



(19) 대한민국특허청(KR)

(12) 등록특허공보(B1)

(45) 공고일자 2021년01월27일

(11) 등록번호 10-2208980

(24) 등록일자 2021년01월22일

(51) 국제특허분류(Int. Cl.)
C07K 14/325 (2006.01) *A01N 47/08* (2006.01)
A01N 63/10 (2020.01) *C12N 15/82* (2006.01)
(52) CPC특허분류
C07K 14/325 (2013.01)
A01N 47/08 (2013.01)
(21) 출원번호 10-2019-7037523(분할)
(22) 출원일자(국제) 2015년10월15일
심사청구일자 2020년09월02일
(85) 번역문제출일자 2019년12월18일
(65) 공개번호 10-2019-0142454
(43) 공개일자 2019년12월26일
(62) 원출원 특허 10-2017-7013031
원출원일자(국제) 2015년10월15일
심사청구일자 2018년11월14일
(86) 국제출원번호 PCT/US2015/055800
(87) 국제공개번호 WO 2016/061391
국제공개일자 2016년04월21일
(30) 우선권주장
62/064,989 2014년10월16일 미국(US)
(56) 선행기술조사문헌
R. A. De Maagd 등, Applied and Environmental
Microbiology, Vol.66, No.4, p.1559-1563
(2000.04.)
KR1020120096571 A
WO2002014517 A1

(73) 특허권자
몬산토 테크놀로지 엘엘씨
미합중국 미주리주 63167 세인트 루이스시 노쓰
린드버그 부라바드 800
(72) 발명자
제임스 에이. 바움
미합중국 미주리주 63167 세인트 루이스시 노쓰
린드버그 부라바드 800
토마스 에이. 세루티
미합중국 미주리주 63167 세인트 루이스시 노쓰
린드버그 부라바드 800
(뒷면에 계속)
(74) 대리인
특허법인원전

전체 청구항 수 : 총 22 항

심사관 : 문명순

(54) 발명의 명칭 인시류 해충에 대해서 유독성이거나 저해성인 신규한 키메라릭 살곤충 단백질

(57) 요약

인시류 저해 활성을 나타내는 신규한 키메라릭 살곤충 단백질(chimeric insecticidal protein)을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열이 개시된다. 특정 실시형태는 키메라릭 살곤충 단백질 중 1종 이상을 암호화하는 재조합 핵산 분자를 함유하는 조성물 및 형질전환된 식물, 식물 부분 및 종자를 제공한다.

(52) CPC특허분류

A01N 63/10 (2020.01)

C12N 15/8286 (2013.01)

(72) 발명자

크리스탈 엘.다트

미합중국 미주리주 63167 세인트 루이스시 노쓰 린드버그 부라바드 800

레이 에이치. 잉글리쉬

미합중국 미주리주 63167 세인트 루이스시 노쓰 린드버그 부라바드 800

샤오란 푸

미합중국 미주리주 63167 세인트 루이스시 노쓰 린드버그 부라바드 800

빅토르 엠. 구조브

미합중국 미주리주 63167 세인트 루이스시 노쓰 린드버그 부라바드 800

알린 알. 하우

미합중국 미주리주 63167 세인트 루이스시 노쓰 린드버그 부라바드 800

제이 피. 모르겐슈테른

미합중국 미주리주 63167 세인트 루이스시 노쓰 린드버그 부라바드 800

제임스 케이. 로버트

미합중국 미주리주 63167 세인트 루이스시 노쓰 린드버그 부라바드 800

사라 에이. 살바도르

미합중국 미주리주 63167 세인트 루이스시 노쓰 린드버그 부라바드 800

진령 왕

미합중국 미주리주 63167 세인트 루이스시 노쓰 린드버그 부라바드 800

스타니슬라프 플라쎈스키

미합중국 미주리주 63167 세인트 루이스시 노쓰 린드버그 부라바드 800

명세서

청구범위

청구항 1

서열번호 7을 포함하는 키메릭 살곤충 단백질(chimeric insecticidal protein).

청구항 2

제1항에 있어서, 상기 키메릭 살곤충 단백질이 인시목 곤충(order Lepidoptera) 종에 대해서 저해 활성을 나타내는, 키메릭 살곤충 단백질.

청구항 3

제2항에 있어서, 상기 곤충 종이 안티카르시아 겐마탈리스(*Anticarsia gemmatilis*), 디아트라에아 사카랄리스(*Diatraea saccharalis*), 엘라스모팔푸스 리그노셀루스(*Elasmopalpus lignosellus*), 헬리코베르파 제아(*Helicoverpa zea*), 헬리오티스 비레센스(*Heliothis virescens*), 크리소테익시스 인클루덴스(*Chrysodeixis includens*), 스포돔테라 코스미오이데스(*Spodoptera cosmioides*), 스포돔테라 에리다니아(*Spodoptera eridania*), 스포돔테라 프루기페르다(*Spodoptera frugiperda*), 스포돔테라 엑시구아(*Spodoptera exigua*), 헬리코베르파 아르미게라(*Helicoverpa armigera*), 스포돔테라 리투라(*Spodoptera litura*), 펙티노포라 고시피엘라(*Pectinophora gossypiella*), 디아트라에아 그란디오셀라(*Diatraea grandiosella*), 에아리아스 비텔라(*Earias vitella*), 헬리코베르파 겔로토페온(*Helicoverpa gelotopen*), 및 라치플루시아 누(*Rachiplusia nu*)로 이루어진 군으로부터 선택되는, 키메릭 살곤충 단백질.

청구항 4

키메릭 살곤충 단백질을 암호화하는 폴리뉴클레오타이드로서, 상기 폴리뉴클레오타이드가 이중 프로모터(heterologous promoter)에 작동 가능하게 연결되어 있고, 상기 키메릭 살곤충 단백질이 서열번호 7을 포함하는, 폴리뉴클레오타이드.

청구항 5

키메릭 살곤충 단백질을 암호화하는 폴리뉴클레오타이드로서, 상기 폴리뉴클레오타이드는,

- a. 서열번호 6을 포함하거나; 또는
- b. 서열번호 7을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 폴리뉴클레오타이드.

청구항 6

숙주 세포로서, 서열번호 6을 포함하되, 상기 숙주 세포가 박테리아 숙주 세포 또는 식물 숙주 세포로 이루어진 군으로부터 선택되는, 숙주 세포.

청구항 7

제6항에 있어서, 박테리아 숙주 세포가 아그로박테리움(*Agrobacterium*), 리조븀(*Rhizobium*), 바실러스(*Bacillus*), 브레비바실러스(*Brevibacillus*), 에셰리키아(*Escherichia*), 슈도모나스(*Pseudomonas*), 클렙시엘라(*Klebsiella*), 및 에르위니아(*Erwinia*)로 이루어진 군으로부터 선택되는, 숙주 세포.

청구항 8

제6항에 있어서, 식물 숙주 세포가 외떡잎 식물 및 쌍떡잎 식물로 이루어진 식물 군으로부터 선택되는, 숙주 세포.

청구항 9

서열번호 7을 포함하는 키메릭 살곤충 단백질을 포함하는, 곤충 저해 조성물.

청구항 10

제9항에 있어서, 키메릭 살곤충 단백질과 상이한 적어도 1종의 곤충 저해제를 추가로 포함하는, 곤충 저해 조성물.

청구항 11

제10항에 있어서, 적어도 1종의 곤충 저해제가 곤충 저해 단백질, 곤충 저해 dsRNA 분자, 및 곤충 저해 화학물질로 이루어진 군으로부터 선택되는, 곤충 저해 조성물.

청구항 12

제10항에 있어서, 적어도 1종의 다른 살충제가 인시목, 딱정벌레목, 노린재목, 동시아목, 또는 총채벌레목 중 1종 이상의 해충 종에 대해서 활성을 나타내는, 곤충 저해 조성물.

청구항 13

곤충 저해 유효량의

- a. 서열번호 7인 아미노산 서열을 포함하는 키메릭 살곤충 단백질; 또는
- b. 서열번호 6을 포함하는 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 종자.

청구항 14

인시류 해충을 억제량의 제1항의 키메릭 살곤충 단백질과 접촉시키는 것을 포함하는, 인시류 해충의 방제 방법.

청구항 15

서열번호 7을 포함하는, 트랜스제닉 식물 또는 식물 부분.

청구항 16

제15항의 트랜스제닉 식물 또는 식물 부분이 인시류 억제량의 키메릭 살곤충 단백질을 발현하는, 해충을 상기 식물 또는 식물 부분에 노출시키는 것을 포함하는, 인시류 해충의 방제 방법.

청구항 17

검출가능한 양의 키메릭 살곤충 단백질을 포함하는, 제15항의 식물 또는 식물 부분으로부터 유래된 상품(commodity product).

청구항 18

제17항에 있어서, 식물 바이오매스(biomass), 오일, 곡물(meal), 동물 사료, 곡물 가루, 플레이크, 겨(bran), 린트, 외피, 및 가공된 종자로 이루어진 군으로부터 선택된, 상품.

청구항 19

제1항의 키메릭 살곤충 단백질을 포함하는 종자의 생산 방법으로서,

- a. 제1항의 키메릭 살곤충 단백질을 암호화하는 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 적어도 하나의 종자를 심는 단계;
- b. 종자로부터 식물을 성장시키는 단계; 및
- c. 식물로부터 종자를 수확하는 단계를 포함하고, 수확된 종자는 제1항의 키메릭 살곤충 단백질을 암호화하는 상기 폴리뉴클레오타이드를 포함하는, 종자의 생산 방법.

청구항 20

키메릭 살곤충 단백질을 암호화하는 폴리뉴클레오타이드 분자에 작동 가능하게 연결된 이중 프로모터를 포함하는 제조용 핵산 분자로서,

- a. 상기 키메릭 살곤충 단백질이 서열번호 7을 포함하거나; 또는

b. 상기 폴리뉴클레오타이드 분절이 서열번호 6을 포함하는, 재조합 핵산 분자.

청구항 21

서열번호 7을 포함하는 트랜스제닉 식물 세포.

청구항 22

제21항의 트랜스제닉 식물 세포에 인시류 해충을 노출시키는 것을 포함하는 인시류 해충을 방제하는 방법으로서, 상기 식물 세포는 키메릭 살곤충 단백질의 인시류 억제량을 발현하는, 방법.

발명의 설명

기술 분야

[0001] 관련 출원에 대한 참고

[0002] 본 출원은 2014년 10월 16일자로 출원된 미국 가출원 제62/064,989호의 이익을 청구하며, 그것은 전문이 참고로 본원에 포함된다.

[0003] 서열 목록의 포함

[0004] 컴퓨터 판독가능한 형태의 서열 목록이 전자 제출에 의해서 본 출원과 함께 제출되고, 그의 전체가 참고로 본 출원에 포함된다. 서열 목록은 371,735 킬로바이트 크기(MS-윈도우즈(MS-Windows)(등록상표) 운용 시스템에서 측정)이고, 파일명이 P34230W000_SEQ_PCT.txt인 2015년 10월 13일자로 생성된 파일에 포함되어 있다.

[0005] 기술 분야

[0006] 본 발명은 일반적으로 곤충 저해 단백질의 분야에 관한 것이다. 작물 및 종자의 농업-관련 해충에 대한 곤충 저해 활성을 나타내는 신규한 부류의 키메릭 살곤충 단백질(chimeric insecticidal protein)이 본 출원에서 개시된다. 특히, 개시된 부류의 단백질은 인시목(Lepidopteran order)의 곤충 해충에 대해서 살곤충 활성을 나타낸다. 개시된 독소(toxin) 단백질 중 하나 이상을 암호화하는 재조합 핵산 분자를 함유하는 식물, 식물 부분, 및 종자가 제공된다.

배경 기술

[0007] 특히, 옥수수, 대두, 사탕수수, 벼, 밀, 채소류 및 목화를 비롯한 농업에서 중요한 식물로부터의 작물 수확량의 개선이 상당히 중요해지고 있다. 식량에 대한 농업 생산물에 대한 증가하고 있는 요구에 더하여, 의류 및 인구 증가에 따른 에너지 제공, 기후 관련 효과 및 농사 이외의 용도로 토지를 사용하려는 인구 증가로부터의 압력은 농사를 위해 사용 가능한 경작지의 양을 감소시킬 것으로 예상된다. 이러한 인자는 특히 식물 생명공학 및 농경법 실시에서의 상당한 개선이 없이는, 식량 안보와 관련하여 암울한 예측으로 이어진다. 이러한 압력에 비추어, 기술, 농업 기술 및 해충 제어에서의 환경적으로 지속가능한 개선이 농사에 사용 가능한 제한된 경작지 면적에 대한 작물 생산성 확대를 위한 필수적인 톨이다.

[0008] 곤충, 특히 인시목의 곤충은 농작물 손실의 주요 원인인 것으로 간주되어, 침입된 지역에서 작물 생산량을 감소시킨다. 농업에 부정적으로 영향을 미치는 인시류 해충 중은 가을멸강충(fall armyworm)(스포돗테라 프루기페르다(*Spodoptera frugiperda*)), 파밤나방(beet armyworm)(스포돗테라 엑시구아(*Spodoptera exigua*)), 베르타 밤나방(bertha armyworm)(마메스트라 콘피구라타(*Mamestra configurata*)), 검거세미 나방(black cutworm)(아그로티스 입실론(*Agrotis ipsilon*)), 남방은무늬밤나방 애벌레(cabbage looper)(트리코플루시아 니(*Trichoplusia ni*)), 대두 애벌레(soybean looper)(크리소테익시스 인클루덴스(*Chrysodeixis includens*)), 벨벳콩 자나방(velvetbean caterpillar)(안티카르시아 겐마탈리스(*Anticarsia gemmatilis*)), 그린 클로버웜(green cloverworm)(히페나 스카브라(*Hypena scabra*)), 회색 담배 나방(tobacco budworm)(헬리오티스 비레센스(*Heliothis virescens*)), 낱알 거세미 나방(granulate cutworm)(아그로티스 수브테라네아(*Agrotis subterranea*)), 멸강나방(armyworm)(수달레티아 유니펠크타(*Pseudaletia unipuncta*)), 서양 거세미 나방(western cutworm)(아그로티스 오르토고니아(*Agrotis orthogonia*)), 유럽 조명충 나방(European corn borer)(오스트리니아 누빌랄리스(*Ostrinia nubilalis*)), 네이블 오렌지 나방(navel orangeworm)(아미엘로이스 트란시텔라(*Amyelois transitella*)), 옥수수 뿌리 벌집 나방(corn root webworm)(크람부스 칼리지노셀루스(*Crambus caliginosellus*)), 소드 벌집 나방(sod webworm)(헤르페토그라마 리카르시살리스(*Herpetogramma*

licarsisalis)), 해바라기 나방(sunflower moth)(호모에오소마 엘렉텔룸(*Homoeosoma electellum*)), 명충 나방 애벌레(lesser cornstalk borer)(엘라스모팔푸스 리그노셀루스(*Elasmopalpus lignosellus*)), 코들링 나방(codling moth)(시디아 포모넬라(*Cydia pomonella*)), 그레이프 베리 나방(grape berry moth)(엔도피자 비테아나(*Endopiza viteana*)), 복숭아순 나방(oriental fruit moth)(그라폴리타 몰레스타(*Grapholita molesta*)), 해바라기순 나방(sunflower bud moth)(슐레이마 헬리안타나(*Suleima helianthana*)), 배추좀 나방(diamondback moth)(플루텔라 크실로스텔라(*Plutella xylostella*)), 분홍 솜벌레(pink bollworm)(펙티노포라 고시피엘라(*Pectinophora gossypiella*)), 분홍 명밤 나비(pink stem borer)(세사미아 인페렌스(*Sesamia inferens*)), 매미 나방(gypsy moth)(리만트리아 디스파르(*Lymantria dispar*)), 목화 잎 벌레(cotton leaf worm)(알라바마 아르길라세아(*Alabama argillacea*)), 과일 나무 잎말이 나방(fruit tree leaf roller)(아르킵스 아르기로스필라(*Archips argyrospila*)), 유럽 잎말이 나방(European leafroller)(아르킵스 로사나(*Archips rosana*)), 이화명 나방(Asiatic rice borer), 또는 쌀 명밤 나방(rice stem borer)(킬로 서프레살리스(*Chilo suppressalis*)), 흑명 나방(rice leaf roller)(크나팔로크로시스 메디날리스(*Cnaphalocrocis medinalis*)), 옥수수 뿌리 벌집 나방(크람부스 칼리노셀루스(*Crambus caliginosellus*)), 잔디 포충 나방(bluegrass webworm)(크람부스 테테렐루스(*Crambus teterrellus*)), 남서부 조명충 나방(southwestern corn borer)(디아트라에아 그란디오셀라(*Diatraea grandiosella*)), 사탕수수 명나방(surgarcane borer)(디아트라에아 사카칼리스(*Diatraea saccharalis*)), 스피니 볼웜(spiny bollworm)(에아리아스 인술라나(*Earias insulana*)), 스팟티드 볼웜(spotted bollworm)(에아리아스 비텔라(*Earias vittella*)), 구세계 목화씨 벌레(Old World cotton bollworm)(헬리코베르파 아르미게라(*Helicoverpa armigera*)), 왕담배 밤나방(corn earworm), 콩 팥웜(soy podworm) 또는 목화씨 벌레(헬리코베르파 제아(*Helicoverpa zea*)), 소드 벌집 나방(헤르페토그라마 리카르시살리스(*Herpetogramma licarsisalis*)), 유럽 포도나무 나방(European grape vine moth)(로베시아 보트라나(*Lobesia botrana*)), 귤굴 나방(citrus leafminer)(필록니스티스 시트렐라(*Phyllocnistis citrella*)), 큰 흰나비(large white butterfly)(피에리스 브라시카에(*Pieris brassicae*)), 배추 흰나비(imported cabbageworm), 또는 작은 흰나비(피에리스 라파에(*Pieris rapae*)), 담배 거세미 나방(tobacco cutworm), 또는 클러스터 캐터필라(cluster caterpillar)(스포도테라 리투라(*Spodoptera litura*)), 및 토마토 잎나방(tomato leafminer)(투타 앵솔루타(*Tuta absoluta*))를 포함하지만, 이들로 제한되는 것은 아니다.

[0009] 역사적으로, 합성 화학 살곤충제의 집중적인 살포가 농업에서 해충 방제제로서 신뢰되었다. 저항성 문제의 출현에 더하여, 환경 및 인간 건강에 대한 우려가 생물학적 살충제의 연구 및 개발을 자극하였다. 이러한 연구 노력은 박테리아를 비롯한, 다양한 곤충병원성 미생물 종의 점진적인 발견 및 사용으로 이어졌다.

[0010] 곤충병원성 박테리아, 특히 바실러스속에 속하는 박테리아의 생물학적 해충 방제제로서의 가능성이 발견되고, 발전되었을 때 생물학적 방제 패러다임이 이동하였다. 박테리아 바실러스 투링기엔시스(*Bt*)의 균주를 살곤충 단백질 생산을 위한 공급원으로서 사용하여 왔는데, 그 이유는 *Bt* 균주가 특정 곤충에 대해서 높은 독성을 나타내는 것을 발견하였기 때문이다. *Bt* 균주는 포자 형성의 시작 시에 그리고 성장 정체기(stationary growth phase) 동안 부아포 결정 봉입체(parasporal crystalline inclusion body) 내에 국지화된 델타-엔도톡신(예를 들어, Cry 단백질)을 생성한다고 공지되어 있으며, 분비된 살곤충 단백질을 생성한다고 또한 공지되어 있다. 민감한 곤충이 섭취한 후, 델타-엔도톡신뿐만 아니라 분비된 독소는 중장 상피(midgut epithelium)의 표면에서 그의 효과를 발휘하여, 세포막을 파괴하여, 세포를 파괴하고, 사멸시킨다. 살곤충 단백질을 암호화하는 유전자는 또한 다른 바실러스 및 다양한 다른 박테리아 종, 예컨대 브레비바실러스 래터로스포르스(*Brevibacillus laterosporus*), 리시니바실러스 스파에리커스(*Lysinibacillus sphaericus*)("Ls" 이전에 바실러스 스파에리커스라 알려짐) 및 파에니바실러스 포필리아에(*Paenibacillus popilliae*)에서 확인되었다.

[0011] 결정성인 분비된 가용성 살곤충 단백질 독소는 그의 숙주에 대해서 고도로 특이적이어서, 화학적 살곤충제에 대한 대체품으로서 전세계적으로 허용되어 왔다. 예를 들어, 살곤충 독소 단백질은 다양한 농업 응용에서 사용되어 농업적으로 중요한 식물을 곤충 침입으로부터 보호하고, 화학적 살충제 적용에 대한 요구를 감소시키고, 수확량을 증가시켰다. 살곤충 독소 단백질은 기계적 방법, 예컨대 분무하여 다양한 박테리아 균주를 함유하는 미생물 제제를 식물 표면 상에 확산시킴으로써, 그리고 유전자 형질전환 기술(genetic transformation technique)을 사용하여 살곤충 독소 단백질을 발현하는 트랜스제닉 식물(transgenic plant) 및 종자를 생산함으로써 작물의 농업 관련 해충을 방제하는 데 사용된다.

[0012] 살곤충 단백질을 발현하는 트랜스제닉 식물의 사용은 전세계적으로 채택되어 왔다. 예를 들어, 2천6백십만 헥타아르에 *Bt* 독소를 발현하는 트랜스제닉 작물을 심었다(문헌 [James, C., Global Status of Commercialized Biotech/GM Crops: 2012. ISAAA Brief No. 44]). 트랜스제닉 곤충-보호된 작물의 전세계적 사

용 및 이러한 작물에서 사용된 살곤충 단백질의 제한된 수가 현재 사용되는 살곤충 단백질에 저항성을 부여하는 기존의 곤충 대립유전자에 대한 선별 압력을 생성하였다.

[0013] 살곤충 단백질에 대한 표적 해충의 저항성의 발전이, 살곤충 단백질을 발현하는 트랜스제닉 작물에 대한 곤충 저항성의 증가를 조절하기에 유용한 새로운 형태의 살곤충 단백질의 발견 및 발전에 대한 지속적인 필요성을 생성한다. 효능이 개선되고, 더 넓은 스펙트럼의 허용되는 곤충 중에 대해서 방제를 나타내는 새로운 살곤충 단백질이 저항성 대립유전자를 발전시킬 수 있는 살아남은 곤충의 수를 감소시킬 것이다. 또한, 동일한 곤충 해충에 독성이 있고, 상이한 작용 기전을 나타내는 2종 이상의 트랜스제닉 살곤충 단백질을 한 식물에서 사용하는 것이 임의의 단일 표적 곤충 중에서 저항성 확률을 감소시킨다.

[0014] 결론적으로, 농업 분야에서 현재 사용되는 독소에 비해서 개선된 살곤충 특성, 예컨대 더 넓은 스펙트럼의 표적 곤충 해충 중에 대한 증가된 효능 및 상이한 작용 기전을 갖는 추가적인 살곤충 단백질을 연구하는 것이 상당히 필요하다. 이러한 필요성을 충족시키기 위해서, 본 발명은 중요한 표적 인시류 해충 중에 대해서 활성을 나타내는 신규한 Cry1 키메라 살곤충 단백질을 개시한다.

[0015] Cry1 결정 단백질 군의 구성원은 인시류 해충에 대해서 생물활성을 나타낸다고 당업계에 공지되어 있다. Cry1 결정 단백질의 전구체 형태는 2개의 대략 동일한 크기의 분절로 이루어진다. 프로톡신(protoxin) 분절로서 공지된, 전구체 단백질의 카복시-말단 부분은 결정 형성을 안정화시키고, 살곤충 활성을 나타내지 않는다. 전구체 단백질의 아미노 말단 절반부는 Cry1 단백질의 독소 분절을 포함하고, Cry1 군 구성원 내에 보존되거나 실질적으로 보존된 서열의 정렬에 기초하여, 3개의 구조 도메인, 즉 도메인 I, 도메인 II, 및 도메인 III로 추가로 나뉠 수 있다. 도메인 I은 활성 독소 분절의 대략 1/3을 포함하고, 채널 형성에 필수적인 것으로 밝혀져 있다. 도메인 II 및 III 모두는 연구된 곤충 및 살곤충 단백질에 따라서, 수용체 결합 및 곤충 중 특이성에 관련된다.

[0016] 당업계에서 공지된 많은 자연 존재(native) 살곤충 단백질의 도메인 구조의 조합으로부터 향상된 특성을 갖는 키메라 단백질을 임의로 생성할 가능성은 희박하다. 이것은 단백질 구조, 올리고머화, 및 살곤충 단백질 분절을 방출시키는 데 요구되는 활성화(그러한 형태로 발현된다면, 키메라 전구체의 올바른 단백질 가수분해 가공 포함)의 복잡한 성질의 결과이다. 키메라 구조의 생성을 위해서 각각의 양친(parental) 단백질 내에서 프로톡신 및 특이적인 타겟을 주의깊게 선택하는 것 만이 기능성 키메라 살곤충 독소가 키메라가 유래된 양친 단백질에 비해서 개선된 살곤충 활성을 나타내도록 구성될 수 있게 한다. 서로 상이한 임의의 둘 이상의 독소의 프로톡신 및 독소 도메인 I, II 및 III의 재조합은 보통 잘못된 결정 형성을 나타내거나, 바람직한 표적 곤충 해충 중에 대해서 유도되는 임의의 검출가능한 살곤충 활성이 완전히 결핍된 단백질 구성을 유발한다고 당업계에 공지되어 있다. 시행 착오를 거쳐서 만이 효과적인 살곤충 키메라를 설계하였지만, 그 이후에도, 통상의 기술자는 키메라의 구성 프로톡신 또는 독소 도메인이 유래될 수 있는 임의의 단일 양친 독소 단백질과 동등하거나 또는 그것에 비해서 개선된 살곤충 활성을 나타내는 키메라를 설계했다고 확신하지 못한다. 예를 들어, 문헌은 2종 이상의 결정 단백질 전구체로부터의 키메라 단백질의 구성 또는 조립의 다양한 예를 보고한다. 예를 들어, 문헌 [Jacqueline S. Knight, *et al.* "A Strategy for Shuffling Numerous *Bacillus thuringiensis* Crystal Protein Domains." *J. Economic Entomology*, 97 (6) (2004): 1805-1813]; 보쉬(Bosch) 등의 특허(미국 특허 제 6,204,246호); 말바(Malvar) 및 길머(Gilmer)의 특허(미국 특허 제 6,017,534호)를 참고하기 바란다. 이들 예 각각에서, 생성된 키메라 중 다수는 키메라의 성분이 유래된 전구체 단백질과 동등하거나 또는 그에 비해서 개선된 살곤충 또는 결정 형성 특성을 나타내지 않았다.

발명의 내용

[0017] 인시류 종의 식물 해충에 유독성인 키메라 살곤충 단백질을 암호화하는 재조합 핵산 분자가 제공된다. 키메라 살곤충 단백질 각각은 제제 중에서 그리고 식물체 내에서 단독으로 또는 서로와 그리고 다른 살곤충 단백질 및 곤충 저해제와 조합되어 사용될 수 있기 때문에; 농업계에서 현재 사용되는 살곤충 단백질 및 살곤충 화학물질에 대한 대안을 제공한다.

[0018] 특정 실시형태에서, 본원에는 서열번호 21, 10, 28, 7, 4, 13, 16, 19, 23, 25, 30, 33, 36, 39, 41, 43, 45, 47, 50 또는 53 중 어느 하나에 명시된 바와 같은 아미노산 서열을 포함하는 키메라 살곤충 단백질이 개시되어 있다. 이러한 키메라 살곤충 단백질은 인시류 곤충 중, 예컨대 안티카르시아 겐마탈리스, 디아트라에아 사카랄리스, 엘라스모팔푸스 리그노셀루스, 헬리코베르프 제아, 헬리오티스 비레센스, 크리스테익시스 인클루텐스, 스포돔테라 코스미오이데스(*Spodoptera cosmioides*), 스포돔테라 에리다니아(*Spodoptera eridania*), 스포돔테라 프루기페르다, 스포돔테라 엑시구아, 헬리코베르프 아르미게라, 스포돔테라 리투라, 펙티노포라 고시피엘라, 디아트라에아 그란디오셀라, 에아리아스 비텔라, 헬리코베르프 겐로토페온, 및 라치플루시아 누(*Rachiplusia nu*)

(이에 제한되지 않음)에 대해서 저해 활성을 나타낸다.

- [0019] 또 다른 실시형태에서, 키메릭 살곤충 단백질을 암호화하는 폴리뉴클레오타이드가 개시되며, 여기서 폴리뉴클레오타이드는 이중 프로모터에 작동 가능하게 연결되어 있고, 키메릭 살곤충 단백질은 서열번호 21, 10, 28, 7, 4, 13, 16, 19, 23, 25, 30, 33, 36, 39, 41, 43, 45, 47, 50 또는 53 중 어느 하나에 명시된 바와 같은 아미노산 서열을 포함한다. 키메릭 살곤충 단백질을 암호화하는 폴리뉴클레오타이드가 또한 고려되며, 여기서 폴리뉴클레오타이드는 임의로 엄격한 조건(stringent condition) 하에서 서열번호 1, 2, 3, 5, 6, 8, 9, 11, 12, 14, 15, 17, 18, 20, 22, 24, 26, 27, 29, 31, 32, 34, 35, 37, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 49, 51 또는 52 중 어느 하나에 명시된 바와 같은 폴리뉴클레오타이드 서열의 역상보체에 혼성화(hybridizing)되거나; 또는 서열번호 21, 10, 28, 7, 4, 13, 16, 19, 23, 25, 30, 33, 36, 39, 41, 43, 45, 47, 50 또는 53 중 어느 하나에 명시된 바와 같은 아미노산 서열을 포함하는 키메릭 살곤충 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열을 포함한다.
- [0020] 다른 실시형태에서, 본원에는 서열번호 1, 2, 3, 5, 6, 8, 9, 11, 12, 14, 15, 17, 18, 20, 22, 24, 26, 27, 29, 31, 32, 34, 35, 37, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 49, 51 또는 52 중 어느 하나에 명시된 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 숙주 세포가 개시되어 있고, 여기서 숙주 세포는 박테리아 숙주 세포 또는 식물 숙주 세포로 이루어진 군으로부터 선택된다. 고려되는 박테리아 숙주에는 아그로박테리움(*Agrobacterium*), 리조븜(*Rhizobium*), 바실러스(*Bacillus*), 브레비바실러스(*Brevibacillus*), 에셰리키아(*Escherichia*), 슈도모나스(*Pseudomonas*), 클렙시엘라(*Klebsiella*), 및 에르위니아(*Erwinia*)가 포함되며; 여기서 바실러스 종은 바실러스 세레우스(*Bacillus cereus*) 또는 바실러스 투링기엔시스(*Bacillus thuringiensis*)이고, 상기 브레비바실러스가 브레비바실러스 라테로스페러스(*Brevibacillus laterosperous*)이고, 상기 에셰리키아가 에셰리키아 콜라이(*Escherichia coli*)이다. 고려되는 식물 세포에는 외떡잎 식물 및 쌍떡잎 식물이 포함된다.
- [0021] 본 명세서에 개시된 다른 실시형태는 서열번호 21, 10, 28, 7, 4, 13, 16, 19, 23, 25, 30, 33, 36, 39, 41, 43, 45, 47, 50 또는 53 중 어느 하나에 명시된 바와 같은 아미노산 서열을 포함하는 키메릭 살곤충 단백질을 포함하는 곤충 저해 조성물을 포함한다. 특정 실시형태에서, 곤충 저해 조성물은 키메릭 살곤충 단백질과 상이한 적어도 1종의 곤충 저해제를 추가로 포함한다. 키메릭 살곤충 단백질과 상이한 고려되는 곤충 저해제에는 곤충 저해 단백질, 곤충 저해 dsRNA 분자, 및 곤충 저해 화학물질이 포함된다. 키메릭 살곤충 단백질과 상이한 이러한 곤충 저해제는 인시목, 딱정벌레목, 노린재목, 동시아목, 또는 총채벌레목 중 1종 이상의 해충 종에 대해서 활성을 나타낸다.
- [0022] 또 다른 실시형태에서, 본원에는 서열번호 21, 10, 28, 7, 4, 13, 16, 19, 23, 25, 30, 33, 36, 39, 41, 43, 45, 47, 50 또는 53 중 어느 하나에 명시된 바와 같은 아미노산 서열을 포함하는 키메릭 살곤충 단백질; 또는 서열번호 1, 2, 3, 5, 6, 8, 9, 11, 12, 14, 15, 17, 18, 20, 22, 24, 26, 27, 29, 31, 32, 34, 35, 37, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 49, 51 또는 52 중 어느 하나에 명시된 폴리뉴클레오타이드를 곤충 저해 유효량으로 포함하는 종자가 개시되어 있다.
- [0023] 인시류 해충을 억제량의 본 발명의 키메릭 살곤충 단백질과 접촉시키는 것을 포함하는 인시류 해충의 방제 방법이 또한 고려된다.
- [0024] 또 다른 실시형태에서, 본원에는 키메릭 살곤충 단백질을 포함하는 트랜스제닉 식물 세포, 식물 또는 식물 부분이 개시되어 있으며, 여기서 키메릭 살곤충 단백질은 서열번호 21, 10, 28, 7, 4, 13, 16, 19, 23, 25, 30, 33, 36, 39, 41, 43, 45, 47, 50 또는 53 중 어느 하나에 명시된 임의의 아미노산 서열을 포함하거나; 또는 키메릭 살곤충 단백질은 서열번호 21, 10에 대해서 적어도 94% 동일성; 서열번호 28에 대해서 적어도 93% 동일성; 서열번호 7에 대해서 적어도 87% 동일성; 서열번호 4에 대해서 적어도 90% 동일성; 서열번호 13에 대해서 적어도 91% 동일성; 서열번호 16에 대해서 적어도 64% 동일성; 서열번호 19에 대해서 적어도 66% 동일성; 서열번호 23에 대해서 적어도 86% 동일성; 서열번호 25에 대해서 적어도 91% 동일성; 서열번호 30에 대해서 적어도 94% 동일성; 서열번호 33에 대해서 적어도 91% 동일성; 서열번호 36에 대해서 적어도 64% 동일성; 서열번호 39에 대해서 적어도 66% 동일성; 서열번호 41에 대해서 적어도 94% 동일성; 서열번호 43에 대해서 적어도 84% 동일성; 서열번호 45에 대해서 적어도 93% 동일성; 서열번호 47에 대해서 적어도 94% 동일성; 서열번호 50에 대해서 적어도 91% 동일성; 또는 서열번호 53에 대해서 적어도 93% 동일성을 갖는 단백질을 포함한다. 인시류 해충을 이러한 트랜스제닉 식물 세포, 식물 또는 식물 부분에 노출시키는 것을 포함하는 인시류 해충의 방제 방법이 또한 고려되며, 여기서 상기 식물 세포, 식물 또는 식물 부분은 인시류 억제량의 키메릭 살곤충 단백질을 발현한다.
- [0025] 본원의 다른 실시형태에서, 식물 세포, 식물, 또는 식물 부분으로부터 유래된 상품(commodity product)이 제공되고, 여기서 상품은 검출가능한 양의 키메릭 살곤충 단백질을 포함한다. 고려되는 상품에는 식물 바이오매스

(biomass), 오일, 곡물(meal), 동물 사료, 곡물 가루, 플레이크, 겨(bran), 린트, 외피, 및 가공된 종자가 포함된다.

[0026] 본 명세서에 개시된 또 다른 방법은 키메릭 살곤충 단백질을 포함하는 종자의 생산 방법이며, 그 방법은 키메릭 살곤충 단백질을 포함하는 적어도 하나의 종자를 심는 단계; 상기 종자로부터 식물을 성장시키는 단계; 및 상기 식물로부터 종자를 수확하는 단계를 포함하고, 여기서 상기 수확된 종자는 키메릭 살곤충 단백질을 포함한다.

[0028] *1, 2, 3, 5, 6, 8, 9, 11, 12, 14, 15, 17, 18, 20, 22, 24, 26, 27, 29, 31, 32, 34, 35, 37, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 49, 51 또는 52로 이루어진 군으로부터 선택된 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 키메릭 살곤충 단백질을 암호화하는 재조합 폴리뉴클레오타이드 분자; 및 임의로 키메릭 살곤충 단백질과 상이한 곤충 저해제를 암호화하는 폴리뉴클레오타이드 서열이 또한 본 명세서에서 고려된다.

[0029] 본 명세서에서 고려되는 또 다른 재조합 핵산 분자는 키메릭 살곤충 단백질을 암호화하는 폴리뉴클레오타이드 분절에 작동 가능하게 연결된 이중 프로모터를 포함하고, 여기서 키메릭 살곤충 단백질은 서열번호 21, 10, 28, 7, 4, 13, 16, 19, 23, 25, 30, 33, 36, 39, 41, 43, 45, 47, 50 또는 53 중 어느 하나에 명시된 임의의 아미노산 서열을 포함하거나; 또는 키메릭 살곤충 단백질은 서열번호 21, 10에 대해서 적어도 94% 동일성; 서열번호 28에 대해서 적어도 93% 동일성; 서열번호 7에 대해서 적어도 87% 동일성; 서열번호 4에 대해서 적어도 90% 동일성; 서열번호 13에 대해서 적어도 91% 동일성; 서열번호 16에 대해서 적어도 64% 동일성; 서열번호 19에 대해서 적어도 66% 동일성; 서열번호 23에 대해서 적어도 86% 동일성; 서열번호 25에 대해서 적어도 91% 동일성; 서열번호 30에 대해서 적어도 94% 동일성; 서열번호 33에 대해서 적어도 91% 동일성; 서열번호 36에 대해서 적어도 64% 동일성; 서열번호 39에 대해서 적어도 66% 동일성; 서열번호 41에 대해서 적어도 94% 동일성; 서열번호 43에 대해서 적어도 84% 동일성; 서열번호 45에 대해서 적어도 93% 동일성; 서열번호 47에 대해서 적어도 94% 동일성; 서열번호 50에 대해서 적어도 91% 동일성; 또는 서열번호 53에 대해서 적어도 93% 동일성을 갖는 단백질을 포함하거나; 또는 폴리뉴클레오타이드 분절은 서열번호 1, 2, 3, 5, 6, 8, 9, 11, 12, 14, 15, 17, 18, 20, 22, 24, 26, 27, 29, 31, 32, 34, 35, 37, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 49, 51 또는 52 중 어느 하나에 명시된 바와 같은 뉴클레오타이드 서열을 갖는 폴리뉴클레오타이드에 혼성화된다.

[0030] 본 발명의 다른 실시형태, 특징 및 이점은 하기 발명을 실시하기 위한 구체적인 내용, 실시예 및 청구범위로부터 명백할 것이다.

[0031] 서열의 간단한 설명

[0032] 서열번호 서열번호 1은 박테리아 세포에서의 발현을 위해서 사용되는 TIC1100을 암호화하는 재조합 DNA 서열이다.

[0033] 서열번호 2는 식물 세포에서의 발현을 위한 TIC1100을 암호화하는 합성 DNA 서열이다.

[0034] 서열번호 3은 식물 세포에서의 발현을 위한 TIC1100을 암호화하는 합성 DNA 서열이다.

[0035] 서열번호 4는 TIC1100의 아미노산 서열이다.

[0036] 서열번호 5는 박테리아 세포에서의 발현을 위해서 사용되는 TIC860을 암호화하는 재조합 DNA 서열이다.

[0037] 서열번호 6은 식물 세포에서의 발현을 위한 TIC860을 암호화하는 합성 DNA 서열이다.

[0038] 서열번호 7은 TIC860의 아미노산 서열이다.

[0039] 서열번호 8은 박테리아 세포에서의 발현을 위해서 사용되는 TIC867을 암호화하는 재조합 DNA 서열이다.

[0040] 서열번호 9는 식물 세포에서의 발현을 위한 TIC867을 암호화하는 합성 DNA 서열이다.

[0041] 서열번호 10은 TIC867의 아미노산 서열이다.

[0042] 서열번호 11은 박테리아 세포에서의 발현을 위해서 사용되는 TIC867_20을 암호화하는 재조합 DNA 서열이다.

[0043] 서열번호 12는 식물 세포에서의 발현을 위한 TIC867_20을 암호화하는 합성 DNA 서열이다.

[0044] 서열번호 13은 TIC867_20의 아미노산 서열이다.

[0045] 서열번호 14는 박테리아 세포에서의 발현을 위해서 사용되는 TIC867_21을 암호화하는 재조합 DNA 서열이다.

[0046] 서열번호 15는 식물 세포에서의 발현을 위한 TIC867_21을 암호화하는 합성 DNA 서열이다.

- [0047] 서열번호 16은 TIC867_21의 아미노산 서열이다.
- [0048] 서열번호 17은 박테리아 세포에서의 발현을 위해서 사용되는 TIC867_22를 암호화하는 제조합 DNA 서열이다.
- [0049] 서열번호 18은 식물 세포에서의 발현을 위한 TIC867_22를 암호화하는 합성 DNA 서열이다.
- [0050] 서열번호 19는 TIC867_22의 아미노산 서열이다.
- [0051] 서열번호 20은 식물 세포에서의 발현을 위한 TIC867_23을 암호화하는 합성 DNA 서열이다.
- [0052] 서열번호 21은 TIC867_23의 아미노산 서열이다.
- [0053] 서열번호 22는 식물 세포에서의 발현을 위한 TIC867_24를 암호화하는 합성 DNA 서열이다.
- [0054] 서열번호 23은 TIC867_24의 아미노산 서열이다.
- [0055] 서열번호 24는 식물 세포에서의 발현을 위한 TIC867_24를 암호화하는 합성 DNA 서열이다.
- [0056] 서열번호 25는 TIC867_25의 아미노산 서열이다.
- [0057] 서열번호 26은 박테리아 세포에서의 발현을 위해서 사용되는 TIC868을 암호화하는 제조합 DNA 서열이다.
- [0058] 서열번호 27은 식물 세포에서의 발현을 위한 TIC868을 암호화하는 합성 DNA 서열이다.
- [0059] 서열번호 28은 TIC868의 아미노산 서열이다.
- [0060] 서열번호 29는 식물 세포에서의 발현을 위한 TIC868_9를 암호화하는 합성 DNA 서열이다.
- [0061] 서열번호 30은 TIC868_9의 아미노산 서열이다.
- [0062] 서열번호 31은 박테리아 세포에서의 발현을 위해서 사용되는 TIC868_10을 암호화하는 제조합 DNA 서열이다.
- [0063] 서열번호 32는 TIC868 변종인 TIC868_10을 암호화하는 식물 세포에서의 발현을 위한 합성 DNA 서열이다.
- [0064] 서열번호 33은 TIC868_10의 아미노산 서열이다.
- [0065] 서열번호 34는 박테리아 세포에서의 발현을 위해서 사용되는 TIC868_11을 암호화하는 제조합 DNA 서열이다.
- [0066] 서열번호 35는 식물 세포에서의 발현을 위한 TIC868_11을 암호화하는 합성 DNA 서열이다.
- [0067] 서열번호 36은 TIC868_11의 아미노산 서열이다.
- [0068] 서열번호 37은 박테리아 세포에서의 발현을 위해서 사용되는 TIC868_12를 암호화하는 제조합 DNA 서열이다.
- [0069] 서열번호 38은 식물 세포에서의 발현을 위한 TIC868_12를 암호화하는 합성 DNA 서열이다.
- [0070] 서열번호 39는 TIC868_12의 아미노산 서열이다.
- [0071] 서열번호 40은 식물 세포에서의 발현을 위한 TIC868_13을 암호화하는 합성 DNA 서열이다.
- [0072] 서열번호 41은 TIC868_13의 아미노산 서열이다.
- [0073] 서열번호 42는 식물 세포에서의 발현을 위한 TIC868_14를 암호화하는 합성 DNA 서열이다.
- [0074] 서열번호 43은 TIC868_14의 아미노산 서열이다.
- [0075] 서열번호 44는 식물 세포에서의 발현을 위한 TIC868_15를 암호화하는 합성 DNA 서열이다.
- [0076] 서열번호 45는 TIC868_15의 아미노산 서열이다.
- [0077] 서열번호 46은 식물 세포에서의 발현을 위한 TIC868_29를 암호화하는 합성 DNA 서열이다.
- [0078] 서열번호 47은 TIC868_29의 아미노산 서열이다.
- [0079] 서열번호 48은 박테리아 세포에서의 발현을 위해서 사용되는 TIC869를 암호화하는 제조합 DNA 서열이다.
- [0080] 서열번호 49는 식물 세포에서의 발현을 위한 TIC869를 암호화하는 합성 DNA 서열이다.
- [0081] 서열번호 50은 TIC869의 아미노산 서열이다.
- [0082] 서열번호 51은 박테리아 세포에서의 발현을 위해서 사용되는 TIC836을 암호화하는 제조합 DNA 서열이다.

[0083] 서열번호 52는 식물 세포에서의 발현을 위한 TIC836을 암호화하는 합성 DNA 서열이다.

[0084] 서열번호 53은 TIC836의 아미노산 서열이다.

발명을 실시하기 위한 구체적인 내용

[0085] 농업 해충 방제 분야에서의 문제점은, 표적 해충에 대해서 효과적이고, 표적 해충 중에 대해서 넓은 스펙트럼의 독성을 나타내고, 바람직하지 않은 작물 문제를 유발하지 않으면서 식물에서 발현될 수 있고, 식물에서 상업적으로 사용되는 기존의 독소와 비교하여 대안적인 작용 기전을 제공하는 새로운 살곤충 단백질에 대한 요구를 특징으로 할 수 있다. 신규한 키메라 살곤충 단백질이 본 명세서에서 개시되며, 그것은 특히 넓은 스펙트럼의 인시류 곤충 해충에 대해서 이러한 요구 각각을 충족시킨다.

[0086] 현재 사용되는 살곤충 단백질에 대한 곤충 저항성의 발달을 회피하거나 또는 방지하기 위해서, 상이한 작용 기전(MOA), 뿐만 아니라 넓은 스펙트럼 및 효능을 갖는 새로운 살곤충 단백질이 인시류 제어를 위해서 필요하다. 이러한 요구를 해결하기 위한 한 방법은 상이한 생물 기원, 바람직하게는 박테리아, 진균 또는 식물로부터 새로운 살곤충 단백질을 개발하는 것이다. 또 다른 접근은 구조 유사성을 나타내는 다양한 Bt 단백질들 사이에서 분절을 교환하여 곤충 저해 특성을 갖는 새로운 키메라 Bt 단백질을 생성하는 것이다. 당업계에 공지된 다수의 자연 존재 살곤충 결정 단백질의 도메인 구조를 재배열함으로써 향상된 특성을 갖는 키메라 단백질을 생성할 가능성은 희박하다고 당업계에 공지되어 있다. 예를 들어, 문헌[A Strategy for Shuffling Numerous *Bacillus thuringiensis* Crystal Protein Domains." *J. Economic Entomology*, 97 (6) (2004): 1805-1813]을 참고하기 바란다.

[0087] 본원에는 신규한 키메라 살곤충 단백질을 암호화하는 재조합 핵산 분자 서열이 개시되어 있다. 이러한 살곤충 단백질은 개선된 살곤충 특성, 예컨대 더 넓은 스펙트럼의 표적 곤충 해충 중에 대해서 증가된 효능을 갖고, 상이한 작용 기전을 갖는 추가적인 독성 살곤충 단백질을 조작하려는 당업계의 계속적인 요구를 해결한다. 본 명세서에 개시된 예시적인 단백질을 비롯한, 이러한 군의 단백질의 구성원은 인시류 곤충 해충 중에 대해서 살곤충 활성을 나타낸다.

[0088] 용어 "분절" 또는 "단편"은 개시된 키메라 살곤충 단백질을 설명하는 완전한 아미노산 또는 핵산 서열보다 더 짧은 연속적인 아미노산 또는 핵산 서열을 기술하기 위해서 본 출원에서 사용된다. 곤충 저해 활성을 나타내는 분절 또는 단편이 또한 본 출원에 개시되어 있는데, 단 키메라 살곤충 단백질의 상응하는 부분을 갖는 그러한 분절 또는 단편의 정렬이 분절 또는 단편과 키메라 살곤충 단백질의 상응하는 부분 사이에서 약 65 내지 약 100%의 임의의 백분율의 아미노산 서열 동일성을 유발해야 한다.

[0089] 용어 "활성인" 또는 "활성", "살충 활성" 또는 "살충" 또는 "살곤충 활성", "곤충 저해" 또는 "살곤충"에 대한 본 출원에서의 언급은 억제(성장, 섭취, 생식력, 또는 생존력의 억제), 억압(성장, 섭취, 생식력, 또는 생존력의 억압), 방제(해충 침입 방제, 유효량의 살곤충 단백질을 함유하는 특정 작물에 대한 해충 섭취 활성의 제어) 또는 해충의 살상(해충의 이환(morbidity), 사멸, 또는 감소된 생식력을 유발함)에서의 독성제, 예컨대 살곤충 단백질의 효능을 말한다. 이러한 용어는 살충 유효량의 살곤충 단백질을 해충에 제공한 결과를 포함하고자 하며, 여기서 살곤충 단백질에 대한 해충의 노출은 이환, 사멸, 감소된 생식력, 또는 발육 저지를 유발한다. 이러한 용어는 또한 식물 내에 또는 식물 상에 살충 유효량의 살곤충 단백질을 제공한 결과로서, 식물, 식물 조직, 식물 부분, 종자, 식물 세포로부터의 해충의 퇴치, 또는 식물이 성장할 수 있는 특정 지리적인 위치로부터의 해충의 퇴치를 포함한다. 일반적으로, 살충 활성은 살충 단백질의 능력이 인시류 곤충을 포함하지만, 그에 제한되지 않는 특정 표적 해충의 이러한 단백질, 단백질 단편, 단백질 분절 또는 폴리뉴클레오타이드에 대한 곤충 섭식에 의해서 유발되는 성장, 발달, 생존력, 섭식 행동, 교배 행동 또는 생식력을 억제하거나, 부작용의 임의의 측정 가능한 감소를 억제하는 데 효과적인 것을 말한다. 살곤충 단백질은 식물에 의해서 생성될 수 있거나, 식물 또는 식물이 위치된 위치 내의 환경에 적용될 수 있다. 용어 "생물활성" "유효한", "효과적인" 또는 그의 변형 용어가 또한 표적 곤충 해충에 대한 본 발명의 키메라 살곤충 단백질의 효과를 기술하기 위해서 본 출원에서 상호 교환 가능하게 사용되는 용어이다.

