala, Cys, Asp, Glu, Gly, Lys, Met, Pro, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, His o Trp;
Xaa en la posición 73 es Asn, Ser, Asp, Gln, Thr, Ala, Cys, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Val, Tyr o Glu;
Xaa en la posición 74 es Ala, Thr, Met, Ile, Lys, Ser, Leu, Val, Cys, Asp, Phe, Gly, His, Asn, Gln, Tyr o Arg;
Xaa en la posición 75 es Val, Cys, Ile o Leu;
Xaa en la posición 76 es Lys, Ala, Cys, Phe, His, Ile, Leu, Gln, Arg, Ser, Thr, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 77 es Asp Tyr;
Xaa en la posición 78 es Gln, His, Ser, Asn, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, Ile, Leu, Met, Asn, Arg, Val, Tyr o Thr;
Xaa en la posición 79 es Gly, Arg, Ala, Cys, Asp, Glu, Phe, His, Lys, Leu, Asn, Gln, Arg, Ser, Thr, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 80 es Arg, Glu, Gln, Lys, Asp, Ala, Cys, Phe, Gly, His, Ile, Leu, Ser, Thr, Val, Tyr o Asn;
Xaa en la posición 81 es Leu, Pro, Thr, Ile, Val, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, His o Ser;
Xaa en la posición 82 es Ile, Ala, Leu, Met, Arg y Val;
Xaa en la posición 83 es Glu, His, Asn, Leu, Gln, Ile, Ala, Cys, Asp, Phe, Gly, Lys, Pro, Arg, Ser, Thr, Tyr o Val;
Xaa en la posición 84 es Pro, Ala, Cys, Glu, Ile, Ser, Val, Trp o Tyr;
Xaa en la posición 85 es Leu, Val, Cys, Gly o Ala; y Xaa en la posición 86 es Ser, Ala, Tyr, Asn, Ile, Val o Thr

en donde dicha secuencia de aminoácidos tiene al menos un 80 % de identidad respecto de la SEQ ID NO: 2; o

E. el polipéptido de PIP-72 de la reivindicación 10 u 11A comprende un motivo de aminoácidos representado por las posiciones 37-51 de SEQ ID NO: 846, SEQ ID NO: 847, SEQ ID NO: 848 o SEQ ID NO: 849.

12. Una:

A. composición que comprende el polipéptido de PIP-72 recombinante de una cualquiera de las reivindicaciones 10 a 11E; o

B. proteína de fusión que comprende el polipéptido de PIP-72 de una cualquiera de las reivindicaciones 10 a 11E.

13. Un método:

A. para controlar una población de plaga de insectos, que comprende poner en contacto la población de plaga de insectos con una cantidad insecticida eficaz del polipéptido de PIP-72 de una cualquiera de las reivindicaciones 10 a 11E; o
B. para inhibir el crecimiento o eliminar una plaga de insectos, que comprenden poner en contacto la plaga de insectos con una composición que comprende una cantidad insecticida eficaz del polipéptido de PIP-72 de una cualquiera de las reivindicaciones 10 a 11E; o
C. para controlar una población de plaga de insectos resistente a una proteína plaguicida, que comprende poner en contacto la población de plaga de insectos con una cantidad insecticida eficaz del polipéptido de PIP-72 de una cualquiera de las reivindicaciones 10 a 11E; o
D. de control de una infestación por insectos en una planta transgénica y proporcionar el manejo de la resistencia a insectos, que comprende expresar en la planta el polipéptido de PIP-72 de una cualquiera de las reivindicaciones 10 a 11E.

14. Un método para identificar:

A. en una muestra biológica, una secuencia de nucleótidos que codifica el polipéptido de PIP-72 de una cualquiera de las reivindicaciones 10 a 11E, comprendiendo dicho método poner en contacto dicha muestra con un polinucleótido que hibrida con la secuencia de nucleótidos en condiciones de hibridación rigurosas y detectar la unión de dicho polinucleótido a dicha secuencia de nucleótidos, en donde dicha unión es diagnóstica para dicha secuencia de nucleótidos en dicha muestra; o
B. en una muestra, el polipéptido de PIP-72 de una cualquiera de las reivindicaciones 10 a 11E, comprendiendo dicho método poner en contacto dicha muestra con un anticuerpo que se une específicamente a dicho polipéptido y detectar la unión, en donde dicha unión es diagnóstica de la presencia de dicho polipéptido en dicha muestra.

15. La construcción de ADN de acuerdo con la reivindicación 1, el polinucleótido aislado de acuerdo con la reivindicación 3 o el polipéptido de PIP-72 recombinante de la reivindicación 10, en donde:

A. el polipéptido de PIP-72 comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 90 % de identidad respecto de la SEQ ID NO: 2; y/o
B. el polipéptido de PIP-72 comprende de 1 a 8 sustituciones de aminoácidos en las posiciones 2, 3, *4,* 5, 6, 7,8,9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 42, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 56, 57, 58, 59, 60, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 81, 82, 83, 84, 85 u 86, en comparación con el aminoácido correspondiente de la SEQ ID NO: 2; o
C. el polipéptido de PIP-72 comprende de 1 a 8 sustituciones de aminoácidos en la posición de aminoácido 2, 3, *4,* 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 17, 18, 19, 20, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 42, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 56, 58, 60, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 81, 82, 83, 84, 85 u 86 en comparación con el aminoácido correspondiente de SEQ ID NO: *2*.

16. La construcción de ADN, el polipéptido aislado o el polipéptido de PIP-72 recombinante de acuerdo con la reivindicación 15, en donde:

A. el polipéptido de PIP-72 comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 95 % de identidad respecto de la SEQ ID NO: 2; y/o
B. el polipéptido de PIP-72 comprende de 1 a 4 sustituciones de aminoácidos en las posiciones 2, 3, 4, 5, 6, 7,8,9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 42, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 56, 57, 58, 59, 60, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 81, 82, 83, 84, 85 u 86, en comparación con el aminoácido correspondiente de la SEQ ID NO: 2; o
C. el polipéptido de PIP-72 comprende de 1 a 4 sustituciones de aminoácidos en la posición de aminoácido 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 17, 18, 19, 20, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 42, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 56, 58, 60, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 81, 82, 83, 84, 85 u 86 en comparación con el aminoácido correspondiente de SEQ ID NO: *2*.