[0090] 표적 해충의 먹이에 제공되는 경우, 살충 유효량의 독성제는 독성제가 해충을 접촉할 때 살충 활성을 나타낸다. 독성제는 당업계에 공지된 살곤충 단백질제 또는 1종 이상의 화학 작용제일 수 있다. 살곤충 화학 작용제 및 살곤충 단백질제는 단독으로 또는 서로와 조합되어 사용될 수 있다. 화학 작용제에는 표적 해충의 억압을 위해서 특정 유전자를 표적화하는 dsRNA 분자, 유기염소, 유기인산염, 카르바메이트, 피레트로이드, 네오니코티노이드, 및 리아노이드가 포함되지만, 이들로 제한되는 것은 아니다. 살곤충 단백질제에는 본 출원에서 언급된 키메라

살곤충 단백질, 뿐만 아니라 인시류 해충 중을 표적화하는 것을 비롯한 다른 단백질 독성제, 뿐만 아니라 다른 식물 해충을 방제하는 데 사용되는 단백질 독소, 예컨대 딱정벌레류, 총채벌레류, 노린재류 및 동시아류 중을 방제하는데 사용하기 위해서 당업계에서 입수 가능한 Cry 단백질이 포함된다.

[0091] 해충, 특히 작물의 해충에 대한 언급은 작물의 곤충 해충, 특히 개시된 키메릭 살곤충 단백질에 의해서 방제되는 인시류 곤충 해충을 의미하고자 한다. 그러나, 해충에 대한 언급은 또한 딱정벌레류, 노린재류 및 동시아류의 식물 곤충 해충, 뿐만 아니라 선충 및 진균을 포함할 수 있는데, 이때 이러한 해충을 표적화하는 독성제는 키메릭 살곤충 단백질, 또는 키메릭 살곤충 단백질에 대해서 65 내지 약 100 동일한 단백질과 함께 국지화되거나 또는 함께 존재한다.

[0092] 본 명세서에 개시된 키메릭 살곤충 단백질은 성충, 번데기, 애벌레, 및 유충을 비롯한 인시류 곤충 중, 뿐만 아니라 성충 및 유충을 비롯한 노린재 곤충 종으로부터의 곤충 해충에 대해서 살곤충 활성을 나타낸다. 인시목 곤충은 밤나방과(Family Noctuidae)의 멸강나방, 거세미 나방, 자나방, 및 헬리오틴(heliothine), 예를 들어 가을 멸강충(스포돔테라 프루기페르다), 파밤나방(스포돔테라 엑시구아), 베르타 밤나방(마메스트라 콘피구라타), 검 거세미 나방(아그로티스 입실론), 남방은무늬밤나방 애벌레(트리코폴루시아 니), 대두 애벌레(수도폴루시아 인클루덴스), 벨벳콩 자나방(안티카르시아 잼마탈리스), 그린 클로버웜(히페나 스카브라), 회색 담배 나방(헬리오티스 비레센스), 낱알 거세미 나방(아그로티스 수브테라네아), 멸강나방(수달레티아 유니핀크타), 서양 거세미 나방(아그로티스 오르토고니아); 명나방과로부터의 명나방(borer), 보호 고치를 만드는 유충(casebearer), 벌집 나방(webworm), 콘웜(coneworm), 캐비지웜(cabbageworm) 및 잎을 갉아먹는 인시류의 애벌레(skeletonizer), 예를 들어, 유럽 조명충 나방(오스트리니아 누빌랄리스), 네이블 오렌지 나방(아미엘로이스 트란시텔라), 옥수수 뿌리 벌집 나방(크람부스 칼리지노셀루스), 소드 벌집 나방(헤르페토그라마 리카르시살리스), 해바라기 나방(호모에오소마 엘렉텔름), 명충 나방 애벌레(엘라스모팔푸스 리그노셀루스); 잎말이 나방과의 잎말이 나방(leafroller), 버드웜(budworm), 종자 벌레(seed worm), 및 과실 벌레(fruit worm), 예를 들어, 코들링 나방(시디아 포모넬라), 그레이프 베리 나방(엔도피자 비테아나), 복숭아순 나방(그라폴리타 몰레스타), 해바라기순 나방(술레이마 헬리안타나); 및 다수의 다른 경제적으로 중요한 인시류, 예를 들어, 배추좀 나방(플루텔라 크실로스텔라), 분홍 솜벌레(펙티노포라 고시피엘라) 및 매미 나방(리만트리아 디스파르)을 포함하지만 이들로 제한되는 것은 아니다. 인시목의 다른 곤충 해충은 예를 들어, 알라바마 아르길라세아(목화 잎 벌레), 아르킵스 아르키로스필라(과일 나무 잎말이 나방), 아르킵스 로사나(유럽 잎말이 나방) 및 다른 아르킵스 종, 킬로 서프레살리스(이화 명나방, 또는 쌀 명밤 나방), 크나팔로코로시스 메디날리스(흑명 나방), 크람부스 칼리지노셀루스(옥수수 뿌리 벌집 나방), 크람부스 테테텔루스(잔디 포충 나방), 디아트라에아 그란디오셀라(남서부 조명충 나방), 디아트라에아 사카랄리스(사탕수수 명나방), 예아리아스 인술라나(스피니 볼웜), 이아리아스 비텔라(스팟티드 볼웜), 헬리코베르과 아르미게라(미국 목화씨 벌레(American bollworm)), 헬리코베르과 제아(왕담배 밤나방 또는 목화씨 벌레), 헬리오티스 비레센스(회색 담배 나방), 헤르페토그라마 리카르시살리스(소드 벌집 나방), 로베시아 보트라나(유럽 포도나무 나방), 필록니스티스 시트렐라(굴굴 나방), 피에리스 브라시카에(큰 흰나비), 피에리스 라파에(배추 흰나비 애플레, 또는 작은 흰나비), 플루텔라 크실로스텔라(배추좀 나방), 스포돔테라 엑시구아(파밤나방), 스포돔테라 리투라(담배 거세미 나방, 클러스터 캐터필라), 및 투타 애플루타(토마토 잎나방)를 포함한다.

[0093] 본 출원에서 "단리된 DNA 분자", 또는 동등한 용어 또는 구에 대한 언급은 DNA 분자가 그의 본래 환경 내에 존재하지 않고, 단독으로 존재하거나 또는 다른 조성물과 조합되어 존재하는 것을 의미하고자 한다. 예를 들어, 유기체의 게놈의 DNA 내에서 본래 발견되는 핵산 요소, 예컨대 암호화 서열, 인트론 서열, 미번역 리더 서열, 프로모터 서열, 전사 중단 서열 등은, 그 요소가 유기체의 게놈 내에 존재하거나 그것이 본래 발견되는 게놈 내의 위치에 존재하는 한, "단리"되었다고 간주되지 않는다. 그러나, 이러한 요소 및 이러한 요소의 하위부분 각각은 그 요소가 유기체의 게놈 내에 그리고 그것이 본래 발견되는 게놈 내의 위치에 존재하지 않는 한 본 개시물의 범주 내에서 "단리"된 것이다. 유사하게, 살곤충 단백질 또는 그 단백질의 임의의 자연 발생 살곤충 변종을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은, 그 뉴클레오타이드 서열이 그 단백질을 암호화하는 서열이 본래 발견되는 박테리아의 DNA 내에 존재하지 않는 한 단리된 뉴클레오타이드 서열일 것이다. 자연 발생 살곤충 단백질의 아미노산 서열을 암호화하는 합성 뉴클레오타이드 서열은 본 개시물의 목적을 위해서 단리되었다고 간주될 것이다. 본 개시물의 목적을 위해서, 임의의 트랜스제닉 뉴클레오타이드 서열, 즉 식물 또는 박테리아의 세포의 게놈에 삽입되거나, 또는 염색체외 벡터에 존재하는 DNA의 뉴클레오타이드 서열은 그것이 세포를 형질전환시키기 위해서 사용된 플라스미드 또는 유사한 구조체 내에 존재하든, 식물 또는 박테리아의 게놈 내에 존재하든, 또는 식물 또는 박테리아로부터 유래된 조직, 자손, 생물학적 샘플 또는 상품에 검출가능한 양으로 존재하든 그렇지

않은 단리된 뉴클레오타이드 서열인 것으로 간주될 것이다.

- [0094] 실시예에서 추가로 기술된 바와 같이, 키메라지네시스(chimeragenesis) 노력을 통해서, 키메릭 살곤충 단백질을 암호화하는 대략 팔백사십사(844)개의 뉴클레오타이드 서열을 공지된 살곤충 독소의 프로토신 및 독소 도메인 (본 명세서에서 "모 단백질"이라 칭함)으로부터 구성하고, 발현시켜서, 인시류 활성화에 대해서 생물학적 검정에서 시험하였다. 적은 수의 구성된 키메릭 살곤충 단백질이 그의 독소 성분이 유래된 모 단백질에 비해서 개선된 인시류 활성화 또는 향상된 인시류 스펙트럼을 나타내었다.
- [0095] 개선된 인시류 활성화 또는 향상된 인시류 스펙트럼을 갖는 이러한 신규한 키메릭 살곤충 단백질은 하기 살곤충 모 단백질 프로토신 및 독소 도메인으로부터 구성되었다: Cry1Ah(도메인 I), Cry1Bb1(도메인 I 및 II), Cry1Be2(도메인 I 및 II), Cry1Ja1(도메인 I 및 II), Cry1Fa1(도메인 I 및 II), Cry1Ac(도메인 II 및 프로토신), Cry1Ca(도메인 III 및 프로토신), Cry1Ka(도메인 III 및 프로토신), Cry1Jx(도메인 III), Cry1Ab(도메인 III), Cry1Ab3(프로토신), Cry1Da1(프로토신), Cry4(프로토신), Cry9(프로토신), Cry1Be(프로토신), 및 Cry1Ka(프로토신).
- [0096] 구체적으로, 개선된 인시류 활성화 또는 향상된 인시류 스펙트럼을 갖는 본 발명의 신규한 키메릭 살곤충 단백질은 하기 프로토신 및 도메인 조합을 포함한다: TIC1100/서열번호 4(도메인 I- Cry1Ah, 도메인 II- Cry1Ac, 도메인 III- Cry1Ca, 프로토신- Cry1Ac), TIC860/서열번호 7(도메인 I- Cry1Bb1, 도메인 II- Cry1BB1, 도메인 III- Cry1Ca, 프로토신- Cry1Ac), TIC867/서열번호 10(도메인 I- Cry1Be2, 도메인 II- Cry1Be2, 도메인 III- Cry1Ka, 프로토신- Cry1Ab3), TIC868/서열번호 28(도메인 I- Cry1Be2, 도메인 II- Cry1Be2, 및 도메인 III- Cry1Ca, 프로토신- Cry1Ab3), TIC869/서열번호 50(도메인 I- Cry1Ja1, 도메인 II- Cry1Ja1, 도메인 III- Cry1Jx, 프로토신- Cry1Ab3) 및 TIC836/서열번호 53(도메인 I- Cry1Fa1, 도메인 II- Cry1Fa1, 도메인 III- Cry1Ab, 프로토신- Cry1Ac).
- [0097] 아미노산 치환 또는 대체 프로토신 도메인이 도입된 변종이 또한 키메릭 살곤충 단백질 TIC867 및 TIC868을 위해서 구성될 수 있다. 구체적으로 TIC867 및 TIC868의 이러한 변종은 하기 아미노산 치환 및 대체 프로토신 도메인을 포함할 수 있다: TIC867_20/서열번호 13(대체 프로토신 도메인 Cry1Da1), TIC867_21/서열번호 16(대체 프로토신 도메인 Cry4), TIC867_22/서열번호 19(대체 프로토신 도메인 Cry9), TIC867_23/서열번호 21(대체 프로토신 도메인 Cry1Be), TIC867_24/서열번호 23(대체 프로토신 도메인 Cry1Ka), TIC867_25/서열번호 25(대체 프로토신 도메인 Cry1Ka), TIC868_9/서열번호 30(아미노산 변형 N240S_Y343Q_N349T), TIC868_10/서열번호 33(대체 프로토신 도메인 Cry1Da1), TIC868_11/서열번호 36(대체 프로토신 도메인 Cry4), TIC868_12/서열번호 39(대체 프로토신 도메인 Cry 9), TIC868_13/서열번호 41(대체 프로토신 도메인 Cry1Be), TIC868_14/서열번호 43(대체 프로토신 도메인 Cry1Ka), TIC868_15/서열번호 45(대체 프로토신 도메인 Cry1Ca), 및 TIC868_29/서열번호 47(아미노산 변형 Q136Y_Y343Q_N349T).
- [0098] 실시예에 예증된 바와 같이, 이들 TIC867 및 TIC868 변종 각각은 인시류 활성을 변경하고/변경하거나 모 키메릭 살곤충 단백질의 인시류 활성화 스펙트럼을 감소시켰는데, 따라서 이는 대체 프로토신 도메인 및 아미노산 치환이 키메릭 살곤충 단백질 TIC867 및 TIC868의 살곤충 활성화 및 스펙트럼에 직접적인 결과를 갖는다는 것을 나타낸다.
- [0099] 키메릭 살곤충 단백질 중 다수가 다양한 인시류 곤충 해충 중에 대해서 살곤충 활성을 나타낸다. 구체적으로, 본 출원에 개시된 신규한 키메릭 살곤충 단백질은 하기 인시류 곤충 해충 중 하나 이상에 대해서 활성을 나타내었다: 벨벳콩 자나방(VBC, 안티카르시아 켄마탈리스), 사탕수수 명나방(SCB, 디아트라에아 사카탈리스), 명충나방 애벌레(LSCB, 엘라스모팔푸스 리그노셀루스), 왕담배 밤나방(CEW, 헬리코베르파 제아), 대두 팻worm(Soybean pod worm)(SPW, 헬리코베르파 제아), 목화씨 벌레(CBW, 헬리코베르파 제아), 회색 담배 나방(TBW, 헬리오티스 비레센스), 대두 애벌레(SBL, 크리스테익시스 인클루덴스), 블랙 멸강나방(Black armyworm)(BLAW, 스포돗테라 코스미오이데스), 남방 멸강나방(Southern armyworm)(SAW, 스포돗테라 에리다니아), 가을멸강충(FAW, 스포돗테라 프루기페르다), 과밤나방(BAW, 스포돗테라 엑시구아), 올드 월드 볼worm(OBW, 헬리코베르파 아르미게라), 오리엔탈 리프worm(Oriental leafworm)(OLW, 스포돗테라 리투라), 분홍 솜벌레(PBW, 펙티노포라 고시피엘라), 남서부 조명충 나방(SWCB, 디아트라에아 그란디오셀라), 스팟티드 볼worm(SBW, 에아리아스 비텔라), 미국 목화씨 벌레(American bollworm)(SABW, 헬리코베르파 겐로토페온), 및 해바라기 애벌레(Sunflower looper)(SFL, 라치플루시아 누). 따라서, 본 출원에 기술된 예시적인 단백질은 일반적인 기능과 관련되고, 성충, 애벌레 및 번데기를 비롯한 인시류 곤충 종으로부터의 곤충 해충에 대해서 살곤충 활성을 나타낸다.
- [0100] 당업계에서 공지된 알고리즘을 기초로 다양한 컴퓨터를 사용하여 서로와 비교함으로써 키메릭 살곤충 단백질과 유

사한 단백질을 식별할 수 있다. 예를 들어, 키메릭 살곤충 단백질에 관련된 단백질의 아미노산 서열 동일성은 다음 디폴트 파라미터를 사용하여 클러스탈(Clustal) W 정렬을 사용하여 분석될 수 있다: 가중치 매트릭스: 블로섬(blosum), 갭 오픈링 페널티(Gap opening penalty): 10.0, 갭 익스텐션 페널티(Gap extension penalty): 0.05, 친수성 갭(Hydrophilic gap): 온(On), 친수성 잔기(Hydrophilic residue): GPSNDQERK, 잔기-특이적 갭 페널티(Residue-specific gap penalty): 온(문헌 [Thompson, et al (1994) Nucleic Acids Research, 22:4673-4680]). (아미노산 동일성/해당 단백질의 길이) x 100%의 값에 의해서 아미노산 동일성 백분율을 추가로 계산한다. 다른 정렬 알고리즘이 또한 당업계에서 사용 가능하고, 클러스탈 W 정렬을 사용하여 수득된 것과 유사한 결과를 제공하고, 본 출원에서 고려된다.

[0101] 곤충 저해 활성을 나타내는 쿼리(query) 단백질이 본 출원에서 개시되며, 단 대상 키메릭 살곤충 단백질을 갖는 그러한 쿼리 단백질의 정렬은 서열번호 4, 7, 10, 13, 16, 19, 21, 23, 25, 28, 30, 33, 36, 39, 41, 43, 45, 47, 50 및 53에 제시되어 있고, 쿼리 단백질과 대상 단백질 간의 아미노산 서열 동일성은 적어도 약 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99%, 또는 약 100% (또는 이 범위의 임의의 백분율)이어야 한다.

[0102] 본 출원의 실시예에서 추가로 기술된 바와 같이, 키메릭 살곤충 단백질을 암호화하는 합성 또는 인공 서열을 식물에서 사용하기 위해서 설계하였다. 식물에서 사용하기 위해서 설계된 예시적인 합성 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 2 및 3(TIC1100), 서열번호 6(TIC860), 서열번호 9(TIC867), 서열번호 12(TIC867_20), 서열번호 15(TIC867_21), 서열번호 18(TIC867_22), 서열번호 20(TIC867_23), 서열번호 22(TIC867_24), 서열번호 24(TIC867_25), 서열번호 27(TIC868), 서열번호 29(TIC868_9), 서열번호 32(TIC868_10), 서열번호 35(TIC868_11), 서열번호 38(TIC868_12), 서열번호 40(TIC868_13), 서열번호 42(TIC868_14), 서열번호 44(TIC868_15), 서열번호 46(TIC868_29), 서열번호 49(TIC869) 및 서열번호 52(TIC836)에 명시된다.

[0103] 식물 세포에서의 발현을 위해서, 키메릭 살곤충 단백질은 발현되어 시토졸 내에 잔류할 수 있거나 식물 세포의 다양한 세포 소기관으로 표적화될 수 있다. 예를 들어, 단백질의 엽록체로의 표적화는 오프-표현형(off-phenotype)이 발생하는 것을 방지하면서 트랜스제닉 식물에서 발현되는 단백질의 수준을 증가시킬 수 있다. 표적화는 또한 유전자 이식 이벤트에서 해충 저항성 효능을 증가시킬 수 있다. 표적 펩타이드 또는 트랜지트(transit) 펩타이드는 핵, 미토콘드리아, 소포체(ER), 엽록체, 아포플라스트, 퍼옥시좀 및 원형질 막을 비롯한 세포의 특정 구역으로의 단백질의 이송을 유도하는 짧은(3 내지 70개의 아미노산 길이) 펩타이드 쇠이다. 일부 타겟 펩타이드는 단백질이 이송된 후 신호 펩타이드에 의해서 단백질로부터 절단된다. 엽록체로의 표적화를 위해서, 단백질은 대략 40 내지 50개의 아미노산인 트랜지트 펩타이드를 함유한다. 엽록체 트랜지트 펩타이드의 사용의 설명에 대해서는, 미국 특허 제5,188,642호 및 제5,728,925호를 참고하기 바란다. 많은 엽록체-국지화된 단백질은 전구체로서 핵 유전자로부터 발현되어, 엽록체 트랜지트 펩타이드(CTP)에 의해서 엽록체로 표적화된다. 그러한 단리된 엽록체 단백질의 예에는 리볼로오스-1,5,-비스포스페이트 카복실라제, 페레독신, 페레독신 옥시도리덕타제, 광수확 복합 단백질(light-harvesting complex protein) I 및 단백질 II, 티오레독신 F, 엔올피루브 시키메이트 포스페이트 신타제(enolpyruvyl shikimate phosphate synthase)(EPSPS), 및 미국 특허 제7,193,133호에 기술된 트랜지트 펩타이드의 소단위체(SSU)와 연관된 것이 포함되지만, 이들로 제한되는 것은 아니다. 비-엽록체 단백질이 이중 CTP를 갖는 단백질 융합의 사용에 의해서 엽록체로 표적화될 수 있고, 그 CTP는 엽록체로 단백질을 표적화하기에 충분하다는 것이 생체내 및 생체의 실험에서 입증되어 있다. 적합한 엽록체 트랜지트 펩타이드, 예컨대 아라비도시스 탈리아나(*Arabidopsis thaliana*) EPSPS CTP(CTP2)(문헌 [Klee et al., Mol. Gen. Genet. 210:437-442, 1987] 참고) 또는 페튜니아 히브리다(*Petunia hybrida*) EPSPS CTP(CTP4)(문헌 [della-Cioppa et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 83:6873-6877, 1986] 참고)의 도입이 트랜스제닉 식물에서 이중 EPSPS 단백질 서열을 엽록체로 표적화하는 것이 밝혀져 있다(미국 특허 제5,627,061호; 제5,633,435호; 및 제5,312,910호; 및 유럽 특허 제EP 0218571호; 제EP 189707호; 제EP 508909호; 및 제EP 924299호 참고). 키메릭 살곤충 단백질의 엽록체로의 표적화를 위해서, 엽록체 트랜지트 펩타이드를 암호화하는 서열은 식물 세포에서 최적의 발현을 위해서 설계된 키메릭 살곤충 단백질을 암호화하는 합성 암호화 서열에 작동가능한 연결 및 프레임으로 5' 자리에 위치된다.

[0104] 당업계에 공지된 형질전환 방법 및 기술에 따라서 이러한 합성 또는 인공 뉴클레오타이드 서열을 함유하는 발현 카세트 및 벡터를 구성하였고, 옥수수, 목화 및 대두 식물 세포에 도입하였다. 형질전환된 세포(transformed cell)를 키메릭 살곤충 단백질을 발현하는 것으로 관찰된 형질전환된 식물 내에서 재생시켰다. 살충 활성을 시험하기 위하여, 형질전환된 식물로부터 수득된 식물 잎 디스크를 사용하여 인시류 해충 유충의 존재 하에서 생

물학적 검정을 수행하였다. 키메릭 살곤충 단백질을 암호화하는 재조합 핵산 분자 조성물이 고려된다. 예를 들어, 키메릭 살곤충 단백질은 재조합 DNA 구조체를 사용하여 발현될 수 있는데, 그 구조체에서 키메릭 살곤충 단백질을 암호화하는 ORF를 갖는 폴리뉴클레오타이드 분자는 유전자 발현 요소, 예컨대 프로모터, 및 구조체가 의도되는 시스템에서 발현을 위해서 필요한 임의의 다른 조절 요소에 작동 가능하게 연결되어 있다. 비제한적인 예에는 식물에서의 키메릭 살곤충 단백질의 발현을 위한 합성 키메릭 살곤충 단백질 암호화 서열에 작동 가능하게 연결된 식물-기능성 프로모터 또는 *Bt* 박테리아 또는 다른 바실러스 종에서의 단백질의 발현을 위한 키메릭 살곤충 단백질 암호화 서열에 작동 가능하게 연결된 *Bt*-기능성 프로모터가 포함된다. 인핸서(enhancer), 인트론, 미번역 리더, 암호화된 단백질 부동화 태그(immobilization tag)(HIS-tag), 위치 이동 펩타이드(즉, 색소체 트랜지트 펩타이드, 신호 펩타이드), 번역 후 변형 효소(post-translational modifying enzyme)를 위한 폴리펩타이드 서열, 리보솜 결합 자리, 및 RNAi 타겟 자리를 포함하지만, 그에 제한되지 않는 다른 요소가 키메릭 살곤충 단백질 암호화 서열에 작동 가능하게 연결될 수 있다.

[0105] 본 명세서에 제공된 예시적인 재조합 폴리뉴클레오타이드 분자에는 서열번호 4(TIC1100), 7(TIC860), 10(TIC867), 13(TIC867_20), 16(TIC867_21), 19(TIC867_22), 21(TIC867_23), 23(TIC867_24), 25(TIC867_25), 28(TIC868), 30(TIC868_9), 33(TIC868_10), 36(TIC868_11), 39(TIC867_12), 41(TIC867_13), 43(TIC867_14), 45(TIC867_15), 47(TIC867_29), 50(TIC869) 및 53(TIC836)에 명시된 바와 같은 아미노산 서열을 갖는 폴리펩타이드 또는 단백질을 암호화하는 폴리뉴클레오타이드, 예컨대 서열번호 1, 2, 3, 5, 6, 8, 9, 11, 12, 14, 15, 17, 18, 20, 22, 24, 26, 27, 29, 31, 32, 34, 35, 37, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 49, 51, 및 52에 작동 가능하게 연결된 이중 프로모터가 포함되지만, 이들로 제한되는 것은 아니다. 이중 프로모터는 또한 색소체 표적화된 키메릭 살곤충 단백질 및 표적화되지 않은 키메릭 살곤충 단백질을 암호화하는 합성 DNA 암호화 서열에 작동 가능하게 연결될 수 있다. 본 명세서에 개시된 키메릭 살곤충 단백질을 암호화하는 재조합 핵산 분자의 코돈은 동의 코돈(동의 치환(silent substitution)으로 당업계에서 공지됨)에 의해서 치환될 수 있다고 고려된다.

[0106] 키메릭 살곤충 단백질 암호화 서열을 포함하는 재조합 DNA 분자 또는 구조체는 키메릭 살곤충 단백질을 암호화하는 DNA 서열, 키메릭 살곤충 단백질과 상이한 단백질, 곤충 저해 dsRNA 분자, 또는 보조적 단백질에 부수적으로 또는 그들과 함께 발현하도록 구성될 수 있는 하나 이상의 독성제를 암호화하는 DNA 구역을 추가로 포함할 수 있다. 보조 단백질은, 예를 들어 발현의 도움, 식물에서의 안정성에 영향을 미침, 올리고머화를 위한 자유에너지를 최적화함, 독성을 증가시킴, 그리고 활성 범위를 증가시킴으로써, 보조인자, 효소, 결합-파트너, 또는 곤충 저해 제제의 효율성을 돕는 기능을 하는 다른 제제를 포함하지만, 이들로 제한되지는 않는다. 보조 단백질은, 예를 들어 하나 이상의 곤충 저해 제제의 흡수를 용이하게 하거나, 또는 독성 제제의 독성 효과를 강화시킬 수 있다.

[0107] 재조합 DNA 분자 또는 구조체는 모든 단백질 또는 dsRNA 분자가 하나의 프로모터로부터 발현되거나 각각의 단백질 또는 dsRNA 분자가 개별 프로모터 제어 또는 그의 일부 조합 하에 있도록 조립될 수 있다. 본 발명의 단백질은 키메릭 살곤충 단백질이 선택된 발현 시스템의 유형의 따라서, 다른 개방 판독 프레임(open reading frame) 및 프로모터를 또한 함유하는 일반적인 뉴클레오타이드 분절로부터 발현되는 다중-유전자 발현 시스템으로부터 발현될 수 있다. 예를 들어, 박테리아 다중-유전자 발현 시스템은 단일 프로모터를 사용하여 단일 오페론(operon) 내로부터의 다중-연결/탠덤(tandem) 개방 판독 프레임의 발현(즉, 다시스트론 발현(polycistronic expression))을 유도할 수 있다. 또 다른 예에서, 식물 다중-유전자 발현 시스템은 상이한 단백질 또는 다른 독성제, 예컨대 1종 이상의 dsRNA 분자를 각각 발현하는 다중-미연결 발현 카세트를 사용할 수 있다.

[0108] 키메릭 살곤충 단백질 암호화 서열을 포함하는 재조합 핵산 분자 또는 재조합 DNA 구조체는 벡터, 예를 들어, 플라스미드, 바큇로바이러스, 합성 염색체, 비리온, 코스미드, 파지미드, 파지(phage), 바이러스 벡터에 의해서 숙주 세포로 전달될 수 있다. 그러한 벡터를 사용하여 숙주 세포에서 키메릭 살곤충 단백질 암호화 서열의 안정적인 발현 또는 일시적인 발현을 성취할 수 있거나, 암호화된 폴리펩타이드의 후속 발현을 성취할 수 있다. 키메릭 살곤충 단백질 서열 암호화 서열을 포함하고, 숙주 세포에 도입되는 외인성 재조합 폴리뉴클레오타이드 또는 재조합 DNA 구조체를 본 명세서에서 "이식 유전자"라 칭한다.

[0109] 키메릭 살곤충 단백질 중 임의의 1종 이상을 암호화하는 폴리뉴클레오타이드를 함유하는 트랜스제닉 박테리아, 트랜스제닉 식물 세포, 트랜스제닉 식물, 및 트랜스제닉 식물 부분이 본 명세서에서 제공된다. 용어 "박테리아 세포" 또는 "박테리아"에는 아그로박테리움, 바실러스, 에셰리키아, 살로넬라, 슈도모나스, 또는 리조븀 세포가 포함되지만, 이들로 제한되는 것은 아니다. 용어 "식물 세포" 또는 "식물"에는 쌍떡잎 식물 세포 또는 외떡잎 식물 세포가 포함될 수 있지만, 이들로 제한되는 것은 아니다. 고려되는 식물 및 식물 세포에는 자주개자리, 바나나, 보리, 콩, 브로콜리, 양배추, 배추속 식물, 당근, 카사바, 카스터(caster), 콜리플라워, 셀러리, 병아리

콩, 배추, 감귤, 코코넛, 커피, 옥수수, 토끼풀, 목화, 조롱박, 오이, 미송, 가지, 유칼립투스, 아마, 마늘, 포도, 흙, 리크(leek), 상추, 로브룰리 소나무(Loblolly pine), 수수, 멜론, 견과, 귀리, 올리브, 양파, 풍치럼, 야자, 목초, 완두, 땅콩, 후추, 나무콩, 소나무, 감자, 포플러, 호박, 라디에타 파인, 유채, 벼, 루트스톡(rootstock), 호밀, 홍화, 관목, 수수, 서던 파인(Southern pine), 대두, 시금치, 스쿼시(squash), 딸기, 사탕무, 사탕수수, 해바라기, 스위트 콘, 스위트 검(sweet gum), 고무마, 스위치그래스(switchgrass), 차, 담배, 토마토, 트리티케일, 잔디풀, 수박, 및 밀 식물 세포 또는 식물이 포함되지만, 이들로 제한되는 것은 아니다. 특정 실시형태에서, 트랜스제닉 식물 세포로부터 재생된 트랜스제닉 식물 및 트랜스제닉 식물 부분이 제공된다. 특정 실시형태에서, 트랜스제닉 식물은 절단, 스냅핑(snapping), 그라인딩 또는 식물로부터 부분을 달리 자르는 것에 의해서 트랜스제닉 종자로부터 수득될 수 있다. 특정 실시형태에서, 식물 부분은 종자, 꼬투리(boll), 잎, 꽃, 줄기, 뿌리 또는 그의 임의의 일부, 또는 트랜스제닉 식물 부분의 재생불가능한 일부일 수 있다. 본 명세서에서 사용되는 바와 같이, 트랜스제닉 식물 부분의 "재생불가능한 일부"는 전체 식물을 형성하도록 유도될 수 없는 일부 또는 유성 생식 및/또는 무성 생식할 수 있는 전체 식물을 형성하도록 유도될 수 없는 일부이다. 특정 실시형태에서, 식물 부분의 재생불가능한 일부는 트랜스제닉 종자, 꼬투리, 잎, 꽃, 줄기 또는 뿌리의 일부이다.

[0110] 인시류-억제량의 키메릭 살곤충 단백질을 포함하는 트랜스제닉 식물의 생산 방법이 제공된다. 그러한 식물은 본 출원에 제공된 키메릭 살곤충 단백질을 암호화하는 폴리뉴클레오타이드를 식물 세포에 도입하고, 곤충 또는 인시류-억제량의 키메릭 살곤충 단백질을 발현하는 상기 식물 세포로부터 유래된 식물을 선별함으로써 생산될 수 있다. 식물은 재생, 종자, 화분, 또는 분열 조직 형질전환 기술에 의해서 식물 세포로부터 유래될 수 있다. 식물의 형질전환 방법은 당업계에 공지되어 있다. 예를 들어, 아그로박테리움-매개된 형질전환은 미국 특허 출원 공개 제2009/0138985A1호(대두), 제2008/0280361A1호(대두), 제2009/0142837A1호(옥수수), 제2008/0282432호(목화), 및 제2008/0256667호(목화)에 기술되어 있다.

[0111] 키메릭 살곤충 단백질을 발현하는 식물은 다른 살곤충 단백질을 발현하는 유전자 이식 이벤트와 함께 성장하고/성장하거나 트랜스제닉 특질, 예컨대 다른 곤충 제어 특질, 제초제 내성 유전자, 유전자 부여 수율(conferring yield) 또는 스트레스 내성 특질 등을 발현시킴으로써 이중 교배될 수 있거나, 또는 그러한 특질은 특질이 모두 연결되도록 단일 벡터 내에 조합될 수 있다.

[0112] 검출가능한 양의 키메릭 살곤충 단백질, 그의 곤충 저해 분절 또는 단편, 또는 그의 임의의 구별되는 부분을 포함하는 가공된 식물 생성물이 또한 본 출원에서 개시된다. 특정 실시형태에서, 가공된 생성물은 식물 부분, 식물 바이오매스, 오일, 으깬 곡물(meal), 당, 동물 사료, 곡물 가루, 플레이크, 겨, 린트, 깻지, 가공된 종자, 및 종자로 이루어진 군으로부터 선택된다. 특정 실시형태에서, 가공된 생성물은 재생불가능하다. 식물 생성물은 트랜스제닉 식물 또는 트랜스제닉 식물 부분으로부터 유래된 상품 또는 다른 상업 제품을 포함할 수 있고, 여기서 상품 또는 다른 제품은 키메릭 살곤충 단백질의 구별되는 부분을 암호화하거나 포함하는 뉴클레오타이드 분절 또는 발현된 RNA 또는 단백질을 검출함으로써 상거래를 통해서 추적될 수 있다.

[0113] 키메릭 살곤충 단백질을 사용하여 작물의 곤충, 특히 인시류 침입을 방제하는 방법이 또한 본 출원에서 개시된다. 그러한 방법은 곤충-억제량 또는 인시류-억제량의 키메릭 살곤충 단백질을 포함하는 식물을 성장시키는 단계를 포함한다. 특정 실시형태에서, 그러한 방법은 (i) 식물 또는 식물을 발생시키는 종자에 키메릭 살곤충 단백질을 포함하거나 암호화하는 임의의 조성물을 적용하는 것; 및 (ii) 식물 또는 식물을 발생시키는 식물 세포를 키메릭 살곤충 단백질을 암호화하는 폴리뉴클레오타이드로 형질전환시키는 것 중 임의의 하나 이상을 추가로 포함할 수 있다. 일반적으로, 키메릭 살곤충 단백질이 조성물, 미생물 또는 트랜스제닉 식물에 제공되어 인시류 곤충에 대한 곤충 저해 활성을 부여할 수 있다고 고려된다.

[0114] 특정 실시형태에서, 키메릭 살곤충 단백질은 재조합 바실러스 또는 발현에 적합한 조건 하에서 키메릭 살곤충 단백질을 발현하도록 형질전환된 임의의 다른 재조합 박테리아 세포를 배양함으로써 제조된 곤충 저해 조성물의 살곤충 활성 성분이다. 그러한 조성물은 키메릭 살곤충 단백질을 발현/생성하는 그러한 재조합 세포의 배양액의 건조, 동결 건조, 균질화, 추출, 여과, 원심 분리, 침강, 또는 농축에 의해서 제조될 수 있다. 그러한 방법은 바실러스 또는 다른 곤충병원성 박테리아 세포 추출물, 세포 현탁액, 세포 분쇄액, 세포 용해물, 세포 상청액, 세포 여과물, 또는 세포 펠렛을 생성할 수 있다. 이렇게 제조된 키메릭 살곤충 단백질을 수득함으로써, 키메릭 살곤충 단백질을 포함하는 조성물은 박테리아 세포, 박테리아 포자, 및 부아포 봉입체(parasporal inclusion body)를 포함할 수 있고, 농업용 곤충 저해 분무 제품으로서 또는 섭식 생물학적 검정에서의 곤충 저해 제제로서 다양한 용도를 위해서 제제화될 수 있다.

- [0115] 상기에 언급된 화합물 또는 제제는 농업용으로 허용가능한 담체, 예컨대 미끼, 분말, 더스트, 펠렛, 과립, 스프레이, 에멀전, 콜로이드 현탁액, 수용액, 바실러스 포자 또는 결정 제제 또는 종자 처리제를 추가로 포함할 수 있다. 그러한 화합물 또는 제제는 또한 단백질 중 1종 이상을 발현하도록 형질전환된 재조합 식물 세포, 식물 조직, 종자 또는 식물; 또는 단백질 중 1종 이상을 발현하도록 형질전환된 박테리아를 추가로 포함할 수 있다. 재조합 폴리펩타이드에 내재하는 곤충 활성 또는 살곤충 저해 수준 및 식물 또는 섭식 검정에 적용될 화합물 또는 제제의 수준에 따라서, 화합물 또는 제제는 다양한 중량% 양의 재조합 폴리펩타이드, 예를 들어 0.0001 중량% 내지 0.001 중량% 내지 0.01 중량% 내지 1% 내지 99 중량%의 재조합 폴리펩타이드를 포함할 수 있다.
- [0116] 실시형태에서, 저항성 발전 가능성을 감소시키기 위해서, 키메라 살곤충 단백질을 포함하는 곤충 저해 조성물 또는 트랜스제닉 식물은 동일한 인시류 곤충 종에 대해서 곤충 저해 활성을 나타내지만, 키메라 살곤충 단백질과 상이한 적어도 1종의 추가의 독성제를 추가로 포함할 수 있다. 그러한 조성물을 위해서 가능한 추가의 독성제는 곤충 저해 단백질 및 곤충 저해 dsRNA 분자를 포함한다. 곤충 해충을 방제하기 위해서 그러한 리보뉴클레오타이드 서열을 사용한 한 예가 바움(Baum) 등의 특허(미국 특허 공개 제2006/0021087 A1호)에 기술되어 있다. 인시류 해충의 방제를 위한 그러한 추가 폴리펩타이드(들)는 곤충 저해 단백질, 예컨대 Cry1A(미국 특허 제5,880,275호), Cry1Ab, Cry1Ac, Cry1A.105, Cry1Ae, Cry1B(미국 특허 공개 제10/525,318호), Cry1C(미국 특허 제6,033,874호), Cry1D, Cry1E, Cry1F 및 Cry1A/F 키메라(미국 특허 제7,070,982호; 제6,962,705호; 및 제6,713,063호), Cry1G, Cry1H, Cry1I, Cry1J, Cry1K, Cry1L, Cry2A, Cry2Ab(미국 특허 제7,064,249호), Cry2Ae, Cry4B, Cry6, Cry7, Cry8, Cry9, Cry15, Cry43A, Cry43B, Cry51Aa1, ET66, TIC400, TIC800, TIC834, TIC1415, Vip3A, VIP3Ab, VIP3B, AXMI-001, AXMI-002, AXMI-030, AXMI-035, 및 AXMI-045(미국 특허 공개 제2013-0117884 A1호), AXMI-52, AXMI-58, AXMI-88, AXMI-97, AXMI-102, AXMI-112, AXMI-117, AXMI-100(미국 특허 공개 제2013-0310543 A1호), AXMI-115, AXMI-113, AXMI-005(미국 특허 공개 제2013-0104259 A1호), AXMI-134(미국 특허 공개 제2013-0167264 A1호), AXMI-150(미국 특허 공개 제2010-0160231 A1호), AXMI-184(미국 특허 공개 제2010-0004176 A1호), AXMI-196, AXMI-204, AXMI-207, AXMI-209(미국 특허 공개 제2011-0030096 A1호), AXMI-218, AXMI-220(미국 특허 공개 제2014-0245491 A1호), AXMI-221z, AXMI-222z, AXMI-223z, AXMI-224z, AXMI-225z(미국 특허 공개 제2014-0196175 A1호), AXMI-238(미국 특허 공개 제2014-0033363 A1호), AXMI-270(미국 특허 공개 제2014-0223598 A1호), AXMI-345(미국 특허 공개 제2014-0373195 A1호), DIG-3(미국 특허 공개 제2013-0219570 A1호), DIG-5(미국 특허 공개 제2010-0317569 A1호), DIG-11(미국 특허 공개 제2010-0319093 A1호), AfIP-1A 및 그의 유도체(미국 특허 공개 제2014-0033361 A1호), AfIP-1B 및 그의 유도체(미국 특허 공개 제2014-0033361 A1호), PIP-1AIP-1B(미국 특허 공개 제2014-0007292 A1호), PSEEN3174(미국 특허 공개 제2014-0007292 A1호), AECFG-592740(미국 특허 공개 제2014-0007292 A1호), Pput_1063(미국 특허 공개 제2014-0007292 A1호), Pput_1064(미국 특허 공개 제2014-0007292 A1호), GS-135 및 그의 유도체(미국 특허 공개 제2012-0233726 A1호), GS153 및 그의 유도체(미국 특허 공개 제2012-0192310 A1호), GS154 및 그의 유도체(미국 특허 공개 제2012-0192310 A1호), GS155 및 그의 유도체(미국 특허 공개 제2012-0192310 A1호), 미국 특허 공개 제2012-0167259 A1호에 기술된 바와 같은 서열번호 2 및 그의 유도체, 미국 특허 공개 제2012-0047606 A1에 기술된 바와 같은 서열번호 2 및 그의 유도체, 미국 특허 공개 제2011-0154536 A1호에 기술된 바와 같은 서열번호 2 및 그의 유도체, 미국 특허 공개 제2011-0112013 A1호에 기술된 바와 같은 서열번호 2 및 그의 유도체, 미국 특허 공개 제2010-0192256 A1호에 기술된 바와 같은 서열번호 2 및 4 및 그의 유도체, 미국 특허 공개 제2010-0077507 A1호에 기술된 바와 같은 서열번호 2 및 그의 유도체, 미국 특허 공개 제2010-0077508 A1호에 기술된 바와 같은 서열번호 2 및 그의 유도체, 미국 특허 공개 제2009-0313721 A1호에 기술된 바와 같은 서열번호 2 및 그의 유도체, 미국 특허 공개 제2010-0269221 A1호에 기술된 바와 같은 서열번호 2 또는 4 및 그의 유도체, 미국 특허 제7,772,465 (B2)호에 기술된 바와 같은 서열번호 2 및 그의 유도체, 국제 특허 제W02014/008054 A2호에 기술된 바와 같은 CF161_0085 및 그의 유도체, 미국 특허 공개 제US2008-0172762 A1호, 제US2011-0055968 A1호, 및 제US2012-0117690 A1호에 기술된 바와 같은 인시류 독소 단백질 및 그의 유도체; 미국 특허 제US7510878(B2)호에 기술된 바와 같은 서열번호 2 및 그의 유도체, 미국 특허 제7812129(B1)호에 기술된 바와 같은 서열번호 2 및 그의 유도체 등(이들로 제한되지 않음)으로 이루어진 군으로부터 선택될 수 있다.
- [0117] 다른 실시형태에서, 곤충 저해 조성물 또는 트랜스제닉 식물은 수득된 곤충 저해 스펙트럼을 확장시키기 위해서, 본 발명의 키메라 살곤충 단백질에 의해서 억제되지 않는 곤충 해충(예컨대, 딱정벌레류, 노린재류 및 동시아류 해충)에 대해서 곤충 저해 활성을 나타내는 적어도 1종의 추가 독성제를 추가로 포함할 수 있다.
- [0118] 딱정벌레류 해충의 방제를 위한 그러한 추가 독성제는 곤충 저해 단백질, 예컨대 Cry3Bb(미국 특허 제6,501,009

호), Cry1C 변종, Cry3A 변종, Cry3, Cry3B, Cry34/35, 5307, AXMI134(미국 특허 공개 제2013-0167264 A1호), AXMI-184(미국 특허 공개 제2010-0004176 A1호), AXMI-205(미국 특허 공개 제2014-0298538 A1호), axmi207(미국 특허 공개 제2013-0303440 A1호), AXMI-218, AXMI-220(미국 특허 공개 제20140245491A1호), AXMI-221z, AXMI-223z(미국 특허 공개 제2014-0196175 A1호), AXMI-279(미국 특허 공개 제2014-0223599 A1호), AXMI-R1 및 그의 변종(미국 특허 공개 제2010-0197592 A1호), TIC407, TIC417, TIC431, TIC807, TIC853, TIC901, TIC1201, TIC3131, DIG-10(미국 특허 공개 제2010-0319092 A1호), eHIPs(미국 특허 출원 공개 제2010/0017914호), IP3 및 그의 변종(미국 특허 공개 제2012-0210462 A1호), 및 ω -헥사톡신-Hv1a(미국 특허 출원 공개 제US2014-0366227 A1호) (이에 제한되지 않음)로 이루어진 군으로부터 선택될 수 있다.

[0119] 노린재류 해충의 방제를 위한 그러한 추가 독성제는 노린재류 활성 단백질, 예컨대 TIC1415(미국 특허 공개 제2013-0097735 A1호), TIC807(미국 특허 제8609936호), TIC834(미국 특허 공개 제2013-0269060 A1호), AXMI-036(미국 특허 공개 제2010-0137216 A1호), 및 AXMI-171(미국 특허 공개 제2013-0055469 A1호) (이에 제한되지 않음)로 이루어진 군으로부터 선택될 수 있다. 딱정벌레류, 인시류, 및 노린재류 곤충 해충의 방제를 위한 추가 폴리펩타이드는 네일 크릭모어(Neil Crickmore)에 의해서 유지되는 바실러스 투린기엔시스 독소 명명법 웹사이트(www.btnomenclature.info)에서 찾아볼 수 있다.

[0120] 키메릭 살곤충 단백질-암호화 서열 및 키메릭 살곤충 단백질에 대해서 상당한 백분율의 동일성을 갖는 서열은 당업자에게 공지된 방법, 예를 들어 중합효소 연쇄 반응(PCR), 열 증폭 및 혼성화를 사용하여 식별될 수 있다. 예를 들어, 키메릭 살곤충 단백질을 사용하여 관련 단백질에 특이적으로 결합하는 항체를 생성할 수 있고, 그것을 사용하여 스크리닝하여 밀접하게 관련된 다른 단백질을 찾을 수 있다.

[0121] 추가로, 키메릭 살곤충 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열을 스크리닝용 프로브 또는 프라이머로서 사용하여 열 사이클 또는 등온 증폭 및 혼성화 방법을 사용하여 그러한 부류의 다른 구성원을 식별할 수 있다. 예를 들어, 서열번호 2에 나타난 바와 같은 서열로부터 유래된 올리고뉴클레오타이드를 사용하여, 상품으로부터 유래된 데옥시리보핵산 샘플 내의 키메릭 살곤충 이식 유전자 유무를 측정할 수 있다. 올리고뉴클레오타이드를 사용한 특정 핵산 검출 방법의 민감성을 고려할 때, 서열번호 2 중 어느 하나에 명시된 바와 같은 서열로부터 유래된 올리고뉴클레오타이드를 사용하여 상품의 일부만이 서열번호 2 중 임의의 것을 함유하는 트랜스제닉 식물로부터 유래된 풀드 소스(pooled source)로부터 유래된 상품 내에서 각각의 키메릭 살곤충 단백질을 검출할 수 있다고 예상된다.

[0122] **실시예**

[0123] 상기 내용에 비추어, 당업자는 하기에 개시된 실시형태가 본 발명을 단지 대표하는 것이며, 이것은 다양한 형태로 포함될 수 있다는 것을 인지할 것이다. 따라서, 본 명세서에 개시된 구체적인 구조적 상세사항 및 기능적 상세사항은 제한으로서 이해되어서는 안 된다.

[0124] **실시예 1**

[0125] **인시류-활성인 신규한 키메릭 살곤충 단백질 암호화 서열의 생성 및 클로닝**

[0126] 본 실시예는 신규한 키메릭 살곤충 단백질의 생성 및 키메릭 살곤충 단백질의 클로닝 및 발현을 설명한다.

[0127] 공지된 Cry 단백질 유전자로부터 재조합 핵산 서열을 구성하여 신규한 키메릭 살곤충 단백질을 암호화하는 폴리뉴클레오타이드 서열을 생성하였다. 생성된 폴리뉴클레오타이드 서열을 바실러스 투린기엔시스(*Bt*) 발현 플라스미드 벡터에 클로닝하였다. 폴리뉴클레오타이드 서열의 확인 후, 발현 플라스미드를 *Bt*에 형질전환시키고, 발현시켰다. 발현된 신규한 키메릭 단백질의 제제를 다양한 인시류 해충에 대한 활성에 대해서 검정하였다.

[0128] 키메릭 살곤충 단백질을 암호화하는 다수의 폴리뉴클레오타이드 서열을 생성하였고, 생물학적 검정에서 시험하였다. 키메릭 살곤충 단백질 전부가 활성을 나타낸 것은 아니었다. 생물학적 검정에서 예측된 특정 인시류에 대한 활성을 기초로 단지 몇몇의 키메릭 살곤충 단백질을 선별하였다. 본래 키메릭 살곤충 단백질 TIC867 및 TIC868을 기반으로 하는 아미노산 치환 또는 대체 프로톡신 도메인이 도입된 아미노산 변종을 또한 생성하였다. 본 발명의 키메릭 살곤충 단백질(도메인 I, II 및 III, 프로톡신)의 성분을 표 1에 나타낸다. 본래 TIC868 단백질 서열에 대한 TIC868 변종에서의 아미노산 치환을 또한 나타낸다.

표 1

신규한 키메릭 살충 단백질 및 그의 성분.

독소	단백질 서열번호	Dom1	Dom2	Dom3	프로독신	아미노산 변형*
TIC1100	4	Cry1Ah	Cry1Ac	Cry1Ca	Cry1Ac	
TIC860	7	Cry1Bb1	Cry1Bb1	Cry1Ca	Cry1Ac	
TIC867	10	Cry1Be2	Cry1Be2	Cry1Ka	Cry1Ab3	
TIC867 20	13	Cry1Be2	Cry1Be2	Cry1Ka	Cry1Da1	
TIC867 21	16	Cry1Be2	Cry1Be2	Cry1Ka	Cry4	
TIC867 22	19	Cry1Be2	Cry1Be2	Cry1Ka	Cry9	
TIC867 23	21	Cry1Be2	Cry1Be2	Cry1Ka	Cry1Be	
TIC867 24	23	Cry1Be2	Cry1Be2	Cry1Ka	Cry1Ka	
TIC867 25	25	Cry1Be2	Cry1Be2	Cry1Ka	Cry1Ca	
TIC868	28	Cry1Be2	Cry1Be2	Cry1Ca	Cry1Ab3	
TIC868 9	30	Cry1Be2	Cry1Be2	Cry1Ca	Cry1Ab3	N240S Y343Q N349T
TIC868 10	33	Cry1Be2	Cry1Be2	Cry1Ca	Cry1Da1	
TIC868 11	36	Cry1Be2	Cry1Be2	Cry1Ca	Cry4	
TIC868 12	39	Cry1Be2	Cry1Be2	Cry1Ca	Cry9	
TIC868 13	41	Cry1Be2	Cry1Be2	Cry1Ca	Cry1Be	
TIC868 14	43	Cry1Be2	Cry1Be2	Cry1Ca	Cry1Ka	
TIC868 15	45	Cry1Be2	Cry1Be2	Cry1Ca	Cry1Ca	
TIC868 29	47	Cry1Be2	Cry1Be2	Cry1Ca	Cry1Ab3	Q136Y Y343Q N349T
TIC869	50	Cry1Ja1	Cry1Ja1	Cry1Jx	Cry1Ab3	
TIC836	53	Cry1Fa1	Cry1Fa1	Cry1Ab	Cry1Ac	

* 아미노산 돌연변이는 표준 IUPAC 아미노산 코드를 사용하여 식별한다. IUPAC-IUB 생화학적 명명법에 대한 위원회(Joint Commission on Biochemical Nomenclature) 및 아미노산 및 펩티드에 대한 상징(Nomenclature and Symbolism for Amino Acids and Peptides(문헌[Eur. J. Biochem. 138:9-37(1984)])을 참고하기 바란다. 첫번째 아미노산 서열 약어는 주어진 스캐폴드 단백질에서 원래의 아미노산을 나타내고, 숫자는 아미노산의 위치를 나타내며, 두번째 아미노산 서열 약어는 개선된 변이체 단백질에서 해당 위치에 위치한 아미노산을 나타낸다.

[0129]

[0130]

실시예 2

[0131]

신규한 키메릭 살곤충 단백질은 인시류 해충에 대해서 활성을 나타냄

[0132]

본 실시예는 실시예 1에 기술된 키메릭 살곤충 단백질의 시험 및 키메릭 살곤충 단백질에 대해서 관찰된 인시류 활성을 설명한다.

[0133]

키메릭 살곤충 단백질을 암호화하는 폴리뉴클레오타이드 서열을 Bt에서 발현시켰다. 이어서, 발현된 키메릭 살곤충 단백질을 옥수수, 사탕수수, 대두, 및 목화, 뿐만 아니라 다른 작물의 해충인 것으로 공지된 다양한 인시류에 대해서 검정하였다. 구체적으로, 살곤충 단백질을 벨벳콩 자나방(VBC, 안티카르시아 겐마탈리스), 사탕수수 명나방(SCB, 디아트라에아 사카랄리스), 명충 나방 유충(LSCB, 엘라스모팔푸스 리그노셀루스), 왕담배 밤나방(CEW, 헬리코베르파 제아), 회색 담배 나방(TBW, 헬리오티스 비레센스), 대두 애벌레(SBL, 크리소테익시스 인클루텐스), 블랙 멸강나방(BLAW, 스포돗테라 코스미오이데스), 남방 멸강나방(SAW, 스포돗테라 에리다니아), 가을멸강충(FAW, 스포돗테라 프루기페르다), 파밤나방(BAW, 스포돗테라 엑시구아), 올드 월드 볼웜(OBW, 헬리코베르파 아르미게라), 오리엔탈 리프웜(OLW, 스포돗테라 리투라), 분홍 숨벌레(PBW, 팩티노포라 고시피엘라), 검거 세미 나방(BCW, 아그로티스 입실론), 남서부 조명충 나방(SWCB, 디아트라에아 그란디오셀라), 스팟티드 볼웜(SBW, 에아리아스 비텔라), 및 유럽 조명충 나방(ECB, 오스트리니아 누빌랄리스)에 대한 활성에 대해서 검정하였다. 왕담배 밤나방(CEW, 헬리코베르파 제아)은 대두 팟웜(SPW) 및 목화씨 벌레(CBW)라고도 지칭된다. 사멸률 및 발육 저지 점수뿐만 아니라 MIC50 점수의 조합을 통해서 활성을 결정하였다. MIC50은 죽은 유충 및 L1 유충(제2 영기로의 탈피에 실패한 유충) 모두가 점수에서 고려되는 탈피 억제 농도를 말한다. 표 2는 각각의 키메릭 살곤충 단백질의 활성을 보여준다. '+' 표시는 특정 곤충 해충에 대해서 관찰된 활성을 나타낸다.

II 2

[illegible]

[0134]

[0135] 상기 표 2로부터 알 수 있는 바와 같이, 키메릭 살곤충 단백질의 대부분이 1종 이상의 인시류 해충 종에 대해서 활성을 나타내었다.

[0136]

실시예 3

[0137] 식물에서의 발현을 위한 키메릭 살곤충 단백질을 암호화하는 유전자의 합성

[0138] 본 실시예는 식물에서의 발현을 위한 키메라릭 살균충 단백질을 암호화하는 폴리뉴클레오타이드의 합성을 보여준다.

[0139] 식물에서의 키메릭 살곤충 단백질의 발현에서 사용하기 위해서 합성 암호화 서열을 구성하였다. 미국 특허 제 5,500,365호에 일반적으로 기술된 방법에 따라서 합성 서열을 설계하고, 합성하여, 키메릭 살곤충 단백질의 아미노산 서열을 보존하면서, 특정 해로운 문제 서열, 예컨대 ATTTA 및 A/T 풍부 식물 폴리아데닐화 서열을 회피하였다. 식물에서의 발현을 위한 키메릭 살곤충 단백질을 암호화하는 이러한 유전자에 대한 뉴클레오타이드 서열을 표 3에 열거한다.

표 3

식물에서 사용하기 위해서 설계된 키메릭 살곤충 단백질을 코딩하는 폴리뉴클레오타이드 서열.

살곤충 단백질	DNA 서열번호	단백질 서열번호
TIC1100	2	4
TIC1100	3	4
TIC860	6	7
TIC867	9	10
TIC867 20	12	13
TIC867 21	15	16
TIC867 22	18	19
TIC867 23	20	21
TIC867 24	22	23
TIC867 25	24	25
TIC868	27	28
TIC868 9	29	30
TIC868 10	32	33
TIC868 11	35	36
TIC868 12	38	39
TIC868 13	40	41
TIC868 14	42	43
TIC868 15	44	45
TIC868 29	46	47
TIC869	49	50
TIC836	52	53

[0140]

[0141]

실시예 4

[0142]

식물에서의 키메릭 살곤충 단백질의 발현을 위한 발현 카세트

[0143]

본 실시예는 키메릭 살곤충 단백질을 암호화하는 식물에서 사용하기 위해서 설계된 폴리뉴클레오타이드 서열을 포함하는 발현 카세트의 구성을 보여준다.

[0144]

표 3에 제공된 식물 발현을 위해서 설계된 키메릭 살곤충 단백질을 암호화하는 폴리뉴클레오타이드 서열을 사용하여 다양한 식물 발현 카세트를 구성하였다. 이와 같은 발현 카세트는 식물 원형질에서의 일시적인 발현 또는 식물 세포의 형질변환에 유용하다. 전형적인 발현 카세트는 세포 내 단백질의 궁극적인 배치에 관련하여 고안되었다. 발현 카세트 중 하나의 세트는 단백질이 번역되어 세포질 내에 남아있을 수 있도록 하는 방식으로 고안되었다. 발현 카세트의 다른 세트는 엽록체 또는 색소체와 같은 세포의 세포 기관의 표적화를 가능하게 하기 위하여 독소 단백질과 인접하는 수송 펩타이드를 갖도록 설계되었다. 모든 발현 카세트는, 다수의 프로모터 요소, 인핸서 요소, 또는 당업자에게 공지된 트랜스진(transgene)의 발현을 복돋우도록 작동가능하게 연결된 다른 발현 요소로 구성될 수 있는, 프로모터를 가지는 5' 말단에서 시작하도록 설계되었다. 프로모터 서열은 프로모터에 대하여 보통 하나 이상의 리더 서열 3'과 연속적으로 이어졌다. 인트론 서열은 보통 리더 서열에 대하여 3'에 제공되어 트랜스진의 발현을 개선시켰다. 독소에 대하여 암호화 서열 또는 독소에 대하여 수송 펩타이드 및 암호화 서열은 보통 작동가능하게 연결된 프로모터, 리더 및 인트론 배열에 대하여 3'에 위치하였다. 3'UTR 서열은 보통 암호화 서열의 3'에서 제공되어 전사의 종결을 용이하게 하고 생성된 전사체의 폴리아데닐화에 중요한 서열을 제공하였다. 상기 기재된 요소 모두, 종종 발현 카세트의 구조에 제공된 추가적인 서열에 작동가능하게 연결되고, 순차적으로 배열되었다.

[0145]

실시예 5

[0146]

안정하게 형질전환된 옥수수에서의 키메릭 살곤충 단백질의 인시류 활성

[0147]

본 실시예는 옥수수 식물에서 발현되어, 각각의 옥수수 곤충 해충에 대한 먹이로서 제공되는 경우 인시류 해충에 대해서 키메릭 살곤충 단백질이 나타내는 저해 활성을 보여준다.

[0148]

옥수수 품종 LH244를 아그로박테리움-매개된 형질전환 방법을 사용하여 실시예 4에 기술된 이원(binary) 형질전환 벡터를 사용하여 형질전환시켰다. 당업계에 공지된 방법에 의해 형질전환된 세포를 유도하여 식물을 형성하였다. 미국 특허 제8,344,207호에 기술된 것과 유사하게 식물 잎 디스크를 사용하는 생물학적 검정을 수행하였다. 형질전환되지 않은 LH244 식물을 사용하여 음성 대조군으로서 사용될 조직을 수득하였다. 각각의 이원 벡터로부터의 다중 트랜스제닉 이벤트를 왕담배 밤나방(CEW, 헬리코베르프 제아), 가을멸강충(FAW, 스포둡테라 프루기페르다), 검거세미 나방(BCW, 아그로티스 입실론) 및 남서부 조명충 나방(SWCB, 디아트라에아 그란디오셀라)에 대해서 평가하였다.

[0149] R₀ 세대 유전자 이식 식물 및 F₁ 세대 유전자 이식 식물에 대해서 잎 디스크 생물학적 검정을 수행하였다. 또한, 인시류 곤충 해충이 침입한 특정 키메릭 살곤충 단백질을 발현시킨 전체 트랜스제닉 F₁ 식물에 대해서 잎 손상 순위를 평가하였다. TIC860 및 TIC868을 발현하는 F₁ 트랜스제닉 이벤트를 또한 FAW, CEW, 및 SWCB에 대해서 필드(field)에서의 활성에 대해서 평가하였다. 검정 결과를 표 4에 나타낸다. '+' 표시는 특정 곤충 해충에 대해서 관찰된 활성을 나타낸다. 표 4에서 알 수 있는 바와 같이, 키메릭 살곤충 단백질의 대부분 및 키메릭 살곤충 단백질 변종의 다수는 1종 이상의 인시류 해충 중에 대해서 활성을 나타내었다.

표 4

식물	사상충	TIC	SMB	LSCB	CEW	BLAW	TBW	SWB	FAW	BFW	OFW	IFW	PFW	BFW	SWB	LSCB	CEW
TIC860	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC867	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC867-2	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC867-3	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-1	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-2	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-3	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-4	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-5	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-6	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-7	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-8	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-9	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-10	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-11	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-12	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-13	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-14	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-15	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-16	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-17	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-18	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-19	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-20	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-21	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-22	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-23	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-24	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-25	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-26	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-27	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-28	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-29	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-30	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-31	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-32	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-33	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-34	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-35	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-36	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-37	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-38	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-39	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-40	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-41	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-42	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-43	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-44	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-45	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-46	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-47	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-48	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-49	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868-50	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+

안정하게 형질전환된 대두에서의 키메릭 살곤충 단백질의 인시류 활성

[0150]

[0151]

실시예 6

[0152] 안정하게 형질전환된 대두에서의 키메릭 살곤충 단백질의 인시류 활성

[0153] 본 실시예는 대두 식물에서 발현되어, 각각의 곤충 해충에 대한 먹이로서 제공되는 경우 인시류 해충에 대해서 키메릭 살곤충 단백질이 나타내는 저해 활성을 보여준다.

[0154] 선별된 키메릭 살곤충 단백질에 대한 암호화 서열을 식물 발현을 위해서 재설계하고, 이원 식물 형질전환 벡터에 클로닝하고, 그것을 사용하여 대두 식물 세포를 형질전환시켰다. 식물 형질전환 벡터는 실시예 4에 기술된 바와 같은 키메릭 살곤충 단백질의 발현을 위한 제1 트랜스진 카세트 및 스펙티노마이신 선별을 사용한 트랜스제닉 식물 세포의 선별을 위한 제2 트랜스진 카세트를 포함하였다. 일부 예에서, 예컨대 TIC1100, TIC860 및 TIC836의 경우에, 엽록체 트랜지트 펩타이드 암호화 서열을 키메릭 살곤충 암호화 서열에 작동 가능하게 연결시켰다. 색소체 표적화된 그리고 표적화되지 않은 TIC1100, TIC860 및 TIC836을 사용하여 검정을 수행하였다. 하기 표 5는 안정하게 형질전환된 대두에서의 발현을 위해서 사용된 키메릭 살곤충 단백질 및 TIC867 변종 키메릭 살곤충 단백질 및 관련 암호화 서열을 보여준다.

[0155] 아그로박테리움-매개된 형질전환에 의해서 상기에 기술된 이원 형질전환 벡터를 사용하여 대두 식물 세포를 형질전환시켰다. 생성된 형질전환된 식물 세포를 전체 대두 식물을 형성하도록 유도하였다. 잎 조직을 수확하고, 실시예 5에 기술된 바와 같은 생물학적 검정에서 사용하거나, 또는 대안적으로, 동결 건조된 조직을 생물학적 검정을 위한 곤충 먹이로 사용하였다. FAW, 남방 멸강나방(SAW, 스포돔테라 에리다니아), 대두 유충(SBL, 크리소데익시스 인클루텐스), 대두 꽃잎(SPW, 헬리코베르파 제아), 벨벳콩 자나방(VBC, 안티카르시아 겐마탈리스), 회색 담배 나방(TBW, 헬리오티스 비레센스), 블랙 멸강나방(BLAW, 스포돔테라 코스미오이데스), 명충 나방 애벌레(LSCB, 엘라스모팔푸스 리그노셀루스) 및 올드 월드 볼웜(OBW, 헬리코베르파 아르미게라)에 대해서 생물학적

검정을 수행하였다.

[0156] 표 5는 R₀ 세대 식물에서의 각각의 살곤충 단백질에 대한 인시류의 선택된 종에 대한 활성을 보여주는데, 여기서 '+'는 활성을 나타낸다. 표 5에서 알 수 있는 바와 같이, 안정하게 형질전환된 대두에서 발현된 키메릭 살곤충 단백질 각각은 다수의 인시류 종에 대해서 활성을 나타내었다. 특히, TIC867 변종인 TIC867_23이 SPW에 대해서 활성을 나타낸 것이 주목된다.

표 5

안정하게 형질전환된 R₀ 대두 및 조직으로부터의 키메릭 살곤충 단백질의 생물학적 검정 활성.

살곤충 단백질	FAW	SAW	SBL	SPW	VBC	TBW	BLAW	LSCB	OBW
TIC1100	+	+	+		+		+	+	+
TIC860	+	+	+		+			+	
TIC867	+	+	+		+	+		+	
TIC867_20		+	+						
TIC867_21		+	+						
TIC867_22		+	+						
TIC867_23	+	+	+	+					
TIC867_24		+	+						
TIC867_25		+	+						
TIC868	+		+		+		+	+	
TIC869			+		+	+		+	
TIC836	+	+	+		+	+	+		+

[0157]

[0158] 선택된 형질전환된 이벤트를 자가 수분하게 하고, 생성된 종자를 성장시켰다. R₁ 세대 식물로부터 잎 조직을 수확하여, 섭취 생물학적 검정에서 사용하였다. TIC1100, TIC860, TIC867, TIC868, TIC869 및 TIC836을 발현하는 R₁ 식물을 SAW, SBL, SPW 및 VBC에 대한 활성에 대해서 검정하였다. 표 6은 이 시험에서 관찰된 활성을 나타낸다. '+' 표시는 특정 곤충 해충에 대해서 관찰된 활성을 나타낸다. 표 6에 나타낸 바와 같이, R₁ 세대 식물로부터의 발현된 키메릭 살곤충 단백질 대부분은 1종 이상의 인시류 종에 대해서 활성을 나타내었다.

표 6

안정하게 형질전환된 R₁ 대두 잎 조직으로부터의 키메릭 살곤충 단백질의 생물학적 검정 활성독소.

독소	SAW	SBL	SPW	VBC
TIC1100	+	+		+
TIC860	+	+		+
TIC867	+			
TIC868	+	+		+
TIC869	+	+		+
TIC836	+	+		+

[0159]

[0160] 표 7은 TIC1100, TIC860, 및 TIC836을 발현하는 안정하게 형질전환된 R₁ 세대 대두 식물을 사용하여 스크린 하우스에서 수행된 필드 시험의 결과를 나타낸다. 스크린 하우스에서 식물 침입에 사용된 SAW, SBL 및 SPW를 포함한다. 대두 식물에서 탈엽이 15% 이하일 때 저항성이라고 정의하였다. 이러한 케이지 시험에서 관찰된 저항성은 표 6에 나타난 R₁ 세대 대두 잎 조직 검정에서 관찰된 저항성과 일치한다. '+' 표시는 특정 곤충 해충에 대해서 관찰된 활성을 나타낸다.

표 7

스크린 하우스 필드 시험에서 시험된 R₁ 세대 대두에서 발현된 TIC1100, TIC860 및 TIC836의 활성 프로파일.

독소	SAW	SBL	SPW
TIC1100	+	+	
TIC860	+	+	
TIC836	+	+	

[0161]

[0162] TIC867 및 TIC869를 발현하는 안정하게 형질전환된 R₁ 세대 대두 식물을 사용한 스크린 하우스에서의 필드 시험을 또한 아르헨티나의 상이한 두 지역, 즉 아세베도(Acevedo) 및 폰테주엘라(Fontezuela)에서 수행하였다. 스크린 하우스에서 식물 침입에 사용된 종은 남미 목화씨 벌레(South American bollworm)(SABW, 헬리코베르파 겔로토페온), VBC, BLAW, 및 해바라기 애벌레(SFL, 라치플루시아 누)를 포함한다. 대두 식물에서 탈엽이 15% 이하일 때 저항성이라고 정의하였다. 하기 표 8은 관찰된 저항성을 보여준다. '+' 표시는 특정 곤충 해충에 대해서 관찰된 활성을 나타낸다. 표 8에 나타난 바와 같이, TIC867을 발현하는 트랜스제닉 대두 식물은 BLAW 및 VBC에 저항성을 나타내었다. TIC869를 발현하는 트랜스제닉 대두 식물은 SABW, SFL, BLAW 및 VBC에 저항성을 나타내었다.

표 8

스크린 하우스 필드 시험에서 시험된 R₁ 세대 대두에서 발현된 TIC867, 및 TIC869의 활성 프로파일.

독소	아세베도			폰테주엘라		
	SABW	SFL	VBC	SABW	BLAW	VBC
TIC867			+		+	+
TIC869		+	+	+	+	+

[0163]

실시예 7

[0164]

[0165] 안정하게 형질전환된 목화에서의 키메릭 살곤충 단백질의 인시류 활성

[0166] 본 실시예는 목화 식물에서 발현되어, 각각의 곤충 해충에 대한 먹이로서 제공되는 경우 인시류 해충에 대한 키메릭 살곤충 단백질이 나타내는 저해 활성을 보여준다.

[0167] 선택된 키메릭 살곤충 단백질에 대한 암호화 서열을 식물 발현을 위해서 재설계하고, 이원 식물 형질전환 벡터에 클로닝하고, 그것을 사용하여 목화 식물 세포를 형질전환시켰다. 생성된 이원 벡터는 실시예 4에 기술된 것과 유사하였고, 그것을 사용하여 색소체 표적화되거나, 색소체 표적화되지 않은 TIC860(암호화 서열: 서열번호 6; 단백질 서열: 서열번호 7), TIC867(암호화 서열: 서열번호 9; 단백질 서열: 서열번호 10), TIC868(암호화 서열: 서열번호 27; 단백질 서열: 서열번호 28) 및 TIC867_23(암호화 서열: 서열번호 20; 단백질 서열: 서열번호 23)을 발현시켰다.

[0168] 아그로박테리움-매개된 형질전환 방법에 의해서 목화 식물 세포를 형질전환시켰다. 형질전환된 목화 세포를 전체 식물을 형성하도록 유도하였다. 목화 잎 조직을 실시예 5에 기술된 바와 같이 목화씨 벌레(CBW, 헬리코베르파 제아), FAW, TBW 및 SBL에 대한 생물학적 검정에서 사용하였다. 표 9는 안정하게 형질전환된 R₀ 세대 목화에서 TIC860, TIC867, 및 TIC868에 대한 이러한 인시류 중에 대해서 관찰된 활성을 보여주며, 여기서 '+'는 활성을 나타낸다. 표 9에서 알 수 있는 바와 같이, TIC860, TIC867, 및 TIC868은 안정하게 형질전환된 R₀ 세대 목화에서 2종 이상의 인시류 해충 중에 대해서 활성을 나타내었다.

표 9

안정하게 형질전환된 R₀ 목화 잎 조직으로부터의 TIC860, TIC867 및 TIC868의 생물학적 검정 활성.

독소	CBW	FAW	TBW	SBL
TIC860		+		+
TIC867	+	+	+	NT
TIC868		+		+

[0169]

[0170] 선택된 트랜스제닉 이벤트를 사용하여 R₁ 종자를 생산하였다. TIC860, TIC867, 및 TIC868을 발현하는 R₁ 식물을 CBW, FAW, TBW, 및 SBL에 대한 저항성에 대해서 검정하였다. 잎 조직, 봉오리 조직 및 꼬투리 조직을 검정에서 사용하였다. 표 10은 이 시험에서 관찰된 활성을 나타낸다. '+' 표시는 특정 해충에 대해서 관찰된 활성을 나타낸다. 표 10에서 입증되는 바와 같이, TIC860은 잎 조직에서 FAW에 대해서 활성을 나타내었다. 추가로, 키메릭 살곤충 단백질 TIC867은 잎 조직, 봉오리 조직 및 꼬투리 조직에서 CBW 및 FAW에 대해서 활성을 나타내었을 뿐만 아니라, 잎에서는 TBW 및 SBL에 대해서 활성을 나타내었다. 키메릭 살곤충 단백질 TIC868은 잎 조직, 봉오리

조직 및 꼬투리 조직에서 FAW에 대해서 활성을 나타내었을 뿐만 아니라, 잎에서는 TBW 및 SBL에 대해서 활성을 나타내었다.

표 10

안정하게 형질전환된 R_1 목화 잎 조직으로부터의 키메라 살곤충 단백질의 생물학적 검정 활성.

독소	CBW			FAW			TBW	SBL
	잎	봉오리	꼬투리	잎	봉오리	꼬투리	잎	잎
TIC860				+				
TIC867	+	+	+	+	+	+	+	+
TIC868				+	+	+	+	+

[0171]

[0172]

본원에 개시되고 청구된 조성물 모두는 본 개시물을 참고하여 과도한 실험 없이 제조되고 성취될 수 있다. 본 발명의 조성물이 상기 예시적인 실시형태와 관련하여 기술되어 있지만, 본 발명의 충실한 개념, 사상 및 범주를 벗어나지 않으면서 변형, 변화, 개질 및 변경이 본원에 기술된 조성물에 적용될 수 있음은 당업자에게 자명할 것이다. 보다 구체적으로, 화학적 및 생리학적으로 모두 관련된 특정 제제가 본 명세서에 기재된 제제를 대체할 수 있는 한편, 동일 또는 유사한 결과가 얻어질 것이다. 당업자에게 명백한 이와 같은 유사한 대체 및 변형은 모두 첨부된 청구범위에 의해 한정되는 바와 같이 본 발명의 사상, 범주, 및 개념 내에 있는 것으로 여겨진다.

[0173]

본 명세서에 인용된 모든 공개물 및 공개된 특허 문헌은 각각의 개별 공개물 또는 특허 출원이 구체적이고 개별적으로 참고로 포함된 것처럼 동일한 정도로 참고로 본원에 포함된다.

서열 목록

SEQUENCE LISTING

<110> Monsanto Technology LLC

Baum, James A

Cerruti, Thomas A

Dart, Crystal L

English, Leigh H

Fu, Xiaoran

Guzov, Victor M

Howe, Arlene R

Morgenstern, Jay P

Roberts, James K

Salvador, Sara A

Wang, Jinling

<120> Novel Chimeric Insecticidal Proteins Toxic or Inhibitory to
Lepidopteran Pests

<130> P34230W000/0022270.00098

<150> US 62/064989

<151> 2014-10-16

<160> 53

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1

<211> 3570

<212> DNA

<213> Artificial

<220><223> Recombinant nucleotide sequence used for expression in a
bacterial cell encoding TIC1100.

<400> 1

atggagatag tgaataatca gaatcaatgc gtgccttata attgtttgaa taatcccga	60
atcgaaatat tagaaggcgg aagaatatca gttggtaata cccaattga tttttctctt	120
tcgcttactc agtttctttt gagtgaattt gtcccagggtg cggggtttgt attaggatta	180
attgatitaa tatggggatt ttaggttcct tccaatggg acgcatttct tgctcaagt	240
gaacagttaa ttaaccaaag aatagcagaa gctgtaagaa atacagcaat tcaggaatta	300
gaggaatgg cagggttta tagaacctat gctactgctt ttgctgagt ggaaaaagct	360
cctgatgacc cagagctaag agaagcacta cgtacacaat ttacagcaac tgagacttat	420
ataagtggaa gaatatccgt tttaaaaatt caaacttttg aagtacagct gttatcagt	480
tttgcccaag ctgcaaattt acatttatct ttattaagag acgttgtgtt ttttgggcaa	540
agatgggggtt tttcaacgac aaccgtaaat aattactaca atgatttaac agaagggtt	600
agtacctata cagattatgc tgtacgtctg tacaatcgg gattagaacg tgtatgggga	660
ccggattcta gagattgggt aaggtataat caatttagaa gagaattaac actaactgta	720
ttagatatcg ttgctctgtt cccgaattat gatagtagaa gatatccaat tcgaacagtt	780
tccaattaa caagagaaat ttatacaaac ccagtattag aaaattttga tggtagtttt	840
cgaggtcgg ctcaggcat agaaagaagt attaggagtc cacatttgat ggatatactt	900
aacagtataa ccatctatac ggatgctcat aggggttatt attattggtc agggcatcaa	960
ataatggctt ctctgtcgg ttttcgggg ccagaattca cgtttcgcgt atatggaacc	1020
atgggaaatg cagctccaca acaacgtatt gttgctcaac taggtcaggg cgtgtataga	1080
acattatcgt ccactttata tagaagacct tttaatatag ggataaataa tcaacaacta	1140
tctgttcttg acgggacaga atttgcttat ggaacctcct caaatttgcc atccgctgta	1200
tacagaaaaa gcggaacggt agattcgctg gatgaaatac cgccacagaa taacaacgtg	1260
ccacctaggc aaggatttag tcatcgatta agccatgttt caatgtttcg ttcaggcttt	1320

agtaatagta gtgtaagtat aataagagct cctatgttct cttggataca tcgtagtgct 1380
 gaatttaata atataattgc atcggatagi attaatcaaa tacctttagt gaaaggattt 1440
 agagtttggg ggggcacctc tgtcattaca ggaccaggat ttacaggagg ggatatcctt 1500

 cgaagaaata cctttgggta ttttgtatct ctacaagtca atattaattc accaattacc 1560
 caaagatacc gttaagatt tcgttacgct tccagtaggg atgcacgagt tatagtatta 1620
 acaggagcgg catccacagg agtgggaggc caagttagtg taaatatgcc tcttcagaaa 1680
 actatggaaa taggggagaa cttaacatct agaacattta gatataccga ttttagtaat 1740
 cctttttcat ttagagctaa tccagatata attgggataa gtgaacaacc tctatttggg 1800
 gcaggttcta ttagtagcgg tgaactttat atagataaaa ttgaaattat tctagcagat 1860
 gcaacatttg aagcagaatc tgatttagaa agagcgcaga aggcggtgaa tgcgctgttt 1920

 acgtctacaa accaactagg gctaaaaaca aatgtaacgg attatcatat tgatcaagtg 1980
 tccaatttag ttacgtatct atcggatgaa ttttgtctgg atgaaaagcg agaattgtcc 2040
 gagaaagtca aacatgcgaa gcgactcagt gatgaacgca atttactcca agattcaa 2100
 ttcaaagaca ttaataggca accagaacgt gggtagggcg gaagtacagg gattaccatc 2160
 caaggagggg atgacgtatt taaagaaaat tacgtcacac tatcaggtac ctttgatgag 2220
 tgctatccaa catatttcta tcaaaaaatc gatgaatcaa aattaaaagc ctttaccgt 2280
 tatcaattaa gagggatatat cgaagatagi caagacttag aaatctattt aattcgctac 2340

 aatgcaaaac atgaaacagt aaatgtgcca ggtacgggtt ccttatggcc gctttcagcc 2400
 caaagtccaa tcggaagtgt tggagagccg aatcgatgag cgccacacct tgaatggaat 2460
 cctgacttag atgttctgtg tagggatgga gaaaagtgtg cccatcattc gcatcatttc 2520
 tccttagaca ttgatgtagg atgtacagac ttaaatgagg acctaggtgt atgggtgac 2580
 tttaagatta agacgcaaga tgggcacgca agactagga atctagagtt tctcgaagag 2640
 aaaccattag taggagaagc gctagctcgt gtgaaaagag cggagaaaaa atggagagac 2700
 aaacgtgaaa aattggaatg ggaaacaaat atcggtttata aagaggcaaa agaactgtga 2760

 gatgctttat ttgtaaactc tcaatatgat caattacaag cggatacga tattgccatg 2820
 attcatgcgg cagataaacg tgttcatagc attcgagaag cttatctgcc tgagctgtct 2880
 gtgattccgg gtgtcaatgc ggctatTTTT gaagaattag aaggcggtat tttactgca 2940
 ttctccctat atgatgcgag aaatgtcatt aaaaatgggtg attttaataa tggcttatcc 3000
 tgctggaacg tgaagggaac tgtagatgta gaagaacaaa acaaccaacg ttcggtcctt 3060
 gtgttccgg aatgggaagc agaagtgtca caagaagttc gtgtctgtcc gggctcgtggc 3120

tatatccttc gtgtcacagc gtacaaggag ggatatggag aaggttgcgt aaccattcat 3180

gagatcgaga acaatacaga cgaactgaag tttagcaact gcgtagaaga ggaaatctat 3240

ccaaataaca cggtaacgtg taatgattat actgtaaatc aagaagaata cggaggtgcg 3300

tacacttctc gtaatcgagg atataacgaa gtccttccg taccagctga ttatgcgtca 3360

gtctatgaag aaaaatcgta tacagatgga cgaagagaga atccttgtga atttaacaga 3420

gggtataggg attacacgcc actaccagtt ggttatgtga caaaagaatt agaatacttc 3480

ccagaaaccg ataaggtatg gattgagatt ggagaaacgg aaggaacatt tatcgtggac 3540

agcgtggaat tactccttat ggaggaatga 3570

<210> 2

<211> 3570

<212> DNA

<213> Artificial

<220><223> Synthetic nucleotide sequence designed for expression in a plant cell encoding TIC1100.

<400> 2

atggagattg tgaacaacca gaaccagtgc gttccttaca actgcttgaa caaccctgag 60

attgagattc ttgagggtgg tagaatttct gttggcaaca ctctattga catctctttg 120

agtttgactc aattcttgtt gagtgagttc gttcctggtg ctggtttcgt cttgggtttg 180

attgatttga tttgggggtt cgttggtcct agtcaatggg atgctttctt ggctcaagtt 240

gagcaattga ttaaccagag gatcgctgag gctgtgagga aactgctat tcaagagttg 300

gagggtatgg ctagagttaa cagaacttac gctactgctt tcgctgagtg ggagaaggct 360

cctgatgacc ctgagttgag ggaggtttg agaactcaat tcaactgctac tgagacttac 420

atcagtggta gaatcagtg cttgaagatt caaactttcg aggttcaatt gctttctgtg 480

ttcgctcaag ctgcaaactt gcaactgtct ttgcttagag atgttgtgtt ctttgggtcaa 540

agatgggggt tctccactac taccgtgaac aattactaca acgatttgac tgagggtatt 600

tctacttaca ctgattacgc tgtagatgg tacaacctg gtttggagag agtttgggggt 660

ccagattcca gagattgggt cagatacaac cagttcagaa gggagttgac tttgactgtc 720

ttggacattg ttgctctctt ccctaactac gatagtcgtc gttaccctat tagaactgtt 780

tctcaactta ctagggaat ctacactaac cctgttcttg agaacttcga tggtagtttc 840

cgtggtagtg ctcaagggat tgagcgttct attcgttctc ctcatcttat ggacattctt 900

aactctatta ctatctacac tgatgctcat cgtgggttact attactggtc tggatcatca 960

attatggcta gtccgtgttg tttcagtggc cctgagttca ctttccctct ttacggtact	1020
atgggcaacg ctgcacctca acagaggatc gttgctcaac ttggtaagg tgtttacagg	1080
actctttctt caacccttta caggcgctct tccaacattg ggatcaacaa ccagcagctt	1140
tctgttcttg atggaaccga gttcgcttac ggaacctctt caaaccttcc tagtgctgtt	1200
tacaggaagt ctggaaccgt tgacagtctt gatgagattc caccgcagaa caataacgtt	1260
ccaccaggc aaggcttcag tcataggtct tctcatgttt ctatgttccg ctctggattc	1320
agcaactctt cagtttctat tatcagggtc ccaatgttct cgtggattca taggtctgcc	1380
gagttcaaca acattatcgc ttccgatagc attaaccaga ttccacttgt taagggtattc	1440
cgtgtttggg gaggcacctc tgttattacc ggaccaggct tcaccggagg cgacattctt	1500
cgtcgttaaca ccttcggaga tttcgtttca cttcaagtga acattactc accaatcacc	1560
cagcgtaca ggttcgctt cgcctacgca tcatccaggg atgcaagggt gatcgtgctt	1620
accggagcag cctcaaccgg agtgggaggc caagtgagcg tgaacatgcc acttcagaag	1680
acgatggaga tcggcgagaa ccttacctca agaacctttc gttacaccga tttcagcaac	1740
ccattcagct ttcgtgcaaa ccagacatc atagggatct cagagcagcc actgtttgga	1800
gctggatcaa tctcatccgg agagctttac atcgacaaga tcgagatcat actcgcat	1860
gcaaccttcg aggtcgagag cgatctggag cgtgcacaga aggcagtga cgcactcttt	1920
acctctacca accagctcgg actcaagacc aacgtgaccg attaccacat cgaccaagtg	1980
agcaacctcg tgacctacct ctcagatgag tttcgttgg atgagaaacg cgaactcagc	2040
gagaaggatga agcacgcaaa gcgtctctca gatgagcgta acctcctcca ggatagcaat	2100
ttcaaggaca tcaatcgtca gccagagcgt ggatggggag gctcaaccgg aatcaccatc	2160
caggaggcgt atgatgtgt taaggagaat tacgtgacac tctccggaac attcagatgag	2220
tgctacccaa catacctcta tcagaagatc gacgagtcca agtcaaggc gttcacccgt	2280
tatcagctcc gtggctacat cgaggatagt caagacctgg aaatctacct catccgtac	2340
aatgcaaagc acgagacagt gaatgtgcca ggaacaggct ccctctggcc actctccgca	2400
cagtctccaa tcggcaagtg cggcgagcca aatcgctgcg cgccacacct ggagtggaat	2460
cccgaacctgg actgctctg ccgcgacggc gagaagtgcg cccaccactc ccaccacttt	2520
agcctggaca tcgactggg ctgtacagac ctgaatgagg atctgggctg gtgggtgatc	2580
tttaagatca agacacagga cggccacgcc cgcctgggca atctggagtt tctggaggag	2640
aagcctctgg tgggcgaagc cctggcccg cgtgaagcgc cggagaagaa atggcgcgac	2700
aaacgcgaga aactggaatg ggaaacaaac atcgtgtaca aagaagccaa agaatccgtg	2760

gacgccctat ttgtgaactc ccagtatgac cagctacagg ccgacacaaa catcgcgatg 2820

atccacgctg cggacaagcg cgtgcactcc atacgcgaag cctatctacc cgaactatcc 2880

gtgatacccg gcgtcaatgc cgcgatcttt gaagaattgg aaggccgcat cttcacagcc 2940

tttagcctct atgacgcccc aaatgtcatc aagaatggcg actttaacaa tgggctatcc 3000

tgttggaatg tcaaagggca cgtggacgtc gaagagcaga acaatcagcg atccgtctta 3060

gtcgtacccg aatgggaagc cgaagtctcc caggaagtcc gagtctgtcc tggtagaggt 3120

tacatcttga gagtgaactg ttacaaggag ggttacggtg agggatgcgt gactattcac 3180

gagattgaga acaacactga tgagttgaag ttcagtaact gcgtggagga ggaaatctac 3240

cccaacaaca ctgtgacttg taacgattac accgtgaacc aggaggaata cggaggcgct 3300

tacacctcca gaaaccgtgg atacaatgag gctccctcgg tccccgtga ttatgcctcc 3360

gtctatgagg agaagtctta caccgatgga aggcgcgaga atccctgcga gttcaatcgc 3420

ggctatcgag actacactcc gctaccggtt ggctatgtca caaaggaact ggaatacttc 3480

ccggaaacag acaaagtctg gatcgaaatc ggcgaaacag aaggacgtt catagtcgat 3540

agcgtagaac ttctccttat ggaagaatga 3570

<210> 3

<211> 3570

<212> DNA

<213> Artificial

<220><223> Synthetic nucleotide sequence designed for expression in a plant cell encoding TIC1100.

<400> 3

atggagattg tgaacaacca gaaccagtgc gttccttaca actgcttgaa caacctgag 60

attgagattc ttgagggtgg tagaatttct gttggcaaca ctctattga catctctttg 120

agtttgactc aattcttggt gattgagttc gttcctgggt ctggtttcgt cttgggtttg 180

attgatttga tttgggggtt cgttgggtcct agtcaatggg atgctttctt ggctcaagtt 240

gagcaattga ttaaccagag gatcgtgag gctgtgagga aactgctat tcaagagttg 300

gagggtatgg ctagagttta cagaacttac gctactgctt tcgctgagtg ggagaaggct 360

cctgatgacc ctgagttgag ggaggctttg agaactcaat tcaactgtac tgagacttac 420

atcagtggta gaatcagtg cttgaagatt caaactttcg aggttcaatt gctttctgtg 480

ttcgctcaag ctgcaaactt gcacttgtct ttgcttagag atgttgtgtt ctttggtcaa 540

agatgggggt ttccactac taccgtgaac aattactaca acgatttgac tgagggtatt 600

tctacttaca ctgattacgc tgttagatgg tacaacactg gtttggagag agtttggggt	660
ccagattcca gagattgggt cagatacaac cagttcagaa gggagttgac tttgactgtc	720
ttggacattg ttgctctctt ccctaactac gatagtcgtc gttaccctat tagaactgtt	780
tctcaactta ctagggaaat ctacactaac cctgttcttg agaacttcga tggtagtttc	840
cgtggtagtg ctcaagggat tgagcgttct attcgttctc ctcattctat ggacattctt	900
aactctatta ctatctacac tgatgctcat cgtggttact attactggtc tggatcaaa	960
attatggcta gtctgttgg tttcagtggc cctgagttca ctttcctct ttacgttact	1020
atgggcaacg ctgcacctca acagaggatc gttgctcaac ttggtcaagg tgtttacagg	1080
actctttctt caacccttta caggcgtcct ttcaacattg ggatcaaaa ccagcagctt	1140
tctgttcttg atggaaccga gttcgttac ggaacctctt caaaccttcc tagtgctgtt	1200
tacaggaagt ctggaaccgt tgacagtctt gatgagattc caccgcagaa caataacgtt	1260
ccaccaggc aaggcttcag tcataggctt tctcatgttt ctatgttccg ctctggattc	1320
agcaactctt cagtttctat tatcagggtc ccaatgttct cgtggattca taggtctgcc	1380
gagttcaaca acattatgc ttccgatagc attaaccaga ttccattgt taagggattc	1440
cgtgtttggg gaggcacctc tgttattacc ggaccaggct tcaccggagg cgacattctt	1500
cgctgtaaca ctttcggaga ttctgtttca cttcaagtga acattaaact accaatcacc	1560
cagcgtaca ggcttcgtt ccgctacgca tcatccaggg atgcaagggt gatcgtgctt	1620
accggagcag cctcaaccgg agtgggaggc caagtgagcg tgaacatgcc acttcagaag	1680
acgatggaga tcggcgagaa cttacctca agaaccttc gttacaccga tttcagcaac	1740
ccattcagct ttctgtcaaa ccagacatc atagggatct cagagcagcc actgtttgga	1800
gctggatcaa tctcatccg agagctttac atcgacaaga tcgagatcat actcgcagat	1860
gcaaccttcg aggttgagag cgatctggag cgtgcacaga aggcagtga cgcactcttt	1920
acctctacca accagctcgg actcaagacc aacgtgaccg attaccacat cgaccaagtg	1980
agcaacctcg tgacctacct ctcatagtag ttctgcttgg atgagaaacg cgaactcagc	2040
gagaaggatga agcacgcaaa gcgtctctca gatgagcgta acctcctcca ggatagcaat	2100
ttcaaggaca tcaatcgta gccagagcgt ggatggggag gctcaaccgg aatcaccatc	2160
caggaggcgt atgatgtgt taaggagaat tacgtgacac tctccggaac attcagatgag	2220
tgctaccaa catacctcta tcagaagatc gacgagcca agctcaaggc gttcacccgt	2280
tatcagctcc gtggctacat cgaggatagi caagacctgg aaatctacct catccgtac	2340
aatgcaaagc acgagacagt gaatgtacca ggaacaggct ccctctggcc actctccgca	2400

cagtctccaa tcggcaagtg cggcgagcca aatcgctgcg cgccacacct ggagtggaat 2460

cccgacctgg actgctcctg ccgcgacggc gagaagtgcg cccaccactc ccaccacttt 2520

agcctggaca tcgacgtggg ctgtacagac ctgaatgagg atctgggctg gtgggtgac 2580

tttaagatca agacacagga cggccacgcc cgctgggca atctggagt tctggaggag 2640

aagcctctgg tggcggaagc cctggcccgc gtgaagcgcg ccgagaagaa atggcgcgac 2700

aaacgcgaga aactggaatg ggaaacaaac atcgtgtaca aagaagccaa agaatccgtg 2760

gacgccctat ttgtgaactc ccagtatgac cagctacagg ccgacacaaa catcgcatg 2820

atccacgtg cggacaagcg cgtgcactcc atacgcgaag cctatctacc cgaactatcc 2880

gtgatacccg gcgtcaatgc cgcatcttt gaagaattgg aaggccgcat cttcacagcc 2940

tttagcctct atgacgccc aaatgtcatc aagaatggcg actttaacaa tgggctatcc 3000

tgttggaatg tcaaaggga cgtggacgtc gaagagcaga acaatcagcg atccgtctta 3060

gtcgtacccg aatgggaagc cgaagtctcc caggaagtcc gagtctgtcc tggtagaggt 3120

tacatcttga gagtactgc ttacaaggag ggttacggtg agggatgcgt gactattcac 3180

gagattgaga acaacactga tgagttgaag ttcagtaact gcgtggagga ggaaatctac 3240

cccaacaaca ctgtgacttg taacgattac accgtgaacc aggaggaata cggaggcgct 3300

tacacctcca gaaaccgtgg atacaatgag gctccctcgg tccccgtga ttatgcctcc 3360

gtctatgagg agaagtccta caccgatgga aggcgcgaga atccctgcga gttcaatcgc 3420

ggctatcgag actacactcc gctaccgtt ggctatgtca caaaggaact ggaatacttc 3480

ccggaacag acaaagtctg gatcgaaatc ggcgaaacag aaggacgtt catagtcgat 3540

agcgtagaac ttctcctat ggaagaatga 3570

<210> 4

<211> 1189

<212> PRT

<213> Artificial

<220><223> Amino acid sequence of the chimeric protein TIC1100.

<400

> 4

Met Glu Ile Val Asn Asn Gln Asn Gln Cys Val Pro Tyr Asn Cys Leu

1 5 10 15

Asn Asn Pro Glu Ile Glu Ile Leu Glu Gly Gly Arg Ile Ser Val Gly

20 25 30

Asn Thr Pro Ile Asp Ile Ser Leu Ser Leu Thr Gln Phe Leu Leu Ser

35 40 45
 Glu Phe Val Pro Gly Ala Gly Phe Val Leu Gly Leu Ile Asp Leu Ile
 50 55 60

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

 Ala Leu Arg Thr Gln Phe Thr Ala Thr Glu Thr Tyr Ile Ser Gly Arg
 130 135 140
 Ile Ser Val Leu Lys Ile Gln Thr Phe Glu Val Gln Leu Leu Ser Val
 145 150 155 160
 Phe Ala Gln Ala Ala Asn Leu His Leu Ser Leu Leu Arg Asp Val Val
 165 170 175
 Phe Phe Gly Gln Arg Trp Gly Phe Ser Thr Thr Thr Val Asn Asn Tyr
 180 185 190

 Tyr Asn Asp Leu Thr Glu Gly Ile Ser Thr Tyr Thr Asp Tyr Ala Val
 195 200 205
 Arg Trp Tyr Asn Thr Gly Leu Glu Arg Val Trp Gly Pro Asp Ser Arg
 210 215 220
 Asp Trp Val Arg Tyr Asn Gln Phe Arg Arg Glu Leu Thr Leu Thr Val
 225 230 235 240
 Leu Asp Ile Val Ala Leu Phe Pro Asn Tyr Asp Ser Arg Arg Tyr Pro
 245 250 255

 Ile Arg Thr Val Ser Gln Leu Thr Arg Glu Ile Tyr Thr Asn Pro Val
 260 265 270
 Leu Glu Asn Phe Asp Gly Ser Phe Arg Gly Ser Ala Gln Gly Ile Glu
 275 280 285

Arg Ser Ile Arg Ser Pro His Leu Met Asp Ile Leu Asn Ser Ile Thr
 290 295 300
 Ile Tyr Thr Asp Ala His Arg Gly Tyr Tyr Tyr Trp Ser Gly His Gln
 305 310 315 320

Ile Met Ala Ser Pro Val Gly Phe Ser Gly Pro Glu Phe Thr Phe Pro
 325 330 335
 Leu Tyr Gly Thr Met Gly Asn Ala Ala Pro Gln Gln Arg Ile Val Ala
 340 345 350
 Gln Leu Gly Gln Gly Val Tyr Arg Thr Leu Ser Ser Thr Leu Tyr Arg
 355 360 365
 Arg Pro Phe Asn Ile Gly Ile Asn Asn Gln Gln Leu Ser Val Leu Asp
 370 375 380

Gly Thr Glu Phe Ala Tyr Gly Thr Ser Ser Asn Leu Pro Ser Ala Val
 385 390 395 400
 Tyr Arg Lys Ser Gly Thr Val Asp Ser Leu Asp Glu Ile Pro Pro Gln
 405 410 415
 Asn Asn Asn Val Pro Pro Arg Gln Gly Phe Ser His Arg Leu Ser His
 420 425 430
 Val Ser Met Phe Arg Ser Gly Phe Ser Asn Ser Ser Val Ser Ile Ile
 435 440 445

Arg Ala Pro Met Phe Ser Trp Ile His Arg Ser Ala Glu Phe Asn Asn
 450 455 460
 Ile Ile Ala Ser Asp Ser Ile Asn Gln Ile Pro Leu Val Lys Gly Phe
 465 470 475 480
 Arg Val Trp Gly Gly Thr Ser Val Ile Thr Gly Pro Gly Phe Thr Gly
 485 490 495
 Gly Asp Ile Leu Arg Arg Asn Thr Phe Gly Asp Phe Val Ser Leu Gln
 500 505 510

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

530 535 540
 Ser Thr Gly Val Gly Gly Gln Val Ser Val Asn Met Pro Leu Gln Lys
 545 550 555 560
 Thr Met Glu Ile Gly Glu Asn Leu Thr Ser Arg Thr Phe Arg Tyr Thr
 565 570 575

 Asp Phe Ser Asn Pro Phe Ser Phe Arg Ala Asn Pro Asp Ile Ile Gly
 580 585 590
 Ile Ser Glu Gln Pro Leu Phe Gly Ala Gly Ser Ile Ser Ser Gly Glu
 595 600 605
 Leu Tyr Ile Asp Lys Ile Glu Ile Ile Leu Ala Asp Ala Thr Phe Glu
 610 615 620
 Ala Glu Ser Asp Leu Glu Arg Ala Gln Lys Ala Val Asn Ala Leu Phe
 625 630 635 640

 Thr Ser Thr Asn Gln Leu Gly Leu Lys Thr Asn Val Thr Asp Tyr His
 645 650 655
 Ile Asp Gln Val Ser Asn Leu Val Thr Tyr Leu Ser Asp Glu Phe Cys
 660 665 670
 Leu Asp Glu Lys Arg Glu Leu Ser Glu Lys Val Lys His Ala Lys Arg
 675 680 685
 Leu Ser Asp Glu Arg Asn Leu Leu Gln Asp Ser Asn Phe Lys Asp Ile
 690 695 700

 Asn Arg Gln Pro Glu Arg Gly Trp Gly Gly Ser Thr Gly Ile Thr Ile
 705 710 715 720
 Gln Gly Gly Asp Asp Val Phe Lys Glu Asn Tyr Val Thr Leu Ser Gly
 725 730 735
 Thr Phe Asp Glu Cys Tyr Pro Thr Tyr Leu Tyr Gln Lys Ile Asp Glu
 740 745 750
 Ser Lys Leu Lys Ala Phe Thr Arg Tyr Gln Leu Arg Gly Tyr Ile Glu
 755 760 765

 Asp Ser Gln Asp Leu Glu Ile Tyr Leu Ile Arg Tyr Asn Ala Lys His
 770 775 780

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

785 790 795 800

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

805 810 815

Leu Glu Trp Asn Pro Asp Leu Asp Cys Ser Cys Arg Asp Gly Glu Lys

820 825 830

Cys Ala His His Ser His His Phe Ser Leu Asp Ile Asp Val Gly Cys

835 840 845

Thr Asp Leu Asn Glu Asp Leu Gly Val Trp Val Ile Phe Lys Ile Lys

850 855 860

Thr Gln Asp Gly His Ala Arg Leu Gly Asn Leu Glu Phe Leu Glu Glu

865 870 875 880

Lys Pro Leu Val Gly Glu Ala Leu Ala Arg Val Lys Arg Ala Glu Lys

885 890 895

Lys Trp Arg Asp Lys Arg Glu Lys Leu Glu Trp Glu Thr Asn Ile Val

900 905 910

Tyr Lys Glu Ala Lys Glu Ser Val Asp Ala Leu Phe Val Asn Ser Gln

915 920 925

Tyr Asp Gln Leu Gln Ala Asp Thr Asn Ile Ala Met Ile His Ala Ala

930 935 940

Asp Lys Arg Val His Ser Ile Arg Glu Ala Tyr Leu Pro Glu Leu Ser

945 950 955 960

Val Ile Pro Gly Val Asn Ala Ala Ile Phe Glu Glu Leu Glu Gly Arg

965 970 975

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

980 985 990

Gly Asp Phe Asn Asn Gly Leu Ser Cys Trp Asn Val Lys Gly His Val

995 1000 1005

Asp Val Glu Glu Gln Asn Asn Gln Arg Ser Val Leu Val Val Pro

1010 1015 1020

Glu Trp Glu Ala Glu Val Ser Gln Glu Val Arg Val Cys Pro Gly

1025	1030	1035
Arg Gly Tyr Ile Leu Arg Val	Thr Ala Tyr Lys Glu	Gly Tyr Gly
1040	1045	1050
Glu Gly Cys Val Thr Ile His	Glu Ile Glu Asn Asn	Thr Asp Glu
1055	1060	1065
Leu Lys Phe Ser Asn Cys Val	Glu Glu Glu Ile Tyr	Pro Asn Asn
1070	1075	1080
Thr Val Thr Cys Asn Asp Tyr	Thr Val Asn Gln Glu	Glu Tyr Gly
1085	1090	1095
Gly Ala Tyr Thr Ser Arg Asn	Arg Gly Tyr Asn Glu	Ala Pro Ser
1100	1105	1110
Val Pro Ala Asp Tyr Ala Ser	Val Tyr Glu Glu Lys	Ser Tyr Thr
1115	1120	1125
Asp Gly Arg Arg Glu Asn Pro	Cys Glu Phe Asn Arg	Gly Tyr Arg
1130	1135	1140
Asp Tyr Thr Pro Leu Pro Val	Gly Tyr Val Thr Lys	Glu Leu Glu
1145	1150	1155
Tyr Phe Pro Glu Thr Asp Lys	Val Trp Ile Glu Ile	Gly Glu Thr
1160	1165	1170
Glu Gly Thr Phe Ile Val Asp	Ser Val Glu Leu Leu	Leu Met Glu
1175	1180	1185
Glu		

<210> 5

<211> 3672

<212> DNA

<213> Artificial

<220><223> Recombinant nucleotide sequence used for expression in a

bacterial cell encoding TIC860.