Fig. 1

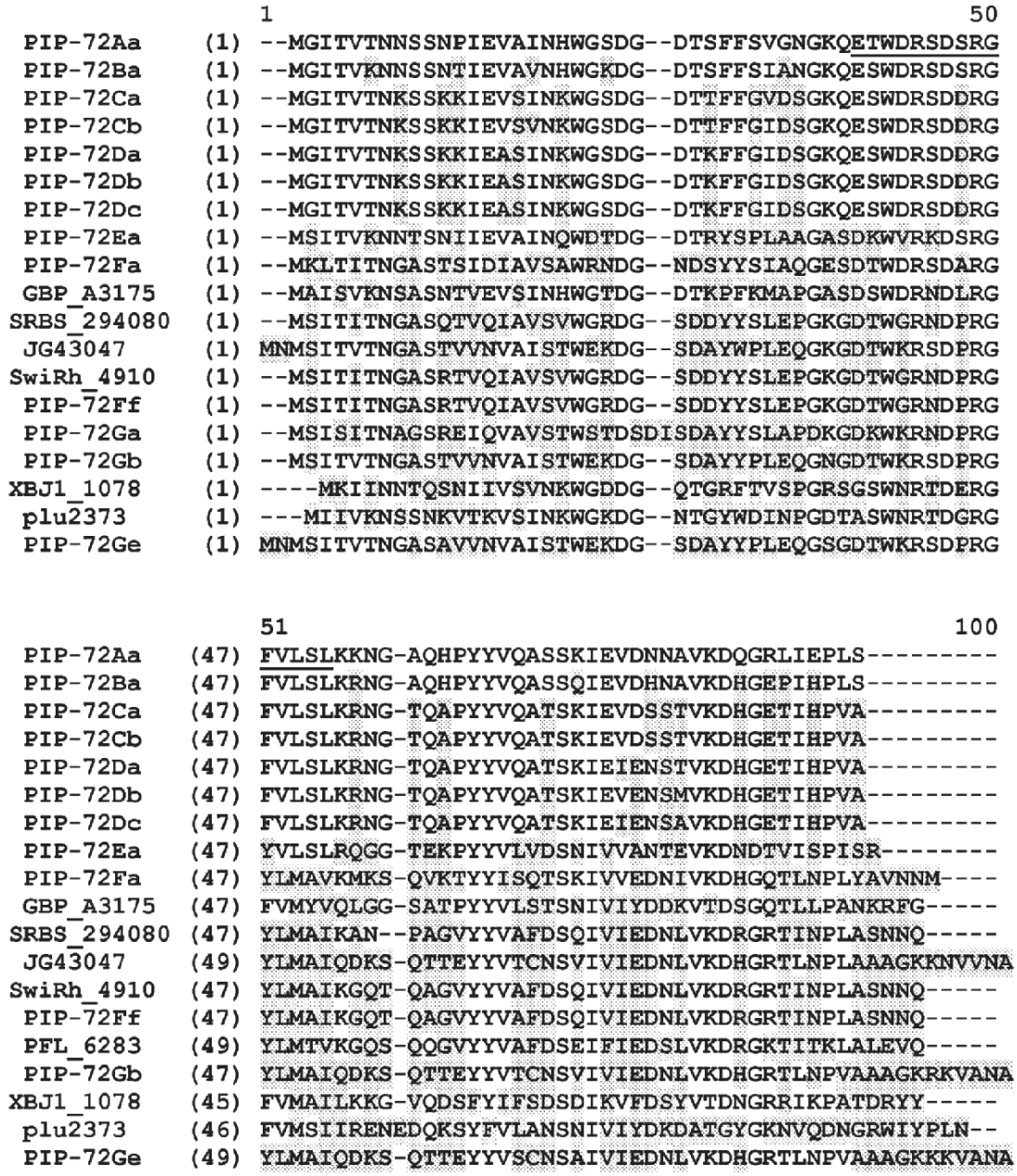

1 50
PIP-72Aa (1) --MGITVTNNSSNPIEVAINHWGSDG--DTSFFSVGNGKQETWDRSDSRG
PIP-72Ba (1) --MGITVKNNSSNTIEVAVNHWGKDG--DTSFFSIANGKQESWDRSDSRG
PIP-72Ca (1) --MGITVTNKSSKKIEVSINKWGSDG--DTTFFGVDSGKQESWDRSDDRG
PIP-72Cb (1) --MGITVTNKSSKKIEVSVNKWGSDG--DTTFFGIDSGKQESWDRSDDRG
PIP-72Da (1) --MGITVTNKSSKKIEASINKWGSDG--DTKFFGIDSGKQESWDRSDDRG
PIP-72Db (1) --MGITVTNKSSKKIEASINKWGSDG--DTKFFGIDSGKQESWDRSDDRG
PIP-72Dc (1) --MGITVTNKSSKKIEASINKWGSDG--DTKFFGIDSGKQESWDRSDDRG
PIP-72Ea (1) --MSITVKNNTSNIIEVAINQWDTDG--DTRYSPLAAGASDKWVRKDSRG
PIP-72Fa (1) --MKLTITNGASTSIDIAVSAWRNDG--NDSYYSIAQGESDTWDRSDARG
GBP_A3175 (1) --MAISVKNSASNTVEVSINHWGTDG--DTKPFKMAPGASDSWDRNDLRG
SRBS_294080 (1) --MSITITNGASQTVQIAVSVWGRDG--SDDYYSLEPGKGDTWGRNDPRG
JG43047 (1) MNMSITVTNGASTVVNVAISTWEKDG--SDAYWPLEQGKGDTWKRSDPRG
SwiRh_4910 (1) --MSITITNGASRTVQIAVSVWGRDG--SDDYYSLEPGKGDTWGRNDPRG
PIP-72Ff (1) --MSITITNGASRTVQIAVSVWGRDG--SDDYYSLEPGKGDTWGRNDPRG
PIP-72Ga (1) --MSISITNAGSREIQVAVSTWSTDSDISDAYYSLAPDKGDKWKRNDPRG
PIP-72Gb (1) --MSITVTNGASTVVNVAISTWEKDG--SDAYYPLEQGNGDTWKRSDPRG
XBJ1_1078 (1) ----MKIINNTQSNIIVSVNKWGDDG--QTGRFTVSPGRSGSWNRTDERG
plu2373 (1) ---MIIVKNSSNKVTKVSINKWGKDG--NTGYWDINPGDTASWNRTDGRG
PIP-72Ge (1) MNMSITVTNGASAVVNVAISTWEKDG--SDAYYPLEQGSGDTWKRSDPRG