<400> 5

atgacttcaa ataggaaaa tgagaatgaa attataaatg ctttatcgat tccaacggta	60
tcgaatcctt ccacgcaaat gaatctatca ccagatgctc gtattgaaga tagcttgtgt	120

gtagccgagg tgaacaatat tgatccattt gttagcgcat caacagtcca aacgggtata 180
 aacatagctg gtagaatatt gggcgtatta ggtgtgccgt ttgctggaca actagctagt 240
 ttttatagtt ttcttgttgg ggaattatgg cctagtggca gagatccatg ggaaattttc 300
 ctggaacatg tagaacaact tataagacaa caagtaacag aaaatactag gaatacggct 360

 attgctcgat tagaaggctt aggaagaggc tatagatctt accagcaggc tcttgaaact 420
 tggttagata accgaaatga tgcaagatca agaagcatta ttcttgagcg ctatgttgct 480
 ttagaacttg acattactac tgctataccg cttttcagaa tacgaaatga agaagttcca 540
 ttattaatgg tatatgctca agctgcaaat ttacacctat tattattgag agacgcatcc 600
 ctttttggtg gtgaatgggg gatggcatct tccgatgtta accaatatta ccaagaacaa 660
 atcagatata cagaggaata ttctaacct tgctgacaat ggtataatac agggctaaat 720
 aacttaagag ggacaaatgc tgaaagttgg ttgcggtata atcaattccg tagagaccta 780

 acgttagggg tattagattt agtagcccta ttcccaagct atgatactcg cacttatcca 840
 atcaatacga gtgctcagtt aacaagagaa atttatacag atccaattgg gagaacaaat 900
 gcaccttcag gatttgcaag tacgaattgg ttaataata atgcaccatc gttttctgcc 960
 atagaggctg ccattttcag gcctccgcat ctacttgatt ttccagaaca acttacaatt 1020
 tacagtgcac caagccgttg gagtagcact caacatatga attattgggt gggacatagg 1080
 ctttaacttc gcccaatagg agggacatta aatacctcaa cacaaggact tactaataat 1140
 acttcaatta atcctgtaac attacagttt acgtctcgag acgtttatag aacagaatca 1200

 aatgcaggga caaatatact atttactact cctgtgaatg gagtaccttg ggctagattt 1260
 aattttataa accctcagaa tatttatgaa agaggcgcca ctacctacag tcaaccgtat 1320
 cagggagttg ggattcaatt atttgattca gaaactgaat taccaccaga aacaacagaa 1380
 cgaccaaatt atgaatcata tagtcataga ttatctcata taggactaat cataggaaac 1440
 actttgagag caccagtcta ttcttggacg catcgtagtg cagatcgtaac gaatacgtat 1500
 ggaccaaata gaattaatca aataccttta gtgaaaggat ttagagtttg ggggggcacc 1560
 tctgtcatta caggaccagg atttacagga ggggatatcc ttcgaagaaa tacctttggt 1620

 gatattgtat ctctacaagt caatattaat tcaccaatta ccaaagata ccgtttaaga 1680
 ttctgttacg cttccagtag ggatgcacga gttatagtat taacaggagc ggcatccaca 1740
 ggagtgggag gccaaagttg tgtaaatatg cctcttcaga aaactatgga aataggggag 1800
 aacttaacat ctagaacatt tagatatacc gatatttagta atcctttttc atttagagct 1860
 aatccagata taattgggat aagtgaacaa cctctatttg gtgcaggttc tatttagtagc 1920
 ggtgaacttt atatagataa aattgaaatt attctagcag atgcaacatt tgaagcagaa 1980

tctgatttag aaagagcgca gaaggcgggtg aatgcgctgt ttacgtctac aaaccaacta	2040
gggctaaaaa caaatgtaac ggattatcat attgatcaag tgtccaattt agttacgtat	2100
ttatcggatg aattttgtct ggatgaaaag cgagaattgt ccgagaaagt caaacatgcg	2160
aagcgactca gtgatgaacg caatttactc caagattcaa atttcaaaga cattaatagg	2220
caaccagaac gtgggtgggg cggaagtaca gggattacca tccaaggagg ggatgacgta	2280
tttaaagaaa attacgtcac actatcaggt acctttgatg agtgcctatcc aacatatattg	2340
tatcaaaaaa tcgatgaatc aaaattaaaa gcctttaccc gttatcaatt aagagggtat	2400
atcgaagata gtcaagactt agaaatctat ttaattcgct acaatgcaa acatgaaaca	2460
gtaaatgtgc caggtagggg ttccttatgg ccgctttcag cccaaagtcc aatcggaaag	2520
tgtggagagc cgaatcgatg cgcgccacac ctggaatgga atcctgactt agattgttcg	2580
tgtagggatg gagaaaagtg tgcccatcat tcgcatcatt tctccttaga cattgatgta	2640
ggatgtacag acttaaatga ggacctagggt gtatgggtga tctttaagat taagacgcaa	2700
gatgggcacg caagactagg gaatctagag ttctcgaag agaaaccatt agtaggagaa	2760
gcgctagctc gtgtgaaaag agcggagaaa aaatggagag acaaacgtga aaaattggaa	2820
tgggaacaaa atatcgttta taaagaggca aaagaatctg tagatgcttt atttgtaaac	2880
tctcaatatg atcaattaca agcggatacg aatattgcca tgattcatgc ggcagataaa	2940
cgtgttcata gcattcgaga agcttatctg cctgagctgt ctgtgattcc ggggtgtcaat	3000
gcggctatctt ttgaagaatt agaagggcgt attttactg cattctccct atatgatgcg	3060
agaaatgtca ttaaaaatgg tgattttaat aatggcttat cctgctggaa cgtgaaaggg	3120
catgtagatg tagaagaaca aaacaaccaa cgttcgggtcc ttgttgttcc ggaatgggaa	3180
gcagaagtgt cacaagaagt tcgtgtctgt ccgggtcgtg gctatatacct tcgtgtcaca	3240
gcgtacaagg agggatatgg agaagggttc gtaaccattc atgagatcga gaacaataca	3300
gacgaactga agtttagcaa ctgcgtagaa gaggaaatct atccaaataa cacggtaacg	3360
tgtaatgatt atactgtaaa tcaagaagaa tacggagggtg cgtacacttc tcgtaatcga	3420
ggatataacg aagctccttc cgtaccagct gattatgcgt cagtctatga agaaaaatcg	3480
tatacagatg gacgaagaga gaatccttgt gaatttaaca gagggtatag ggattacacg	3540
ccactaccag ttggttatgt gacaaaagaa ttagaatact tcccagaaac cgataaggta	3600
tggattgaga ttggagaaac ggaaggaaca tttatcgtgg acagcgtgga attactcctt	3660
atggaggaat ag	3672

<210> 6

<211> 3672

<212> DNA

<213> Artificial

<220><223> Synthetic nucleotide sequence designed for expression in a plant cell encoding TIC860.

<400> 6

atgaccagca accggaagaa cgagaacgag atcatcaacg ccctgagcat cccgaccgtg	60
agcaacccta gcacccagat gaacctgagc cctgacgctc gcatcgagga ctccctctgc	120
gtggctgagg tgaacaacat cgacccttgc gtgtccgctt ccaccgtgca gaccggcatc	180
aacatcgagg gccgcatcct cggcgtgctc ggctgctcct ttgcgggcca gctcgctcc	240
ttctactcct tctcgtggg agagctgtgg ccctccggcc gcgaccgtg ggagatcttc	300
ctggagcacg tggagcagct catccgccag caagtcaccg agaacaccg caacaccgcc	360
atgccccgc tggagggtc gggcgtggc taccgtcct accagcaagc cctggagacc	420
tggtcgaca accgcaacga cggcgtctc cgtccatca tcttgagcg ctacgtcgcc	480
ctggaactgg acatcaccac tgccatcca ctcttcgca tcaggaacga ggaggtgcct	540
ctgctgatgg tgtacgcca ggctcggaac ctgcacctgc tctgtctgcg cgacgcaagc	600
ctgtttggct ccgagtggg tatggcaagc tccgacgtca accagtacta ccaggagcag	660
atccgtaca ccgaggagta cagcaaccac tgcgtccagt ggtacaacac cggcttgaac	720
aatctcagag ggaccaacgc tgagagctgg ctgcgtaca accagtccg gcgggatctg	780
accctaggtg tcttgatct ggctcgtctg tccccagct acgataccag gacgtacct	840
atcaaacct ctgctcagct taccaggag atctacactg atcctatcgg taggactaac	900
gtcctagtg gtttcgccag cactaactgg ttcaacaaca acgcgctag tttctctgcc	960
atcgaggcgg cgatcttcg gcctctcac ctctcgact tcccgagca gcttactatc	1020
tactctgct cttcgggtg gtcttcgact cagcacatga actactgggt tggtcaccgg	1080
cttaacttcc gcccgattgg aggaactctt aacaccagta cgcaaggtct tacgaacaac	1140
acttccatca acccggttac gttgcagttc acgtctcggg acgtttaccg gacggagtcg	1200
aatgtcggga cgaacatcct gttcacgaca ccggtgaatg gtgttcctg ggcacgtttc	1260
aacttcatca acccgagaa catctacgag cgtggagcaa cgacatactc gcaaccatac	1320
caaggcgttg gcatccaact gtttgactcg gagacggaac tgccaccaga gacgacagaa	1380
cgtccgaatt acgagtcata ctacacaga ctatcacaca ttggactcat tatcggaaac	1440
acactgagag caccagtgtg ctcatggaca catcggtcag cagatcgtac gaacaccatc	1500

ggaccaatc ggatcaacca gatcccgctc gtgaagggtc tccgcgtgtg gggcggcacc 1560

tccgtcatca cgggtccggg cttcaccggc ggcgacatcc tccgccgcaa caccttcggc 1620

gacttcgtgt cactccaagt gaacatcaac agcccgatca cccagcgcta tcgcctccgc 1680

ttccgctacg cctcctcccg cgacgctaga gtgatcgtgc tcaccggagc ggcgtccaca 1740

ggcgtaggcg gccaaagtgc tgtgaacatg ccgctccaga agactatgga gattggtgag 1800

aacctcacct ctgcacatt ccgctacacc gactttctca atccgttttc cttcagagcc 1860

aaccagaca tcacggcat ctccgagcag cctctctttg gcgctggctc catctcctcc 1920

ggcgagctgt acatcgacaa gattgagatc atccttgccg acgccacatt cgaagctgag 1980

tccgatctcg agcgcgcccc gaaggccgtg aacgccctct tcactagcac taaccagctc 2040

ggcctcaaga ctaacgtgac cgactaccac attgaccaag tgagcaacct agtgacctac 2100

cttagcgacg agttctgcct tgacgagaag cgtgagctga gcgagaaggt gaagcacgcc 2160

aagcgctctc ccgacgagcg caacctcttc caggactcca acttcaagga catcaaccgc 2220

cagcccgagc gcggctgggg cggtagcacc ggcatcacca tccagggcgg tgacgatgtg 2280

ttcaaggaga actacgtgac cctctccggc accttcgacg agtgcctacc gacctacctc 2340

taccagaaga tcgacgagtc caagctcaag gcgttcaccc gctaccagct tcgcggctac 2400

atcgaggact cccaggatct ggagatctac ctcatccgct acaacgcaa gcacgagacc 2460

gtgaacgtgc ccggcacccg ctcctcttgg ccgctctccg cccagagccc tatcggaag 2520

tgcggcgagc ccaaccgtg cgcgcctcac ctggagtga accctgacct cgactgctcc 2580

tgccgcgacg gcgagaagtg gcgccacat agccaccact tctctctcga catcgacgtg 2640

ggctgcaccg acctcaacga ggatctgggc gtgtgggtga tcttcaagat caagaccag 2700

gacggccacg ccaggctggg caacctggag ttcttgagg agaagcctct ggtgggtgag 2760

gccctggcca gggtaagag ggctgagaag aaatggaggg acaagaggga gaagctggag 2820

tgggagacca acatcgtgta caaggaggct aaggagtccg tggacgtctt gttcgtcaac 2880

tctcagtacg atcagctcca ggctgacacc aacatcgcta tgatccacgc tcgggataag 2940

agggtccact ctatcaggga ggcttiacctg cctgagcttt ctgtcatccc tgggtgcaac 3000

gcggcaatct tcgaggaact tgagggccgc atcttactg cgttctcgct ttacgatgcg 3060

cggaacgtca ttaagaacgg tgacttcaac aatggtcttt cgtgtggaa cgtcaagggt 3120

catgtcgatg tcgaggaaca gaacaaccag cggtcgggtcc ttgtcgttcc cgagtgggag 3180

gccgaggtct cgcaagaggt ccgggtctgc cctgggcgcg ggtacattct tcgtgtcact 3240

gcgtacaagg agggctacgg cgagggtgc gttactattc atgagattga gaacaatacg 3300
 gatgagctta agtttagtaa ctgtgttgag gaggagatct acccgaacaa tacggttacg 3360
 tgcaatgatt acacggtgaa ccaggaggaa tacggcggag catacacctc acgtaataga 3420
 ggggtacaatg aggcaccgtc agttccggca gattatgcct cagtttatga ggagaagtcc 3480
 tacacggatg gaagacgcga gaatccatgt gagtttaata gaggataccg agactacaca 3540
 ccactcccag ttggatacgt tacaaggag ttggaatact tcccagaaac agataaagtt 3600
 tggatagaga tcggagaaac agaaggaacc ttcacgtgg acagtgtaga actgctgctg 3660

atggaagaat ga 3672

<210> 7

<211> 1223

<212> PRT

<213> Artificial

<220><223> Amino acid sequence of the chimeric protein TIC860.

<400> 7

Met Thr Ser Asn Arg Lys Asn Glu Asn Glu Ile Ile Asn Ala Leu Ser

1 5 10 15

Ile Pro Thr Val Ser Asn Pro Ser Thr Gln Met Asn Leu Ser Pro Asp

20 25 30

Ala Arg Ile Glu Asp Ser Leu Cys Val Ala Glu Val Asn Asn Ile Asp

35 40 45

Pro Phe Val Ser Ala Ser Thr Val Gln Thr Gly Ile Asn Ile Ala Gly

50 55 60

Arg Ile Leu Gly Val Leu Gly Val Pro Phe Ala Gly Gln Leu Ala Ser

65 70 75 80

Phe Tyr Ser Phe Leu Val Gly Glu Leu Trp Pro Ser Gly Arg Asp Pro

85 90 95

Trp Glu Ile Phe Leu Glu His Val Glu Gln Leu Ile Arg Gln Gln Val

100 105 110

Thr Glu Asn Thr Arg Asn Thr Ala Ile Ala Arg Leu Glu Gly Leu Gly

115 120 125

Arg Gly Tyr Arg Ser Tyr Gln Gln Ala Leu Glu Thr Trp Leu Asp Asn

130 135 140

Arg Asn Asp Ala Arg Ser Arg Ser Ile Ile Leu Glu Arg Tyr Val Ala
 145 150 155 160
 Leu Glu Leu Asp Ile Thr Thr Ala Ile Pro Leu Phe Arg Ile Arg Asn

 165 170 175
 Glu Glu Val Pro Leu Leu Met Val Tyr Ala Gln Ala Ala Asn Leu His
 180 185 190
 Leu Leu Leu Leu Arg Asp Ala Ser Leu Phe Gly Ser Glu Trp Gly Met
 195 200 205
 Ala Ser Ser Asp Val Asn Gln Tyr Tyr Gln Glu Gln Ile Arg Tyr Thr
 210 215 220
 Glu Glu Tyr Ser Asn His Cys Val Gln Trp Tyr Asn Thr Gly Leu Asn

 225 230 235 240
 Asn Leu Arg Gly Thr Asn Ala Glu Ser Trp Leu Arg Tyr Asn Gln Phe
 245 250 255
 Arg Arg Asp Leu Thr Leu Gly Val Leu Asp Leu Val Ala Leu Phe Pro
 260 265 270
 Ser Tyr Asp Thr Arg Thr Tyr Pro Ile Asn Thr Ser Ala Gln Leu Thr
 275 280 285
 Arg Glu Ile Tyr Thr Asp Pro Ile Gly Arg Thr Asn Ala Pro Ser Gly

 290 295 300
 Phe Ala Ser Thr Asn Trp Phe Asn Asn Asn Ala Pro Ser Phe Ser Ala
 305 310 315 320
 Ile Glu Ala Ala Ile Phe Arg Pro Pro His Leu Leu Asp Phe Pro Glu
 325 330 335
 Gln Leu Thr Ile Tyr Ser Ala Ser Ser Arg Trp Ser Ser Thr Gln His
 340 345 350
 Met Asn Tyr Trp Val Gly His Arg Leu Asn Phe Arg Pro Ile Gly Gly

 355 360 365
 Thr Leu Asn Thr Ser Thr Gln Gly Leu Thr Asn Asn Thr Ser Ile Asn
 370 375 380
 Pro Val Thr Leu Gln Phe Thr Ser Arg Asp Val Tyr Arg Thr Glu Ser

385 390 395 400
 Asn Ala Gly Thr Asn Ile Leu Phe Thr Thr Pro Val Asn Gly Val Pro
 405 410 415
 Trp Ala Arg Phe Asn Phe Ile Asn Pro Gln Asn Ile Tyr Glu Arg Gly

 420 425 430
 Ala Thr Thr Tyr Ser Gln Pro Tyr Gln Gly Val Gly Ile Gln Leu Phe
 435 440 445
 Asp Ser Glu Thr Glu Leu Pro Pro Glu Thr Thr Glu Arg Pro Asn Tyr
 450 455 460
 Glu Ser Tyr Ser His Arg Leu Ser His Ile Gly Leu Ile Ile Gly Asn
 465 470 475 480
 Thr Leu Arg Ala Pro Val Tyr Ser Trp Thr His Arg Ser Ala Asp Arg

 485 490 495
 Thr Asn Thr Ile Gly Pro Asn Arg Ile Asn Gln Ile Pro Leu Val Lys
 500 505 510
 Gly Phe Arg Val Trp Gly Gly Thr Ser Val Ile Thr Gly Pro Gly Phe
 515 520 525
 Thr Gly Gly Asp Ile Leu Arg Arg Asn Thr Phe Gly Asp Phe Val Ser
 530 535 540
 Leu Gln Val Asn Ile Asn Ser Pro Ile Thr Gln Arg Tyr Arg Leu Arg

 545 550 555 560
 Phe Arg Tyr Ala Ser Ser Arg Asp Ala Arg Val Ile Val Leu Thr Gly
 565 570 575
 Ala Ala Ser Thr Gly Val Gly Gly Gln Val Ser Val Asn Met Pro Leu
 580 585 590
 Gln Lys Thr Met Glu Ile Gly Glu Asn Leu Thr Ser Arg Thr Phe Arg
 595 600 605
 Tyr Thr Asp Phe Ser Asn Pro Phe Ser Phe Arg Ala Asn Pro Asp Ile

 610 615 620
 Ile Gly Ile Ser Glu Gln Pro Leu Phe Gly Ala Gly Ser Ile Ser Ser
 625 630 635 640

Gly Glu Leu Tyr Ile Asp Lys Ile Glu Ile Ile Leu Ala Asp Ala Thr
 645 650 655
 Phe Glu Ala Glu Ser Asp Leu Glu Arg Ala Gln Lys Ala Val Asn Ala
 660 665 670
 Leu Phe Thr Ser Thr Asn Gln Leu Gly Leu Lys Thr Asn Val Thr Asp
 675 680 685
 Tyr His Ile Asp Gln Val Ser Asn Leu Val Thr Tyr Leu Ser Asp Glu
 690 695 700
 Phe Cys Leu Asp Glu Lys Arg Glu Leu Ser Glu Lys Val Lys His Ala
 705 710 715 720
 Lys Arg Leu Ser Asp Glu Arg Asn Leu Leu Gln Asp Ser Asn Phe Lys
 725 730 735
 Asp Ile Asn Arg Gln Pro Glu Arg Gly Trp Gly Gly Ser Thr Gly Ile
 740 745 750
 Thr Ile Gln Gly Gly Asp Asp Val Phe Lys Glu Asn Tyr Val Thr Leu
 755 760 765
 Ser Gly Thr Phe Asp Glu Cys Tyr Pro Thr Tyr Leu Tyr Gln Lys Ile
 770 775 780
 Asp Glu Ser Lys Leu Lys Ala Phe Thr Arg Tyr Gln Leu Arg Gly Tyr
 785 790 795 800
 Ile Glu Asp Ser Gln Asp Leu Glu Ile Tyr Leu Ile Arg Tyr Asn Ala
 805 810 815
 Lys His Glu Thr Val Asn Val Pro Gly Thr Gly Ser Leu Trp Pro Leu
 820 825 830
 Ser Ala Gln Ser Pro Ile Gly Lys Cys Gly Glu Pro Asn Arg Cys Ala
 835 840 845
 Pro His Leu Glu Trp Asn Pro Asp Leu Asp Cys Ser Cys Arg Asp Gly
 850 855 860
 Glu Lys Cys Ala His His Ser His His Phe Ser Leu Asp Ile Asp Val
 865 870 875 880
 Gly Cys Thr Asp Leu Asn Glu Asp Leu Gly Val Trp Val Ile Phe Lys

885	890	895	
Ile Lys Thr Gln Asp Gly His Ala Arg Leu Gly Asn Leu Glu Phe Leu			
900	905	910	
Glu Glu Lys Pro Leu Val Gly Glu Ala Leu Ala Arg Val Lys Arg Ala			
915	920	925	
Glu Lys Lys Trp Arg Asp Lys Arg Glu Lys Leu Glu Trp Glu Thr Asn			
930	935	940	
Ile Val Tyr Lys Glu Ala Lys Glu Ser Val Asp Ala Leu Phe Val Asn			
945	950	955	960
Ser Gln Tyr Asp Gln Leu Gln Ala Asp Thr Asn Ile Ala Met Ile His			
965	970	975	
Ala Ala Asp Lys Arg Val His Ser Ile Arg Glu Ala Tyr Leu Pro Glu			
980	985	990	
Leu Ser Val Ile Pro Gly Val Asn Ala Ala Ile Phe Glu Glu Leu Glu			
995	1000	1005	
Gly Arg Ile Phe Thr Ala Phe Ser Leu Tyr Asp Ala Arg Asn Val			
1010	1015	1020	
Ile Lys Asn Gly Asp Phe Asn Asn Gly Leu Ser Cys Trp Asn Val			
1025	1030	1035	
Lys Gly His Val Asp Val Glu Glu Gln Asn Asn Gln Arg Ser Val			
1040	1045	1050	
Leu Val Val Pro Glu Trp Glu Ala Glu Val Ser Gln Glu Val Arg			
1055	1060	1065	
Val Cys Pro Gly Arg Gly Tyr Ile Leu Arg Val Thr Ala Tyr Lys			
1070	1075	1080	
Glu Gly Tyr Gly Glu Gly Cys Val Thr Ile His Glu Ile Glu Asn			
1085	1090	1095	
Asn Thr Asp Glu Leu Lys Phe Ser Asn Cys Val Glu Glu Glu Ile			
1100	1105	1110	
Tyr Pro Asn Asn Thr Val Thr Cys Asn Asp Tyr Thr Val Asn Gln			
1115	1120	1125	

Glu Glu Tyr Gly Gly Ala Tyr Thr Ser Arg Asn Arg Gly Tyr Asn
 1130 1135 1140
 Glu Ala Pro Ser Val Pro Ala Asp Tyr Ala Ser Val Tyr Glu Glu
 1145 1150 1155
 Lys Ser Tyr Thr Asp Gly Arg Arg Glu Asn Pro Cys Glu Phe Asn
 1160 1165 1170
 Arg Gly Tyr Arg Asp Tyr Thr Pro Leu Pro Val Gly Tyr Val Thr

1175 1180 1185
 Lys Glu Leu Glu Tyr Phe Pro Glu Thr Asp Lys Val Trp Ile Glu
 1190 1195 1200
 Ile Gly Glu Thr Glu Gly Thr Phe Ile Val Asp Ser Val Glu Leu
 1205 1210 1215
 Leu Leu Met Glu Glu
 1220

<210> 8

<211> 3564

<212> DNA

<213> Artificial

<220><223> Recombinant nucleotide sequence used for expression in a
 bacterial cell encoding TIC867.

<400> 8

atgacttcaa ataggaaaa tgagaatgaa attataaatg ctttatcgat tccagctgta	60
tcgaatcatt ccgcacaaat gaatctatca accgatgctc gtattgagga tagcttgtgt	120
atagccgagg ggaacaatat cgatccattt gttagcgcac caacagtcca aacgggtatt	180
aacatagctg gtagaatact aggtgtatta ggcgtaccgt ttgctggaca aatagctagt	240
ttttatagtt ttcttgttgg tgaattatgg ccccgcgcca gagatccttg ggaaattttc	300
ctagaacatg tcgaacaact tataagacaa caagtaacag aaaatactag ggatacggct	360
cttgctcgat tacaaggttt aggaaattcc tttagagcct atcaacagtc acttgaagat	420
tggttagaaa accgtgatga tgcaagaacg agaagtgttc tttataccca atatatagcc	480
ttagaacttg attttcttaa tgcgatgccg cttttcgcaa ttagaacca agaagttcca	540
ttattaatgg tatatgctca agctgcaaat ttacacctat tattattgag agatgcctct	600
ctttttggta gtgaatttgg gcttacatcc caagaaattc aacgttatta tgagcgccaa	660

gtggaaaaaa cgagagaata ttctgattat tgcgcaagat ggtataatac gggtttaaat	720
aatttgagag ggacaaatgc tgaaagttgg ttgcgatata atcaattccg tagagactta	780
acgctaggag tattagatct agtggcacta ttcccaagct atgacacgcg tgtttatcca	840
atgaatacca gtgctcaatt aacaagagaa atttatacag atccaattgg gagaacaaat	900
gcaccttcag gatttgcaag tacgaattgg ttaataata atgcaccatc gttttctgcc	960
atagaggctg ccgttattag gcctccgcat ctacttgatt ttccagaaca gtttacaatt	1020
ttcagcgtat taagtcgatg gagtaatact caatatatga attactgggt gggacataga	1080
cttgaatcgc gaacaataag ggggtcatta agtacctcga cacacggaaa taccaatact	1140
tctattaatc ctgtaacatt acagttcaca tctcgagacg tttatagaac agaattcttt	1200
gcagggataa atatacttct aactactcct gtgaatggag taccttgggc tagatttaat	1260
tggagaaatc cctgaattc tcttagaggt agccttctct atactatagg gtatactgga	1320
gtggggacac aactatttga ttcagaaact gaattaccac cagaacaac agaacgacca	1380
aattatgaat cttacagtca tagattatct aatataagac taatatcagg aaacactttg	1440
agagcaccag tatattcttg gacgcaccgt agtgcagatc gtacaatac cattagtcca	1500
gatagcatta cacaaatacc attggtaaag gcgcataccc tccaatcggg taccactgta	1560
gtaaaagggc cagggtttac aggaggggat atcctccgtc gaacaagtgg aggaccattt	1620
gcttttagta atgttaatct agattttaac ttgtcacaaa ggtatcgtgc tagaattcgt	1680
tatgcctcta ctactaacct aagaatttac gtaacggttg caggigaacg aatttttgct	1740
ggtcaatttg acaaaactat ggatgctggt gccccattaa cattccaatc ttttagttac	1800
gcaactatta atacagcttt tacattccca gaaagatcga gcagcttgac ttaggtgcc	1860
gatacgttta gttcaggtaa tgaagtttat gtagatagat ttgaattaat cccagttact	1920
gcaaccttcg aggacagaatc tgatttagaa agagcacaaa aggcggtgaa tgagctgttt	1980
acttcttcca atcaaatcgg gttaaaaaca gatgtgacgg attatcatat tgatcaagta	2040
tccaatttag ttgagtgttt atctgatgaa ttttgtctgg atgaaaaaaa agaattgtcc	2100
gagaaagtca aacatgcgaa gcgacttagt gatgagcgga atttacttca agatccaaac	2160
tttagaggga tcaatagaca actagaccgt ggctggagag gaagtacgga tattaccatc	2220
caaggaggcg atgacgtatt caaagagaat tacgttacgc tattgggtac ctttgatgag	2280
tgctatccaa cgtatttata tcaaaaaata gatgagtcga aattaaaagc ctatacccg	2340
taccaattaa gagggtatat cgaagatagi caagacttag aaatctatct aattcgctac	2400
aatgccaaac acgaaacagt aaatgtgcca ggtacgggtt ccttatggcc gctttcagcc	2460

ccaagtccaa tcggaaaatg tgcccatcat tcccatcatt tctccttgga cattgatgtt 2520

ggatgtacag acttaaatga ggacttaggt gtatgggtga tattcaagat taagacgcaa 2580

gatggccatg caagactagg aaatctagaa tttctcgaag agaaaccatt agtaggagaa 2640

gcactagctc gtgtgaaaa agcggagaaa aaatggagag acaaactga aaaattggaa 2700

tgggaacaa atattgttta taaaggagca aaagaatctg tagatgcttt atttgtaaac 2760

tctcaatatg atagattaca agcggatacc aacatcgcga tgattcatgc ggcagataaa 2820

cgcgttcata gcattcgaga agcttatctg cctgagctgt ctgtgattcc ggggtgtcaat 2880

gcggctattt ttgaagaatt agaagggcgt attttactg cattctccct atatgatgcg 2940

agaaatgtca ttaaaaatgg tgattttaat aatggcttat cctgctggaa cgtgaaaggg 3000

catgtagatg tagaagaaca aaacaaccac cgttcggtcc ttgttgttcc ggaatgggaa 3060

gcagaagtgt cacaagaagt tcgtgtctgt ccgggtcgtg gctatattct tcgtgtcaca 3120

gcgtacaagg agggatatgg agaaggttgc gtaaccattc atgagatcga gaacaataca 3180

gacgaactga agtttagcaa ctgtgtagaa gaggaagtat atccaaacaa cacggtaacg 3240

tgtaatgatt atactgcgac tcaagaagaa tatgagggtg cgtacacttc tcgtaatcga 3300

ggatatgacg gagcctatga aagcaattct tctgtaccag ctgattatgc atcagcctat 3360

gaagaaaaag catatacaga tggacgaaga gacaatcctt gtgaatctaa cagaggatat 3420

ggggattaca caccactacc agctggctat gtgacaaaag aattagagta cttcccagaa 3480

accgataagg tatggattga gatcggagaa acggaaggaa cattcatcgt ggacagcgtg 3540

gaattacttc ttatggagga atag 3564

<210> 9

<211> 3564

<212> DNA

<213> Artificial

<220><223> Synthetic nucleotide sequence designed for expression in a plant cell encoding TIC867.

<400> 9

atgaccagca accgaaagaa cgagaacgag atcatcaacg ccctgtccat accggccgtg 60

tcaaaccact ccgcccagat gaacctctcc accgacgca ggatcgagga ctccctctgc 120

atcgccgagg gcaacaacat cgaccggttc gtgtctgcaa gcacggtcca gaccgcatc 180

aacatcgagg gccgcatcct gggcgtgctc ggcgtgccct tcgcggttca aatcgctctt 240

ttctactcat tctcgtggg cgagctgtgg ccgcgaggac gtgacccgtg ggaaatcttc 300

ctggagcacg ttgagcagct catccggcag caagtgaccg agaacaccag ggacaccgca	360
ctggcacggc tccagggcct tggcaacagc ttccgcgcct accagcagtc gctggaggac	420
tggctggaga accgagacga cgccagaacc cgctcagttc tgtacacaca gtacatcgcc	480
ctagagctgg acttcctcaa cgctatgccg ctcttcgcca tccgtaacca ggaagtaccg	540
cttctgatgg tgtacgcaca agcagcgaac ctccatctgc tctgtctgag agacgcattc	600
ctgttcggca gtgagttcgg gctgacgagc caggagatcc agcgtacta cgagcgccaa	660
gtggagaaga ctctgagta cagcgactac tgcgcgcgct ggtacaacac gggtttgaac	720
aaccttcgag ggacaaacgc cgaatcctgg ctctgctaca accagttccg ccgcgacctc	780
acgtgggtg tgctggacct ggtcgcgctc ttcccgctct acgacacagc ggtgtacca	840
atgaacacga gcgcacagct caccctgag atctacacag atcccatcgg ccgcaccaac	900
gctcccagtg gcttcgcaag cacgaattgg ttcaacaata acgtccttc ttctctgccc	960
atcgaggccg ctgtcatcag accgcgcac ttactcgatt tcccggagca gctcactatc	1020
ttctctgtgt tgtcccggtg gtcgaacacg cagtacatga actactgggt gggccacagg	1080
ctagagagcc ggaccatccg tggcagttc tcaacctga cccacggcaa cacgaacacg	1140
agcatcaacc ctgtcactct ccagtttaca tctaggagc tttacaggac agagtcgttc	1200
gctggcatta acattctgtt gaccactccg gtgaacggcg tcccttgggc ccgcttcaac	1260
tggaggaatc ctctgaactc actgcgcggc agccttctct aactatcgg ctacaccggc	1320
gttgggacgc aactcttcga ctcgagacc gagctgccgc ccgagaccac cgagcggcct	1380
aactacgaga gttattcaca caggtctctc aacatccgct tgatttctgg gaacaccttg	1440
cgggctccgg tgiactctg gacgcaccgc agcgcgcaca gaactaatc catcagctcc	1500
gactcgatca cccagatccc gctgtgaag gctcacacgc ttcagtcggg caccacagtc	1560
gtcaagggcc ctggcttcac cggcggcgac atcctgcgtc gcacatctgg cggacccttc	1620
gccttcagca acgtgaactt ggacttcaat ttgtcacagc ggtatcgtgc cagaatccgg	1680
tacgccagca ctacgaacct gcgaatctat gttactgtgg cgggcgagcg gatcttcgcc	1740
gggcaattcg acaagacgat ggacgcggga gcacctctga cattccagtc attctcttac	1800
gccacgatca acacggcatt cacgtttccg gagcgttcca gtagcctgac cgtgggcgct	1860
gataccttca gtagcgggaa cgaggtgtac gttgaccgtt tcgagctgat cccggtcacc	1920
gccaccttcg aagctgagtc ggacctggag cgtgcacaga aggcagtcaa cgagctgttc	1980
acctctagca accagatcgg cctcaagacc gacgtcacag actaccacat cgaccaagtg	2040
tccaacctgg tcgagtgcct tagcgacgag ttctgcctag acgagaagaa ggagctgtcg	2100

gagaaggta aacacgcaa gcgtctgagc gatgagcgca acctgctcca agaccctaac 2160

ttccgtggca tcaacaggca gcttgaccgt ggctggcgcg gctcgacgga catcacgac 2220

cagggtggcg acgacgtatt caaggagaat tacgtgacct tgcttgggac gtttgacgag 2280

tgctatccca cctacctcta ccagaagatt gatgaatcga aattgaaggc gtacacgaga 2340

taccagctcc gtggctacat cgaggacagc caggacttgg agatctacct catacgtac 2400

aacgctaaac atgagaccgt gaacgtccct gggacgggca gtctgtggcc actctctgct 2460

cctagcccta tcggcaagtg cgctcaccac tcgcaccact tcagccttga catcgacgtg 2520

ggatgtactg acctcaacga agacctgggc gtctgggtta tcttcaagat caagaccag 2580

gacggccacg cccgactcgg caacctggag ttcttgagg agaaaccact ggtggcgag 2640

gcgctcgccc gcgtgaagcg tgccgagaag aagtggcggg acaagaggga gaagctagaa 2700

tgggagacga acatcgtgta caaggaggcc aaggaaagcg tcgatgccct gttcgtgaac 2760

tcacagtacg accgtctcca ggcggacacg aacatcgcca tgatccacgc ggctgacaag 2820

cgctccact ccatccgca ggcgtactta ccggagctgt cggatgaccc aggcgtaaac 2880

gcggcgatct tcgaggagct agagggacgc atcttcacag cgttcagcct gtacgacga 2940

cgcaacgtca tcaagaacgg cgatttcaac aacggactgt cctgctggaa cgtgaagggc 3000

cacgtcgatg tcgaggaaca gaacaaccac cgctctgtcc tgggtgtccc agagtgggag 3060

gccgaggtct cccaggaggt ccgctgtgtc cctgggcgtg gctacatcct ccgtgtgaca 3120

gcctacaagg agggctacgg tgagggtgtc gtcaccattc acgagatcga gaacaacact 3180

gacgaactca agttctcgaa ttgcgtggag gaggaggtgt acccgaacaa tacggtgacg 3240

tgcaacgact acacggcaac ccaagaggag tacgagggca cctacaccag taggaaccgt 3300

ggctacgacg gtgcctacga gtcgaactcc agcgtccctg cgactacgc cagcgcgtac 3360

gaggagaagg cttacaccga cggacgccgg gacaacccat gcgagagcaa ccgtggctac 3420

ggcgactaca ctctctccc ggccggatac gtcacaaagg agctggagta tttccagag 3480

acggacaagg tgttgatcga aatcgagag acagaggga ccttcatcgt ggacagcgtg 3540

gagctgctcc tcatggagga gtga 3564

<210> 10

<211> 1187

<212> PRT

<213> Artificial

<220><223> Amino acid sequence of the chimeric protein TIC867.

<400> 10

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

245 250 255
 Arg Arg Asp Leu Thr Leu Gly Val Leu Asp Leu Val Ala Leu Phe Pro
 260 265 270
 Ser Tyr Asp Thr Arg Val Tyr Pro Met Asn Thr Ser Ala Gln Leu Thr

 275 280 285
 Arg Glu Ile Tyr Thr Asp Pro Ile Gly Arg Thr Asn Ala Pro Ser Gly
 290 295 300
 Phe Ala Ser Thr Asn Trp Phe Asn Asn Asn Ala Pro Ser Phe Ser Ala
 305 310 315 320
 Ile Glu Ala Ala Val Ile Arg Pro Pro His Leu Leu Asp Phe Pro Glu
 325 330 335
 Gln Leu Thr Ile Phe Ser Val Leu Ser Arg Trp Ser Asn Thr Gln Tyr

 340 345 350
 Met Asn Tyr Trp Val Gly His Arg Leu Glu Ser Arg Thr Ile Arg Gly
 355 360 365
 Ser Leu Ser Thr Ser Thr His Gly Asn Thr Asn Thr Ser Ile Asn Pro
 370 375 380
 Val Thr Leu Gln Phe Thr Ser Arg Asp Val Tyr Arg Thr Glu Ser Phe
 385 390 395 400
 Ala Gly Ile Asn Ile Leu Leu Thr Thr Pro Val Asn Gly Val Pro Trp

 405 410 415
 Ala Arg Phe Asn Trp Arg Asn Pro Leu Asn Ser Leu Arg Gly Ser Leu
 420 425 430
 Leu Tyr Thr Ile Gly Tyr Thr Gly Val Gly Thr Gln Leu Phe Asp Ser
 435 440 445
 Glu Thr Glu Leu Pro Pro Glu Thr Thr Glu Arg Pro Asn Tyr Glu Ser
 450 455 460
 Tyr Ser His Arg Leu Ser Asn Ile Arg Leu Ile Ser Gly Asn Thr Leu

 465 470 475 480
 Arg Ala Pro Val Tyr Ser Trp Thr His Arg Ser Ala Asp Arg Thr Asn
 485 490 495

Thr Ile Ser Ser Asp Ser Ile Thr Gln Ile Pro Leu Val Lys Ala His
 500 505 510
 Thr Leu Gln Ser Gly Thr Thr Val Val Lys Gly Pro Gly Phe Thr Gly
 515 520 525
 Gly Asp Ile Leu Arg Arg Thr Ser Gly Gly Pro Phe Ala Phe Ser Asn
 530 535 540
 Val Asn Leu Asp Phe Asn Leu Ser Gln Arg Tyr Arg Ala Arg Ile Arg
 545 550 555 560
 Tyr Ala Ser Thr Thr Asn Leu Arg Ile Tyr Val Thr Val Ala Gly Glu
 565 570 575
 Arg Ile Phe Ala Gly Gln Phe Asp Lys Thr Met Asp Ala Gly Ala Pro
 580 585 590
 Leu Thr Phe Gln Ser Phe Ser Tyr Ala Thr Ile Asn Thr Ala Phe Thr
 595 600 605
 Phe Pro Glu Arg Ser Ser Ser Leu Thr Val Gly Ala Asp Thr Phe Ser
 610 615 620
 Ser Gly Asn Glu Val Tyr Val Asp Arg Phe Glu Leu Ile Pro Val Thr
 625 630 635 640
 Ala Thr Phe Glu Ala Glu Ser Asp Leu Glu Arg Ala Gln Lys Ala Val
 645 650 655
 Asn Glu Leu Phe Thr Ser Ser Asn Gln Ile Gly Leu Lys Thr Asp Val
 660 665 670
 Thr Asp Tyr His Ile Asp Gln Val Ser Asn Leu Val Glu Cys Leu Ser
 675 680 685
 Asp Glu Phe Cys Leu Asp Glu Lys Lys Glu Leu Ser Glu Lys Val Lys
 690 695 700
 His Ala Lys Arg Leu Ser Asp Glu Arg Asn Leu Leu Gln Asp Pro Asn
 705 710 715 720
 Phe Arg Gly Ile Asn Arg Gln Leu Asp Arg Gly Trp Arg Gly Ser Thr
 725 730 735
 Asp Ile Thr Ile Gln Gly Gly Asp Asp Val Phe Lys Glu Asn Tyr Val

740	745	750	
Thr Leu Leu Gly Thr Phe Asp Glu Cys Tyr Pro Thr Tyr Leu Tyr Gln			
755	760	765	
Lys Ile Asp Glu Ser Lys Leu Lys Ala Tyr Thr Arg Tyr Gln Leu Arg			
770	775	780	
Gly Tyr Ile Glu Asp Ser Gln Asp Leu Glu Ile Tyr Leu Ile Arg Tyr			
785	790	795	800
Asn Ala Lys His Glu Thr Val Asn Val Pro Gly Thr Gly Ser Leu Trp			
805	810	815	
Pro Leu Ser Ala Pro Ser Pro Ile Gly Lys Cys Ala His His Ser His			
820	825	830	
His Phe Ser Leu Asp Ile Asp Val Gly Cys Thr Asp Leu Asn Glu Asp			
835	840	845	
Leu Gly Val Trp Val Ile Phe Lys Ile Lys Thr Gln Asp Gly His Ala			
850	855	860	
Arg Leu Gly Asn Leu Glu Phe Leu Glu Glu Lys Pro Leu Val Gly Glu			
865	870	875	880
Ala Leu Ala Arg Val Lys Arg Ala Glu Lys Lys Trp Arg Asp Lys Arg			
885	890	895	
Glu Lys Leu Glu Trp Glu Thr Asn Ile Val Tyr Lys Glu Ala Lys Glu			
900	905	910	
Ser Val Asp Ala Leu Phe Val Asn Ser Gln Tyr Asp Arg Leu Gln Ala			
915	920	925	
Asp Thr Asn Ile Ala Met Ile His Ala Ala Asp Lys Arg Val His Ser			
930	935	940	
Ile Arg Glu Ala Tyr Leu Pro Glu Leu Ser Val Ile Pro Gly Val Asn			
945	950	955	960
Ala Ala Ile Phe Glu Glu Leu Glu Gly Arg Ile Phe Thr Ala Phe Ser			
965	970	975	
Leu Tyr Asp Ala Arg Asn Val Ile Lys Asn Gly Asp Phe Asn Asn Gly			
980	985	990	

Leu Ser Cys Trp Asn Val Lys Gly His Val Asp Val Glu Glu Gln Asn

995 1000 1005

Asn His Arg Ser Val Leu Val Val Pro Glu Trp Glu Ala Glu Val

1010 1015 1020

Ser Gln Glu Val Arg Val Cys Pro Gly Arg Gly Tyr Ile Leu Arg

1025 1030 1035

Val Thr Ala Tyr Lys Glu Gly Tyr Gly Glu Gly Cys Val Thr Ile

1040 1045 1050

His Glu Ile Glu Asn Asn Thr Asp Glu Leu Lys Phe Ser Asn Cys

1055 1060 1065

Val Glu Glu Glu Val Tyr Pro Asn Asn Thr Val Thr Cys Asn Asp

1070 1075 1080

Tyr Thr Ala Thr Gln Glu Glu Tyr Glu Gly Thr Tyr Thr Ser Arg

1085 1090 1095

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

1100 1105 1110

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

1115 1120 1125

Arg Arg Asp Asn Pro Cys Glu Ser Asn Arg Gly Tyr Gly Asp Tyr

1130 1135 1140

Thr Pro Leu Pro Ala Gly Tyr Val Thr Lys Glu Leu Glu Tyr Phe

1145 1150 1155

Pro Glu Thr Asp Lys Val Trp Ile Glu Ile Gly Glu Thr Glu Gly

1160 1165 1170

Thr Phe Ile Val Asp Ser Val Glu Leu Leu Leu Met Glu Glu

1175 1180 1185

<210> 11

<211> 3642

<212> DNA

<213> Artificial

<220><223> Recombinant nucleotide sequence used for expression in a bacterial cell encoding TIC867_20.