51 100
PIP-72Aa (47) FVLSLKKNG-AQHPYYVQASSKIEVDNNAVKDQGRLIEPLS---------
PIP-72Ba (47) FVLSLKRNG-AQHPYYVQASSQIEVDHNAVKDHGEPIHPLS---------
PIP-72Ca (47) FVLSLKRNG-TQAPYYVQATSKIEVDSSTVKDHGETIHPVA---------
PIP-72Cb (47) FVLSLKRNG-TQAPYYVQATSKIEVDSSTVKDHGETIHPVA---------
PIP-72Da (47) FVLSLKRNG-TQAPYYVQATSKIEIENSTVKDHGETIHPVA---------
PIP-72Db (47) FVLSLKRNG-TQAPYYVQATSKIEVENSMVKDHGETIHPVA---------
PIP-72Dc (47) FVLSLKRNG-TQAPYYVQATSKIEIENSAVKDHGETIHPVA---------
PIP-72Ea (47) YVLSLRQGG-TEKPYYVLVDSNIVVANTEVKDNDTVISPISR--------
PIP-72Fa (47) YLMAVKMKS-QVKTYYISQTSKIVVEDNIVKDHGQTLNPLYAVNNM----
GBP_A3175 (47) FVMYVQLGG-SATPYYVLSTSNIVIYDDKVTDSGQTLLPANKRFG-----
SRBS_294080 (47) YLMAIKAN--PAGVYYVAFDSQIVIEDNLVKDRGRTINPLASNNQ-----
JG43047 (49) YLMAIQDKS-QTTEYYVTCNSVIVIEDNLVKDHGRTLNPLAAAGKKNVVNA
SwiRh_4910 (47) YLMAIKGQT-QAGVYYVAFDSQIVIEDNLVKDRGRTINPLASNNQ-----
PIP-72Ff (47) YLMAIKGQT-QAGVYYVAFDSQIVIEDNLVKDRGRTINPLASNNQ-----
PFL_6283 (49) YLMTVKGQS-QQGVYYVAFDSEIFIEDSLVKDRGKTITKLALEVQ-----
PIP-72Gb (47) YLMAIQDKS-QTTEYYVTCNSVIVIEDNLVKDHGRTLNPVAAAGKRKVANA
XBJ1_1078 (45) FVMAILKKG-VQDSFYIFSDSDIKVFDSYVTDNGRRIKPATDRYY-----
plu2373 (46) FVMSIIRENEDQKSYFVLANSNIVIYDKDATGYGKNVQDNGRWIYPLN--
PIP-72Ge (49) YLMAIQDKS-QTTEYYVSCNSAIVIEDNLVKDHGRTLNPVAAAGKKKVANA

Fig. 2


1 50
PIP-72Aa (1) MGITVTNNSSNPIEVAINHWGSDGDTSFFSVGNGKQETWDRSDSRGFVLS
PIP-72Ab (1) MGITVKNNSSNPIEVAINRWGNDGDTNFFSVGNGKQETWDRSDSRGFVLS
PIP-72Ba (1) MGITVKNNSSNTIEVAVNHWGKDGDTSFFSIANGKQESWDRSDSRGFVLS
PIP-72Bb (1) MGITVKNNSSNTIEVAVNHWGSDGDTSFFSIANGKQESWDRSDSRGFVLS
PIP-72Ca (1) MGITVTNKSSKKIEVSINKWGSDGDTTFFGVDSGKQESWDRSDDRGFVLS
PIP-72Cb (1) MGITVTNKSSKKIEVSVNKWGSDGDTTFFGIDSGKQESWDRSDDRGFVLS
WP_030131237 (1) MGITVTNNSSHTIEVAINQWGDDGDTSFFSIANGKNESWDRSDDRGFVLS
PIP-72Da (1) MGITVTNKSSKKIEASINKWGSDGDTKFFGIDSGKQESWDRSDDRGFVLS
PIP-72Db (1) MGITVTNKSSKKIEASINKWGSDGDTKFFGIDSGKQESWDRSDDRGFVLS
PIP-72Dc (1) MGITVTNKSSKKIEASINKWGSDGDTKFFGIDSGKQESWDRSDDRGFVLS
PIP-72Fa (1) MKLTITNGASTSIDIAVSAWRNDGNDSYYSIAQGESDTWDRSDARGYLMA
GBP_A3175 (1) MAISVKNSASNTVEVSINHWGTDGDTKPFKMAPGASDSWDRNDLRGFVMY
51 91
PIP-72Aa (51) LKKNGAQHPYYVQASSKIEVDNNAVKDQGRLIEPLS-----
PIP-72Ab (51) LKKNGAQHPYYVQASSKIEVDNNAVKDQGQLIEPLS-----
PIP-72Ba (51) LKRNGAQHPYYVQASSQIEVDHNAVKDHGEPIHPLS-----
PIP-72Bb (51) LKKNGAQHPYYVQASSRIEVDNNAVKDQGQPIQPLS-----
PIP-72Ca (51) LKRNGTQAPYYVQATSKIEVDSSTVKDHGETIHPVA-----
PIP-72Cb (51) LKRNGTQAPYYVQATSKIEVDSSTVKDHGETIHPVA-----
WP_030131237 (51) LQKNGAQYPYYVQASSNIKVDNNGVTDQGEAIYPLA-----
PIP-72Da (51) LKRNGTQAPYYVQATSKIEIENSTVKDHGETIHPVA-----
PIP-72Db (51) LKRNGTQAPYYVQATSKIEVENSMVKDHGETIHPVA-----
PIP-72Dc (51) LKRNGTQAPYYVQATSKIEIENSAVKDHGETIHPVA-----
PIP-72Fa (51) VKMKSQVKTYYISQTSKIVVEDNIVKDHGQTLNPLYAVNNM
GBP_A3175 (51) VQLGGSATPYYVLSTSNIVIYDDKVTDSGQTLLPANKRFG-