<400> 11

atgacttcaa ataggaaaaa tgagaatgaa attataaatg ctttatcgat tccagctgta	60
tcgaatcatt ccgcacaaat gaatctatca accgatgctc gtattgagga tagcttgtgt	120
atagccgagg ggaacaatat cgatccattt gttagcgcat caacagtcca aacgggtatt	180
aacatagctg gtagaatact aggtgtatta ggcgtaccgt ttgctggaca aatagctagt	240
ttttatagtt ttcttgttgg tgaattatgg ccccgcgga gagatccttg ggaaattttc	300
ctagaacatg tcgaacaact tataagacaa caagtaacag aaaatactag ggatacggct	360
cttgctcgat tacaagttt aggaaattcc tttagagcct atcaacagtc acttgaagat	420
tggctagaaa accgtgatga tgcaagaacg agaagtgttc tttataacca atatatagcc	480
ttagaacttg attttcttaa tgcgatgccg cttttcgcaa ttagaaacca agaagtcca	540
ttattaatgg tatatgctca agctgcaaat ttacacctat tattattgag agatgcctct	600
ctttttggta gtgaatttgg gcttacatcc caagaaattc aacgttatta tgagcgccaa	660
gtggaaaaaa cgagagaata ttctgattat tgcgcaagat ggtataatac gggtttaaat	720
aatttgagag ggacaaatgc tgaaagttag ttgcatata atcaattccg tagagactta	780
acgctaggag tattagatct agtggcacta ttcccaagct atgacacgcg tgtttatcca	840
atgaatacca gtgctcaatt aacaagagaa atttatacag atccaattgg gagaacaaat	900
gcaccttcag gatttgaag tacgaattgg ttaataata atgcaccatc gttttctgcc	960
atagaggctg ccgttattag gcctccgcat ctacttgatt ttccagaaca gcttacaatt	1020
ttcagcgtat taagtcgatg gagtaatact caatatatga attactgggt gggacataga	1080
cttgaatcgc gaacaataag ggggtcattt agtacctcga cacacggaaa taccaatact	1140
tctattaatc ctgtaacatt acagttcaca tctcgagacg tttatagaac agaatcattt	1200
gcagggataa atatacttct aactactcct gtgaatggag taccttgggc tagatttaat	1260
tggagaaatc ccctgaattc tcttagaggt agccttctct atactatagg gtatactgga	1320
gtggggacac aactatttga ttcagaaact gaattaccac cagaacaac agaacgacca	1380
aattatgaat cttacagtca tagattatct aatataagac taatatcagg aaacactttg	1440
agagcaccag tatattcttg gacgcaccgt agtgcagatc gtacaaatac cattagtcca	1500
gatagcatta cacaaatacc attggttaaag gcgcataccc tccaatcggg taccactgta	1560
gtaaaagggc cagggtttac aggaggggat atcctccgtc gaacaagtgg aggaccattt	1620
gcttttagta atgttaatct agattttaac ttgtcacaaa ggtatcgtgc tagaattcgt	1680
tatgcctcta ctactaacct aagaatttac gtaacggttg caggtgaacg aatttttgc	1740

ggtcaatttg acaaaactat ggatgctggt gccccattaa cattccaatc ttttagttac 1800

 gcaactatta atacagcttt tacattccca gaaagatcga gcagcttgac ttaggtgcc 1860
 gatacgttta gttcaggtaa tgaagtttat gtagatagat ttgaattaat cccagttact 1920
 gcaacctttg aggcagaata tgatttagaa agagcgcaaa aggtggtgaa tgccctgttt 1980
 acgtctacaa accaactagg gctaaaaaca gatgtgacgg attatcatat tgatcaggta 2040
 tccaatctag ttgcgtgttt atcggatgaa ttttgtctgg atgaaaagag agaattgtcc 2100
 gagaaagtta aacatgcaaa gcgactcagt gatgagcgga atttacttca agatccaaac 2160
 ttcagaggga tcaataggca accagaccgt ggctggagag gaagtacgga tattactatc 2220

 caaggaggag atgacgtatt caaagagaat tacgttacgc taccgggtac ctttgatgag 2280
 tgctatccaa cgtatttata tcaaaaaata gatgagtcga aattaaaagc ctataccgt 2340
 tatcaattaa gagggatat cgaagatagt caagacttag aaatctatit aattcgttac 2400
 aatgcaaaac acgaaatagt aaatgtacca ggtacaggaa gtttatggcc tctttctgta 2460
 gaaaatcaaa ttggaccttg tggagaaccg aatcgatgcg cgccacacct tgaatggaat 2520
 cctgatttac actgttcctg cagagacggg gaaaaatgtg cacatcatc tcatcatc 2580
 tctttggaca ttgatgttg atgtacagac ttaaatgagg acttaggtgt atgggtgata 2640

 ttcaagatta agacgcaaga tggccacgca cgactagga atctagagt tctcgaagag 2700
 aaaccattat taggagaagc actagctcgt gtgaaaagag cggagaaaaa atggagagac 2760
 aaacgcgaaa cattacaatt ggaaacaact atcgtttata aagaggcaaa agaactctga 2820
 gatgctttat ttgtaaactc tcaatatgat agattacaag cggatacgaa catcgcatg 2880
 attcatgcgg cagataaacg cgttcataga attcgagaag cgtatctgcc ggagctgtct 2940
 gtgattccgg gtgtcaatgc ggctatitit gaagaattag aagagcgtat tttcactgca 3000
 ttttccctat atgatgcgag aaatattatt aaaaatggcg atttcaataa tggcttatta 3060

 tgctggaacg tgaaggga tgtagaggta gaagaacaaa acaatcaccg ttcagtcctg 3120
 gtatcccag aatgggagcg agaagtgtca caagaggttc gtgtctgtcc aggtcgtggc 3180
 tatatccttc gtgttacagc gtacaaagag ggatatggag aaggttgctg aacgatccat 3240
 gagatcgaga acaatacaga cgaactgaaa ttcaacaact gtgtagaaga ggaagtatat 3300
 ccaacaaca cggtaacgtg tattaattat actgcgactc aagaagaata tgagggtacg 3360
 tacacttctc gtaatcgagg atatgacgaa gcctatggta ataacccttc cgtaccagct 3420
 gattatgcgt cagtctatga agaaaaatcg tatacagata gacgaagaga gaatccttgt 3480

gaatctaaca gaggatatgg agattacaca ccactaccag ctggttatgt aacaaaggaa 3540
 ttagagtact tcccagagac cgataaggta tggattgaga ttggagaaac agaaggaaca 3600
 ttcacgtgg acagcgtgga attactcctt atggaggaat ag 3642
 <210> 12
 <211> 3642
 <212> DNA
 <213> Artificial
 <220><223> Synthetic nucleotide sequence designed for expression in a plant
 cell encoding TIC867_20.
 <400> 12
 atgaccagca accgaaagaa cgagaacgag atcatcaacg ccctgtccat accggccgtg 60
 tcaaaccact ccgccagat gaacctctcc accgacgga ggatcgagga ctccctctgc 120

 atcgccgagg gcaacaacat cgaccggttc gtgtctgcaa gcacggtcca gaccgcatc 180
 aacatcgagg gccgcatcct gggcgtgctc ggctgacct tcgcgggtca aatcgctct 240
 ttctactcat tctcgtggg cgagctgtgg ccgcgcggac gtgaccgtg ggaaatctt 300
 ctggagcagc ttgagcagct catccggcag caagtgaccg agaacaccag ggacaccgca 360
 ctggcacggc tccagggcct tggcaacagc ttccgcgct accagcagtc gctggaggac 420
 tggctggaga accgagacga cgccagaacc cgctcagttc tgtacacaca gtacatcgcc 480
 ctagagctgg acttctcaa cgctatgccg ctcttcgcca tccgtaacca ggaagtaccg 540

 ctctgatgg tgiacgaca agcagcgaac ctccatctgc tctgctgag agacgcatct 600
 ctgttcggca gtgagttcgg gctgacgagc caggagatcc agcgtacta cgagcgcaa 660
 gtggagaaga ctctgagta cagcgactac tgcgcgcgt ggtacaacac gggttgaac 720
 aaccttcgag ggacaaacgc cgaatcctgg ctctgctaca accagtccg ccgcgacct 780
 acgctgggtg tgctggacct ggtcgcgctc ttccgtctc acgacacag ggtgtacca 840
 atgaacacga gcgcacagct caccgtgag atctacacag atccatcgg ccgcaccaac 900
 gctccagtg gcttcgaag cacgaattgg ttcaacaata acgctcctt tttctctgcc 960

 atcgaggccg ctgtcatcag accgccgcac ttactcgatt tcccggagca gtcactatc 1020
 ttctctgtgt tgccccgtg gtcgaacacg cagtacatga actactgggt gggccacagg 1080
 ctagagagcc ggaccatccg tggcagtctc tcaacctga cccacggcaa cacgaacacg 1140
 agcatcaacc ctgtcactct ccagtttaca tctagggacg ttacaggac agagtcttc 1200
 gctggcatta acattctgtt gaccactccg gtgaacggcg tcccttgggc ccgcttcaac 1260
 tggaggaatc ctctgaactc actgcgcggc agccttctct acactatcgg ctacaccggc 1320

gttgggacgc aactcttcga ctccggagacc gagctgccgc ccgagaccac cgagcggcct	1380
aactacgaga gttattcaca caggctctcc aacatccgct tgatttctgg gaacaccttg	1440
cgggctccgg tgtactcctg gacgcaccgc agcgccgaca gaactaatac catcagctcc	1500
gactcgatca ccagatccc gctgggtgaag gctcacacgc ttcagtcggg caccacagtc	1560
gtcaagggcc ctggcttcac cggcggcgac atcctgcgtc gcacatctgg cggacccttc	1620
gccttcagca acgtgaactt ggacttcaat ttgtcacagc ggatcgtgc cagaatccgg	1680
tacgccagca ctacgaacct gcgaatctat gttactgtgg cgggcgagcg gatcttcgcc	1740
gggcaattcg acaagacgat ggacgcggga gcacctctga cattccagtc attctcttac	1800
gccacgatca acacggcatt cacgtttccg gagcgttcca gtagcctgac cgtgggcgct	1860
gataccttca gtagcgggaa cgaggtgtac gttgaccgtt tcgagctgat cccggtcacc	1920
gccaccttcg aggccgagta cgaccttgag cgcgccgaca aggtgggtgaa cgccctcttc	1980
actagcacta accagctagg cctgaagact gacgtgaccg actaccacat cgaccaagtg	2040
agcaacctag tggcctgcct ctccgacgag ttctgcctcg acgagaagcg cgagctgtcc	2100
gagaaggtag agcacgcaa gcgcctctcc gacgagcgca acctgctcca ggaccccaac	2160
ttcaggggca tcaacaggca gcccgaccgc ggctggcgcg gctccaccga catcaccatc	2220
cagggcggtg acgacgtatt caaggagaac tacgttacc cccccggcac cttcgacgag	2280
tgttacccca cctacctta ccagaagatc gacgagtcca agctgaaggc ctacaccgc	2340
taccagctcc gcggctacat cgaggactcc caggacctgg aaatctacct catccgtac	2400
aacgccaagc acgagatcgt gaacgtgcct ggacccggca gcctctggcc tctcagcgtg	2460
gagaaccaga tcggcccttg cggcgagcct aaccgtgcg cccctcacct cgagtggaac	2520
cctgacctcc actgctcgtg cagggacggc gagaagtgcg cccacatag ccaccacttc	2580
tctctggaca tcgacgtggg ctgcaccgac ctgaacgagg acctgggcgt gtgggttatc	2640
ttcaagatca agaccagga cggtcacgcc aggtgggta acctggagt ccttgaggaa	2700
aagcctctgc tgggtgaggc cctggccagg gtcaagaggg ctgagaagaa atggagggat	2760
aagagggaga ccctgcagct ggagaccact atcgtctaca aggaggctaa ggagtctgtc	2820
gatgctctgt tcgtcaactc tcagtacgat agactgcaag ctgatacca catcgctatg	2880
atccacgctg cggataagcg ggtccaccgg atccgggagg cttaccttc ggagctttct	2940
gtcatcccg gtgtcaacgc tgcgatcttc gaggaacttg aggaacggat cttactgcg	3000
tttagtcttt acgatgcgcg gaacatcatc aagaacgggg acttcaacaa tggctctctg	3060

tgctggaacg tcaaggggtca tgctgagggtc gaggaacaaa acaatcatcg tagtgtcctt 3120
gtcattcctg agtgggaggc ggaggtctct caagaggtcc gtgtttgccc ggggcgtggg 3180
tacattcttc gtgttactgc gtacaaggag gggtacgggg aggggtgcgt tactattcat 3240
gagattgaga acaatactga tgagcttaag ttcaacaatt gtgttgagga ggaggtttac 3300
ccgaacaata ctgttacgtg catcaactac acggcaacgc aagaggaata cgaggggacg 3360
tacacctcgc gtaatagagg gtatgatgag gcgtacggaa acaaccgcgc ggttcacga 3420
gattatgcct cggtttatga ggagaagtcg tacacggata gacgacgcga gaatccatgt 3480

gagtcaaadc gaggatacgg agattacaca ccattaccag caggatacgt taaaaaggag 3540
ttggaatact tcccggaaac agataaagtt tggattgaaa tcggagaaac agaaggaaca 3600
ttcatcgtcg actcagtaga attgttgttg atggaagaat ga 3642

<210> 13

<211> 1213

<212> PRT

<213> Artificial

<220><223> Amino acid sequence of the chimeric protein variant TIC867_20.

<400> 13

Met Thr Ser Asn Arg Lys Asn Glu Asn Glu Ile Ile Asn Ala Leu Ser

1 5 10 15

Ile Pro Ala Val Ser Asn His Ser Ala Gln Met Asn Leu Ser Thr Asp

20 25 30

Ala Arg Ile Glu Asp Ser Leu Cys Ile Ala Glu Gly Asn Asn Ile Asp

35 40 45

Pro Phe Val Ser Ala Ser Thr Val Gln Thr Gly Ile Asn Ile Ala Gly

50 55 60

Arg Ile Leu Gly Val Leu Gly Val Pro Phe Ala Gly Gln Ile Ala Ser

65 70 75 80

Phe Tyr Ser Phe Leu Val Gly Glu Leu Trp Pro Arg Gly Arg Asp Pro

85 90 95

Trp Glu Ile Phe Leu Glu His Val Glu Gln Leu Ile Arg Gln Gln Val

100 105 110

Thr Glu Asn Thr Arg Asp Thr Ala Leu Ala Arg Leu Gln Gly Leu Gly

115 120 125

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

 145 150 155 160
 Leu Glu Leu Asp Phe Leu Asn Ala Met Pro Leu Phe Ala Ile Arg Asn
 165 170 175
 Gln Glu Val Pro Leu Leu Met Val Tyr Ala Gln Ala Ala Asn Leu His
 180 185 190
 Leu Leu Leu Leu Arg Asp Ala Ser Leu Phe Gly Ser Glu Phe Gly Leu
 195 200 205
 Thr Ser Gln Glu Ile Gln Arg Tyr Tyr Glu Arg Gln Val Glu Lys Thr

 210 215 220
 Arg Glu Tyr Ser Asp Tyr Cys Ala Arg Trp Tyr Asn Thr Gly Leu Asn
 225 230 235 240
 Asn Leu Arg Gly Thr Asn Ala Glu Ser Trp Leu Arg Tyr Asn Gln Phe
 245 250 255
 Arg Arg Asp Leu Thr Leu Gly Val Leu Asp Leu Val Ala Leu Phe Pro
 260 265 270
 Ser Tyr Asp Thr Arg Val Tyr Pro Met Asn Thr Ser Ala Gln Leu Thr

 275 280 285
 Arg Glu Ile Tyr Thr Asp Pro Ile Gly Arg Thr Asn Ala Pro Ser Gly
 290 295 300
 Phe Ala Ser Thr Asn Trp Phe Asn Asn Asn Ala Pro Ser Phe Ser Ala
 305 310 315 320
 Ile Glu Ala Ala Val Ile Arg Pro Pro His Leu Leu Asp Phe Pro Glu
 325 330 335
 Gln Leu Thr Ile Phe Ser Val Leu Ser Arg Trp Ser Asn Thr Gln Tyr

 340 345 350
 Met Asn Tyr Trp Val Gly His Arg Leu Glu Ser Arg Thr Ile Arg Gly
 355 360 365
 Ser Leu Ser Thr Ser Thr His Gly Asn Thr Asn Thr Ser Ile Asn Pro

370 375 380
 Val Thr Leu Gln Phe Thr Ser Arg Asp Val Tyr Arg Thr Glu Ser Phe
 385 390 395 400
 Ala Gly Ile Asn Ile Leu Leu Thr Thr Pro Val Asn Gly Val Pro Trp

 405 410 415
 Ala Arg Phe Asn Trp Arg Asn Pro Leu Asn Ser Leu Arg Gly Ser Leu
 420 425 430
 Leu Tyr Thr Ile Gly Tyr Thr Gly Val Gly Thr Gln Leu Phe Asp Ser
 435 440 445
 Glu Thr Glu Leu Pro Pro Glu Thr Thr Glu Arg Pro Asn Tyr Glu Ser
 450 455 460
 Tyr Ser His Arg Leu Ser Asn Ile Arg Leu Ile Ser Gly Asn Thr Leu

 465 470 475 480
 Arg Ala Pro Val Tyr Ser Trp Thr His Arg Ser Ala Asp Arg Thr Asn
 485 490 495
 Thr Ile Ser Ser Asp Ser Ile Thr Gln Ile Pro Leu Val Lys Ala His
 500 505 510
 Thr Leu Gln Ser Gly Thr Thr Val Val Lys Gly Pro Gly Phe Thr Gly
 515 520 525
 Gly Asp Ile Leu Arg Arg Thr Ser Gly Gly Pro Phe Ala Phe Ser Asn

 530 535 540
 Val Asn Leu Asp Phe Asn Leu Ser Gln Arg Tyr Arg Ala Arg Ile Arg
 545 550 555 560
 Tyr Ala Ser Thr Thr Asn Leu Arg Ile Tyr Val Thr Val Ala Gly Glu
 565 570 575
 Arg Ile Phe Ala Gly Gln Phe Asp Lys Thr Met Asp Ala Gly Ala Pro
 580 585 590
 Leu Thr Phe Gln Ser Phe Ser Tyr Ala Thr Ile Asn Thr Ala Phe Thr

 595 600 605
 Phe Pro Glu Arg Ser Ser Ser Leu Thr Val Gly Ala Asp Thr Phe Ser
 610 615 620

Ser Gly Asn Glu Val Tyr Val Asp Arg Phe Glu Leu Ile Pro Val Thr
 625 630 635 640
 Ala Thr Phe Glu Ala Glu Tyr Asp Leu Glu Arg Ala Gln Lys Val Val
 645 650 655
 Asn Ala Leu Phe Thr Ser Thr Asn Gln Leu Gly Leu Lys Thr Asp Val

 660 665 670
 Thr Asp Tyr His Ile Asp Gln Val Ser Asn Leu Val Ala Cys Leu Ser
 675 680 685
 Asp Glu Phe Cys Leu Asp Glu Lys Arg Glu Leu Ser Glu Lys Val Lys
 690 695 700
 His Ala Lys Arg Leu Ser Asp Glu Arg Asn Leu Leu Gln Asp Pro Asn
 705 710 715 720
 Phe Arg Gly Ile Asn Arg Gln Pro Asp Arg Gly Trp Arg Gly Ser Thr

 725 730 735
 Asp Ile Thr Ile Gln Gly Gly Asp Asp Val Phe Lys Glu Asn Tyr Val
 740 745 750
 Thr Leu Pro Gly Thr Phe Asp Glu Cys Tyr Pro Thr Tyr Leu Tyr Gln
 755 760 765
 Lys Ile Asp Glu Ser Lys Leu Lys Ala Tyr Thr Arg Tyr Gln Leu Arg
 770 775 780
 Gly Tyr Ile Glu Asp Ser Gln Asp Leu Glu Ile Tyr Leu Ile Arg Tyr

 785 790 795 800
 Asn Ala Lys His Glu Ile Val Asn Val Pro Gly Thr Gly Ser Leu Trp
 805 810 815
 Pro Leu Ser Val Glu Asn Gln Ile Gly Pro Cys Gly Glu Pro Asn Arg
 820 825 830
 Cys Ala Pro His Leu Glu Trp Asn Pro Asp Leu His Cys Ser Cys Arg
 835 840 845
 Asp Gly Glu Lys Cys Ala His His Ser His His Phe Ser Leu Asp Ile

 850 855 860
 Asp Val Gly Cys Thr Asp Leu Asn Glu Asp Leu Gly Val Trp Val Ile

865 870 875 880
 Phe Lys Ile Lys Thr Gln Asp Gly His Ala Arg Leu Gly Asn Leu Glu
 885 890 895
 Phe Leu Glu Glu Lys Pro Leu Leu Gly Glu Ala Leu Ala Arg Val Lys
 900 905 910
 Arg Ala Glu Lys Lys Trp Arg Asp Lys Arg Glu Thr Leu Gln Leu Glu

 915 920 925
 Thr Thr Ile Val Tyr Lys Glu Ala Lys Glu Ser Val Asp Ala Leu Phe
 930 935 940
 Val Asn Ser Gln Tyr Asp Arg Leu Gln Ala Asp Thr Asn Ile Ala Met
 945 950 955 960
 Ile His Ala Ala Asp Lys Arg Val His Arg Ile Arg Glu Ala Tyr Leu
 965 970 975
 Pro Glu Leu Ser Val Ile Pro Gly Val Asn Ala Ala Ile Phe Glu Glu

 980 985 990
 Leu Glu Glu Arg Ile Phe Thr Ala Phe Ser Leu Tyr Asp Ala Arg Asn
 995 1000 1005
 Ile Ile Lys Asn Gly Asp Phe Asn Asn Gly Leu Leu Cys Trp Asn
 1010 1015 1020
 Val Lys Gly His Val Glu Val Glu Glu Gln Asn Asn His Arg Ser
 1025 1030 1035
 Val Leu Val Ile Pro Glu Trp Glu Ala Glu Val Ser Gln Glu Val

 1040 1045 1050
 Arg Val Cys Pro Gly Arg Gly Tyr Ile Leu Arg Val Thr Ala Tyr
 1055 1060 1065
 Lys Glu Gly Tyr Gly Glu Gly Cys Val Thr Ile His Glu Ile Glu
 1070 1075 1080
 Asn Asn Thr Asp Glu Leu Lys Phe Asn Asn Cys Val Glu Glu Glu
 1085 1090 1095
 Val Tyr Pro Asn Asn Thr Val Thr Cys Ile Asn Tyr Thr Ala Thr

 1100 1105 1110

Gln Glu Glu Tyr Glu Gly Thr Tyr Thr Ser Arg Asn Arg Gly Tyr
 1115 1120 1125
 Asp Glu Ala Tyr Gly Asn Asn Pro Ser Val Pro Ala Asp Tyr Ala
 1130 1135 1140
 Ser Val Tyr Glu Glu Lys Ser Tyr Thr Asp Arg Arg Arg Glu Asn
 1145 1150 1155
 Pro Cys Glu Ser Asn Arg Gly Tyr Gly Asp Tyr Thr Pro Leu Pro

1160 1165 1170
 Ala Gly Tyr Val Thr Lys Glu Leu Glu Tyr Phe Pro Glu Thr Asp
 1175 1180 1185
 Lys Val Trp Ile Glu Ile Gly Glu Thr Glu Gly Thr Phe Ile Val
 1190 1195 1200
 Asp Ser Val Glu Leu Leu Leu Met Glu Glu
 1205 1210

<210> 14

<211> 3690

<212> DNA

<213> Artificial

<220><223> Recombinant nucleotide sequence used for expression in a

bacterial cell encoding TIC867_21.

<400> 14

atgacttcaa ataggaaaa tgagaatgaa attataaatg ctttatcgat tccagctgta	60
tcgaatcatt ccgcacaaat gaatctatca accgatgctc gtattgagga tagcttgtgt	120
atagccgagg ggaacaatat cgatccattt gttagcgcac caacagtcca aacgggtatt	180
aacatagctg gtagaatact aggtgtatta ggcgtagcgt ttgctggaca aatagctagt	240
ttttatagtt ttcttggttg tgaattatgg ccccgcgcca gagatccttg ggaaattttc	300
ctagaacatg tcgaacaact tataagacaa caagtaacag aaaatactag ggatacggct	360
cttgctcgat tacaaggttt aggaaattcc tttagagcct atcaacagtc acttgaagat	420
tggctagaaa accgtgatga tgcaagaacg agaagtgttc tttataacca atatatagcc	480
ttagaacttg attttcttaa tgcgatgccg cttttcgcaa ttagaaacca agaagttcca	540
ttattaatgg tatatgctca agctgcaaat ttacacctat tattattgag agatgcctct	600
ctttttggta gtgaatttgg gcttacatcc caagaaattc aacgttatta tgagcgccaa	660

gtggaaaaaa cgagagaata ttctgattat tgcgcaagat ggtataatac gggtttaa	720
aatttgagag ggacaaatgc tgaagttgg ttgcgatata atcaattccg tagagactta	780
acgctaggag tattagatct agtggcacta ttcccaagct atgacacgcg tgtttatcca	840
atgaatacca gtgctcaatt aacaagagaa atttatacag atccaattgg gagaacaaat	900
gcaccttcag gatttgcaag tacgaattgg ttaataata atgcaccatc gttttctgcc	960
atagaggctg ccgttattag gcctccgcat ctacttgatt ttccagaaca gtttacaatt	1020
ttcagcgtat taagtcgatg gagtaatact caatatatga attactgggt gggacataga	1080
cttgaatcgc gaacaataag ggggtcatta agtacctcga cacacggaaa taccaatact	1140
tctattaatc ctgtaacatt acagttcaca tctcgagacg tttatagaac agaattcatt	1200
gcagggataa atatacttct aactactcct gtgaatggag taccttgggc tagattta	1260
tggagaaatc cctgaattc tcttagaggt agccttctct atactatagg gtatactgga	1320
gtggggacac aactatttga ttcagaaact gaattaccac cagaacaac agaacgacca	1380
aattatgaat cttacagtca tagattatct aatataagac taatatcagg aaacactttg	1440
agagcaccag tatattcttg gacgcacgt agtcagatc gtacaatac cattagtcca	1500
gatagcatta cacaaatacc attggtaaag gcgcataccc tccaatcggg taccactgta	1560
gtaaaagggc cagggtttac aggaggggat atcctccgtc gaacaagtgg aggaccatt	1620
gcttttagta atgttaatct agattttaac ttgtcacaaa ggtatcgtgc tagaattcgt	1680
tatgcctcta ctactaacct aagaatttac gtaacggttg caggatgaacg aatttttgc	1740
ggtcaatttg acaaaactat ggatgctggt gccccattaa cattccaatc ttttagttac	1800
gcaactatta atacagcttt tacattccca gaaagatcga gcagcttgac ttaggtgcc	1860
gatacgttta gttcaggtaa tgaagtttat gtagatagat ttgaattaat cccagttact	1920
gcaaccggaa cgacaacctg tgagtatgaa gagaagcaga atctagaaaa agcgcagaaa	1980
gcgttgaacg ctttgtttac ggatggcacg aatggctatc tacaatgga tgccactgat	2040
tatgatatca atcaactgc aaacttaata gaatgtgtat cagatgaatt gtatgcaaaa	2100
gaaaagatag ttttattaga tgaagtcaaa tatgcgaagc ggcttagcat atcacgtaac	2160
ctacttttga acgatgattt agaattttca gatggatttg gagaaaacgg atggacgaca	2220
agtataata tttcaatcca ggcggataat ccccttttta aggggaatta tttaaaaatg	2280
tttggggcaa gagatattga tggaacccta tttccaactt atctctatca aaaaatagat	2340
gagtccaggt taaaaccata tacacgttat cgagtaagag ggtttgtggg aagtagtaaa	2400

aatctaaaat tagtggtaac acgctatgag aaagaaattg atgccattat gaatgttcca 2460

aatgatttgg cacatatgca gcttaaccct tcatgtggag attatcgctg tgaatcatcg 2520

tcccagtttt tggatgaacca agtgcatect acaccaacag ctggatatgc tcttgatatg 2580

tatgcatgcc cgicaagtgc agataaaaaa catattatgt gtcacgatcg tcatccattt 2640

gattttcata ttgacaccgg agaattaaat ccaaacacaa acctgggtat tgatgtcttg 2700

tttaaaattt ctaatccaaa tggatagcgt acattaggga atctagaagt cattgaagaa 2760

ggaccactaa cagatgaagc attggtacat gtaaaacaaa aggaaaagaa atggcgctcag 2820

cacatggaga aaaaacgaat ggaaacacaa caagcctatg atccagcaaa acaagctgta 2880

gatgcattat ttacaaatga acaagagtta gactatcata ctactttaga tcatattcag 2940

aacgccgatc agctggtaca ggcgattccc tatgtacacc atgcttggtt accggatgct 3000

ccaggatga actatgatgt atatcaaggg ttaaaccgac gtatcatgca ggcgtacaat 3060

ttatatgatg cagaaatgt cataataaat ggtgacttta cacaaggact acaaggatgg 3120

cacgcaacag gaaaagcagc ggtacaacaa atagatggag cttcagtatt agttctatca 3180

aactggagtg ccgaggtatc tcagaatctg catgcccaag atcatcatgg atatatgtta 3240

cgtgtgattg caaaaaaga aggtcctgga aaagggtatg taatgatgat ggattttaat 3300

ggaaagcagg aaacacttac gttcacttct tgtgaagaag gatataatac aaaaacaata 3360

gaggtattcc cgaaaagtga tcgaatacga attgaaatgg gagaacaga gggtagcttt 3420

tatgtagata gcatcgagtt gctttgtatg caaggatatg ctacgataa taaccgcac 3480

acgggtaata tgtatgacga aagttataat ggaaattata atcaaaatac tagcgatgtg 3540

tatcaccaag gatataataa caactataac caaaattcta gtagtatgta taatcaaaat 3600

tatattaaca atgatgacct gcattccggt tgcacatgta accaagggca taactctggc 3660

tgtacatgta atcaaggata taaccgttag 3690

<210> 15

<211> 3690

<212> DNA

<213> Artificial

<220><223> Synthetic nucleotide sequence designed for expression in a plant cell encoding TIC867_21.

<400> 15

atgaccagca accgaaagaa cgagaacgag atcatcaacg ccctgtccat accggccgtg 60

tcaaaccact ccgccagat gaacctctcc accgacgca ggatcgagga ctccctctgc 120

atcgccgagg gcaacaacat cgacccgttc gtgtctgcaa gcacgggtcca gaccggcatc	180
aacatcgagg gccgcatcct gggcgtgttc ggcgtgccct tcgagggtca aatcgctctt	240
ttctactcat tctcgtggg cgagctgtgg ccgcgcggac gtgacccgtg ggaaatcttc	300
ctggagcacg ttgagcagct catccggcag caagtgaccg agaacaccag ggacaccgca	360
ctggcacggc tccagggcct tggcaacagc ttccgcgcct accagcagtc gctggaggac	420
tggctggaga accgagacga cgccagaacc cgtcagttc tgtacacaca gtacatcgcc	480
ctagagctgg acttctcaa cgctatgccg ctcttcgcca tccgtaacca ggaagtaccg	540
cttctgatgg tgtacgcaca agcagcgaac ctccatctgc tctgctgcg agacgcattt	600
ctgttcggca gtgagttcgg gctgacgagc caggagatcc agcgtacta cgagcgccaa	660
gtggagaaga ctctgagta cagcgactac tgcgcgcgt ggtacaacac gggttgaac	720
aaccttcgag ggacaaacgc cgaatcctgg ctctgctaca accagttccg ccgcgacctc	780
acgctgggtg tgttgacct ggtcgcgtc ttccgtcct acgacacag ggtgtacca	840
atgaacacga gcgcacagct caccgtgag atctacacag atcccatcgg ccgcaccaac	900
gtcccatggt gcttcgcaag caggaattgg ttcaacaata acgtctcttc ttctctgac	960
atcgaggcgg ctgtcatcag accgcgcac ttactcgatt tcccgagca gtcactatc	1020
ttctctgtgt tgtccgggtg gtcgaacacg cagtacatga actactgggt gggccacagg	1080
ctagagagcc ggaccatccg tggcagttc tcaacctga cccacggcaa cacgaacacg	1140
agcatcaacc ctgtactct ccagtttaca tctaggagc tttacaggac agagtcttc	1200
gctggcatta acattctgtt gaccactccg gtgaacggcg tcccttgggc ccgttcaac	1260
tggaggaatc ctctgaactc actgcgcggc agccttctct aactatcgg ctacaccggc	1320
gttgggagcg aactcttga ctcggagacc gagctgccg ccgagaccac cgagcgccct	1380
aactacgaga gttattcaca caggtctctc aacatccgt tgatttctgg gaacaccttg	1440
cgggctccgg tgtactctg gacgcaccg agcgcgcaca gaactaata catcagctcc	1500
gactcgatca cccagatccc gctgtgaag gtcacacgc ttcagtcggg caccacagtc	1560
gtcaagggcc ctggcttcac cggcggcgac atcctgcgtc gcacatctgg cggacccttc	1620
gccttcagca acgtgaactt ggacttcaat ttgtcacagc ggtatcgtgc cagaatccgg	1680
tacccagca ctacgaacct gcgaatctat gttactgtgg cgggcgagcg gatcttcgcc	1740
gggcaattcg acaagacgat ggacgcggga gcacctctga cattccagtc attctcttac	1800
gccacgatca acacggcatt cacgtttccg gagcgttcca gtagcctgac cgtgggcgt	1860
gatacttca gtagcgggaa cgaggtgtac gttgaccgtt tcgagctgat cccggtcacc	1920

gccaccggga ctaccaccta cgagtacgag gagaagcaga atctcgagaa ggctcagaag 1980

gctctgaacg ctctgttcac tgacgggacc aacggctacc tccagatgga cgccactgac 2040

tacgacatca accagacagc taacctgatt gagtgtgtga gtgacgaact gtacgctaag 2100

gagaagatcg tactcctgga cgaggtgaag tacgctaagc gcctgagcat tagccgtaac 2160

ctgctgtga acgacgatct ggagttcagc gacggctttg gcgagaacgg ctggaccacc 2220

agcgacaaca tctccatcca ggccgacaat ccactcttca aaggcaacta cctcaagatg 2280

ttcggagcca gggacatcga cggcacccctc ttccgacct acctctacca gaagatcgac 2340

gagtcgccgc tcaaacccta caccgcgtac aggtgtgcgc gcttcgtggg cagcagcaag 2400

aacctcaagc tcgtgggtcac acggtatgag aaggagatcg acgccatcat gaacgtgccc 2460

aacgatctcg cccacatgca gctcaatcca tctgtcggcg actaccggtg cgagtccagc 2520

tcccagttcc tcgtgaacca ggtgcacctt actccgaccg ctggtctatgc cctggacatg 2580

tacgcctgcc ctagtctctc cgacaagaag cacatcatgt gccacgaccg tcatccgttc 2640

gacttccaca tcgacaccgg cgaactgaac ccgaacacca acctgggcat cgacgtactg 2700

ttcaagattt ccaacccgaa cgggtacgcc accttgggca acctggaggt catcgaagaa 2760

ggcccgcgtga ccgacgagcg cctggtccac gtcaaacaga aggagaagaa gtggcggcag 2820

cacatggaga agaagcggat ggagactcaa caagcctacg acccgccaa gcaagctgtg 2880

gacgctctgt tcaccaacga gcaagagctt gactaccaca ctactcttga ccacatccag 2940

aatgtgac agcttgtcca ggctattccg tacgtccacc acgcttggct accggacgct 3000

ccaggatga actacgatgt gtaccagggt ctgaacgcgc ggatcatgca agcgtacaac 3060

ctgtacgacg cgcgtaacgt catcatcaac ggtgacttca ctcagggtct tcaaggttgg 3120

cacgcgactg gcaaagcggc agtccagcag attgatggtg cgtctgttct tgtgttgagc 3180

aactggtctg cggagggttc tcagaacctg cagcacagg atcaccacgg ctacatgctg 3240

agggtgattg ctaagaagga gggccctggc aaaggctacg tcatgatgat ggacttcaac 3300

ggaaagcaag aaacctgac ctctactagc tgtgaggagg gctacatcac taagaccatt 3360

gaggtctttc cggagtctga ccgcatccgg atcgagatgg gcgagaccga aggcacgttc 3420

tacgtggact ccatcgaact cctctgcatg caaggctacg cctccgacaa caaccacac 3480

acgggcaaca tgtacgagca gtectacaac gggaactaca accagaacac ctccgatgtg 3540

taccatcagg gctacatcaa caactacaac cagaacagca gcagcatgta caaccagaac 3600

tacatcaaca acgatgactt gcactcgggt tgcacctgca accagggtca caacagtggg 3660

tgccacgtgca accagggata caaccgttga

3690

<210> 16

<211> 1229

<212> PRT

<213> Artificial

<220><223> Amino acid sequence of the chimeric protein variant TIC867_21.

<400> 16

Met Thr Ser Asn Arg Lys Asn Glu Asn Glu Ile Ile Asn Ala Leu Ser

1 5 10 15

Ile Pro Ala Val Ser Asn His Ser Ala Gln Met Asn Leu Ser Thr Asp

20 25 30

Ala Arg Ile Glu Asp Ser Leu Cys Ile Ala Glu Gly Asn Asn Ile Asp

35 40 45

Pro Phe Val Ser Ala Ser Thr Val Gln Thr Gly Ile Asn Ile Ala Gly

50 55 60

Arg Ile Leu Gly Val Leu Gly Val Pro Phe Ala Gly Gln Ile Ala Ser

65 70 75 80

Phe Tyr Ser Phe Leu Val Gly Glu Leu Trp Pro Arg Gly Arg Asp Pro

85 90 95

Trp Glu Ile Phe Leu Glu His Val Glu Gln Leu Ile Arg Gln Gln Val

100 105 110

Thr Glu Asn Thr Arg Asp Thr Ala Leu Ala Arg Leu Gln Gly Leu Gly

115 120 125

Asn Ser Phe Arg Ala Tyr Gln Gln Ser Leu Glu Asp Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Arg Asp Asp Ala Arg Thr Arg Ser Val Leu Tyr Thr Gln Tyr Ile Ala

145 150 155 160

Leu Glu Leu Asp Phe Leu Asn Ala Met Pro Leu Phe Ala Ile Arg Asn

165 170 175

Gln Glu Val Pro Leu Leu Met Val Tyr Ala Gln Ala Ala Asn Leu His

180 185 190

Leu Leu Leu Leu Arg Asp Ala Ser Leu Phe Gly Ser Glu Phe Gly Leu

195 200 205
 Thr Ser Gln Glu Ile Gln Arg Tyr Tyr Glu Arg Gln Val Glu Lys Thr
 210 215 220
 Arg Glu Tyr Ser Asp Tyr Cys Ala Arg Trp Tyr Asn Thr Gly Leu Asn

 225 230 235 240
 Asn Leu Arg Gly Thr Asn Ala Glu Ser Trp Leu Arg Tyr Asn Gln Phe
 245 250 255
 Arg Arg Asp Leu Thr Leu Gly Val Leu Asp Leu Val Ala Leu Phe Pro
 260 265 270
 Ser Tyr Asp Thr Arg Val Tyr Pro Met Asn Thr Ser Ala Gln Leu Thr
 275 280 285
 Arg Glu Ile Tyr Thr Asp Pro Ile Gly Arg Thr Asn Ala Pro Ser Gly

 290 295 300
 Phe Ala Ser Thr Asn Trp Phe Asn Asn Asn Ala Pro Ser Phe Ser Ala
 305 310 315 320
 Ile Glu Ala Ala Val Ile Arg Pro Pro His Leu Leu Asp Phe Pro Glu
 325 330 335
 Gln Leu Thr Ile Phe Ser Val Leu Ser Arg Trp Ser Asn Thr Gln Tyr
 340 345 350
 Met Asn Tyr Trp Val Gly His Arg Leu Glu Ser Arg Thr Ile Arg Gly

 355 360 365
 Ser Leu Ser Thr Ser Thr His Gly Asn Thr Asn Thr Ser Ile Asn Pro
 370 375 380
 Val Thr Leu Gln Phe Thr Ser Arg Asp Val Tyr Arg Thr Glu Ser Phe
 385 390 395 400
 Ala Gly Ile Asn Ile Leu Leu Thr Thr Pro Val Asn Gly Val Pro Trp
 405 410 415
 Ala Arg Phe Asn Trp Arg Asn Pro Leu Asn Ser Leu Arg Gly Ser Leu

 420 425 430
 Leu Tyr Thr Ile Gly Tyr Thr Gly Val Gly Thr Gln Leu Phe Asp Ser
 435 440 445

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

690 695 700
 Leu Leu Asp Glu Val Lys Tyr Ala Lys Arg Leu Ser Ile Ser Arg Asn
 705 710 715 720
 Leu Leu Leu Asn Asp Asp Leu Glu Phe Ser Asp Gly Phe Gly Glu Asn
 725 730 735
 Gly Trp Thr Thr Ser Asp Asn Ile Ser Ile Gln Ala Asp Asn Pro Leu

 740 745 750
 Phe Lys Gly Asn Tyr Leu Lys Met Phe Gly Ala Arg Asp Ile Asp Gly
 755 760 765
 Thr Leu Phe Pro Thr Tyr Leu Tyr Gln Lys Ile Asp Glu Ser Arg Leu
 770 775 780
 Lys Pro Tyr Thr Arg Tyr Arg Val Arg Gly Phe Val Gly Ser Ser Lys
 785 790 795 800
 Asn Leu Lys Leu Val Val Thr Arg Tyr Glu Lys Glu Ile Asp Ala Ile

 805 810 815
 Met Asn Val Pro Asn Asp Leu Ala His Met Gln Leu Asn Pro Ser Cys
 820 825 830
 Gly Asp Tyr Arg Cys Glu Ser Ser Ser Gln Phe Leu Val Asn Gln Val
 835 840 845
 His Pro Thr Pro Thr Ala Gly Tyr Ala Leu Asp Met Tyr Ala Cys Pro
 850 855 860
 Ser Ser Ser Asp Lys Lys His Ile Met Cys His Asp Arg His Pro Phe

 865 870 875 880
 Asp Phe His Ile Asp Thr Gly Glu Leu Asn Pro Asn Thr Asn Leu Gly
 885 890 895
 Ile Asp Val Leu Phe Lys Ile Ser Asn Pro Asn Gly Tyr Ala Thr Leu
 900 905 910
 Gly Asn Leu Glu Val Ile Glu Glu Gly Pro Leu Thr Asp Glu Ala Leu
 915 920 925
 Val His Val Lys Gln Lys Glu Lys Lys Trp Arg Gln His Met Glu Lys

 930 935 940

Lys Arg Met Glu Thr Gln Gln Ala Tyr Asp Pro Ala Lys Gln Ala Val
 945 950 955 960
 Asp Ala Leu Phe Thr Asn Glu Gln Glu Leu Asp Tyr His Thr Thr Leu
 965 970 975
 Asp His Ile Gln Asn Ala Asp Gln Leu Val Gln Ala Ile Pro Tyr Val
 980 985 990
 His His Ala Trp Leu Pro Asp Ala Pro Gly Met Asn Tyr Asp Val Tyr

 995 1000 1005
 Gln Gly Leu Asn Ala Arg Ile Met Gln Ala Tyr Asn Leu Tyr Asp
 1010 1015 1020
 Ala Arg Asn Val Ile Ile Asn Gly Asp Phe Thr Gln Gly Leu Gln
 1025 1030 1035
 Gly Trp His Ala Thr Gly Lys Ala Ala Val Gln Gln Ile Asp Gly
 1040 1045 1050
 Ala Ser Val Leu Val Leu Ser Asn Trp Ser Ala Glu Val Ser Gln

 1055 1060 1065
 Asn Leu His Ala Gln Asp His His Gly Tyr Met Leu Arg Val Ile
 1070 1075 1080
 Ala Lys Lys Glu Gly Pro Gly Lys Gly Tyr Val Met Met Met Asp
 1085 1090 1095
 Phe Asn Gly Lys Gln Glu Thr Leu Thr Phe Thr Ser Cys Glu Glu
 1100 1105 1110
 Gly Tyr Ile Thr Lys Thr Ile Glu Val Phe Pro Glu Ser Asp Arg

 1115 1120 1125
 Ile Arg Ile Glu Met Gly Glu Thr Glu Gly Thr Phe Tyr Val Asp
 1130 1135 1140
 Ser Ile Glu Leu Leu Cys Met Gln Gly Tyr Ala Ser Asp Asn Asn
 1145 1150 1155
 Pro His Thr Gly Asn Met Tyr Glu Gln Ser Tyr Asn Gly Asn Tyr
 1160 1165 1170
 Asn Gln Asn Thr Ser Asp Val Tyr His Gln Gly Tyr Ile Asn Asn

1175 1180 1185
Tyr Asn Gln Asn Ser Ser Ser Met Tyr Asn Gln Asn Tyr Ile Asn
1190 1195 1200
Asn Asp Asp Leu His Ser Gly Cys Thr Cys Asn Gln Gly His Asn
1205 1210 1215
Ser Gly Cys Thr Cys Asn Gln Gly Tyr Asn Arg
1220 1225
<210> 17
<211> 3432
<212> DNA
<213> Artificial
<220><223> Recombinant nucleotide sequence used for expression in a

bacterial cell encoding TIC867_22.

<400> 17
atgacttcaa ataggaaaa tgagaatgaa attataaatg ctttatcgat tccagctgta 60
tcgaatcatt ccgcacaaat gaatctatca accgatgctc gtattgagga tagcttgtgt 120
atagccgagg ggaacaatat cgatccattt gttagcgcac caacagtcca aacgggtatt 180
aacatagctg gtagaatact aggtgtattt ggctgtaccgt ttgctggaca aatagctagt 240
ttttatagtt ttcttgttgg tgaattatgg ccccgcgga gagatccttg ggaaattttc 300
ctagaacatg tcgaacaact tataagacaa caagtaacag aaaatactag ggatacggct 360

cttgctcgat tacaaggttt aggaaattcc tttagagcct atcaacagtc acttgaagat 420
tggctagaaa accgtgatga tgcaagaacg agaagtgttc tttataacca atatatagcc 480
ttagaacttg attttcttaa tgcgatgccg cttttcgcaa ttagaaacca agaagttcca 540
ttattaatgg tatatgctca agctgcaaat ttacacctat tattattgag agatgcctct 600
ctttttggta gtgaatttgg gcttacatcc caagaaattc aacgttatta tgagcgccaa 660
gtggaaaaaa cgagagaata ttctgattat tgcgcaagat ggtataatac gggtttaaat 720
aatattgagag ggacaaatgc tgaaagttgg ttgcgatata atcaattccg tagagactta 780

acgctaggag tattagatct agtggcacta ttcccaagct atgacacgcg tgtttatcca 840
atgaatacca gtgctcaatt aacaagagaa atttatacag atccaattgg gagaacaaat 900
gcaccttcag gatttgcaag tacgaattgg ttaataata atgcaccatc gttttctgcc 960
atagaggctg ccgttattag gcctccgcat ctacttgatt ttccagaaca gcttacaatt 1020
ttcagcgtat taagtcgatg gagtaatact caatatatga attactgggt gggacataga 1080

cttgaatcgc gaacaataag ggggtcatta agtacctcga cacacggaaa taccaataact	1140
tctattaatc ctgtaacatt acagttcaca tctcgagacg tttatagaac agaatcattt	1200
gcagggataa atatacttct aactactcct gtgaatggag taccttgggc tagatttaat	1260
tggagaaatc ccctgaattc tcttagaggt agccttctct atactatagg gtatactgga	1320
gtggggacac aactatttga ttcagaaact gaattaccac cagaacaac agaacgacca	1380
aattatgaat cttacagtca tagattatct aatataagac taatatcagg aaacactttg	1440
agagcaccag tatattcttg gacgcaccgt agtgcagatc gtacaaatac cattagtcca	1500
gatagcatta cacaaatacc attggttaaag gcgcataccc tccaatcggg taccactgta	1560
gtaaaagggc cagggtttac aggaggggat atcctccgtc gaacaagtgg aggaccattt	1620
gcttttagta atgttaatct agattttaac ttgtcacaaa ggtatcgtgc tagaattcgt	1680
tatgcctcta ctactaacct aagaatttac gtaacggttg caggtgaacg aatttttgct	1740
ggtcaatttg aaaaaactat ggatgctggt gccccattaa cattccaatc ttttagttac	1800
gcaactatta atacagcttt tacattccca gaaagatcga gcagcttgac ttaggtgcc	1860
gatacgttta gttcaggtaa tgaagtttat gtagatagat ttgaattaat cccagttact	1920
gcaaccaatc cgacgcgaga ggcggaagag gatctagaag cagcgaagaa agcggtggcg	1980
agcttgttta cacgtacaag ggacggatta caagtaaatg tgacagatta tcaagtcgat	2040
caagcggcaa atttagtgtc atgcttatca gatgaacaat atgggcatga caaaaagatg	2100
ttattggaag cggtgaagc ggcaaacgc ctacgagcag aacgcaactt acttcaggat	2160
ccagatttta atacaatcaa tagtacagaa gaaaatggat ggaaagcaag taacggcgtt	2220
actattagcg agggcgggcc attctataaa ggccgtgcgc ttcagctagc aagcgcaaga	2280
gaaaattacc caacatacat ttatcaaaaa gtaaatgcat cagagttaaa gccgtataca	2340
cgttatagac tggatgggtt cgtgaagagt agtcaagatt tagaaattga tctcattcac	2400
catcataaag tccatctcgt gaaaaatgta ccagataatt tagtatccga tacttactcg	2460
gatggttctt gcagtggaat gaatcgatgt gaggaacaac agatggtaaa tgcgcaactg	2520
gaaacagaac atcatcatcc gatggattgc tgtgaagcgg ctcaaacaca tgagttttct	2580
tcctatatta atacaggcga tctaaattca agttagatc aaggcatttg gtttgtattg	2640
aaagttcgaa caaccgatgg ttatgcgacg ctaggaaatc ttgaattggt agaggtcgga	2700
ccgttatcgg gtgaatctct agaacgtgaa caaagggata atgcgaaatg gagtgcagag	2760
ctaggaagaa agcgtgcaga aacagatcgc gtgtatcaag atgccaacaa atccatcaat	2820

catttatattg tggattatca agatcaacaa ttaaattccag aaatagggat ggcagatatt 2880

attgacgctc aaaatcttgt cgcatacaatt tcagatgtgt atagcgatgc agtactgcaa 2940

atccctggaa ttaactatga gatttacaca gagctatcca atcgcttaca acaagcatcg 3000

tatctgtata cgctcgaag tgcggtgcaa aatggggact ttaacagcgg tctagatagt 3060

tggaatgcaa cagggggggc tacggtacaa caggatggca atacgcatct cttagtctct 3120

tctcattggg atgcacaagt ttctcaacaa tttagagtgc agccgaattg taaatatgta 3180

ttacgtgtaa cagcagagaa agtaggcggc ggagacggat acgtgacaat ccgggatggg 3240

gctcatcata cagaaaagct tacatttaat gcatgtgatt atgatataaa tggcacgtac 3300

gtgactgata atacgtatct aacaaaagaa gtggtattct attcacatac agaacacatg 3360

tgggtagagg taagtgaac agaagggtgca ttcatatag atagtattga attcgttgaa 3420

acagaaaagt ag 3432

<210> 18

<211> 3432

<212> DNA

<213> Artificial

<220><223> Synthetic nucleotide sequence designed for expression in a plant cell encoding TIC867_22.