Fig. 3

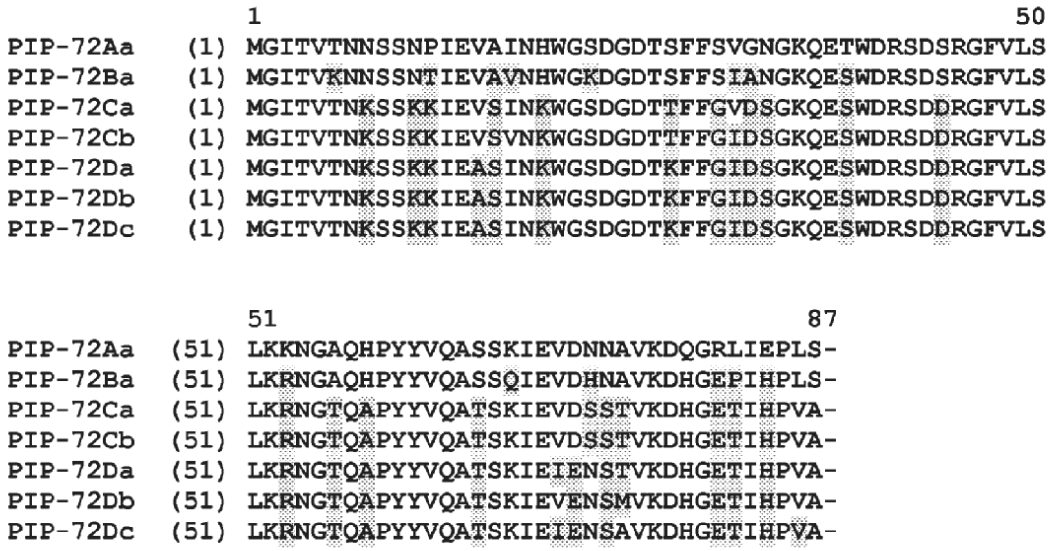

1 50
PIP-72Aa (1) MGITVTNNSSNPIEVAINHWGSDGDTSFFSVGNGKQETWDRSDSRGFVLS
PIP-72Ba (1) MGITVKNNSSNTIEVAVNHWGKDGDTSFFSIANGKQESWDRSDSRGFVLS
PIP-72Ca (1) MGITVTNKSSKKIEVSINKWGSDGDTTFFGVDSGKQESWDRSDDRGFVLS
PIP-72Cb (1) MGITVTNKSSKKIEVSVNKWGSDGDTTFFGIDSGKQESWDRSDDRGFVLS
PIP-72Da (1) MGITVTNKSSKKIEASINKWGSDGDTKFFGIDSGKQESWDRSDDRGFVLS
PIP-72Db (1) MGITVTNKSSKKIEASINKWGSDGDTKFFGIDSGKQESWDRSDDRGFVLS
PIP-72Dc (1) MGITVTNKSSKKIEASINKWGSDGDTKFFGIDSGKQESWDRSDDRGFVLS
51 87
PIP-72Aa (51) LKKNGAQHPYYVQASSKIEVDNNAVKDQGRLIEPLS-
PIP-72Ba (51) LKRNGAQHPYYVQASSQIEVDHNAVKDHGEPIHPLS-
PIP-72Ca (51) LKRNGTQAPYYVQATSKIEVDSSTVKDHGETIHPVA-
PIP-72Cb (51) LKRNGTQAPYYVQATSKIEVDSSTVKDHGETIHPVA-
PIP-72Da (51) LKRNGTQAPYYVQATSKIEIENSTVKDHGETIHPVA-
PIP-72Db (51) LKRNGTQAPYYVQATSKIEVENSMVKDHGETIHPVA-
PIP-72Dc (51) LKRNGTQAPYYVQATSKIEIENSAVKDHGETIHPVA-

Fig. 4


1 50
WP_030131237 (1) MGITVTNNSSHTIEVAINQWGDDGDTSFFSIANGKNESWDRSDDRGFVLS
PIP-72Ca (1) MGITVTNKSSKKIEVSINKWGSDGDTTFFGVDSGKQESWDRSDDRGFVLS
PIP-72Cb (1) MGITVTNKSSKKIEVSVNKWGSDGDTTFFGIDSGKQESWDRSDDRGFVLS
PIP-72Db (1) MGITVTNKSSKKIEASINKWGSDGDTKFFGIDSGKQESWDRSDDRGFVLS
PIP-72Da (1) MGITVTNKSSKKIEASINKWGSDGDTKFFGIDSGKQESWDRSDDRGFVLS
PIP-72Dc (1) MGITVTNKSSKKIEASINKWGSDGDTKFFGIDSGKQESWDRSDDRGFVLS
51 86
WP_030131237 (51) LQKNGAQYPYYVQASSNIKVDNNGVTDQGEAIYPLA
PIP-72Ca (51) LKRNGTQAPYYVQATSKIEVDSSTVKDHGETIHPVA
PIP-72Cb (51) LKRNGTQAPYYVQATSKIEVDSSTVKDHGETIHPVA
PIP-72Db (51) LKRNGTQAPYYVQATSKIEVENSMVKDHGETIHPVA
PIP-72Da (51) LKRNGTQAPYYVQATSKIEIENSTVKDHGETIHPVA
PIP-72Dc (51) LKRNGTQAPYYVQATSKIEIENSAVKDHGETIHPVA