<400> 18

atgaccagca accgaaagaa cgagaacgag atcatcaacg ccctgtccat accggccgtg 60

tcaaaccact ccgcccagat gaacctctcc accgacgca ggatcgagga ctccctctgc 120

atcgccgagg gcaacaacat cgaccgttc gtgtctgcaa gcacggtcca gaccgcatc 180

aacatcgagg gccgcatcct gggcgtgctc ggcgtgccct tcgcggtgca aatcgctct 240

ttctactcat tctcgtggg cgagctgtgg ccgcgggac gtgaccgtg ggaaatcttc 300

ctggagcagc ttgagcagc catccggcag caagtaccg agaacaccag ggacaccgca 360

ctggcacggc tccagggcct tggcaacagc ttccgcccct accagcagtc gctggaggac 420

tggctggaga accgagacga cgccagaacc cgctcagttc tgtacacaca gtacatcgcc 480

ctagagctgg acttctcaa cgctatgccg ctcttcgcca tccgtaacca ggaagtaccg 540

cttctgatgg tgiacgcaca agcagcgaac ctccatctgc tccgtctgcg agacgcatct 600

ctgttcggca gtgagttcgg gctgacgagc caggagatcc agcgtacta cgagcgccaa 660

gtggagaaga ctctgtagta cagcgactac tgcgcgcgt ggtacaacac gggcttgaac 720

aaccttcgca ggacaaacgc cgaatcctgg ctctcgtaca accagttccg ccgcgacctc 780

acgctgggtg tgctggacct ggtcgcgctc ttcccgtcct acgacacacg ggtgtaccca	840
atgaacacga gcgcacagct caccctgag atctacacag atcccatcgg ccgcaccaac	900
gctcccagtg gcttcgcaag cacgaattgg ttcaacaata acgctccttc tttctctgcc	960
atcgaggcgg ctgtcatcag accgccgcac ttactcgatt tcccggagca gctcactatc	1020
ttctctgtgt tgtcccgtg gtcgaacacg cagtacatga actactgggt gggccacagg	1080
ctagagagcc ggaccatccg tggcagtcct tcaacctga cccacggcaa cacgaacacg	1140
agcatcaacc ctgtcactct ccagittaca tctaggagc tttacaggac agagtcgttc	1200
gctggcatta acattctgtt gaccactccg gtgaacggcg tcccttgggc ccgcttcaac	1260
tggaggaatc ctctgaactc actgcgcggc agccttctct aactatcgg ctacaccggc	1320
gttgggacgc aactcttcga ctcgagacc gagctgccgc ccgagaccac cgagcggcct	1380
aactacgaga gttattcaca caggtctctc aacatccgt tgatttctgg gaacaccttg	1440
cgggctccgg tgiactctg gacgcaccgc agcgcgcaca gaactaatac catcagctcc	1500
gactcgatca ccagatccc gctggtgaag gctcacacgc ttcagtcggg caccacagtc	1560
gtcaagggcc ctggcttcac cggcggcgac atcctgcgtc gcacatctgg cggacccttc	1620
gccttcagca acgtgaactt ggacttcaat ttgtcacagc ggtatcgtgc cagaatccgg	1680
tacgccagca ctacgaacct gcgaatctat gttactgtgg cgggcgagcg gatcttcgcc	1740
gggcaattcg acaagacgat ggacgcggga gcacctctga cattccagtc attctcttac	1800
gccacgatca acacggcatt cacgtttccg gagcgttcca gtagcctgac cgtgggcgct	1860
gatacttca gtagcgggaa cgaggtgtac gttgaccgtt tcgagctgat cccggtcacc	1920
gccaccaacc cgacgcggga agctgaggaa gacttggaag ccgccaagaa agcggtcgcc	1980
agcctgttta ctcgacgcg ggacgggctc caagtgaatg tgacggacta tcaagtggat	2040
caggccgcta acctcgtgtc atgcctgagc gacgagcagt acggtcacga caagaaaatg	2100
ctgctggagg ccgtccgggc cgccaagcgg ctgtccaggg agcgtaacct gctacaagat	2160
cccgacttta acacgatcaa cagcacagag gagaatggct ggaaggccag caacggagtt	2220
acgataagcg agggcgggcc gttctacaag ggtcgtgccc tccagctcgc ctctgcaagg	2280
gagaactatc caacctacat ctatcagaag gtgaacgcat ccgagcttaa gccctacaca	2340
cgctaccgcc tggacgggtt cgtaaagtcc agtcaagacc tagagataga cctcatccac	2400
caccacaaag tgcatctggt caagaacgtt cccgataatc tcgtgagcga tacctactca	2460
gacggctcat gctctggcat gaacagatgt gaggagcaac agatgggttaa tgctcaactc	2520
gaaaccgagc atcatcatcc tatggattgc tgcgaggccg cgcagacca tgagttcagc	2580

tcttacatca acaccggaga cctcaacagt agcgtggatc agggaaattg ggtggtgctt 2640

aaagtgcgta caaccgacgg ctacgccacc ctcggaacc ttgagcttgt cgaggtcgga 2700

ccacttagcg gcgagtcctt ggaacgtgag cagcgggaca acgccaatg gagcgagag 2760

ctagggcgca aacgcgcgga gacggaccgg gtttatcagg acgcgaagca gtccatcaat 2820

cacctcttcg tggattatca ggaccagcag cttaatccag agatcgcat gcccgacatc 2880

atcgacgcc agaacctagt agcgtcgatt tccgatgtct attccgacgc cgtgcttcaa 2940

atactggca tcaactacga gatctacaca gatttgtcca acaggctcca gcaagcgtca 3000

tacctctaca ccagccgcaa cgccgtccag aatggcgact tcaattccgg actagactcc 3060

tggaacgcca cgggcggagc tacggtgcaa caagacggca acaccactt cctcgtactt 3120

agccactggg acgtcaagt gattcagcaa ttccgggttc agccgaactg caagtacgtc 3180

ctgcgcgtaa cggccgagaa ggttggaggc ggagacggct acgttaccat ccgcgacggc 3240

gtcaccaca ccgagaaact gacgttcaac gcttgtgact acgacatcaa cggcacttac 3300

gtgacggaca acacctacct gacgaaggag gtggtgttct attctcacac cgagcacatg 3360

tgggttgagg tcagcgagac cgaggagacc ttccacattg acagcatcga gttcgtggag 3420

actgagaagt ga 3432

<210> 19

<211> 1143

<212> PRT

<213> Artificial

<220><223> Amino acid sequence of the chimeric protein variant TIC867_22.

<400> 19

Met Thr Ser Asn Arg Lys Asn Glu Asn Glu Ile Ile Asn Ala Leu Ser

1 5 10 15

Ile Pro Ala Val Ser Asn His Ser Ala Gln Met Asn Leu Ser Thr Asp

20 25 30

Ala Arg Ile Glu Asp Ser Leu Cys Ile Ala Glu Gly Asn Asn Ile Asp

35 40 45

Pro Phe Val Ser Ala Ser Thr Val Gln Thr Gly Ile Asn Ile Ala Gly

50 55 60

Arg Ile Leu Gly Val Leu Gly Val Pro Phe Ala Gly Gln Ile Ala Ser

65 70 75 80

Phe Tyr Ser Phe Leu Val Gly Glu Leu Trp Pro Arg Gly Arg Asp Pro
 85 90 95
 Trp Glu Ile Phe Leu Glu His Val Glu Gln Leu Ile Arg Gln Gln Val
 100 105 110

 Thr Glu Asn Thr Arg Asp Thr Ala Leu Ala Arg Leu Gln Gly Leu Gly
 115 120 125
 Asn Ser Phe Arg Ala Tyr Gln Gln Ser Leu Glu Asp Trp Leu Glu Asn
 130 135 140
 Arg Asp Asp Ala Arg Thr Arg Ser Val Leu Tyr Thr Gln Tyr Ile Ala
 145 150 155 160
 Leu Glu Leu Asp Phe Leu Asn Ala Met Pro Leu Phe Ala Ile Arg Asn
 165 170 175

 Gln Glu Val Pro Leu Leu Met Val Tyr Ala Gln Ala Ala Asn Leu His
 180 185 190
 Leu Leu Leu Leu Arg Asp Ala Ser Leu Phe Gly Ser Glu Phe Gly Leu
 195 200 205
 Thr Ser Gln Glu Ile Gln Arg Tyr Tyr Glu Arg Gln Val Glu Lys Thr
 210 215 220
 Arg Glu Tyr Ser Asp Tyr Cys Ala Arg Trp Tyr Asn Thr Gly Leu Asn
 225 230 235 240

 Asn Leu Arg Gly Thr Asn Ala Glu Ser Trp Leu Arg Tyr Asn Gln Phe
 245 250 255
 Arg Arg Asp Leu Thr Leu Gly Val Leu Asp Leu Val Ala Leu Phe Pro
 260 265 270
 Ser Tyr Asp Thr Arg Val Tyr Pro Met Asn Thr Ser Ala Gln Leu Thr
 275 280 285
 Arg Glu Ile Tyr Thr Asp Pro Ile Gly Arg Thr Asn Ala Pro Ser Gly
 290 295 300

 Phe Ala Ser Thr Asn Trp Phe Asn Asn Asn Ala Pro Ser Phe Ser Ala
 305 310 315 320
 Ile Glu Ala Ala Val Ile Arg Pro Pro His Leu Leu Asp Phe Pro Glu

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

Arg Ile Phe Ala Gly Gln Phe Asp Lys Thr Met Asp Ala Gly Ala Pro
580 585 590

Leu Thr Phe Gln Ser Phe Ser Tyr Ala Thr Ile Asn Thr Ala Phe Thr
595 600 605

Phe Pro Glu Arg Ser Ser Ser Leu Thr Val Gly Ala Asp Thr Phe Ser
610 615 620

Ser Gly Asn Glu Val Tyr Val Asp Arg Phe Glu Leu Ile Pro Val Thr
625 630 635 640

Ala Thr Asn Pro Thr Arg Glu Ala Glu Glu Asp Leu Glu Ala Ala Lys
645 650 655

Lys Ala Val Ala Ser Leu Phe Thr Arg Thr Arg Asp Gly Leu Gln Val
660 665 670

Asn Val Thr Asp Tyr Gln Val Asp Gln Ala Ala Asn Leu Val Ser Cys
675 680 685

Leu Ser Asp Glu Gln Tyr Gly His Asp Lys Lys Met Leu Leu Glu Ala
690 695 700

Val Arg Ala Ala Lys Arg Leu Ser Arg Glu Arg Asn Leu Leu Gln Asp
705 710 715 720

Pro Asp Phe Asn Thr Ile Asn Ser Thr Glu Glu Asn Gly Trp Lys Ala
725 730 735

Ser Asn Gly Val Thr Ile Ser Glu Gly Gly Pro Phe Tyr Lys Gly Arg
740 745 750

Ala Leu Gln Leu Ala Ser Ala Arg Glu Asn Tyr Pro Thr Tyr Ile Tyr
755 760 765

Gln Lys Val Asn Ala Ser Glu Leu Lys Pro Tyr Thr Arg Tyr Arg Leu
770 775 780

Asp Gly Phe Val Lys Ser Ser Gln Asp Leu Glu Ile Asp Leu Ile His
785 790 795 800

His His Lys Val His Leu Val Lys Asn Val Pro Asp Asn Leu Val Ser
805 810 815

Asp Thr Tyr Ser Asp Gly Ser Cys Ser Gly Met Asn Arg Cys Glu Glu

820	825	830	
Gln Gln Met Val Asn Ala Gln Leu Glu Thr Glu His His His Pro Met			
835	840	845	
Asp Cys Cys Glu Ala Ala Gln Thr His Glu Phe Ser Ser Tyr Ile Asn			
850	855	860	
Thr Gly Asp Leu Asn Ser Ser Val Asp Gln Gly Ile Trp Val Val Leu			
865	870	875	880
Lys Val Arg Thr Thr Asp Gly Tyr Ala Thr Leu Gly Asn Leu Glu Leu			
885	890	895	
Val Glu Val Gly Pro Leu Ser Gly Glu Ser Leu Glu Arg Glu Gln Arg			
900	905	910	
Asp Asn Ala Lys Trp Ser Ala Glu Leu Gly Arg Lys Arg Ala Glu Thr			
915	920	925	
Asp Arg Val Tyr Gln Asp Ala Lys Gln Ser Ile Asn His Leu Phe Val			
930	935	940	
Asp Tyr Gln Asp Gln Gln Leu Asn Pro Glu Ile Gly Met Ala Asp Ile			
945	950	955	960
Ile Asp Ala Gln Asn Leu Val Ala Ser Ile Ser Asp Val Tyr Ser Asp			
965	970	975	
Ala Val Leu Gln Ile Pro Gly Ile Asn Tyr Glu Ile Tyr Thr Glu Leu			
980	985	990	
Ser Asn Arg Leu Gln Gln Ala Ser Tyr Leu Tyr Thr Ser Arg Asn Ala			
995	1000	1005	
Val Gln Asn Gly Asp Phe Asn Ser Gly Leu Asp Ser Trp Asn Ala			
1010	1015	1020	
Thr Gly Gly Ala Thr Val Gln Gln Asp Gly Asn Thr His Phe Leu			
1025	1030	1035	
Val Leu Ser His Trp Asp Ala Gln Val Ser Gln Gln Phe Arg Val			
1040	1045	1050	
Gln Pro Asn Cys Lys Tyr Val Leu Arg Val Thr Ala Glu Lys Val			
1055	1060	1065	

Gly Gly Gly Asp Gly Tyr Val Thr Ile Arg Asp Gly Ala His His	
1070	1075 1080
Thr Glu Lys Leu Thr Phe Asn Ala Cys Asp Tyr Asp Ile Asn Gly	
1085	1090 1095
Thr Tyr Val Thr Asp Asn Thr Tyr Leu Thr Lys Glu Val Val Phe	
1100	1105 1110
Tyr Ser His Thr Glu His Met Trp Val Glu Val Ser Glu Thr Glu	
1115	1120 1125

Gly Ala Phe His Ile Asp Ser Ile Glu Phe Val Glu Thr Glu Lys	
1130	1135 1140

<210> 20

<211> 3696

<212> DNA

<213> Artificial

<220><223> Synthetic nucleotide sequence designed for expression in a plant cell encoding TIC867_23.

<400> 20

atgaccagca accgaaagaa cgagaacgag atcatcaacg cccgtccat accggccgtg	60
tcaaaccact ccgccagat gaacctctcc accgacgca ggatcgagga ctccctctgc	120
atgccgagg gcaacaacat cgaccgttc gtgtctgcaa gcacgggtcca gaccggcatc	180

aacatcgagg gccgcatcct gggcgtgctc ggcggtgcct tcgcggtca aatcgctct	240
ttctactcat tctcgtggg cgagctgtgg ccgcgcgac gtgacccgtg ggaaatcttc	300
ctggagcacg ttgagcagct catccggcag caagtgaccg agaacaccag ggacaccgca	360
ctggcacggc tccaggcct tggcaacagc ttccgcgcct accagcagtc gctggaggac	420
tggctggaga accgagacga cgccagaacc cgtcagttc tgtacacaca gtacatgcc	480
ctagagctgg acttctcaa cgctatgccg ctcttcgcca tccgtaacca ggaagtaccg	540
cttctgatgg tgtacgcaca agcagcgaac ctccatctgc tctgctgcg agacgcatt	600

ctgttcggca gtgagttcgg gctgacgagc caggagatcc agcgtacta cgagcgccaa	660
gtggagaaga ctctgagta cagcgactac tgcgcgcgt ggtacaacac gggttgaac	720
aaccttcgag ggacaaacgc cgaatcctgg ctctgctaca accagttccg ccgcgacctc	780
acgctgggtg tgctggacct ggtcgcgctc ttcccgtcct acgacacag ggtgtacca	840
atgaacacga gcgcacagct caccgtgag atctacacag atcccatcgg ccgcaccaac	900

gctcccagtg gcttcgcaag cacgaattgg ttcaacaata acgtccttc tttctctgcc 960
atcgaggccg ctgtcatcag accgccgcac ttactcgatt tcccggagca gctcactatc 1020

ttctctgtgt tgtcccggtg gtcgaacacg cagtacatga actactgggt gggccacagg 1080
ctagagagcc ggaccatccg tggcagtcct tcaacctcga cccacggcaa cacgaacacg 1140
agcatcaacc ctgtcactct ccagtttaca tctaggagac ttacaggac agagtcgttc 1200
gctggcatta acattctgtt gaccactccg gtgaacggcg tcccttgggc ccgcttcaac 1260
tggaggaatc ctctgaactc actgcgcggc agccttctct aactatcgg ctacaccggc 1320
gttgggacgc aactcttcga ctcgagacc gagctgccgc ccgagaccac cgagcggcct 1380
aactacgaga gttattcaca caggctctcc aacatccgct tgatttctgg gaacaccttg 1440

cgggctccgg tgtactcctg gacgcaccgc agcgcgcaca gaactaatac catcagctcc 1500
gactcgatca cccagatccc gctggtgaag gctcacacgc ttcagtcggg caccacagtc 1560
gtcaagggcc ctggcttcac cggcggcgac atcctgcgtc gcacatctgg cggacccttc 1620
gccttcagca acgtgaactt ggacttcaat ttgtcacagc ggtatcgtgc cagaatccgg 1680
tacgccagca ctacgaacct gcgaatctat gttactgtgg cgggcgagcg gatcttcgcc 1740
gggcaattcg acaagacgat ggacgcggga gcacctctga cattccagtc attctcttac 1800
gccacgatca acacggcatt cacgtttccg gagcgttcca gtagcctgac cgtgggcgct 1860

gataccttca gtagcgggaa cgagggtgtac gttgaccgtt tcgagctgat cccggtcacc 1920
gccaccacgg cgaccttcga ggcggagtat gacttggagc gggctcagga ggccgtcaac 1980
gcgctgttca caaacaccaa tctcgcgcgc ctcaagacgg gtgtgactga ttaccacatt 2040
gacgaggctt ccaacttggc cgcgtgtctg tccgatgagt tctgcctgga cgagaagcgg 2100
gaactgctgg agaaggtcaa gtacgccaag cgcctctccg acgaaaggaa cctcctccaa 2160
gateccaact ttacttccat taacaagcag ccggacttca tctccaccaa cgagcagtec 2220
aacttcacct caatccagca gcagtcggag cacgggtggc ggggcagcga gaacatcacc 2280

atccaagagg gcaacgacgt cttcaaggag aactacgtga tctgccccg caccttcaac 2340
gagtgttacc cgacctatct ctaccagaag attggcgaag cggaactcaa ggcttacacc 2400
cgttaccaac tgagtggcta cattgaggac tcacaagacc tggaatcta cctgatccgc 2460
tacaacgcca agcacgagac cctcgactg cctggcacgg agtccgtctg gcccttgagc 2520
gtggagtctc ctatcggtcg ttgcggcgag cccaatcgct gcgctccga ctttgagtgg 2580
aatcctgatt tggattgctc ctgccgagac ggtgagaaat gcgccacca ctgcaccac 2640

ttcagcctag acatcgacgt gggctgcatc gacctgcacg agaacttggg cgtctgggtc 2700

gigttaaga tcaagacaca ggagggccat gctcggcttg ggaacctgga gttcatcgag 2760

gagaagccac tgctgggtga agccttgtca cgggtgaaac gcgccgagaa gaagtggcgg 2820

gacaaacggg agaagctcca gttggagaca aagcgtgtgt acacagaggc caaggaggcc 2880

gtggatgcct tgttcgtgga cagtcagtac gacaggctgc aagcggacac caacatcggg 2940

atgatccacg cgctgataa gcttgttcac agaatccgcg aggcgtacct gtcagagctt 3000

agcgtgatcc caggcgtcaa cgccgaaatc ttcaggaac tggagggccg cattatcacg 3060

gcaatctcac tttatgacgc gaggaatgtg gtcaagaacg gtgacttcaa caacggcttg 3120

gcgtgttggg acgttaaagg gcacgtggat gtacaacagt cacaccacag aagtgtcttg 3180

gtcatcccgg agtgggaggc ggaagtgagc caggccgtcc gggtctgccc tgggcgcggt 3240

tacatcctcc gcgtgacagc gtacaaggag ggctacggtg agggctgcgt gacgatccac 3300

gagattgaga acaacacgga cgagcttaag ttcaagaact gcgaggagga ggaagtgtac 3360

ccgacagaca ccggcacctg caacgactac accgccacc aagggaccgc cgcctgcaac 3420

agccgcaacg cgggctatga agatgcgtac gaggttgata ccaccgcctc agtgaactac 3480

aaaccgactt atgaggagga gacatacacg gacgtcaggc gcgacaacca ttgtgagtac 3540

gaccgtggct acgtgaacta tccgccggtg ccagcgggct acatgacgaa ggagctagaa 3600

tacttcctg agacggacaa ggtgtggatt gaaatcggcg agaccgaggg caagtttacc 3660

gtggattctg tcgagctgct gctaattggag gagtag 3696

<210> 21

<211> 1231

<212> PRT

<213> Artificial

<220><223> Amino acid sequence of the chimeric protein variant TIC867_23.

<400> 21

Met Thr Ser Asn Arg Lys Asn Glu Asn Glu Ile Ile Asn Ala Leu Ser

1 5 10 15

Ile Pro Ala Val Ser Asn His Ser Ala Gln Met Asn Leu Ser Thr Asp

20 25 30

Ala Arg Ile Glu Asp Ser Leu Cys Ile Ala Glu Gly Asn Asn Ile Asp

35 40 45

Pro Phe Val Ser Ala Ser Thr Val Gln Thr Gly Ile Asn Ile Ala Gly

50 55 60
 Arg Ile Leu Gly Val Leu Gly Val Pro Phe Ala Gly Gln Ile Ala Ser
 65 70 75 80
 Phe Tyr Ser Phe Leu Val Gly Glu Leu Trp Pro Arg Gly Arg Asp Pro

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

 145 150 155 160
 Leu Glu Leu Asp Phe Leu Asn Ala Met Pro Leu Phe Ala Ile Arg Asn
 165 170 175
 Gln Glu Val Pro Leu Leu Met Val Tyr Ala Gln Ala Ala Asn Leu His
 180 185 190
 Leu Leu Leu Leu Arg Asp Ala Ser Leu Phe Gly Ser Glu Phe Gly Leu
 195 200 205
 Thr Ser Gln Glu Ile Gln Arg Tyr Tyr Glu Arg Gln Val Glu Lys Thr

 210 215 220
 Arg Glu Tyr Ser Asp Tyr Cys Ala Arg Trp Tyr Asn Thr Gly Leu Asn
 225 230 235 240
 Asn Leu Arg Gly Thr Asn Ala Glu Ser Trp Leu Arg Tyr Asn Gln Phe
 245 250 255
 Arg Arg Asp Leu Thr Leu Gly Val Leu Asp Leu Val Ala Leu Phe Pro
 260 265 270
 Ser Tyr Asp Thr Arg Val Tyr Pro Met Asn Thr Ser Ala Gln Leu Thr

 275 280 285
 Arg Glu Ile Tyr Thr Asp Pro Ile Gly Arg Thr Asn Ala Pro Ser Gly
 290 295 300

Phe Ala Ser Thr Asn Trp Phe Asn Asn Asn Ala Pro Ser Phe Ser Ala
 305 310 315 320
 Ile Glu Ala Ala Val Ile Arg Pro Pro His Leu Leu Asp Phe Pro Glu
 325 330 335
 Gln Leu Thr Ile Phe Ser Val Leu Ser Arg Trp Ser Asn Thr Gln Tyr

 340 345 350
 Met Asn Tyr Trp Val Gly His Arg Leu Glu Ser Arg Thr Ile Arg Gly
 355 360 365
 Ser Leu Ser Thr Ser Thr His Gly Asn Thr Asn Thr Ser Ile Asn Pro
 370 375 380
 Val Thr Leu Gln Phe Thr Ser Arg Asp Val Tyr Arg Thr Glu Ser Phe
 385 390 395 400
 Ala Gly Ile Asn Ile Leu Leu Thr Thr Pro Val Asn Gly Val Pro Trp

 405 410 415
 Ala Arg Phe Asn Trp Arg Asn Pro Leu Asn Ser Leu Arg Gly Ser Leu
 420 425 430
 Leu Tyr Thr Ile Gly Tyr Thr Gly Val Gly Thr Gln Leu Phe Asp Ser
 435 440 445
 Glu Thr Glu Leu Pro Pro Glu Thr Thr Glu Arg Pro Asn Tyr Glu Ser
 450 455 460
 Tyr Ser His Arg Leu Ser Asn Ile Arg Leu Ile Ser Gly Asn Thr Leu

 465 470 475 480
 Arg Ala Pro Val Tyr Ser Trp Thr His Arg Ser Ala Asp Arg Thr Asn
 485 490 495
 Thr Ile Ser Ser Asp Ser Ile Thr Gln Ile Pro Leu Val Lys Ala His
 500 505 510
 Thr Leu Gln Ser Gly Thr Thr Val Val Lys Gly Pro Gly Phe Thr Gly
 515 520 525
 Gly Asp Ile Leu Arg Arg Thr Ser Gly Gly Pro Phe Ala Phe Ser Asn

 530 535 540
 Val Asn Leu Asp Phe Asn Leu Ser Gln Arg Tyr Arg Ala Arg Ile Arg

545 550 555 560
 Tyr Ala Ser Thr Thr Asn Leu Arg Ile Tyr Val Thr Val Ala Gly Glu
 565 570 575
 Arg Ile Phe Ala Gly Gln Phe Asp Lys Thr Met Asp Ala Gly Ala Pro
 580 585 590
 Leu Thr Phe Gln Ser Phe Ser Tyr Ala Thr Ile Asn Thr Ala Phe Thr

 595 600 605
 Phe Pro Glu Arg Ser Ser Ser Leu Thr Val Gly Ala Asp Thr Phe Ser
 610 615 620
 Ser Gly Asn Glu Val Tyr Val Asp Arg Phe Glu Leu Ile Pro Val Thr
 625 630 635 640
 Ala Thr Thr Ala Thr Phe Glu Ala Glu Tyr Asp Leu Glu Arg Ala Gln
 645 650 655
 Glu Ala Val Asn Ala Leu Phe Thr Asn Thr Asn Pro Arg Arg Leu Lys

 660 665 670
 Thr Gly Val Thr Asp Tyr His Ile Asp Glu Val Ser Asn Leu Val Ala
 675 680 685
 Cys Leu Ser Asp Glu Phe Cys Leu Asp Glu Lys Arg Glu Leu Leu Glu
 690 695 700
 Lys Val Lys Tyr Ala Lys Arg Leu Ser Asp Glu Arg Asn Leu Leu Gln
 705 710 715 720
 Asp Pro Asn Phe Thr Ser Ile Asn Lys Gln Pro Asp Phe Ile Ser Thr

 725 730 735
 Asn Glu Gln Ser Asn Phe Thr Ser Ile His Glu Gln Ser Glu His Gly
 740 745 750
 Trp Trp Gly Ser Glu Asn Ile Thr Ile Gln Glu Gly Asn Asp Val Phe
 755 760 765
 Lys Glu Asn Tyr Val Ile Leu Pro Gly Thr Phe Asn Glu Cys Tyr Pro
 770 775 780
 Thr Tyr Leu Tyr Gln Lys Ile Gly Glu Ala Glu Leu Lys Ala Tyr Thr

 785 790 795 800

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

1040 1045 1050
 Ser His His Arg Ser Val Leu Val Ile Pro Glu Trp Glu Ala Glu
 1055 1060 1065
 Val Ser Gln Ala Val Arg Val Cys Pro Gly Arg Gly Tyr Ile Leu
 1070 1075 1080
 Arg Val Thr Ala Tyr Lys Glu Gly Tyr Gly Glu Gly Cys Val Thr
 1085 1090 1095
 Ile His Glu Ile Glu Asn Asn Thr Asp Glu Leu Lys Phe Lys Asn

1100 1105 1110
 Cys Glu Glu Glu Glu Val Tyr Pro Thr Asp Thr Gly Thr Cys Asn
 1115 1120 1125
 Asp Tyr Thr Ala His Gln Gly Thr Ala Ala Cys Asn Ser Arg Asn
 1130 1135 1140
 Ala Gly Tyr Glu Asp Ala Tyr Glu Val Asp Thr Thr Ala Ser Val
 1145 1150 1155
 Asn Tyr Lys Pro Thr Tyr Glu Glu Glu Thr Tyr Thr Asp Val Arg

1160 1165 1170
 Arg Asp Asn His Cys Glu Tyr Asp Arg Gly Tyr Val Asn Tyr Pro
 1175 1180 1185
 Pro Val Pro Ala Gly Tyr Met Thr Lys Glu Leu Glu Tyr Phe Pro
 1190 1195 1200
 Glu Thr Asp Lys Val Trp Ile Glu Ile Gly Glu Thr Glu Gly Lys
 1205 1210 1215
 Phe Ile Val Asp Ser Val Glu Leu Leu Leu Met Glu Glu

1220 1225 1230

<210> 22

<211> 3666

<212> DNA

<213> Artificial

<220><223> Synthetic nucleotide sequence designed for expression in a plant
 cell encoding TIC867_24.

<400> 22

atgaccagca accgaaagaa cgagaacgag atcatcaacg cctgtccat accggccgtg	60
tcaaaccact cgcgccagat gaacctctcc accgacgcga ggatcgagga ctccctctgc	120
atcgccgagg gcaacaacat cgacccttgc gtgtctgcaa gcacgggtcca gaccggcatc	180
aacatcgagg gccgcacccg gggcgtgctc ggctgtccct tcgcgggtca aatcgctctc	240
ttctactcat tctcgtggg cgagctgtgg ccgcgcggac gtgaccctg ggaatcttc	300
ctggagcacg ttgagcagct catccggcag caagtgaccg agaaccaccg ggacaccgca	360
ctggcacggc tccagggcct tggcaacagc ttccgcgcct accagcagtc gctggaggac	420
tggctggaga accgagacga cgccagaacc cgtcagttc tgtacacaca gtacatgcc	480
ctagagctgg acttctcaa cgctatgccg ctcttcgcca tccgtaacca ggaagtaccg	540
cttctgatgg tgiacgcaca agcagcgaac ctccatctgc tctgtctgcg agacgcatct	600
ctgttcggca gtgagttcgg gctgacgagc caggagatcc agcgtacta cgagcgccaa	660
gtggagaaga ctctgagta cagcgactac tgcgcgcgt ggtacaacac gggttgaac	720
aaccttcgcg ggacaaacgc cgaatcctgg ctctgctaca accagtccg ccgcgacctc	780
acgtgggtg tcttgacct ggctcgcctc ttccgtcct acgacacag ggtgtaccca	840
atgaacacga gcgcacagct caccgtgag atctacacag atcccatcgg ccgcaccaac	900
gtctccagtg gcttcgcaag cagcaattgg ttcaacaata acgtctctc tttctctgcc	960
atcgaggcgg ctgtcatcag accgccgcac ttactcgatt tcccgagca gctcactatc	1020
ttctctgtgt tgtcccggtg gtccaacacg cagtacatga actactgggt ggccacagg	1080
ctagagagcc ggaccatccg tggcagttc tcaacctga cccacggcaa cacgaacacg	1140
agcatcaacc ctgtcactct ccagtttaca tctaggagc tttacaggac agagtcttc	1200
gctggcatta acattctgtt gaccactccg gtgaacggcg tcccttgggc ccgttcaac	1260
tggaggaatc ctctgaactc actgcgcggc agccttctct aactatcgg ctacaccggc	1320
gttgggacgc aactcttga ctcgagacc gagctgccg ccgagaccac cgagcgccct	1380
aactacgaga gttattcaca caggtctctc aacatccgt tgatttctgg gaacaccttg	1440
cgggtccgg tgtactctg gacgcaccgc agcggcgaca gaactaatac catcagctcc	1500
gactcgatca cccagatccc gctggtgaag gctcacacgc ttcagtccgg caccacagtc	1560
gtcaagggcc ctggcttca cggcggcgac atctgcgtc gcacatctgg cggaccttc	1620
gccttcagca acgtgaactt ggacttcaat ttgtcacagc ggtatcgtc cagaatccgg	1680
tacgccagca ctacgaacct gcgaatctat gttactgtgg cgggcgagcg gatcttcgcc	1740
gggcaattcg acaagacgat ggacgcggga gcacctctga cattccagtc attctcttac	1800
gccacgatca acacggcatt cacgtttccg gagcgttcca gtagcctgac cgtgggcgct	1860

gataccttca gtagcgggaa cgaggtgtac gttgaccgtt tcgagctgat cccggtcacc 1920

gccaccaccg cgacgtttga agctgaatcc gacctcgagc gtgcgcgcaa ggcgggtgaac 1980

gctctgttca cgagcaccaa ccctcgtggc ttgaagacgg atgtgacgga ctaccacatc 2040

gaccaagtct cgaacctcgt ggagtgccctg agcgacgagt tctgtcttga caagaagcgc 2100

gagctgctgg aggaggtgaa gtacccaag cgcctctccg atgagcgcaa cctgtctcaa 2160

gacctacctc tcacgtcgat ttccggccaa accgaccgtg gatggatcgg ctcgactggc 2220

atctccatcc agggcggcga cgacatcttc aaggagaact atgttcggct gccgggcacg 2280

gtggacgagt gttaccgcac gtacctctac cagaagatag acgagagtca actcaagtcc 2340

tacacgcggt atcagttacg tggctacatt gaagactccc aggacttgga aatctatctc 2400

atacgttaca acgccaagca cgagacctta agcgtgccgg gaacggagtc gccctggcca 2460

agctctggcg tgtaccttc cggtaggtgc ggcgagccca accgtgtgc acctcgaatc 2520

gaatggaacc cggaccttga ctgctcttgc cgttacggcg agaagtgcgt ccatcattct 2580

caccacttca gcttggacat tgacgtcggc tgcaccgacc tcaatgaaga cctcggagtg 2640

tgggtcatct tcaagatcaa gacacaggac gggcacgcga aactaggaaa cctggagttc 2700

atcgaggaga agccactcct cggcaaggca ctttcaggg tcaagcgggc cgagaagaaa 2760

tggagggaca agtacgagaa actccagctc gaaacaaagc ggggtgtacac ggaggcaaag 2820

gaatccgtgg acgcccgtgt cgtggactct cagtacgaca agctccaggc gaacacaaac 2880

attggcatca tccacgtgic ggacaagcaa gtgcacagga tacgggagcc ttacctctcg 2940

gagctgccgg tgattccctc gatcaacgcg gcgactctcg aggaactgga gggccacatc 3000

ttcaaggcgt attctctgta cgacgcgcgt aacgtcatca agaacggcga cttcaacaat 3060

gggctgtcct gctggaacct taaaggccac gtcgatgtcc agcagaacca ccataggtca 3120

gtcctgggtc tgagcgagtg ggagcgggag gtgtcccaga aggtgcgcgt gtgcccggat 3180

cgcggttaca tcttgagggt gacagcctac aaggagggt acggcgaggg ctgtgtcacg 3240

atccatgagt tcgaggacaa cacgatgtc ctgaaattcc gtaacttctg cgaggaggag 3300

gtctatccca acaacacctg gacctgcaac gactacacga ccaatcagtc ggctgagggc 3360

agtaccgatg cctgcaacag ctacaacctg ggttacgaag atggatacga gaaccgctac 3420

gagcccaatc cttcggctcc cgtgaattac actccacgt acgaggaggg catgtacact 3480

gacactcagg gctacaacca ttgcgtcagc gaccgtggct accgcaacca cacgccgtc 3540

ccagcgggct acgtgacgt ggagctggaa tactttcccg agacagaaca agtgtggata 3600

gagatcggcg agaccgaggg cacattcatc gtgggctctg tggaattgct cctcatggag 3660

gagtaa 3666

<210> 23

<211> 1221

<212> PRT

<213> Artificial

<220><223> Amino acid sequence of the chimeric protein variant TIC867_24.

<400> 23

Met Thr Ser Asn Arg Lys Asn Glu Asn Glu Ile Ile Asn Ala Leu Ser

1 5 10 15

Ile Pro Ala Val Ser Asn His Ser Ala Gln Met Asn Leu Ser Thr Asp

20 25 30

Ala Arg Ile Glu Asp Ser Leu Cys Ile Ala Glu Gly Asn Asn Ile Asp

35 40 45

Pro Phe Val Ser Ala Ser Thr Val Gln Thr Gly Ile Asn Ile Ala Gly

50 55 60

Arg Ile Leu Gly Val Leu Gly Val Pro Phe Ala Gly Gln Ile Ala Ser

65 70 75 80

Phe Tyr Ser Phe Leu Val Gly Glu Leu Trp Pro Arg Gly Arg Asp Pro

85 90 95

Trp Glu Ile Phe Leu Glu His Val Glu Gln Leu Ile Arg Gln Gln Val

100 105 110

Thr Glu Asn Thr Arg Asp Thr Ala Leu Ala Arg Leu Gln Gly Leu Gly

115 120 125

Asn Ser Phe Arg Ala Tyr Gln Gln Ser Leu Glu Asp Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Arg Asp Asp Ala Arg Thr Arg Ser Val Leu Tyr Thr Gln Tyr Ile Ala

145 150 155 160

Leu Glu Leu Asp Phe Leu Asn Ala Met Pro Leu Phe Ala Ile Arg Asn

165 170 175

Gln Glu Val Pro Leu Leu Met Val Tyr Ala Gln Ala Ala Asn Leu His

180 185 190

Leu Leu Leu Leu Arg Asp Ala Ser Leu Phe Gly Ser Glu Phe Gly Leu
 195 200 205
 Thr Ser Gln Glu Ile Gln Arg Tyr Tyr Glu Arg Gln Val Glu Lys Thr
 210 215 220

 Arg Glu Tyr Ser Asp Tyr Cys Ala Arg Trp Tyr Asn Thr Gly Leu Asn
 225 230 235 240
 Asn Leu Arg Gly Thr Asn Ala Glu Ser Trp Leu Arg Tyr Asn Gln Phe
 245 250 255
 Arg Arg Asp Leu Thr Leu Gly Val Leu Asp Leu Val Ala Leu Phe Pro
 260 265 270
 Ser Tyr Asp Thr Arg Val Tyr Pro Met Asn Thr Ser Ala Gln Leu Thr
 275 280 285

 Arg Glu Ile Tyr Thr Asp Pro Ile Gly Arg Thr Asn Ala Pro Ser Gly
 290 295 300
 Phe Ala Ser Thr Asn Trp Phe Asn Asn Asn Ala Pro Ser Phe Ser Ala
 305 310 315 320
 Ile Glu Ala Ala Val Ile Arg Pro Pro His Leu Leu Asp Phe Pro Glu
 325 330 335
 Gln Leu Thr Ile Phe Ser Val Leu Ser Arg Trp Ser Asn Thr Gln Tyr
 340 345 350

 Met Asn Tyr Trp Val Gly His Arg Leu Glu Ser Arg Thr Ile Arg Gly
 355 360 365
 Ser Leu Ser Thr Ser Thr His Gly Asn Thr Asn Thr Ser Ile Asn Pro
 370 375 380
 Val Thr Leu Gln Phe Thr Ser Arg Asp Val Tyr Arg Thr Glu Ser Phe
 385 390 395 400
 Ala Gly Ile Asn Ile Leu Leu Thr Thr Pro Val Asn Gly Val Pro Trp
 405 410 415

 Ala Arg Phe Asn Trp Arg Asn Pro Leu Asn Ser Leu Arg Gly Ser Leu
 420 425 430
 Leu Tyr Thr Ile Gly Tyr Thr Gly Val Gly Thr Gln Leu Phe Asp Ser

435 440 445
 Glu Thr Glu Leu Pro Pro Glu Thr Thr Glu Arg Pro Asn Tyr Glu Ser
 450 455 460
 Tyr Ser His Arg Leu Ser Asn Ile Arg Leu Ile Ser Gly Asn Thr Leu
 465 470 475 480

 Arg Ala Pro Val Tyr Ser Trp Thr His Arg Ser Ala Asp Arg Thr Asn
 485 490 495
 Thr Ile Ser Ser Asp Ser Ile Thr Gln Ile Pro Leu Val Lys Ala His
 500 505 510
 Thr Leu Gln Ser Gly Thr Thr Val Val Lys Gly Pro Gly Phe Thr Gly
 515 520 525
 Gly Asp Ile Leu Arg Arg Thr Ser Gly Gly Pro Phe Ala Phe Ser Asn
 530 535 540

 Val Asn Leu Asp Phe Asn Leu Ser Gln Arg Tyr Arg Ala Arg Ile Arg
 545 550 555 560
 Tyr Ala Ser Thr Thr Asn Leu Arg Ile Tyr Val Thr Val Ala Gly Glu
 565 570 575
 Arg Ile Phe Ala Gly Gln Phe Asp Lys Thr Met Asp Ala Gly Ala Pro
 580 585 590
 Leu Thr Phe Gln Ser Phe Ser Tyr Ala Thr Ile Asn Thr Ala Phe Thr
 595 600 605

 Phe Pro Glu Arg Ser Ser Ser Leu Thr Val Gly Ala Asp Thr Phe Ser
 610 615 620
 Ser Gly Asn Glu Val Tyr Val Asp Arg Phe Glu Leu Ile Pro Val Thr
 625 630 635 640
 Ala Thr Thr Ala Thr Phe Glu Ala Glu Ser Asp Leu Glu Arg Ala Arg
 645 650 655
 Lys Ala Val Asn Ala Leu Phe Thr Ser Thr Asn Pro Arg Gly Leu Lys
 660 665 670

 Thr Asp Val Thr Asp Tyr His Ile Asp Gln Val Ser Asn Leu Val Glu
 675 680 685

Cys Leu Ser Asp Glu Phe Cys Leu Asp Lys Lys Arg Glu Leu Leu Glu
 690 695 700
 Glu Val Lys Tyr Ala Lys Arg Leu Ser Asp Glu Arg Asn Leu Leu Gln
 705 710 715 720
 Asp Pro Thr Phe Thr Ser Ile Ser Gly Gln Thr Asp Arg Gly Trp Ile
 725 730 735

 Gly Ser Thr Gly Ile Ser Ile Gln Gly Gly Asp Asp Ile Phe Lys Glu
 740 745 750
 Asn Tyr Val Arg Leu Pro Gly Thr Val Asp Glu Cys Tyr Pro Thr Tyr
 755 760 765
 Leu Tyr Gln Lys Ile Asp Glu Ser Gln Leu Lys Ser Tyr Thr Arg Tyr
 770 775 780
 Gln Leu Arg Gly Tyr Ile Glu Asp Ser Gln Asp Leu Glu Ile Tyr Leu
 785 790 795 800

 Ile Arg Tyr Asn Ala Lys His Glu Thr Leu Ser Val Pro Gly Thr Glu
 805 810 815
 Ser Pro Trp Pro Ser Ser Gly Val Tyr Pro Ser Gly Arg Cys Gly Glu
 820 825 830
 Pro Asn Arg Cys Ala Pro Arg Ile Glu Trp Asn Pro Asp Leu Asp Cys
 835 840 845
 Ser Cys Arg Tyr Gly Glu Lys Cys Val His His Ser His His Phe Ser
 850 855 860

 Leu Asp Ile Asp Val Gly Cys Thr Asp Leu Asn Glu Asp Leu Gly Val
 865 870 875 880
 Trp Val Ile Phe Lys Ile Lys Thr Gln Asp Gly His Ala Lys Leu Gly
 885 890 895
 Asn Leu Glu Phe Ile Glu Glu Lys Pro Leu Leu Gly Lys Ala Leu Ser
 900 905 910
 Arg Val Lys Arg Ala Glu Lys Lys Trp Arg Asp Lys Tyr Glu Lys Leu
 915 920 925

 Gln Leu Glu Thr Lys Arg Val Tyr Thr Glu Ala Lys Glu Ser Val Asp

930	935	940	
Ala Leu Phe Val Asp Ser Gln Tyr Asp Lys Leu Gln Ala Asn Thr Asn			
945	950	955	960
Ile Gly Ile Ile His Gly Ala Asp Lys Gln Val His Arg Ile Arg Glu			
	965	970	975
Pro Tyr Leu Ser Glu Leu Pro Val Ile Pro Ser Ile Asn Ala Ala Ile			
	980	985	990
Phe Glu Glu Leu Glu Gly His Ile Phe Lys Ala Tyr Ser Leu Tyr Asp			
	995	1000	1005
Ala Arg Asn Val Ile Lys Asn Gly Asp Phe Asn Asn Gly Leu Ser			
	1010	1015	1020
Cys Trp Asn Val Lys Gly His Val Asp Val Gln Gln Asn His His			
	1025	1030	1035
Arg Ser Val Leu Val Leu Ser Glu Trp Glu Ala Glu Val Ser Gln			
	1040	1045	1050
Lys Val Arg Val Cys Pro Asp Arg Gly Tyr Ile Leu Arg Val Thr			
	1055	1060	1065
Ala Tyr Lys Glu Gly Tyr Gly Glu Gly Cys Val Thr Ile His Glu			
	1070	1075	1080
Phe Glu Asp Asn Thr Asp Val Leu Lys Phe Arg Asn Phe Val Glu			
	1085	1090	1095
Glu Glu Val Tyr Pro Asn Asn Thr Val Thr Cys Asn Asp Tyr Thr			
	1100	1105	1110
Thr Asn Gln Ser Ala Glu Gly Ser Thr Asp Ala Cys Asn Ser Tyr			
	1115	1120	1125
Asn Arg Gly Tyr Glu Asp Gly Tyr Glu Asn Arg Tyr Glu Pro Asn			
	1130	1135	1140
Pro Ser Ala Pro Val Asn Tyr Thr Pro Thr Tyr Glu Glu Gly Met			
	1145	1150	1155
Tyr Thr Asp Thr Gln Gly Tyr Asn His Cys Val Ser Asp Arg Gly			
	1160	1165	1170

Tyr Arg Asn His Thr Pro Leu Pro Ala Gly Tyr Val Thr Leu Glu
 1175 1180 1185
 Leu Glu Tyr Phe Pro Glu Thr Glu Gln Val Trp Ile Glu Ile Gly
 1190 1195 1200
 Glu Thr Glu Gly Thr Phe Ile Val Gly Ser Val Glu Leu Leu Leu
 1205 1210 1215
 Met Glu Glu
 1220

<210> 24

<211> 3651

<212> DNA

<213> Artificial

<220><223> Synthetic nucleotide sequence designed for expression in a plant

cell encoding TIC867_25.

<400> 24

atgaccagca accgaaagaa cgagaacgag atcatcaacg ccctgtccat accggccgtg	60
tcaaaccact ccgcccatga gaacctctcc accgacgcga ggatcgagga ctccctctgc	120
atcgccgagg gcaacaacat cgacccttgc gtgtctgcaa gcacgggtcca gaccggcatc	180
aacatcgccg gccgcatcct gggcgtgctc ggcgtgccct tcgcgggtca aatcgctctt	240
ttctactcat tctcgtggg cgagctgtgg ccgcgcggac gtgaccctg ggaaatcttc	300
ctggagcacg ttgagcagct catccggcag caagtgaccg agaacaccag ggacaccgca	360
ctggcacggc tccaggcct tggcaacagc ttccgcgcct accagcagtc gctggaggac	420
tggttgaga accgagacga cgccagaacc cgtcagttc tgtacacaca gtacatgcc	480
ctagagctgg acttctcaa cgctatgccg ctcttcgcca tccgtaacca ggaagtaccg	540
cttctgatgg tgtacgcaca agcagcgaac ctccatctgc tctgctgag agacgcattt	600
ctgttcggca gtgagttcgg gctgacgagc caggagatcc agcgtacta cgagcgccaa	660
gtggagaaga ctctgagta cagcgactac tgcgcgcgt ggtacaacac gggcttgaac	720
aaccttcgag ggacaaacgc cgaatcctgg ctctgctaca accagtccg ccgcgacctc	780
acgctgggtg tgctggacct ggtcgcgctc ttcccgctct acgacacag ggtgtaccca	840
atgaacacga gcgcacagct caccgtgag atctacacag atcccatcgg ccgcaccaac	900
gtcccagtg gcttcgcaag cacgaattgg ttcaacaata acgctccttc ttctctgcc	960
atcgaggcgg ctgtcatcag accgccgcac ttactcgatt tcccgagca gctcactatc	1020

ttctctgtgt tgicccggtg gtcgaacacg cagtacatga actactgggt gggccacagg	1080
ctagagagcc ggaccatccg tggcagtctc tcaacctcga cccacggcaa cacgaacacg	1140
agcatcaacc ctgtcactct ccagtttaca tctagggacg ttacaggac agagtcttc	1200
gctggcatta acattctgtt gaccactccg gtgaacggcg tcccttgggc ccgttcaac	1260
tggaggaatc ctctgaactc actgcgcggc agccttctct acactatcgg ctacaccggc	1320
gttgggacgc aactcttcga ctccgagacc gagctgccgc ccgagaccac cgagcggcct	1380
aactacgaga gttattcaca caggctctcc aacatccgct tgatttctgg gaacaccttg	1440
cgggctccgg tgtactcctg gacgcaccgc agcgccgaca gaactaatac catcagctcc	1500
gactcgatca cccagatccc gctggtgaag gctcacacgc ttcagtcggg caccacagtc	1560
gtcaagggcc ctggcttcac cggcggcgac atcctgcgtc gcacatctgg cggacccttc	1620
gccttcagca acgtgaactt ggacttcaat ttgtcacagc ggtatcgtgc cagaatccgg	1680
tacgccagca ctacgaacct gcgaatctat gttactgtgg cgggcgagcg gatcttcgcc	1740
gggcaattcg acaagacgat ggacgcggga gcacctctga cattccagtc attctcttac	1800
gccacgatca acacggcatt cacgtttccg gagcgttcca gtagcctgac cgtgggcgct	1860
gataccttca gtagcgggaa cgaggtgtac gttgaccgtt tcgagctgat cccggtcacc	1920
gccaccgatg ctacctttga agcagagtcc gacttggaac gtgcacagaa ggcagtgaac	1980
gcactcttca cctcaagcaa ccagatcgga ttgaagacag atgtgacaga ttaccacatc	2040
gaccaagtga gcaacttggg ggattgcttg tcagatgagt tctgcttgga tgagaagcgt	2100
gaactctccg agaaggtgaa gcacgcaaag cgtctctcag atgaacgtaa tctccttcaa	2160
gaccctaact ttctgtggtat caatcgtcag ccagatcgtg gatggcgtgg atcaacagac	2220
atcaccatcc agggaggcga tgatgtgttc aaggagaact acgtgacct cccaggaacc	2280
gtggatgaat gctacceaac ctacctctac cagaagatcg acgagtcaaa gctcaaggt	2340
tacaccggtt atgaactccg tggctacatc gaagatagcc aggatctcga aatctatctc	2400
atccgttaca atgctaagca cgaaatcgtg aatgtgccag gaaccggctc actctggcca	2460
ctctcagcac agtcaccaat cggcaagtgc ggcaaccca atcgtcgcgc tctctatctc	2520
gaatggaatc ccgatctcga ctgctcctgc cgagacggcg agaagtgtgc acatcactca	2580
caccacttca ccttcgacat cgacgtgggc tgcaccgacc tcaatgaaga cctgggcgtg	2640
tgggtgatct tcaagatcaa gaccaggac ggccacgcac gactgggcaa tctggagttt	2700
ctggaggaga agccactgct tggcgaggca ctggcacgag tgaacgagc cgagaagaaa	2760
tggcgagaca aacgtgagaa gctgcaactg gagaccaaca tcgtgtacaa agaggccaaa	2820
gagtcagttg acgccctgtt tgtcaatagc cagtatgacc gactgcaagt tgaccaaac	2880

atgccatga tccacgtgc ggacaagcgc gtccaccgca tccgcgaggc ttatctgccc 2940

gagctgagcg tcattcccgg cgtcaatgcc gcgatcttcg aggagttaga gggccgcac 3000

ttcacgcct acagcctcta tgacccccgc aatgtcatta agaatggcga cttcaacaat 3060

ggcttactat gciggaatgt caaagggcac gttgacgtcg aggagcagaa caatcaccgc 3120

agcgtcttag tcatacccga gtgggaggcc gaagtcagcc aggaagtccg cgtctgtcca 3180

gggcgcgggt acatcctcgc ggtcaccgcc tacaagagg gatacggcga gggttgtgtc 3240

accatacacg agatagagga caataccgac gaactcaagt tcagcaattg tgtcgaggag 3300

gaagtctatc ccaacaatac cgtaacctgc aacaactaca ccggaacca ggaggagtat 3360

gaagggacgt acacctcgcg gaaccagggc tatgacgaag cctatgggaa caaccgtcg 3420

gtgcctgtg actatgcgtc ggtctatgag gagaaatcgt acacggacgg gcggcgggag 3480

aatccgtgtg agtcgaatcg cgggtatggt gactacacgc cgctaccgcg gggctatgta 3540

acgaaagacc tggaatactt cccggagacg gacaaagtat ggatagagat aggcgagacg 3600

gagggaacgt tcacgtgga ctcggtagag ctgctgtca tggaggagtg a 3651

<210> 25

<211> 1216

<212> PRT

<213> Artificial

<220><223> Amino acid sequence of the chimeric protein variant TIC867_25.

<400> 25

Met Thr Ser Asn Arg Lys Asn Glu Asn Glu Ile Ile Asn Ala Leu Ser

1 5 10 15

Ile Pro Ala Val Ser Asn His Ser Ala Gln Met Asn Leu Ser Thr Asp

20 25 30

Ala Arg Ile Glu Asp Ser Leu Cys Ile Ala Glu Gly Asn Asn Ile Asp

35 40 45

Pro Phe Val Ser Ala Ser Thr Val Gln Thr Gly Ile Asn Ile Ala Gly

50 55 60

Arg Ile Leu Gly Val Leu Gly Val Pro Phe Ala Gly Gln Ile Ala Ser

65 70 75 80

Phe Tyr Ser Phe Leu Val Gly Glu Leu Trp Pro Arg Gly Arg Asp Pro

85 90 95

Trp Glu Ile Phe Leu Glu His Val Glu Gln Leu Ile Arg Gln Gln Val
 100 105 110
 Thr Glu Asn Thr Arg Asp Thr Ala Leu Ala Arg Leu Gln Gly Leu Gly
 115 120 125

 Asn Ser Phe Arg Ala Tyr Gln Gln Ser Leu Glu Asp Trp Leu Glu Asn
 130 135 140
 Arg Asp Asp Ala Arg Thr Arg Ser Val Leu Tyr Thr Gln Tyr Ile Ala
 145 150 155 160
 Leu Glu Leu Asp Phe Leu Asn Ala Met Pro Leu Phe Ala Ile Arg Asn
 165 170 175
 Gln Glu Val Pro Leu Leu Met Val Tyr Ala Gln Ala Ala Asn Leu His
 180 185 190

 Leu Leu Leu Leu Arg Asp Ala Ser Leu Phe Gly Ser Glu Phe Gly Leu
 195 200 205
 Thr Ser Gln Glu Ile Gln Arg Tyr Tyr Glu Arg Gln Val Glu Lys Thr
 210 215 220
 Arg Glu Tyr Ser Asp Tyr Cys Ala Arg Trp Tyr Asn Thr Gly Leu Asn
 225 230 235 240
 Asn Leu Arg Gly Thr Asn Ala Glu Ser Trp Leu Arg Tyr Asn Gln Phe
 245 250 255

 Arg Arg Asp Leu Thr Leu Gly Val Leu Asp Leu Val Ala Leu Phe Pro
 260 265 270
 Ser Tyr Asp Thr Arg Val Tyr Pro Met Asn Thr Ser Ala Gln Leu Thr
 275 280 285
 Arg Glu Ile Tyr Thr Asp Pro Ile Gly Arg Thr Asn Ala Pro Ser Gly
 290 295 300
 Phe Ala Ser Thr Asn Trp Phe Asn Asn Asn Ala Pro Ser Phe Ser Ala
 305 310 315 320

 Ile Glu Ala Ala Val Ile Arg Pro Pro His Leu Leu Asp Phe Pro Glu
 325 330 335
 Gln Leu Thr Ile Phe Ser Val Leu Ser Arg Trp Ser Asn Thr Gln Tyr

340 345 350
 Met Asn Tyr Trp Val Gly His Arg Leu Glu Ser Arg Thr Ile Arg Gly
 355 360 365
 Ser Leu Ser Thr Ser Thr His Gly Asn Thr Asn Thr Ser Ile Asn Pro
 370 375 380

 Val Thr Leu Gln Phe Thr Ser Arg Asp Val Tyr Arg Thr Glu Ser Phe
 385 390 395 400
 Ala Gly Ile Asn Ile Leu Leu Thr Thr Pro Val Asn Gly Val Pro Trp
 405 410 415
 Ala Arg Phe Asn Trp Arg Asn Pro Leu Asn Ser Leu Arg Gly Ser Leu
 420 425 430
 Leu Tyr Thr Ile Gly Tyr Thr Gly Val Gly Thr Gln Leu Phe Asp Ser
 435 440 445

 Glu Thr Glu Leu Pro Pro Glu Thr Thr Glu Arg Pro Asn Tyr Glu Ser
 450 455 460
 Tyr Ser His Arg Leu Ser Asn Ile Arg Leu Ile Ser Gly Asn Thr Leu
 465 470 475 480
 Arg Ala Pro Val Tyr Ser Trp Thr His Arg Ser Ala Asp Arg Thr Asn
 485 490 495
 Thr Ile Ser Ser Asp Ser Ile Thr Gln Ile Pro Leu Val Lys Ala His
 500 505 510

 Thr Leu Gln Ser Gly Thr Thr Val Val Lys Gly Pro Gly Phe Thr Gly
 515 520 525
 Gly Asp Ile Leu Arg Arg Thr Ser Gly Gly Pro Phe Ala Phe Ser Asn
 530 535 540
 Val Asn Leu Asp Phe Asn Leu Ser Gln Arg Tyr Arg Ala Arg Ile Arg
 545 550 555 560
 Tyr Ala Ser Thr Thr Asn Leu Arg Ile Tyr Val Thr Val Ala Gly Glu
 565 570 575

 Arg Ile Phe Ala Gly Gln Phe Asp Lys Thr Met Asp Ala Gly Ala Pro
 580 585 590

Leu Thr Phe Gln Ser Phe Ser Tyr Ala Thr Ile Asn Thr Ala Phe Thr
 595 600 605
 Phe Pro Glu Arg Ser Ser Ser Leu Thr Val Gly Ala Asp Thr Phe Ser
 610 615 620
 Ser Gly Asn Glu Val Tyr Val Asp Arg Phe Glu Leu Ile Pro Val Thr
 625 630 635 640

 Ala Thr Asp Ala Thr Phe Glu Ala Glu Ser Asp Leu Glu Arg Ala Gln
 645 650 655
 Lys Ala Val Asn Ala Leu Phe Thr Ser Ser Asn Gln Ile Gly Leu Lys
 660 665 670
 Thr Asp Val Thr Asp Tyr His Ile Asp Gln Val Ser Asn Leu Val Asp
 675 680 685
 Cys Leu Ser Asp Glu Phe Cys Leu Asp Glu Lys Arg Glu Leu Ser Glu
 690 695 700

 Lys Val Lys His Ala Lys Arg Leu Ser Asp Glu Arg Asn Leu Leu Gln
 705 710 715 720
 Asp Pro Asn Phe Arg Gly Ile Asn Arg Gln Pro Asp Arg Gly Trp Arg
 725 730 735
 Gly Ser Thr Asp Ile Thr Ile Gln Gly Gly Asp Asp Val Phe Lys Glu
 740 745 750
 Asn Tyr Val Thr Leu Pro Gly Thr Val Asp Glu Cys Tyr Pro Thr Tyr
 755 760 765

 Leu Tyr Gln Lys Ile Asp Glu Ser Lys Leu Lys Ala Tyr Thr Arg Tyr
 770 775 780
 Glu Leu Arg Gly Tyr Ile Glu Asp Ser Gln Asp Leu Glu Ile Tyr Leu
 785 790 795 800
 Ile Arg Tyr Asn Ala Lys His Glu Ile Val Asn Val Pro Gly Thr Gly
 805 810 815
 Ser Leu Trp Pro Leu Ser Ala Gln Ser Pro Ile Gly Lys Cys Gly Glu
 820 825 830

 Pro Asn Arg Cys Ala Pro His Leu Glu Trp Asn Pro Asp Leu Asp Cys

835	840	845	
Ser Cys Arg Asp Gly Glu Lys Cys Ala His His Ser His His Phe Thr			
850	855	860	
Leu Asp Ile Asp Val Gly Cys Thr Asp Leu Asn Glu Asp Leu Gly Val			
865	870	875	880
Trp Val Ile Phe Lys Ile Lys Thr Gln Asp Gly His Ala Arg Leu Gly			
885	890	895	
Asn Leu Glu Phe Leu Glu Glu Lys Pro Leu Leu Gly Glu Ala Leu Ala			
900	905	910	
Arg Val Lys Arg Ala Glu Lys Lys Trp Arg Asp Lys Arg Glu Lys Leu			
915	920	925	
Gln Leu Glu Thr Asn Ile Val Tyr Lys Glu Ala Lys Glu Ser Val Asp			
930	935	940	
Ala Leu Phe Val Asn Ser Gln Tyr Asp Arg Leu Gln Val Asp Thr Asn			
945	950	955	960
Ile Ala Met Ile His Ala Ala Asp Lys Arg Val His Arg Ile Arg Glu			
965	970	975	
Ala Tyr Leu Pro Glu Leu Ser Val Ile Pro Gly Val Asn Ala Ala Ile			
980	985	990	
Phe Glu Glu Leu Glu Gly Arg Ile Phe Thr Ala Tyr Ser Leu Tyr Asp			
995	1000	1005	
Ala Arg Asn Val Ile Lys Asn Gly Asp Phe Asn Asn Gly Leu Leu			
1010	1015	1020	
Cys Trp Asn Val Lys Gly His Val Asp Val Glu Glu Gln Asn Asn			
1025	1030	1035	
His Arg Ser Val Leu Val Ile Pro Glu Trp Glu Ala Glu Val Ser			
1040	1045	1050	
Gln Glu Val Arg Val Cys Pro Gly Arg Gly Tyr Ile Leu Arg Val			
1055	1060	1065	
Thr Ala Tyr Lys Glu Gly Tyr Gly Glu Gly Cys Val Thr Ile His			
1070	1075	1080	

Glu Ile Glu Asp Asn Thr Asp Glu Leu Lys Phe Ser Asn Cys Val
 1085 1090 1095
 Glu Glu Glu Val Tyr Pro Asn Asn Thr Val Thr Cys Asn Asn Tyr
 1100 1105 1110
 Thr Gly Thr Gln Glu Glu Tyr Glu Gly Thr Tyr Thr Ser Arg Asn
 1115 1120 1125
 Gln Gly Tyr Asp Glu Ala Tyr Gly Asn Asn Pro Ser Val Pro Ala
 1130 1135 1140

Asp Tyr Ala Ser Val Tyr Glu Glu Lys Ser Tyr Thr Asp Gly Arg
 1145 1150 1155
 Arg Glu Asn Pro Cys Glu Ser Asn Arg Gly Tyr Gly Asp Tyr Thr
 1160 1165 1170
 Pro Leu Pro Ala Gly Tyr Val Thr Lys Asp Leu Glu Tyr Phe Pro
 1175 1180 1185
 Glu Thr Asp Lys Val Trp Ile Glu Ile Gly Glu Thr Glu Gly Thr
 1190 1195 1200

Phe Ile Val Asp Ser Val Glu Leu Leu Leu Met Glu Glu
 1205 1210 1215

<210> 26

<211> 3600

<212> DNA

<213> Artificial

<220><223> Recombinant nucleotide sequence used for expression in a
 bacterial cell encoding TIC868.

<400> 26

atgacttcaa ataggaaaaa tgagaatgaa attataaatg ctttatcgat tccagctgta 60
 tcgaatcatt ccgcacaaat gaatctatca accgatgctc gtattgagga tagcttgtgt 120
 atagccgagg ggaacaatat cgatccattt gttagcgcac caacagtcca aacgggtatt 180

 aacatagctg gtagaatact aggtgtatta ggcgtaccgt ttgctggaca aatagctagt 240
 ttttatagtt ttcttgttgg tgaattatgg ccccgcgga gagatccttg ggaaattttc 300
 ctagaacatg tcgaacaact tataagacaa caagtaacag aaaatactag ggatacggct 360
 cttgctcgat tacaagggtt aggaaattcc tttagagcct atcaacagtc acttgaagat 420

tggctagaaa accgtgatga tgcaagaacg agaagtgttc tttataacca atatatagcc	480
ttagaacttg attttcttaa tgcgatgccg cttttcgcaa ttagaaacca agaagttcca	540
ttattaatgg tatatgctca agctgcaa at tacacctat tattattgag agatgcctct	600
ctttttggta gtgaatttgg gcttacatcc caagaaattc aacgttatta tgagcgccaa	660
gtggaaaaaa cgagagaata ttctgattat tgcgcaagat ggtataatac gggtttaaat	720
aatttgagag ggacaaatgc tgaaagttag ttgcgatata atcaattccg tagagactta	780
acgctaggag tattagatct agtggcacta ttcccaagct atgacacgcg tgtttatcca	840
atgaatacca gtgctcaatt aacaagagaa atttatacag atccaattgg gagaacaaat	900
gcaccttcag gatttgcaag tacgaattgg ttaataata atgcaccatc gttttctgcc	960
atagaggctg ccgttattag gcctccgcat ctacttgatt ttccagaaca gcttacaatt	1020
ttcagcgtat taagtcgatg gagtaatact caatatatga attactgggt gggacataga	1080
cttgaatcgc gaacaataag ggggtcatta agtacctcga cacacggaaa taccaatact	1140
tctattaatc ctgtaacatt acagttcaca tctcgagacg tttatagaac agaatcattt	1200
gcaggataa atatacttct aactactcct gtgaatggag taccttgggc tagatttaat	1260
tggagaaatc cctgaattc tcttagaggt agccttctct atactatagg gtatactgga	1320
gtggggacac aactatttga ttcagaaact gaattaccac cagaacaac agaacgacca	1380
aattatgaat cttacagtca tagattatct aatataagac taatatcagg aaacactttg	1440
agagcaccag tatattcttg gacgcaccgt agtgcagatc gtacaaatac cattagtcca	1500
gatagcatta atcaaatacc tttagtgaag ggatttagag tttggggggg cacctctgtc	1560
attacaggac caggatttac aggaggggat atccttcgaa gaaatacctt tgggtgatttt	1620
gtatctctac aagtcaatat taattcacca attacccaaa gataccgttt aagatttcgt	1680
tacgttcca gtagggatgc acgagttata gtattaacag gagcggcatc cacaggagtg	1740
ggaggccaag ttagtgtaaa tatgcctctt cagaaaacta tggaatatagg ggagaactta	1800
acatctagaa catttagata taccgatttt agtaatcctt tttcatttag agctaatcca	1860
gataataattg ggataagtga acaacctcta tttggtgcag gttctattag tagcggtgaa	1920
ctttatatag ataaaattga aattattcta gcagatgcaa catttgaagc agaatctgat	1980
ttagaaagag cacaaaagcg ggtgaatgag ctgtttactt cttccaatca aatcggttta	2040
aaaacagatg tgacggatta tcatattgat caagtatcca atttagttga gtgtttatct	2100
gatgaatttt gtctggatga aaaaaagaa ttgtccgaga aagtcaaaca tgcgaagcga	2160
cttagtgatg agcgggaattt acttcaagat ccaaaactta gagggatcaa tagacaacta	2220

gaccgtggct ggagaggaag tacggatatt accatccaag gaggcgatga cgtattcaaa 2280

gagaattacg ttacgtctatt ggggtaccttt gatgagtgt atccaacgta tttatatcaa 2340

aaaatagatg agtcgaaatt aaaagcctat acccgttacc aattaagagg gtatatcgaa 2400

gatagtcaag acttagaaat ctatttaatt cgctacaatg ccaaacacga aacagtaaat 2460

gtgccaggta cgggttcctt atggccgctt tcagccccaa gtccaatcgg aaaatgtgcc 2520

catcattccc atcatttctc cttggacatt gatgttggat gtacagactt aaatgaggac 2580

ttaggtgtat ggggtgatatt caagattaag acgcaagatg gccatgcaag actaggaaat 2640

ctagaatttc tcgaagagaa accattagta ggagaagcac tagctcgtgt gaaaagagcg 2700

gagaaaaaat ggagagacaa acgtgaaaaa ttggaatggg aaacaaatat tgtttataaa 2760

gaggcaaaag aatctgtaga tgctttatit gtaaactctc aatatgatag attacaagcg 2820

gataccaaca tcgcatgat tcatcgcgca gataaacgcg ttcatagcat tcgagaagct 2880

tatctgcctg agctgtctgt gattccgggt gtcaatgcgg ctatitttga agaattagaa 2940

gggcgtatit tcaactgcatt ctccctatat gatgcgagaa atgtcattaa aaatggtgat 3000

tttaataatg gcttatctg ctggaacgtg aaagggcag tagatgtaga agaacaaaac 3060

aaccaccgtt cggtccttgt tgttccggaa tgggaagcag aagtgtcaca agaagttcgt 3120

gtctgtccgg gtcgtggcta tacccttctg gtacacgcgt acaaggaggg atatggagaa 3180

ggttgcgtaa ccattcatga gatcgagaac aatacagacg aactgaagtt tagcaactgt 3240

gtagaagagg aagtataacc aaacaacacg gtaacgtgta atgattatgac tgcgactcaa 3300

gaagaatatg aggggtacgta cacttctctg aatcgaggat atgacggagc ctatgaaagc 3360

aattcttctg taccagctga ttatgcatca gcctatgaag aaaaagcata tacagatgga 3420

cgaagagaca atccttctga atctaacaga ggatatgggg attacacacc actaccagct 3480

ggctatgtga caaaagaatt agagtacttc ccagaaaccg ataaggtatg gattgagatc 3540

ggagaaacgg aaggaacatt catcgtggac agcgtggaat tacttcttat ggaggaatag 3600

<210> 27

<211> 3600

<212> DNA

<213> Artificial

<220><223> Synthetic nucleotide sequence designed for expression in a plant cell encoding TIC868.

<400> 27

atgacgagca accggaagaa cgagaacgag atcatcaacg ccctctcgat ccctgctgtt 60

tcaaaccact ccgcgcagat gaacctgtcc accgacgcgc gcatcgagga ctccctctgc	120
atagccgagg gcaacaacat cgacccattc gtgtcggcca gcacggttca gaccggcatc	180
aacatcgagg gccgtatcct cggcgtcttc ggtgtcccat tcgccgttca gatcggtcc	240
ttctactcgt tccttgtggg cgagctgtgg cctcgcggtc gtgaccctg ggagatcttc	300
ctggagcatg tggagcagtt gatccggcag caagtacagg agaacaccg cgatactgct	360
ctggccaggc tacagggcct gggaaactcc ttctgggcat accagcagtc actggaggac	420
tggttggaga acagggatga cgcgcgaaca cgctcggtac tctacacca gtacatcgt	480
ctcgaactcg acttctgaa cgctatgccg ctgttcgcca tcaggaacca ggaagtcca	540
ctccttatgg tgiacgcca ggccccaac ttacatctgc tctgctgcg ggacgccagc	600
ctgttcggct ccgagttcgg actcacatct caagaaatcc agcgttacta cgagcgccaa	660
gtggagaaga cccgtgagta cagtactac tgcgtcgat ggtacaacac agggctcaac	720
aacctgcgcg gcaccaacgc tgagtcagtg ctcggttaca accagttccg ccgcgacttg	780
actttgggtg tcttagacct ggtggcgcta ttcccgctt acgacacacg ggtgtacca	840
atgaacacta gcgcgaact cagcggggag atctacacag acccaatcgg ccggacgaac	900
gcacctccg gtttcgcatc caggaattgg ttcaacaaca acgcacctc cttctcgga	960
atcgaggccg ccgtcatccg cctcctcac ctgctcgact ttcccgagca gtcacgac	1020
ttctccgtgc tctcacgtg gtccaacaca cagtacatga actactgggt cgggcaccga	1080
ttggagagta ggacgatccg tggcagcttg agcaccagta cccacggcaa caccaacacc	1140
tccatcaacc cagttacgt acagttcacg agccgcgacg ttaccggac tgagtcgttc	1200
gcgggcatta acatccttct gacaacgccc gtcaacggcg tccgtgggc ccggttcaac	1260
tggcgtaac cgttgaactc cctgcgcggg tcattgtct acaccatcg gtacacgggc	1320
gtcggcacc agctcttga cagtgaact gagctgccg ccgagaccac ggaacgccg	1380
aactacgagt cctacagcca ccgcctgtcc aacatccggc tcattcttgg caacacgtg	1440
cgtgcgccg tgtactctg gacacaccg agcgcggacc ggaccaacac gatctcttc	1500
gactccatta accagatccc gctcgtgaag ggcttccgtg tgtgggtgg cacgagcgtc	1560
atcaccggtc cgggcttcac cggaggagac atactgcgc gcaacacttt cggcgacttc	1620
gtttcgttg aagtgaacat caactgccg atcaccagc gttaccgtct gaggttcgc	1680
tacgttcaa gccgcgacg gaggtcatt gtctgaccg gagccgcgtc cacaggcgtg	1740
ggaggccaag tctcagtaa catgccttc cagaagacga tggagatagg cgagaacttg	1800
actagccgaa ctttcggta cactgatttc tcgaacctt tctattcag agcgaacct	1860

gacatcattg ggatctccga gcaaccgctg ttcggtgctg gctccatcag ctctggcgaa 1920

ctgtacatcg acaagattga gatcatcctg gcggatgcga cgttcgaggc cgagtctgac 1980

ctggagcggg ctcagaaggc tgtcaacgaa ctgttcacca gcagcaacca gattgggctc 2040

aagaccgacg tcacggacta tcacattgac caagtgtcca accttgtgga gtgcctgtcc 2100

gacgagttct gcctcgacga gaagaaggag ctgtccgaga aggtcaaaca cgcgaagcgt 2160

ctgagtgacg agcggaattt gctccaggac ccgaacttcc gtggcatcaa ccgccagctc 2220

gaccgtgggt ggcgcgggag tacagacatc accatccagg gaggcgacga tgtgttcaag 2280

gagaactatg tgacgtgct cgggactttc gacgaatgct acccgacgta tctctaccag 2340

aagatagacg agagtaaatt gaaggcgtac acccgctacc agcttcgcgg gtacatcgag 2400

gatagtcagg acctggaaat ctacctgatc cgatacaacg ccaagcacga gacagtgaac 2460

gtgccaggca cgggctcact ttggccattg agcgctccct ctccaatcgg aaagtgcgt 2520

caccactgc accacttctc tctggacatc gacgtgggct gcaccgacct caacgaggac 2580

ctgggtgtct gggttatctt caagattaag acccaggacg gacatgcccg cctcgcaac 2640

ctggagtacc ttgaggagaa gcctctcgtg ggcgaggccc tcgctcgtgt gaagcgcgcc 2700

gagaagaaat ggcgagacaa gcgggagaag ctggagtggg agaccaacat cgtgtacaag 2760

gaggccaagg agtcagtgga cgcactcttc gtcaacagcc agtacgaccg cctccaggct 2820

gacaccaaca tcgcatgat ccacgcggct gacaagcggg tccacagcat ccgtgaggcg 2880

tacctgcccc agctgtcagt gatccctggt gtgaacgcgg cgatcttcga ggaactggag 2940

ggccgcatct tcacagcatt cagcctgtac gatgccagga atgttattaa gaacggtgac 3000

ttcaacaacg ggctgagttg ctggaacgtc aagggccatg tggacgtcga ggagcagaac 3060

aaccaccggt ccgtgctggt cgtgccggag tgggaggcag aggtgagcca ggaggtccgc 3120

gtctgccctg gtcgcggtca catctccgt gtgactgcgt acaaggaagg ctacggtgaa 3180

ggctgcgtga ctatccacga gatcgagaac aacaccgacg agctcaagtt ctgcaactgt 3240

gtggaggagg aggtgtaccc gaacaacacc gttacttgca acgactacac tgccacgcaa 3300

gaggagtacg agggcactta cacttcccgg aatcgcggt atgatggcg gtacgagtc 3360

aacagcagcg tgcttcgga ttatgcgtcc gcttacgagg agaaggcgta caccgacgga 3420

cggagggaca acccttgca gtccaaccgt ggctacggtg actaactcc gctgcccgc 3480

gggtacgtca ccaaggagct ggagiacttc ccggagaccg acaaagtctg gatcgagatc 3540

ggcgagacgg agggcacttt catcgtggac tcggtcgagc tgctactgat ggaggagtga 3600

<210> 28

<211> 1199

<212> PRT

<213> Artificial

<220><223> Amino acid sequence of the chimeric protein TIC868.

<400> 28

Met Thr Ser Asn Arg Lys Asn Glu Asn Glu Ile Ile Asn Ala Leu Ser

1 5 10 15

Ile Pro Ala Val Ser Asn His Ser Ala Gln Met Asn Leu Ser Thr Asp

20 25 30

Ala Arg Ile Glu Asp Ser Leu Cys Ile Ala Glu Gly Asn Asn Ile Asp

35 40 45

Pro Phe Val Ser Ala Ser Thr Val Gln Thr Gly Ile Asn Ile Ala Gly

50 55 60

Arg Ile Leu Gly Val Leu Gly Val Pro Phe Ala Gly Gln Ile Ala Ser

65 70 75 80

Phe Tyr Ser Phe Leu Val Gly Glu Leu Trp Pro Arg Gly Arg Asp Pro

85 90 95

Trp Glu Ile Phe Leu Glu His Val Glu Gln Leu Ile Arg Gln Gln Val

100 105 110

Thr Glu Asn Thr Arg Asp Thr Ala Leu Ala Arg Leu Gln Gly Leu Gly

115 120 125

Asn Ser Phe Arg Ala Tyr Gln Gln Ser Leu Glu Asp Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Arg Asp Asp Ala Arg Thr Arg Ser Val Leu Tyr Thr Gln Tyr Ile Ala

145 150 155 160

Leu Glu Leu Asp Phe Leu Asn Ala Met Pro Leu Phe Ala Ile Arg Asn

165 170 175

Gln Glu Val Pro Leu Leu Met Val Tyr Ala Gln Ala Ala Asn Leu His

180 185 190

Leu Leu Leu Leu Arg Asp Ala Ser Leu Phe Gly Ser Glu Phe Gly Leu

195 200 205

Thr Ser Gln Glu Ile Gln Arg Tyr Tyr Glu Arg Gln Val Glu Lys Thr
210 215 220

Arg Glu Tyr Ser Asp Tyr Cys Ala Arg Trp Tyr Asn Thr Gly Leu Asn
225 230 235 240

Asn Leu Arg Gly Thr Asn Ala Glu Ser Trp Leu Arg Tyr Asn Gln Phe
245 250 255

Arg Arg Asp Leu Thr Leu Gly Val Leu Asp Leu Val Ala Leu Phe Pro
260 265 270

Ser Tyr Asp Thr Arg Val Tyr Pro Met Asn Thr Ser Ala Gln Leu Thr
275 280 285

Arg Glu Ile Tyr Thr Asp Pro Ile Gly Arg Thr Asn Ala Pro Ser Gly
290 295 300

Phe Ala Ser Thr Asn Trp Phe Asn Asn Asn Ala Pro Ser Phe Ser Ala
305 310 315 320

Ile Glu Ala Ala Val Ile Arg Pro Pro His Leu Leu Asp Phe Pro Glu
325 330 335

Gln Leu Thr Ile Phe Ser Val Leu Ser Arg Trp Ser Asn Thr Gln Tyr
340 345 350

Met Asn Tyr Trp Val Gly His Arg Leu Glu Ser Arg Thr Ile Arg Gly
355 360 365

Ser Leu Ser Thr Ser Thr His Gly Asn Thr Asn Thr Ser Ile Asn Pro
370 375 380

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

Ala Gly Ile Asn Ile Leu Leu Thr Thr Pro Val Asn Gly Val Pro Trp
405 410 415

Ala Arg Phe Asn Trp Arg Asn Pro Leu Asn Ser Leu Arg Gly Ser Leu
420 425 430

Leu Tyr Thr Ile Gly Tyr Thr Gly Val Gly Thr Gln Leu Phe Asp Ser
435 440 445

Glu Thr Glu Leu Pro Pro Glu Thr Thr Glu Arg Pro Asn Tyr Glu Ser

450 455 460
 Tyr Ser His Arg Leu Ser Asn Ile Arg Leu Ile Ser Gly Asn Thr Leu
 465 470 475 480
 Arg Ala Pro Val Tyr Ser Trp Thr His Arg Ser Ala Asp Arg Thr Asn
 485 490 495

 Thr Ile Ser Ser Asp Ser Ile Asn Gln Ile Pro Leu Val Lys Gly Phe
 500 505 510
 Arg Val Trp Gly Gly Thr Ser Val Ile Thr Gly Pro Gly Phe Thr Gly
 515 520 525
 Gly Asp Ile Leu Arg Arg Asn Thr Phe Gly Asp Phe Val Ser Leu Gln
 530 535 540
 Val Asn Ile Asn Ser Pro Ile Thr Gln Arg Tyr Arg Leu Arg Phe Arg
 545 550 555 560

 Tyr Ala Ser Ser Arg Asp Ala Arg Val Ile Val Leu Thr Gly Ala Ala
 565 570 575
 Ser Thr Gly Val Gly Gly Gln Val Ser Val Asn Met Pro Leu Gln Lys
 580 585 590
 Thr Met Glu Ile Gly Glu Asn Leu Thr Ser Arg Thr Phe Arg Tyr Thr
 595 600 605
 Asp Phe Ser Asn Pro Phe Ser Phe Arg Ala Asn Pro Asp Ile Ile Gly
 610 615 620

 Ile Ser Glu Gln Pro Leu Phe Gly Ala Gly Ser Ile Ser Ser Gly Glu
 625 630 635 640
 Leu Tyr Ile Asp Lys Ile Glu Ile Ile Leu Ala Asp Ala Thr Phe Glu
 645 650 655
 Ala Glu Ser Asp Leu Glu Arg Ala Gln Lys Ala Val Asn Glu Leu Phe
 660 665 670
 Thr Ser Ser Asn Gln Ile Gly Leu Lys Thr Asp Val Thr Asp Tyr His
 675 680 685

 Ile Asp Gln Val Ser Asn Leu Val Glu Cys Leu Ser Asp Glu Phe Cys
 690 695 700

Leu Asp Glu Lys Lys Glu Leu Ser Glu Lys Val Lys His Ala Lys Arg
 705 710 715 720
 Leu Ser Asp Glu Arg Asn Leu Leu Gln Asp Pro Asn Phe Arg Gly Ile
 725 730 735
 Asn Arg Gln Leu Asp Arg Gly Trp Arg Gly Ser Thr Asp Ile Thr Ile
 740 745 750

 Gln Gly Gly Asp Asp Val Phe Lys Glu Asn Tyr Val Thr Leu Leu Gly
 755 760 765
 Thr Phe Asp Glu Cys Tyr Pro Thr Tyr Leu Tyr Gln Lys Ile Asp Glu
 770 775 780
 Ser Lys Leu Lys Ala Tyr Thr Arg Tyr Gln Leu Arg Gly Tyr Ile Glu
 785 790 795 800
 Asp Ser Gln Asp Leu Glu Ile Tyr Leu Ile Arg Tyr Asn Ala Lys His
 805 810 815

 Glu Thr Val Asn Val Pro Gly Thr Gly Ser Leu Trp Pro Leu Ser Ala
 820 825 830
 Pro Ser Pro Ile Gly Lys Cys Ala His His Ser His His Phe Ser Leu
 835 840 845
 Asp Ile Asp Val Gly Cys Thr Asp Leu Asn Glu Asp Leu Gly Val Trp
 850 855 860
 Val Ile Phe Lys Ile Lys Thr Gln Asp Gly His Ala Arg Leu Gly Asn
 865 870 875 880

 Leu Glu Phe Leu Glu Glu Lys Pro Leu Val Gly Glu Ala Leu Ala Arg
 885 890 895
 Val Lys Arg Ala Glu Lys Lys Trp Arg Asp Lys Arg Glu Lys Leu Glu
 900 905 910
 Trp Glu Thr Asn Ile Val Tyr Lys Glu Ala Lys Glu Ser Val Asp Ala
 915 920 925
 Leu Phe Val Asn Ser Gln Tyr Asp Arg Leu Gln Ala Asp Thr Asn Ile
 930 935 940

 Ala Met Ile His Ala Ala Asp Lys Arg Val His Ser Ile Arg Glu Ala

945	950	955	960
Tyr Leu Pro Glu Leu Ser Val Ile Pro Gly Val Asn Ala Ala Ile Phe			
	965	970	975
Glu Glu Leu Glu Gly Arg Ile Phe Thr Ala Phe Ser Leu Tyr Asp Ala			
	980	985	990
Arg Asn Val Ile Lys Asn Gly Asp Phe Asn Asn Gly Leu Ser Cys Trp			
	995	1000	1005
Asn Val Lys Gly His Val Asp Val Glu Glu Gln Asn Asn His Arg			
	1010	1015	1020
Ser Val Leu Val Val Pro Glu Trp Glu Ala Glu Val Ser Gln Glu			
	1025	1030	1035
Val Arg Val Cys Pro Gly Arg Gly Tyr Ile Leu Arg Val Thr Ala			
	1040	1045	1050
Tyr Lys Glu Gly Tyr Gly Glu Gly Cys Val Thr Ile His Glu Ile			
	1055	1060	1065
Glu Asn Asn Thr Asp Glu Leu Lys Phe Ser Asn Cys Val Glu Glu			
	1070	1075	1080
Glu Val Tyr Pro Asn Asn Thr Val Thr Cys Asn Asp Tyr Thr Ala			
	1085	1090	1095
Thr Gln Glu Glu Tyr Glu Gly Thr Tyr Thr Ser Arg Asn Arg Gly			
	1100	1105	1110
Tyr Asp Gly Ala Tyr Glu Ser Asn Ser Ser Val Pro Ala Asp Tyr			
	1115	1120	1125
Ala Ser Ala Tyr Glu Glu Lys Ala Tyr Thr Asp Gly Arg Arg Asp			
	1130	1135	1140
Asn Pro Cys Glu Ser Asn Arg Gly Tyr Gly Asp Tyr Thr Pro Leu			
	1145	1150	1155
Pro Ala Gly Tyr Val Thr Lys Glu Leu Glu Tyr Phe Pro Glu Thr			
	1160	1165	1170
Asp Lys Val Trp Ile Glu Ile Gly Glu Thr Glu Gly Thr Phe Ile			
	1175	1180	1185

Val Asp Ser Val Glu Leu Leu Leu Met Glu Glu

1190

1195

<210> 29

<211> 3600

<212> DNA

<213> Artificial

<220><223> Synthetic nucleotide sequence designed for expression in a plant cell encoding TIC868_9.

<400> 29

atgacgagca accggaagaa cgagaacgag atcatcaacg ccctctcgat ccctgctgtt 60
tcaaaccact ccgcgcagat gaacctgtcc accgacgcgc gcatcgagga ctccctctgc 120
atagccgagg gcaacaacat cgaccattc gtgtcggcca gcacggttca gaccggcatc 180
aacatcgagg gccgtatcct cggcgtcctc ggtgtcccat tcgccgtca gatcgctcc 240

ttctactcgt tcttgtggg cgagctgtgg cctcgcggtc gtgacccgtg ggagatcttc 300
ctggagcatg tggagcagtt gatccggcag caagtcacgg agaacaccg cgatactgct 360
ctggccaggc tacaggcct gggaactcc ttccggcat accagcagtc actggaggac 420
tggttgaga acagggatga cgcgcaaca cgtcggtag tctacacca gtacatcgt 480
ctcgaactcg acttctgaa cgctatgccg ctgttcgcca tcaggaacca ggaagtcca 540
ctccttatgg tgtacgcca ggccgcaac ttacatctgc tctgctgcg ggacgccagc 600
ctgttcggct ccgagttcgg actcacatct caagaaatcc agcgttacta cgagcgccaa 660

gtggagaaga cccgtgagta cagtactac tgcgtcgat ggtacaacac agggctcaac 720
agcctgcgcg gcaccaacgc tgagtcagtg ctccgttaca accagttccg ccgcgacttg 780
actttgggtg tctagacct ggtggcgcta ttcccgctt acgacacag ggtgtaccca 840
atgaacacta gcgcgaact cagcgggag atctacacag accaatcgg ccggacgaac 900
gcacctccg gtttcgcatc caggaattgg ttcaacaaca acgaccctc ctctcggca 960
atcgaggccg ccgtcatccg ccctctcac ctgctcgact ttcccgagca gtcacgac 1020
ttctccgtgc tctcacgtg gtccaacaca cagtacatga actactgggt cgggcaccga 1080

ttggagagta ggacgatccg tggcagcttg agcaccagta cccacggcaa caccaacacc 1140
tccatcaacc cagttacgt acagttcacg agccgcgacg ttaccggac tgagtcgacg 1200
gcgggcatta acatccttat gacaacgccc gtcaacggcg tccgtgggc ccggttcaac 1260
tggcgtaac cgaagaactc cctgcgcggg tcattgtct acaccatcgg gtacacgggc 1320
gtcggcacc agctcttcga cagtgaact gagctgccg ccgagaccac ggaacgccc 1380

aactacgagt cctacagcca ccgctgtcc aacatccggc tcatctctgg caacacgctg	1440
cgtgcgccgg tgtactcctg gacacaccgc agcgccgacc ggaccaacac gatctcttcc	1500
gactccatta accagatccc gctcgtgaag ggcttccgtg tgtggggtgg cacgagcgtc	1560
atcacccggtc cgggcttcac cgggtggagac atactgcggc gcaacacitt cggcgacttc	1620
gtttcgttgc aagtgaacat caactcgccg atcacccagc gttaccgtct gaggttccgc	1680
tacgttcaa gccgcgacgc gaggtcatt gtcctgaccg gagccgcgtc cacaggcgtg	1740
ggaggccaag tctcagtcaa catgcctctc cagaagacga tggagatagg cgagaacttg	1800
actagccgaa cttccggta cactgatttc tcgaaccctt tctcattcag agcgaaccct	1860
gacatcattg ggatctccga gcaaccgtg ttcggtgctg gctccatcag ctctggcgaa	1920
ctgtacatcg acaagattga gatcatcctg gcggatgcga cgttcgaggc cgagtctgac	1980
ctggagcggg ctcagaaggc tgtcaacgaa ctgttcacca gcagcaacca gattgggctc	2040
aagaccgacg tcacggacta tcacattgac caagtgtcca acctgttgga gtgcctgtcc	2100
gacgagttct gcctcgacga gaagaaggag ctgtccgaga aggtcaaaca cgcgaagcgt	2160
ctgagtgacg agcggaatit gctccaggac ccgaacttcc gtggcatcaa ccgccagctc	2220
gaccgtgggt ggcgccggag tacagacatc accatccagg gaggcgacga tgtgttcaag	2280
gagaactatg tgacgtgct cgggactttc gacgaatgct acccgacgta tctctaccag	2340
aagatagacg agagtaaatt gaaggcgtac acccgctacc agcttcgcgg gtacatcgag	2400
gatagtcagg acctggaaat ctacctgatc cgatacaacg ccaagcacga gacagtgaac	2460
gtgccaggca cgggctcact ttggccattg agcgctccct ctccaatcgg aaagtgcgt	2520
caccactcgc accacttctc tctggacatc gacgtgggct gcaccgacct caacgaggac	2580
ctgggtgtct gggttatctt caagattaag acccaggacg gacatgccg cctcggaac	2640
ctggagtacc ttgaggagaa gcctctcgtg ggcgaggccc tcgctcgtgt gaagcgccc	2700
gagaagaaat ggcgagacaa gcgggagaag ctggagtggg agaccaacat cgtgtacaag	2760
gaggccaagg agtcagtga cgcactcttc gtcaacagcc agtacgaccg cctccaggct	2820
gacaccaaca tcgcatgat ccacgcggct gacaagcggg tccacagcat ccgtgaggcg	2880
tacctgcccg agctgtcagt gatccctggt gtgaacgcgg cgatcttcga ggaactggag	2940
ggccgcattc tcacagcatt cagcctgtac gatgccagga atgttattaa gaacggtgac	3000
ttcaacaacg ggctgagttg ctggaacgtc aagggccatg tggacgtcga ggagcagaac	3060
aaccaccggt ccgtgctggt cgtgccggag tgggaggcag aggtgagcca ggaggtccgc	3120

gtctgccctg gtcgcggcta catcctccgt gtgactgcgt acaaggaagg ctacggtgaa 3180

ggctgcgtga ctatccacga gatcgagaac aacaccgacg agctcaagtt ctggaactgt 3240

gtggaggagg aggtgtaccc gaacaacacc gttacttgca acgactacac tgccacgcaa 3300

gaggagtacg agggcactta cacttcccgg aatcgcggt atgatggcgc gtacgagtcc 3360

aacagcagcg tgcctgcgga ttatgcgtcc gcttacgagg agaaggcgta caccgacgga 3420

cggagggaca acccttgcca gtccaaccgt ggctacggtg actacactcc gctgcccgcc 3480

gggtacgtca ccaaggagct ggagtacttc ccggagaccg acaaagtctg gatcgagatc 3540

ggcgagacgg agggcacttt catcgtggac tcggtcgagc tgctactgat ggaggagtga 3600

<210> 30

<211> 1199

<212> PRT

<213> Artificial

<220><223> Amino acid sequence of the chimeric protein variant TIC868_9.