Fig. 5

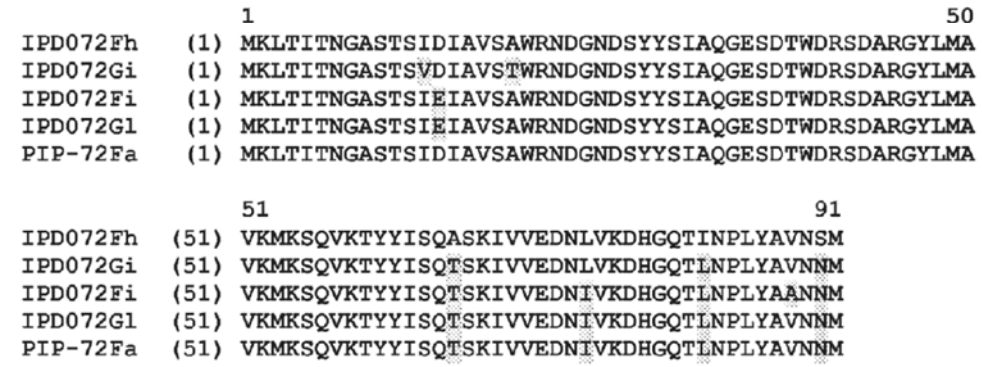
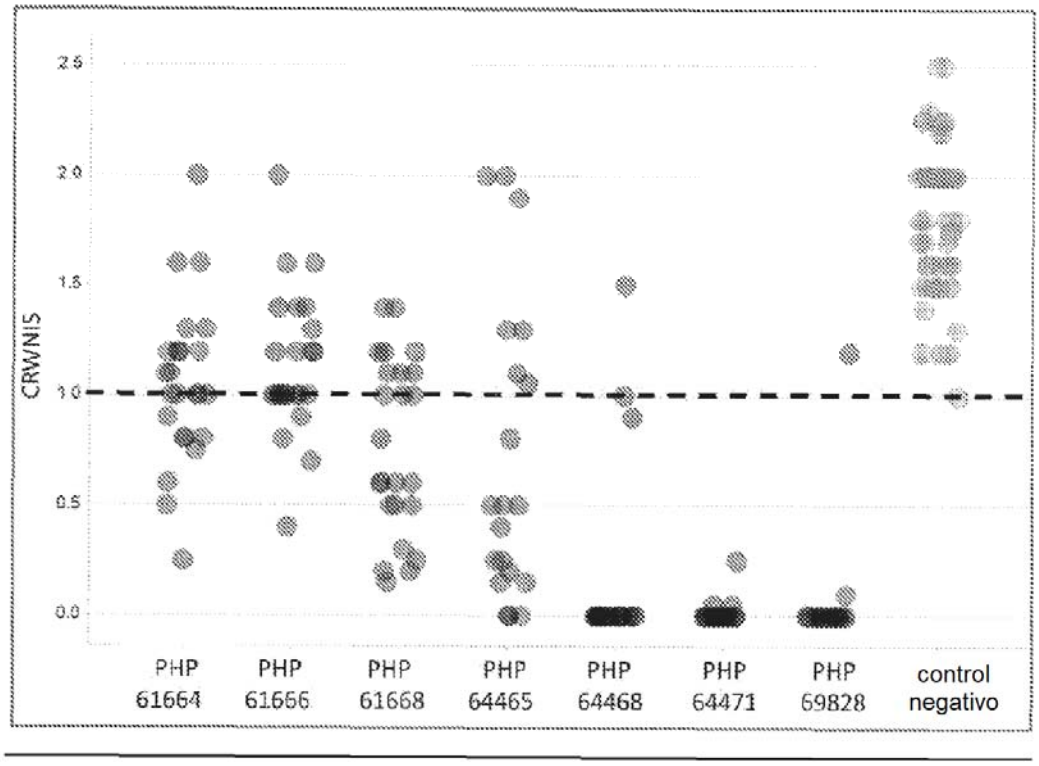

1 50
IPD072Fh (1) MKLTITNGASTSIDIAVSAWRNDGNDSYYSIAQGESDTWDRSDARGYLMA
IPD072Gi (1) MKLTITNGASTSVDIAVSTWRNDGNDSYYSIAQGESDTWDRSDARGYLMA
IPD072Fi (1) MKLTITNGASTSIEIAVSAWRNDGNDSYYSIAQGESDTWDRSDARGYLMA
IPD072Gl (1) MKLTITNGASTSIEIAVSAWRNDGNDSYYSIAQGESDTWDRSDARGYLMA
PIP-72Fa (1) MKLTITNGASTSIDIAVSAWRNDGNDSYYSIAQGESDTWDRSDARGYLMA
51 91
IPD072Fh (51) VKMKSQVKTYYISQASKIVVEDNLVKDHGQTINPLYAVNSM
IPD072Gi (51) VKMKSQVKTYYISQTSKIVVEDNLVKDHGQTLNPLYAVNNM
IPD072Fi (51) VKMKSQVKTYYISQTSKIVVEDNIVKDHGQTLNPLYAANNM
IPD072Gl (51) VKMKSQVKTYYISQTSKIVVEDNIVKDHGQTLNPLYAVNNM
PIP-72Fa (51) VKMKSQVKTYYISQTSKIVVEDNIVKDHGQTLNPLYAVNNM

Fig. 6


CRWNIS
2.5
2.0
1.5
1.0
0.5
0.0
PHP 61664
PHP 61666
PHP 61668
PHP 64465
PHP 64468
PHP 64471
PHP 69828
control negativo