<400> 30

Met Thr Ser Asn Arg Lys Asn Glu Asn Glu Ile Ile Asn Ala Leu Ser

1 5 10 15

Ile Pro Ala Val Ser Asn His Ser Ala Gln Met Asn Leu Ser Thr Asp

20 25 30

Ala Arg Ile Glu Asp Ser Leu Cys Ile Ala Glu Gly Asn Asn Ile Asp

35 40 45

Pro Phe Val Ser Ala Ser Thr Val Gln Thr Gly Ile Asn Ile Ala Gly

50 55 60

Arg Ile Leu Gly Val Leu Gly Val Pro Phe Ala Gly Gln Ile Ala Ser

65 70 75 80

Phe Tyr Ser Phe Leu Val Gly Glu Leu Trp Pro Arg Gly Arg Asp Pro

85 90 95

Trp Glu Ile Phe Leu Glu His Val Glu Gln Leu Ile Arg Gln Gln Val

100 105 110

Thr Glu Asn Thr Arg Asp Thr Ala Leu Ala Arg Leu Gln Gly Leu Gly

115 120 125

Asn Ser Phe Arg Ala Tyr Gln Gln Ser Leu Glu Asp Trp Leu Glu Asn

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

Val Thr Leu Gln Phe Thr Ser Arg Asp Val Tyr Arg Thr Glu Ser Gln
385 390 395 400
Ala Gly Ile Asn Ile Leu Met Thr Thr Pro Val Asn Gly Val Pro Trp
405 410 415
Ala Arg Phe Asn Trp Arg Asn Pro Lys Asn Ser Leu Arg Gly Ser Leu
420 425 430
Leu Tyr Thr Ile Gly Tyr Thr Gly Val Gly Thr Gln Leu Phe Asp Ser
435 440 445
Glu Thr Glu Leu Pro Pro Glu Thr Thr Glu Arg Pro Asn Tyr Glu Ser
450 455 460
Tyr Ser His Arg Leu Ser Asn Ile Arg Leu Ile Ser Gly Asn Thr Leu
465 470 475 480
Arg Ala Pro Val Tyr Ser Trp Thr His Arg Ser Ala Asp Arg Thr Asn
485 490 495
Thr Ile Ser Ser Asp Ser Ile Asn Gln Ile Pro Leu Val Lys Gly Phe
500 505 510
Arg Val Trp Gly Gly Thr Ser Val Ile Thr Gly Pro Gly Phe Thr Gly
515 520 525
Gly Asp Ile Leu Arg Arg Asn Thr Phe Gly Asp Phe Val Ser Leu Gln
530 535 540
Val Asn Ile Asn Ser Pro Ile Thr Gln Arg Tyr Arg Leu Arg Phe Arg
545 550 555 560
Tyr Ala Ser Ser Arg Asp Ala Arg Val Ile Val Leu Thr Gly Ala Ala
565 570 575
Ser Thr Gly Val Gly Gly Gln Val Ser Val Asn Met Pro Leu Gln Lys
580 585 590
Thr Met Glu Ile Gly Glu Asn Leu Thr Ser Arg Thr Phe Arg Tyr Thr
595 600 605
Asp Phe Ser Asn Pro Phe Ser Phe Arg Ala Asn Pro Asp Ile Ile Gly
610 615 620
Ile Ser Glu Gln Pro Leu Phe Gly Ala Gly Ser Ile Ser Ser Gly Glu

625 630 635 640
 Leu Tyr Ile Asp Lys Ile Glu Ile Ile Leu Ala Asp Ala Thr Phe Glu
 645 650 655
 Ala Glu Ser Asp Leu Glu Arg Ala Gln Lys Ala Val Asn Glu Leu Phe
 660 665 670
 Thr Ser Ser Asn Gln Ile Gly Leu Lys Thr Asp Val Thr Asp Tyr His
 675 680 685

 Ile Asp Gln Val Ser Asn Leu Val Glu Cys Leu Ser Asp Glu Phe Cys
 690 695 700
 Leu Asp Glu Lys Lys Glu Leu Ser Glu Lys Val Lys His Ala Lys Arg
 705 710 715 720
 Leu Ser Asp Glu Arg Asn Leu Leu Gln Asp Pro Asn Phe Arg Gly Ile
 725 730 735
 Asn Arg Gln Leu Asp Arg Gly Trp Arg Gly Ser Thr Asp Ile Thr Ile
 740 745 750

 Gln Gly Gly Asp Asp Val Phe Lys Glu Asn Tyr Val Thr Leu Leu Gly
 755 760 765
 Thr Phe Asp Glu Cys Tyr Pro Thr Tyr Leu Tyr Gln Lys Ile Asp Glu
 770 775 780
 Ser Lys Leu Lys Ala Tyr Thr Arg Tyr Gln Leu Arg Gly Tyr Ile Glu
 785 790 795 800
 Asp Ser Gln Asp Leu Glu Ile Tyr Leu Ile Arg Tyr Asn Ala Lys His
 805 810 815

 Glu Thr Val Asn Val Pro Gly Thr Gly Ser Leu Trp Pro Leu Ser Ala
 820 825 830
 Pro Ser Pro Ile Gly Lys Cys Ala His His Ser His His Phe Ser Leu
 835 840 845
 Asp Ile Asp Val Gly Cys Thr Asp Leu Asn Glu Asp Leu Gly Val Trp
 850 855 860
 Val Ile Phe Lys Ile Lys Thr Gln Asp Gly His Ala Arg Leu Gly Asn
 865 870 875 880

Leu Glu Phe Leu Glu Glu Lys Pro Leu Val Gly Glu Ala Leu Ala Arg
 885 890 895
 Val Lys Arg Ala Glu Lys Lys Trp Arg Asp Lys Arg Glu Lys Leu Glu
 900 905 910
 Trp Glu Thr Asn Ile Val Tyr Lys Glu Ala Lys Glu Ser Val Asp Ala
 915 920 925
 Leu Phe Val Asn Ser Gln Tyr Asp Arg Leu Gln Ala Asp Thr Asn Ile
 930 935 940

 Ala Met Ile His Ala Ala Asp Lys Arg Val His Ser Ile Arg Glu Ala
 945 950 955 960
 Tyr Leu Pro Glu Leu Ser Val Ile Pro Gly Val Asn Ala Ala Ile Phe
 965 970 975
 Glu Glu Leu Glu Gly Arg Ile Phe Thr Ala Phe Ser Leu Tyr Asp Ala
 980 985 990
 Arg Asn Val Ile Lys Asn Gly Asp Phe Asn Asn Gly Leu Ser Cys Trp
 995 1000 1005

 Asn Val Lys Gly His Val Asp Val Glu Glu Gln Asn Asn His Arg
 1010 1015 1020
 Ser Val Leu Val Val Pro Glu Trp Glu Ala Glu Val Ser Gln Glu
 1025 1030 1035
 Val Arg Val Cys Pro Gly Arg Gly Tyr Ile Leu Arg Val Thr Ala
 1040 1045 1050
 Tyr Lys Glu Gly Tyr Gly Glu Gly Cys Val Thr Ile His Glu Ile
 1055 1060 1065

 Glu Asn Asn Thr Asp Glu Leu Lys Phe Ser Asn Cys Val Glu Glu
 1070 1075 1080
 Glu Val Tyr Pro Asn Asn Thr Val Thr Cys Asn Asp Tyr Thr Ala
 1085 1090 1095
 Thr Gln Glu Glu Tyr Glu Gly Thr Tyr Thr Ser Arg Asn Arg Gly
 1100 1105 1110
 Tyr Asp Gly Ala Tyr Glu Ser Asn Ser Ser Val Pro Ala Asp Tyr

1115	1120	1125
Ala Ser Ala Tyr Glu Glu Lys	Ala Tyr Thr Asp Gly	Arg Arg Asp
1130	1135	1140
Asn Pro Cys Glu Ser Asn Arg	Gly Tyr Gly Asp Tyr	Thr Pro Leu
1145	1150	1155
Pro Ala Gly Tyr Val Thr Lys	Glu Leu Glu Tyr Phe	Pro Glu Thr
1160	1165	1170
Asp Lys Val Trp Ile Glu Ile	Gly Glu Thr Glu Gly	Thr Phe Ile
1175	1180	1185
Val Asp Ser Val Glu Leu Leu	Leu Met Glu Glu	
1190	1195	
<210> 31		
<211> 3678		
<212> DNA		
<213> Artificial		
<220><223> Recombinant nucleotide sequence used for expression in a		
bacterial cell encoding TIC868_10.		
<400> 31		
atgacttcaa ataggaaaa tgagaatgaa attataaatg ctttatcgat tccagctgta	60	
tcgaatcatt ccgcacaaat gaatctatca accgatgctc gtattgagga tagcttgtgt	120	
atagccgagg ggaacaatat cgatccattt gtttagcgc atcaacgtcca aacgggtatt	180	
aacatagctg gtagaatact aggtgtatta ggcgtaccgt ttgctggaca aatagctagt	240	
ttttatagtt ttcttggtgg tgaattatgg ccccgcgga gagatccttg ggaaattttc	300	
ctagaacatg tcgaacaact tataagacaa caagtaacag aaaatactag ggatacggct	360	
cttgctcgat tacaaggttt aggaaattcc tttagagcct atcaacagtc acttgaagat	420	
tggctagaaa accgtgatga tgcaagaacg agaagtgttc tttataccca atatatagcc	480	
ttagaacttg attttcttaa tgcgatgccg cttttcgcaa ttagaaacca agaagttcca	540	
ttattaatgg tatatgctca agctgcaa attacacctat tattattgag agatgcctct	600	
ctttttggta gtgaatttgg gcttacatcc caagaaattc aacgttatta tgagcgccaa	660	
gtggaaaaaa cgagagaata ttctgattat tgcgcaagat ggtataatac gggttttaat	720	
aatttgagag ggacaaatgc tgaaagttgg ttgcgatata atcaattccg tagagactta	780	

acgctaggag tattagatct agtggcacia ttcccaagct atgacacgcg tgtttatcca 840
atgaatacca gtgctcaatt aacaagagaa atttatacag atccaattgg gagaacaaat 900
gcaccttcag gatttgcaag tacgaattgg tttataata atgcaccatc gttttctgcc 960
atagaggctg ccgttattag gcctccgcat ctacttgatt ttccagaaca gcttacaatt 1020

ttcagcgtat taagtcgatg gagtaatact caatatatga attactgggt gggacataga 1080
cttgaatcgc gaacaataag ggggtcatta agtacctcga cacacggaaa taccaatact 1140
tctattaatc ctgtaacatt acagttcaca tctcgagacg tttatagaac agaatcattt 1200
gcagggataa atatacttct aactactcct gtgaatggag taccttgggc tagatttaat 1260
tggagaaatc ccctgaattc tcttagaggt agccttctct atactatagg gtatactgga 1320
gtggggacac aactatttga ttcagaaact gaattaccac cagaaacaac agaacgacca 1380
aattatgaat cttacagtca tagattatct aatataagac taatatcagg aaacactttg 1440

agagcaccag tatattcttg gacgcaccgt agtgcagatc gtacaaatac cattagttca 1500
gatagcatta atcaaatacc tttagtgaag ggatttagag tttggggggg cacctctgtc 1560
attacaggac caggatttac aggaggggat atccttcgaa gaaatacctt tgggtgatttt 1620
glatctctac aagtcaatat taattcacca attacccaaa gataccgttt aagatttcgt 1680
tacgcttcca gtagggatgc acgagttata gtattaacag gagcggcatc cacaggagtg 1740
ggaggccaag ttagtgtaaa tatgcctctt cagaaaacta tggaaatagg ggagaactta 1800
acatctagaa catttagata taccgatttt agtaatcctt tttcatttag agctaatcca 1860

gatataattg ggataagtga acaacctcta tttggtgcag gttctattag tagcggtgaa 1920
ctttatatag ataaaattga aattattcta gcagatgcaa catttgaggc agaatatgat 1980
ttagaaagag cgaaaagggt ggtgaatgcc ctgtttacgt ctacaaacca actagggcta 2040
aaaacagatg tgacggatta tcatattgat caggatatcca atctagttgc gtgtttatcg 2100
gatgaatttt gtctggatga aaagagagaa ttgtccgaga aagttaaaca tgcaaagcga 2160
ctcagtgatg agcgggaattt acttcaagat ccaaacttca gagggatcaa taggcaacca 2220
gaccgtggct ggagaggaag tacggatatt actatccaag gaggagatga cgtattcaaa 2280

gagaattacg ttacgtacc gggtaacctt gatgagtgt atccaacgta tttatatcaa 2340
aaaatagatg agtcgaattt aaagcctat acccgttate aattaagagg gtatatcgaa 2400
gatagtcaag acttagaaat ctatttaatt cgttacaatg caaaacacga aatagttaat 2460
gtaccaggta caggaagttt atggcctctt tctgtagaaa atcaaattgg accttgigga 2520
gaaccgaatc gatgcgcgcc acaccttgaa tggaatcctg atttactg ttcctgcaga 2580
gacggggaaa aatgtgcaca tcattctcat cttttctctt tggacattga tgttgatgt 2640

acagacttaa atgaggactt aggtgtatgg gtgatattca agattaagac gcaagatggc 2700

cacgcacgac tagggaatct agagtttctc gaagagaaac cattattagg agaagcacta 2760

gctcgtgtga aaagagcgga gaaaaaatgg agagacaaac gcgaaacatt acaattggaa 2820

acaactatcg ttataaaga ggcaaaagaa tctgtagatg ctttatttgt aaactctcaa 2880

tatgatagat tacaagcgga tacgaacatc gcgatgattc atgcggcaga taaacgcgtt 2940

catagaattc gagaagcgta tctgccggag ctgtctgtga ttccgggtgt caatgcggct 3000

atttttgaag aattagaaga gcgtattttc actgcatttt ccctatatga tgcgagaaat 3060

attattaaaa atggcgattt caataatggc ttattatgct ggaacgtgaa agggcatgta 3120

gaggtagaag aacaaaacaa tcaccgttca gtcctggtta tcccagaatg ggaggcagaa 3180

gtgtcacaag aggttcgtgt ctgtccaggt cgtggctata tccttcgtgt tacagcgta 3240

aaagagggat atggagaagg ttgcgtaacg atccatgaga tcgagaacaa tacagacgaa 3300

ctgaaattca acaactgtgt agaagaggaa gtatatccaa acaacacggt aacgtgtatt 3360

aattatactg cgactcaaga agaatatgag ggtacgtaca cttctcgtaa tcgaggatat 3420

gacgaagcct atggtaataa cccttcgta ccagctgatt atgcgtcagt ctatgaagaa 3480

aaatcgtata cagatagacg aagagagaat ccttgtgaat ctaacagagg atatggagat 3540

tacacaccac taccagctgg ttatgtaaca aaggaattag agtacttccc agagaccgat 3600

aaggtatgga ttgagattgg agaaacagaa ggaacattca tcgtggacag cgtggaatta 3660

ctccttatgg aggaatag 3678

<210> 32

<211> 3678

<212> DNA

<213> Artificial

<220><223> Synthetic nucleotide sequence designed for expression in a plant cell encoding TIC868_10.

<400> 32

atgacgagca accggaagaa cgagaacgag atcatcaacg ccctctcgat ccctgctgtt 60

tcaaaccact ccgcgcagat gaacctgtcc accgacgcgc gcatcgagga ctccctctgc 120

atagccgagg gcaacaacat cgaccattc gtgtcggcca gcacggttca gaccggcatc 180

aacatcgagg gccgtatcct cggcgtctc ggtgtcccat tcgccggtca gatcgctcc 240

ttctactcgt tcttgtggg cgagctgtgg cctcggggtc gtgaccctg ggagatcttc 300

ctggagcatg tggagcagtt gatccggcag caagtcacgg agaacaccg cgatactgct 360

ctggccaggc tacagggcct gggaaactcc ttctgggcat accagcagtc actggaggac	420
tggttgagga acagggatga cgcgcgaaca cgctcggtac tctacacca gtacatcgct	480
ctcgaactcg acttcttgaa cgctatgccg ctgttcgcca tcaggaacca ggaagttcca	540
ctccttatgg tgiacgcca ggccgccaac ttacatctgc tctgctgcg ggacgccagc	600
ctgttcggct ccgagttcgg actcacatct caagaaatcc agcgttacta cgagcgccaa	660
gtggagaaga cccgtgagta cagtgactac tgcgctcgat ggtacaacac agggctcaac	720
aacctgcgcg gcaccaacgc tgagtcattg ctccgttaca accagttccg ccgcgacttg	780
actttgggtg tcttagacct ggtggcgcta ttcccgcttt acgacacacg ggtgtacca	840
atgaacacta gcgcgcaact cacgcgggag atctacacag acccaatcgg ccggacgaac	900
gcacctccg gtctcgcatc cacgaattgg ttcaacaaca acgcacctc cttctcgga	960
atcgaggccg ccgtcatccg cctctctcac ctgctcgact ttcccgagca gctcacgac	1020
ttctccgtgc tctcacgtg gtccaacaca cagtacatga actactgggt cgggcaccga	1080
ttggagagta ggacgatccg tggcagcttg agcaccagta cccacggcaa caccaacacc	1140
tccatcaacc cagttacgtt acagttcacg agccgcgacg ttaccggac tgagtcgttc	1200
gcgggcatta acatccttct gacaacgccc gtcaacggcg tccgtgggc ccggttcaac	1260
tggcgtaacc cgttgaactc cctgcgcggg tcattgtctt acaccatcgg gtacacgggc	1320
gtcggcacc cagctcttga cagtgaact gagctgccg ccgagaccac ggaacgccc	1380
aactacgagt cctacagcca ccgctgtcc aacatccggc tcattcttg caacacgtg	1440
cgtgcgccg tgtactctg gacacaccg agcgccgacc ggaccaacac gatctcttc	1500
gactccatta accagatccc gctcgtgaag ggcttccgtg tgtggggtgg cacgagcgtc	1560
atcaccggtc cgggcttac ccgtggagac atactgcggc gcaacacttt cggcgacttc	1620
gtttcgttg aagtgaacat caactgcgcg atcaccagc gttaccgtt gaggttccgc	1680
tacgcttcaa gccgcgacg gaggtcatt gtctgaccg gagccgcgtc cacaggcgtg	1740
ggaggccaag tctcagtcaa catgcctctc cagaagacga tggagatagg cgagaacttg	1800
actagccgaa ccttccggtg cactgatttc tcgaacctt tctcattcag agcgaacct	1860
gacatcatt ggatctccg gcaaccgtg ttccgtgctg gctccatcag ctctggcgaa	1920
ctgtacatg acaagattg gatcatctg gcggatgca cgttcgagc cgagtacgac	1980
cttgagcgcg cccagaagggt ggtgaacgcc ctcttacta gactaacca gctaggcctg	2040
aagactgacg tgaccgacta ccacatcgac caagttagca acctagtggc ctgcctctcc	2100
gacgagtctt gcctcgacga gaagcgcgag ctgtccgaga aggtgaagca cgccaagcgc	2160

ctctccgacg agcgcaacct gctccaggac cccaacttca ggggcatcaa caggcagccc 2220

gaccgcggtc ggcgcggctc caccgacatc accatccagg gcggtgacga cgtattcaag 2280

gagaactacg ttacctccc cggcaccttc gacgagtgtt accccaccta cctctaccag 2340

aagatcgacg agtccaagct gaaggcctac acccgctacc agctccgagg ctacatcgag 2400

gactcccagg acctggaat ctacctcatc cgtacaacg ccaagcacga gatcgtgaac 2460

gtgcctggca cgggcagcct ctggcctctc agcgtggaga accagatcgg cccttgaggc 2520

gagcctaacc gctgcgcccc tcacctgag tgaacctg acctccactg ctctgcagg 2580

gacggcgaga agtgcgcccc ccatagccac cacttctctc tggacatcga cgtgggctgc 2640

accgacctga acgaggacct gggcgtgtgg gttatcttca agatcaagac ccaggacggt 2700

cacgccaggc tgggtaacct ggagttcctt gaggaaaagc ctctgctggg tgaggccctg 2760

gccagggtca agagggtga gaagaaatgg agggataaga gggagaccct gcagctggag 2820

accactatcg tctacaagga ggctaaggag tctgtcgatg ctctgttctg caactctcag 2880

tacgatagac tgcaagctga taccaacatc gctatgatcc acgtgcgga taagcgggtc 2940

caccggatcc gggaggttta cttccggag ctttctgtca tcccgggtgt caacgtgcg 3000

atcttcgagg aacttgagga acggatcttc actgcgttta gtccttacga tgcgcggaac 3060

atcatcaaga acggggactt caacaatggt ctgctgtgct ggaacgtcaa gggtcattgc 3120

gaggtcgagg aaaaaacaa tcatcgtagt gtccttgtca ttcctgagtg ggaggcggag 3180

gtctctcaag aggtccgtgt ttgcccgggg cgtgggtaca ttcttcgtgt tactgcgtac 3240

aaggaggggt acgggggagg gtgcgttact attcatgaga ttgagaacaa tactgatgag 3300

cttaagttca acaattgtgt tgaggaggag gtttaccga acaatactgt tacgtgcatc 3360

aactacacgg caacgaaga ggaatcacg gggacgtaca cctcgcgtaa tagagggtat 3420

gatgaggcgt acggaaacaa cccgtcgggt ccagcagatt atgcctcgggt ttatgaggag 3480

aagtcgtaca cggatagacg acgcgagaat ccatgtgagt caaatcgagg atacggagat 3540

tacacacat taccagcagg atacgttaca aaggagtgg aatacttccc ggaacacat 3600

aaagtttga ttgaaatcgg agaaacagaa ggaacattca tcgtcgactc agtagaattg 3660

ttgttgatgg aagaatga 3678

<210> 33

<211> 1225

<212> PRT

<213> Artificial

<220><223> Amino acid sequence of the chimeric protein variant TIC868_10.

<400> 33

Met Thr Ser Asn Arg Lys Asn Glu Asn Glu Ile Ile Asn Ala Leu Ser

1 5 10 15

Ile Pro Ala Val Ser Asn His Ser Ala Gln Met Asn Leu Ser Thr Asp

20 25 30

Ala Arg Ile Glu Asp Ser Leu Cys Ile Ala Glu Gly Asn Asn Ile Asp

35 40 45

Pro Phe Val Ser Ala Ser Thr Val Gln Thr Gly Ile Asn Ile Ala Gly

50 55 60

Arg Ile Leu Gly Val Leu Gly Val Pro Phe Ala Gly Gln Ile Ala Ser

65 70 75 80

Phe Tyr Ser Phe Leu Val Gly Glu Leu Trp Pro Arg Gly Arg Asp Pro

85 90 95

Trp Glu Ile Phe Leu Glu His Val Glu Gln Leu Ile Arg Gln Gln Val

100 105 110

Thr Glu Asn Thr Arg Asp Thr Ala Leu Ala Arg Leu Gln Gly Leu Gly

115 120 125

Asn Ser Phe Arg Ala Tyr Gln Gln Ser Leu Glu Asp Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Arg Asp Asp Ala Arg Thr Arg Ser Val Leu Tyr Thr Gln Tyr Ile Ala

145 150 155 160

Leu Glu Leu Asp Phe Leu Asn Ala Met Pro Leu Phe Ala Ile Arg Asn

165 170 175

Gln Glu Val Pro Leu Leu Met Val Tyr Ala Gln Ala Ala Asn Leu His

180 185 190

Leu Leu Leu Leu Arg Asp Ala Ser Leu Phe Gly Ser Glu Phe Gly Leu

195 200 205

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

210 215 220

Arg Glu Tyr Ser Asp Tyr Cys Ala Arg Trp Tyr Asn Thr Gly Leu Asn

225 230 235 240

Asn Leu Arg Gly Thr Asn Ala Glu Ser Trp Leu Arg Tyr Asn Gln Phe
 245 250 255
 Arg Arg Asp Leu Thr Leu Gly Val Leu Asp Leu Val Ala Leu Phe Pro
 260 265 270
 Ser Tyr Asp Thr Arg Val Tyr Pro Met Asn Thr Ser Ala Gln Leu Thr
 275 280 285
 Arg Glu Ile Tyr Thr Asp Pro Ile Gly Arg Thr Asn Ala Pro Ser Gly
 290 295 300
 Phe Ala Ser Thr Asn Trp Phe Asn Asn Asn Ala Pro Ser Phe Ser Ala
 305 310 315 320
 Ile Glu Ala Ala Val Ile Arg Pro Pro His Leu Leu Asp Phe Pro Glu
 325 330 335
 Gln Leu Thr Ile Phe Ser Val Leu Ser Arg Trp Ser Asn Thr Gln Tyr
 340 345 350
 Met Asn Tyr Trp Val Gly His Arg Leu Glu Ser Arg Thr Ile Arg Gly
 355 360 365
 Ser Leu Ser Thr Ser Thr His Gly Asn Thr Asn Thr Ser Ile Asn Pro
 370 375 380
 Val Thr Leu Gln Phe Thr Ser Arg Asp Val Tyr Arg Thr Glu Ser Phe
 385 390 395 400
 Ala Gly Ile Asn Ile Leu Leu Thr Thr Pro Val Asn Gly Val Pro Trp
 405 410 415
 Ala Arg Phe Asn Trp Arg Asn Pro Leu Asn Ser Leu Arg Gly Ser Leu
 420 425 430
 Leu Tyr Thr Ile Gly Tyr Thr Gly Val Gly Thr Gln Leu Phe Asp Ser
 435 440 445
 Glu Thr Glu Leu Pro Pro Glu Thr Thr Glu Arg Pro Asn Tyr Glu Ser
 450 455 460
 Tyr Ser His Arg Leu Ser Asn Ile Arg Leu Ile Ser Gly Asn Thr Leu
 465 470 475 480
 Arg Ala Pro Val Tyr Ser Trp Thr His Arg Ser Ala Asp Arg Thr Asn

485 490 495
 Thr Ile Ser Ser Asp Ser Ile Asn Gln Ile Pro Leu Val Lys Gly Phe
 500 505 510
 Arg Val Trp Gly Gly Thr Ser Val Ile Thr Gly Pro Gly Phe Thr Gly

 515 520 525
 Gly Asp Ile Leu Arg Arg Asn Thr Phe Gly Asp Phe Val Ser Leu Gln
 530 535 540
 Val Asn Ile Asn Ser Pro Ile Thr Gln Arg Tyr Arg Leu Arg Phe Arg
 545 550 555 560
 Tyr Ala Ser Ser Arg Asp Ala Arg Val Ile Val Leu Thr Gly Ala Ala
 565 570 575
 Ser Thr Gly Val Gly Gly Gln Val Ser Val Asn Met Pro Leu Gln Lys

 580 585 590
 Thr Met Glu Ile Gly Glu Asn Leu Thr Ser Arg Thr Phe Arg Tyr Thr
 595 600 605
 Asp Phe Ser Asn Pro Phe Ser Phe Arg Ala Asn Pro Asp Ile Ile Gly
 610 615 620
 Ile Ser Glu Gln Pro Leu Phe Gly Ala Gly Ser Ile Ser Ser Gly Glu
 625 630 635 640
 Leu Tyr Ile Asp Lys Ile Glu Ile Ile Leu Ala Asp Ala Thr Phe Glu

 645 650 655
 Ala Glu Tyr Asp Leu Glu Arg Ala Gln Lys Val Val Asn Ala Leu Phe
 660 665 670
 Thr Ser Thr Asn Gln Leu Gly Leu Lys Thr Asp Val Thr Asp Tyr His
 675 680 685
 Ile Asp Gln Val Ser Asn Leu Val Ala Cys Leu Ser Asp Glu Phe Cys
 690 695 700
 Leu Asp Glu Lys Arg Glu Leu Ser Glu Lys Val Lys His Ala Lys Arg

 705 710 715 720
 Leu Ser Asp Glu Arg Asn Leu Leu Gln Asp Pro Asn Phe Arg Gly Ile
 725 730 735

Asn Arg Gln Pro Asp Arg Gly Trp Arg Gly Ser Thr Asp Ile Thr Ile
 740 745 750
 Gln Gly Gly Asp Asp Val Phe Lys Glu Asn Tyr Val Thr Leu Pro Gly
 755 760 765
 Thr Phe Asp Glu Cys Tyr Pro Thr Tyr Leu Tyr Gln Lys Ile Asp Glu
 770 775 780
 Ser Lys Leu Lys Ala Tyr Thr Arg Tyr Gln Leu Arg Gly Tyr Ile Glu
 785 790 795 800
 Asp Ser Gln Asp Leu Glu Ile Tyr Leu Ile Arg Tyr Asn Ala Lys His
 805 810 815
 Glu Ile Val Asn Val Pro Gly Thr Gly Ser Leu Trp Pro Leu Ser Val
 820 825 830
 Glu Asn Gln Ile Gly Pro Cys Gly Glu Pro Asn Arg Cys Ala Pro His
 835 840 845
 Leu Glu Trp Asn Pro Asp Leu His Cys Ser Cys Arg Asp Gly Glu Lys
 850 855 860
 Cys Ala His His Ser His His Phe Ser Leu Asp Ile Asp Val Gly Cys
 865 870 875 880
 Thr Asp Leu Asn Glu Asp Leu Gly Val Trp Val Ile Phe Lys Ile Lys
 885 890 895
 Thr Gln Asp Gly His Ala Arg Leu Gly Asn Leu Glu Phe Leu Glu Glu
 900 905 910
 Lys Pro Leu Leu Gly Glu Ala Leu Ala Arg Val Lys Arg Ala Glu Lys
 915 920 925
 Lys Trp Arg Asp Lys Arg Glu Thr Leu Gln Leu Glu Thr Thr Ile Val
 930 935 940
 Tyr Lys Glu Ala Lys Glu Ser Val Asp Ala Leu Phe Val Asn Ser Gln
 945 950 955 960
 Tyr Asp Arg Leu Gln Ala Asp Thr Asn Ile Ala Met Ile His Ala Ala
 965 970 975
 Asp Lys Arg Val His Arg Ile Arg Glu Ala Tyr Leu Pro Glu Leu Ser

980	985	990
Val Ile Pro Gly Val Asn Ala Ala	Ile Phe Glu Glu Leu	Glu Glu Arg
995	1000	1005
Ile Phe Thr Ala Phe Ser Leu	Tyr Asp Ala Arg Asn	Ile Ile Lys
1010	1015	1020
Asn Gly Asp Phe Asn Asn Gly	Leu Leu Cys Trp Asn	Val Lys Gly
1025	1030	1035
His Val Glu Val Glu Glu Gln	Asn Asn His Arg Ser	Val Leu Val
1040	1045	1050
Ile Pro Glu Trp Glu Ala Glu	Val Ser Gln Glu Val	Arg Val Cys
1055	1060	1065
Pro Gly Arg Gly Tyr Ile Leu	Arg Val Thr Ala Tyr	Lys Glu Gly
1070	1075	1080
Tyr Gly Glu Gly Cys Val Thr	Ile His Glu Ile Glu	Asn Asn Thr
1085	1090	1095
Asp Glu Leu Lys Phe Asn Asn	Cys Val Glu Glu Glu	Val Tyr Pro
1100	1105	1110
Asn Asn Thr Val Thr Cys Ile	Asn Tyr Thr Ala Thr	Gln Glu Glu
1115	1120	1125
Tyr Glu Gly Thr Tyr Thr Ser	Arg Asn Arg Gly Tyr	Asp Glu Ala
1130	1135	1140
Tyr Gly Asn Asn Pro Ser Val	Pro Ala Asp Tyr Ala	Ser Val Tyr
1145	1150	1155
Glu Glu Lys Ser Tyr Thr Asp	Arg Arg Arg Glu Asn	Pro Cys Glu
1160	1165	1170
Ser Asn Arg Gly Tyr Gly Asp	Tyr Thr Pro Leu Pro	Ala Gly Tyr
1175	1180	1185
Val Thr Lys Glu Leu Glu Tyr	Phe Pro Glu Thr Asp	Lys Val Trp
1190	1195	1200
Ile Glu Ile Gly Glu Thr Glu	Gly Thr Phe Ile Val	Asp Ser Val
1205	1210	1215

Glu Leu Leu Leu Met Glu Glu

1220

1225

<210> 34

<211> 3726

<212> DNA

<213> Artificial

<220><223> Recombinant nucleotide sequence used for expression in a
bacterial cell encoding TIC868_11.

<400> 34

atgacttcaa ataggaaaa tgagaatgaa attataaatg ctttatcgat tccagctgta	60
tcgaatcatt ccgcacaaat gaatctatca accgatgctc gtattgagga tagcttgtgt	120
atagccgagg ggaacaatat cgatccattt gttagcgcac caacagtcca aacgggtatt	180
aacatagctg gtagaatact aggtgtatta ggcgtaccgt ttgctggaca aatagctagt	240
ttttatagtt ttcttgttgg tgaattatgg ccccgcgga gagatcctt ggaaattttc	300
ctagaacatg tcgaacaact tataagacaa caagtaacag aaaatactag ggatacggct	360
cttgctcgat tacaaggttt aggaattcc tttagagcct atcaacagtc acttgaagat	420
tggctagaaa accgtgatga tgcaagaacg agaagtgttc ttatacca atatatagcc	480
ttagaacttg attttctaa tgcgatgccg cttttcgaa ttagaaacca agaagttcca	540
ttattaatgg tatatgctca agctgcaaat ttacacctat tattattgag agatgcctct	600
ctttttggta gtgaatttgg gcttacatcc caagaaattc aacgttatta tgagcgccaa	660
gtggaaaaaa cgagagaata ttctgattat tgcgcaagat ggtataatac gggtttaaat	720
aatttgagag ggacaaatgc tgaaagtgtg ttgcgatata atcaattccg tagagactta	780
acgctaggag tattagatct agtggcacta ttcccaagct atgacacgcg tgtttatcca	840
atgaatacca gtgtcaatt aacaagagaa atttatacag atccaattgg gagaacaaat	900
gcaccttcag gatttgcaag tacgaattgg ttttaataata atgcaccatc gttttctgcc	960
atagaggctg ccgttattag gcctccgcac ctacttgatt ttccagaaca gtttacaatt	1020
ttcagcgtat taagtcgatg gagtaatact caatatatga attactgggt gggacataga	1080
cttgaatcgc gaacaataag ggggtcatta agtacctcga cacacggaaa taccaatact	1140
tctattaatc ctgtaacatt acagttcaca tctcgagacg tttatagaac agaatcattt	1200
gcaggataa atatacttct aactactcct gtgaatggag taccttgggc tagatttaat	1260
tggagaaatc ccctgaattc tcttagaggt agccttctct atactatagg gtatactgga	1320
gtggggacac aactatttga ttcagaaact gaattaccac cagaacaac agaacgacca	1380

aattatgaat cttacagtca tagattatct aatataagac taatatcagg aaacactttg	1440
agagcaccag tatattcttg gacgcaccgt agtgcagatc gtacaaatac cattagtcca	1500
gatagcatta atcaaatacc tttagtgaag ggatttagag tttggggggg cacctctgtc	1560
attacaggac caggatttac aggaggggat atccttcgaa gaaatacctt tggatgattt	1620
gtatctctac aagtcaatat taattcacca attacccaaa gataccgttt aagatttcgt	1680
tacgtctcca gtagggatgc acgagttata gtattaacag gagcggcatc cacaggagtg	1740
ggaggccaag ttagtgtaaa tatgcctctt cagaaaacta tggaaatagg ggagaactta	1800
acatctagaa catttagata taccgatttt agtaatcctt tttcatttag agctaatacca	1860
gataataattg ggataagtga acaacctcia tttggtgcag gttctattag tagcggtgaa	1920
ctttatatag ataaaattga aattattcta gcagatgcaa caggaacgac aacctatgag	1980
tatgaagaga agcagaatct agaaaaagcg cagaaaagcg tgaacgcttt gtttacggat	2040
ggcacgaatg gctatctaca aatggatgcc actgattatg ataatcaatca aactgcaaac	2100
ttaatagaat gtgtatcaga tgaattgtat gcaaaaagaaa agatagtttt attagatgaa	2160
gtcaaatatg cgaagcggct tagcatatca cgtaacctac ttttgaacga tgatttagaa	2220
ttttcagatg gatttggaga aaacggatgg acgacaagtg ataataattc aatccaggcg	2280
gataatcccc tttttaaggg gaattattta aaaatgtttg gggcaagaga tattgatgga	2340
acctatattc caacttatct ctatcaaaaa atagatgagt ccagggttaa accatataca	2400
cgttatcgag taagagggtt tgtgggaagt agtaaaaatc taaaattagt ggtaacacgc	2460
tatgagaaag aaattgatgc cattatgaat gttccaaatg atttggcaca tatgcagctt	2520
aaccttcat gtggagatta tcgctgtgaa tcacgtctcc agtttttggg gaaccaagtg	2580
catctacac caacagctgg atagctctt gatatgtatg catgcccgtc aagttcagat	2640
aaaaaacata ttatgtgtca cgatcgtcat ccatttgatt ttcataattga caccggagaa	2700
ttaaatacaa acacaaacct gggatttgat gtcttggtta aaatttctaa tccaaatgga	2760
tacgtcatat tagggaatct agaagtcatt gaagaaggac cactaacaga tgaagcattg	2820
gtacatgtaa aacaaaagga aaagaaatgg cgtcagcaca tggagaaaaa acgaatggaa	2880
acacaacaag cctatgatcc agcaaaacaa gctgtagatg cattatttac aaatgaacaa	2940
gagtttagact atcatactac tttagatcat attcagaacg ccgacagct ggtacaggcg	3000
attccctatg tacaccatgc ttggttaccg gatgtccag gtatgaacta tgatgtatat	3060
caagggttaa acgcacgtat catgcaggcg tacaatttat atgatgcacg aaatgtcata	3120

ataaatggtg acittacaca aggactacaa ggatggcacg caacaggaaa agcagcggta 3180
 caacaatatg atggagcttc agtattagtt ctatcaaact ggagtgccga ggtatctcag 3240
 aatctgcatg cccaagatca tcatggatat atgttacgtg tgattgcaa aaaagaaggt 3300
 cctggaaaag ggiatgtaat gatgatggat tttaatggaa agcaggaaac acttacgttc 3360
 acttcttgtg aagaaggata tataacaaaa acaatagagg tattcccga aagtgatcga 3420
 atacgaattg aaatgggaga aacagagggt acgttttatg tagatagcat cgagttgctt 3480
 tgtatgcaag gatatgctag cgataataac ccgcacacgg gtaatatgta tgagcaaagt 3540

tataatggaa attataatca aaatactagc gatgtgtatc accaaggata tataaacaac 3600
 tataacaaaa attctagtag tatgtataat caaaattata ttaacaatga tgacctgcat 3660
 tccggttgca catgtaacca agggcataac tctggctgta catgtaatca aggatataac 3720
 cgtttag 3726

<210> 35

<211> 3726

<212> DNA

<213> Artificial

<220><223> Synthetic nucleotide sequence designed for expression in a plant
 cell encoding TIC868_11.

<400> 35

atgacgagca accggaagaa cgagaacgag atcatcaacg ccctctcgat ccctgctgtt 60

tcaaaccact ccgcgcagat gaacctgtcc accgacgcgc gcatcgagga ctccctctgc 120
 atagccgagg gcaacaacat cgaccattc gtgtcggcca gcacggttca gaccggcatc 180
 aacatcgagg gccgtatcct cggcgctctc ggtgtcccat tcgccgttca gatcgctgcc 240
 ttctactcgt tccttgtggg cgagctgtgg cctcgcggtc gtgacctgtg ggagatcttc 300
 ctggagcatg tggagcagtt gatccggcag caagtcacgg agaacaccg cgatactgct 360
 ctggccaggc tacagggcct gggaaactcc ttccgggcat accagcagtc actggaggac 420
 tggttggaga acagggatga cgcgcgaaca cgctcggtac tctacacca gtacatcgct 480

ctcgaactcg acttcttgaa cgctatgccg ctgttcgcca tcaggaacca ggaagttcca 540
 ctccctatgg tgiacgcca ggccccaac ttacatctgc tcctgctgcg ggacgccagc 600
 ctgttcggct ccgagttcgg actcacatct caagaaatcc agcgttacta cgagcgccaa 660
 gtggagaaga cccgtgagta cagtactac tgcgctcgat ggtacaacac agggctcaac 720
 aacctgcgcg gcaccaacgc tgagtcagtg ctccgttaca accagttccg ccgcgacttg 780
 actttgggtg tcctagacct ggtggcgcta ttcccgctt acgacacacg ggtgtacca 840

atgaacacta gcgcgcaact cacgcgggag atctacacag acccaatcgg cgggacgaac	900
gcacctccg gtttcgcac caggaattgg ttcaacaaca acgcacctc cttctcggca	960
atcgaggcgg ccgtcatccg ccctctctac ctgctcgact tteccgagca gctcacgac	1020
ttctccgtgc tctcacgtg gtccaacaca cagtacatga actactgggt cgggcaccga	1080
ttggagagta ggacgatccg tggcagcttg agcaccagta cccacggcaa caccaacacc	1140
tccatcaacc cagttacgt acagttcacg agccgcgacg tttaccggac tgagtcgttc	1200
gcgggcatta acatcttct gacaacgccc gtcaacggcg tcccgtgggc ccggttcaac	1260
tggcgtaacc cgttgaactc cctgcgcggg tcattgtctt acaccatcgg gtacacgggc	1320
gtcggcacc agctcttca cagtgaact gagctgccg ccgagaccac ggaacgccc	1380
aactacgagt cctacagcca ccgctgtcc aacatccggc tcattcttgg caacacgtg	1440
cgtgcgccg tgtactctg gacacaccg agcgcggacc ggaccaacac gatctcttc	1500
gactccatta accagatccc gctctgaag ggcttccgtg tgtggggtgg cacgagcgtc	1560
atcaccggtc cgggcttcac cgggtggagac atactgcggc gcaacacttt cggcgacttc	1620
gtttcgttg aagtgaacat caactgccg atcaccagc gttaccgtct gaggttccgc	1680
tacgttcaa gccgcgacg gaggtcatt gtctgaccg gagccgcgtc cacaggcgtg	1740
ggaggccaag tctcagtcaa catgcctctc cagaagacga tggagatagg cgagaacttg	1800
actagccgaa ccttccgta cactgatttc tcgaacctt tctcattcag agcgaacct	1860
gacatcatt ggatctcca gcaaccgtg ttcggtgctg gctccatcag ctctggcgaa	1920
ctgtacatcg acaagattga gatcatctg gcggatgca cggggactac cacctacgag	1980
tacgaggaga agcagaatct cgagaaggct cagaaggctc tgaacgtct gttactgac	2040
gggaccaacg gctacctca gatggacgcc actgactacg acatcaacca gacagctaac	2100
ctgattgagt gtgtgagtga cgaactgtac gctaaggaga agatcgtact cctggacgag	2160
gtgaagtacg ctaagcgct gagcattagc cgtaacctgc tgctgaacga cgatctggag	2220
ttcagcgacg gctttggcga gaacggctgg accaccagcg acaacatct catccaggcc	2280
gacaatccac tcttcaaagg caactacct aagatgttc gagccaggga catcgacggc	2340
acctctttc cgacctact ctaccagaag atcgacgagt cccgcctcaa acctacacc	2400
cgctacaggg tgcgcggtt cgtgggcagc agcaagaacc tcaagctcgt ggtcacacgg	2460
tatgagaagg agatcgacg catcatgaac gtgccaacg atctcgcca catgcagctc	2520
aatccatcct gcggcgacta ccggtgcgag tccagctccc agttcctcgt gaaccaggtg	2580

caccctactc cgaccgctgg ctatgccctg gacatgtacg cctgccctag ttcctccgac 2640
aagaagcaca tcatgtgccg cgaccgtcat ccgttcgact tccacatcga caccggcgaa 2700
ctgaaccgga acaccaacct gggcatcgac gtactgttca agatttccaa cccgaacggg 2760
tacgccacct tgggcaacct ggaggtcatc gaagaaggcc cgctgaccga cgaggccctg 2820
gtccacgtca aacagaagga gaagaagtgg cggcagcaca tggagaagaa gcggatggag 2880
actcaacaag cctacgaccc ggccaagcaa gctgtggacg ctctgttcac caacgagcaa 2940
gagcttgact accacactac tcttgaccac atccagaatg ctgaccagct tgtccaggct 3000

attccgtacg tccaccacgc ttggctaccg gacgtccag ggatgaacta cgatgtgtac 3060
cagggtctga acgcgcggat catgcaagcg tacaacctgt acgacgcgcg taacgtcatc 3120
atcaacggtg acttcactca gggctttcaa ggttggcacg cgactggcaa agcggcagtc 3180
cagcagattg atggtgcgtc tgttcttctg ttgagcaact ggtctgcgga ggtttctcag 3240
aacctgcacg cacaggatca ccacggctac atgctgaggg tgattgctaa gaaggagggc 3300
cctggcaaag gctacgtcat gatgatggac ttcaacggaa agcaagaaac cctgaccttc 3360
actagctgtg aggagggcta catcactaag accattgagg tctttccgga gtctgaccgc 3420

atccggatcg agatgggcga gaccgaaggc acgttctacg tggactccat cgaactcctc 3480
tgcatgcaag gctacgcctc cgacaacaac ccacacacgg gcaacatgta cgagcagtc 3540
tacaacggga actacaacca gaacacctcc gatgtgtacc atcagggcta catcaacaac 3600
tacaaccaga acagcagcag catgtacaac cagaactaca tcaacaacga tgacttgac 3660
tcgggttgca cctgcaacca gggtcacaac agtgggtgca cgtgcaacca gggatacaac 3720
cgttga 3726

<210> 36

<211> 1241

<212> PRT

<213> Artificial

<220><223> Amino acid sequence of the chimeric protein variant TIC868_11.

<400> 36

Met Thr Ser Asn Arg Lys Asn Glu Asn Glu Ile Ile Asn Ala Leu Ser

1 5 10 15

Ile Pro Ala Val Ser Asn His Ser Ala Gln Met Asn Leu Ser Thr Asp

20 25 30

Ala Arg Ile Glu Asp Ser Leu Cys Ile Ala Glu Gly Asn Asn Ile Asp

35 40 45

Pro Phe Val Ser Ala Ser Thr Val Gln Thr Gly Ile Asn Ile Ala Gly

50

55

60

Arg Ile Leu Gly Val Leu Gly Val Pro Phe Ala Gly Gln Ile Ala Ser

65

70

75

80

Phe Tyr Ser Phe Leu Val Gly Glu Leu Trp Pro Arg Gly Arg Asp Pro

85

90

95

Trp Glu Ile Phe Leu Glu His Val Glu Gln Leu Ile Arg Gln Gln Val

100

105

110

Thr Glu Asn Thr Arg Asp Thr Ala Leu Ala Arg Leu Gln Gly Leu Gly

115

120

125

Asn Ser Phe Arg Ala Tyr Gln Gln Ser Leu Glu Asp Trp Leu Glu Asn

130

135

140

Arg Asp Asp Ala Arg Thr Arg Ser Val Leu Tyr Thr Gln Tyr Ile Ala

145

150

155

160

Leu Glu Leu Asp Phe Leu Asn Ala Met Pro Leu Phe Ala Ile Arg Asn

165

170

175

Gln Glu Val Pro Leu Leu Met Val Tyr Ala Gln Ala Ala Asn Leu His

180

185

190

Leu Leu Leu Leu Arg Asp Ala Ser Leu Phe Gly Ser Glu Phe Gly Leu

195

200

205

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

210

215

220

Arg Glu Tyr Ser Asp Tyr Cys Ala Arg Trp Tyr Asn Thr Gly Leu Asn

225

230

235

240

Asn Leu Arg Gly Thr Asn Ala Glu Ser Trp Leu Arg Tyr Asn Gln Phe

245

250

255

Arg Arg Asp Leu Thr Leu Gly Val Leu Asp Leu Val Ala Leu Phe Pro

260

265

270

Ser Tyr Asp Thr Arg Val Tyr Pro Met Asn Thr Ser Ala Gln Leu Thr

275

280

285

Arg Glu Ile Tyr Thr Asp Pro Ile Gly Arg Thr Asn Ala Pro Ser Gly

290 295 300
 Phe Ala Ser Thr Asn Trp Phe Asn Asn Asn Ala Pro Ser Phe Ser Ala

 305 310 315 320
 Ile Glu Ala Ala Val Ile Arg Pro Pro His Leu Leu Asp Phe Pro Glu
 325 330 335
 Gln Leu Thr Ile Phe Ser Val Leu Ser Arg Trp Ser Asn Thr Gln Tyr
 340 345 350
 Met Asn Tyr Trp Val Gly His Arg Leu Glu Ser Arg Thr Ile Arg Gly
 355 360 365
 Ser Leu Ser Thr Ser Thr His Gly Asn Thr Asn Thr Ser Ile Asn Pro

 370 375 380
 Val Thr Leu Gln Phe Thr Ser Arg Asp Val Tyr Arg Thr Glu Ser Phe
 385 390 395 400
 Ala Gly Ile Asn Ile Leu Leu Thr Thr Pro Val Asn Gly Val Pro Trp
 405 410 415
 Ala Arg Phe Asn Trp Arg Asn Pro Leu Asn Ser Leu Arg Gly Ser Leu
 420 425 430
 Leu Tyr Thr Ile Gly Tyr Thr Gly Val Gly Thr Gln Leu Phe Asp Ser

 435 440 445
 Glu Thr Glu Leu Pro Pro Glu Thr Thr Glu Arg Pro Asn Tyr Glu Ser
 450 455 460
 Tyr Ser His Arg Leu Ser Asn Ile Arg Leu Ile Ser Gly Asn Thr Leu
 465 470 475 480
 Arg Ala Pro Val Tyr Ser Trp Thr His Arg Ser Ala Asp Arg Thr Asn
 485 490 495
 Thr Ile Ser Ser Asp Ser Ile Asn Gln Ile Pro Leu Val Lys Gly Phe

 500 505 510
 Arg Val Trp Gly Gly Thr Ser Val Ile Thr Gly Pro Gly Phe Thr Gly
 515 520 525
 Gly Asp Ile Leu Arg Arg Asn Thr Phe Gly Asp Phe Val Ser Leu Gln
 530 535 540

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

785 790 795 800
 Arg Tyr Arg Val Arg Gly Phe Val Gly Ser Ser Lys Asn Leu Lys Leu
 805 810 815
 Val Val Thr Arg Tyr Glu Lys Glu Ile Asp Ala Ile Met Asn Val Pro

 820 825 830
 Asn Asp Leu Ala His Met Gln Leu Asn Pro Ser Cys Gly Asp Tyr Arg
 835 840 845
 Cys Glu Ser Ser Ser Gln Phe Leu Val Asn Gln Val His Pro Thr Pro
 850 855 860
 Thr Ala Gly Tyr Ala Leu Asp Met Tyr Ala Cys Pro Ser Ser Ser Asp
 865 870 875 880
 Lys Lys His Ile Met Cys His Asp Arg His Pro Phe Asp Phe His Ile

 885 890 895
 Asp Thr Gly Glu Leu Asn Pro Asn Thr Asn Leu Gly Ile Asp Val Leu
 900 905 910
 Phe Lys Ile Ser Asn Pro Asn Gly Tyr Ala Thr Leu Gly Asn Leu Glu
 915 920 925
 Val Ile Glu Glu Gly Pro Leu Thr Asp Glu Ala Leu Val His Val Lys
 930 935 940
 Gln Lys Glu Lys Lys Trp Arg Gln His Met Glu Lys Lys Arg Met Glu

 945 950 955 960
 Thr Gln Gln Ala Tyr Asp Pro Ala Lys Gln Ala Val Asp Ala Leu Phe
 965 970 975
 Thr Asn Glu Gln Glu Leu Asp Tyr His Thr Thr Leu Asp His Ile Gln
 980 985 990
 Asn Ala Asp Gln Leu Val Gln Ala Ile Pro Tyr Val His His Ala Trp
 995 1000 1005
 Leu Pro Asp Ala Pro Gly Met Asn Tyr Asp Val Tyr Gln Gly Leu

 1010 1015 1020
 Asn Ala Arg Ile Met Gln Ala Tyr Asn Leu Tyr Asp Ala Arg Asn
 1025 1030 1035

Val Ile Ile Asn Gly Asp Phe Thr Gln Gly Leu Gln Gly Trp His

1040 1045 1050

Ala Thr Gly Lys Ala Ala Val Gln Gln Ile Asp Gly Ala Ser Val

1055 1060 1065

Leu Val Leu Ser Asn Trp Ser Ala Glu Val Ser Gln Asn Leu His

1070 1075 1080

Ala Gln Asp His His Gly Tyr Met Leu Arg Val Ile Ala Lys Lys

1085 1090 1095

Glu Gly Pro Gly Lys Gly Tyr Val Met Met Met Asp Phe Asn Gly

1100 1105 1110

Lys Gln Glu Thr Leu Thr Phe Thr Ser Cys Glu Glu Gly Tyr Ile

1115 1120 1125

Thr Lys Thr Ile Glu Val Phe Pro Glu Ser Asp Arg Ile Arg Ile

1130 1135 1140

Glu Met Gly Glu Thr Glu Gly Thr Phe Tyr Val Asp Ser Ile Glu

1145 1150 1155

Leu Leu Cys Met Gln Gly Tyr Ala Ser Asp Asn Asn Pro His Thr

1160 1165 1170

Gly Asn Met Tyr Glu Gln Ser Tyr Asn Gly Asn Tyr Asn Gln Asn

1175 1180 1185

Thr Ser Asp Val Tyr His Gln Gly Tyr Ile Asn Asn Tyr Asn Gln

1190 1195 1200

Asn Ser Ser Ser Met Tyr Asn Gln Asn Tyr Ile Asn Asn Asp Asp

1205 1210 1215

Leu His Ser Gly Cys Thr Cys Asn Gln Gly His Asn Ser Gly Cys

1220 1225 1230

Thr Cys Asn Gln Gly Tyr Asn Arg

1235 1240

<210> 37

<211> 3468

<212> DNA

<213> Artificial

<220><223> Recombinant nucleotide sequence used for expression in a

bacterial cell encoding TIC868_12.

<400> 37

atgacttcaa ataggaaaa tgagaatgaa attataaatg ctttatcgat tccagctgta	60
tcgaatcatt ccgcacaaat gaatctatca accgatgctc gtattgagga tagcttgtgt	120
atagccgagg ggaacaatat cgatccattt gttagcgcat caacagtcca aacgggtatt	180
aacatagctg gtagaatact aggtgtatta ggcgtaccgt ttgctggaca aatagctagt	240
ttttatagtt ttcttgttgg tgaattatgg ccccgcgga gagatccttg ggaaattttc	300
ctagaacatg tcgaacaact tataagacaa caagtaacag aaaatactag ggatacggct	360
cttgctcgat tacaaggttt aggaaattcc tttagagcct atcaacagtc acttgaagat	420
tggctagaaa accgtgatga tgcaagaacg agaagtgttc ttataacca atatatagcc	480
ttagaacttg attttcttaa tgcgatgccg cttttcgaa ttagaaacca agaagttcca	540
ttattaatgg tatatgctca agctgcaaat ttacacctat tattattgag agatgcctct	600
ctttttggta gtgaatttgg gcttacatcc caagaaattc aacgttatta tgagcgccaa	660
gtggaaaaaa cgagagaata ttctgattat tgcgcaagat ggtataatac gggtttaaat	720
aatttgagag ggacaaatgc tgaaagttag ttgcgatata atcaattccg tagagactta	780
acgctaggag tattagatct agtggcacta ttcccaagct atgacacgcg tgtttatcca	840
atgaatacca gtgtcaatt aacaagagaa atttatacag atccaattgg gagaacaaat	900
gcaccttcag gatttgcaag tacgaattgg ttaataata atgcaccatc gttttctgcc	960
atagaggctg ccgttattag gcctccgcat ctacttgatt ttccagaaca gcttacaatt	1020
ttcagcgat taagtcgat gagtaatact caatatatga attactgggt gggacataga	1080
cttgaatcgc gaacaataag ggggtcatta agtacctga cacacggaaa taccaatact	1140
tctattaatc ctgtaacatt acagttcaca tctcgagacg tttatagaac agaatcattt	1200
gcagggataa atatacttct aactactcct gtgaatggag taccttgggc tagatttaat	1260
tggagaaatc cctgaattc tcttagaggt agccttctct atactatagg gtatactgga	1320
gtggggacac aactatttga ttcagaaact gaattaccac cagaacaac agaacgacca	1380
aattatgaat cttacagtca tagattatct aatataagac taatatcagg aaacactttg	1440
agagcaccag tatattcttg gacgcaccgt agtgcagatc gtacaaatac cattagttca	1500
gatagcatta atcaaatacc tttagtgaat ggatttagag tttggggggg cacctctgtc	1560

attacaggac caggatttac aggaggggat atccttcgaa gaaatacctt tggatgattt	1620
gtatctctac aagicaatat taattcacca attacccaaa gataccgttt aagatttcgt	1680
tacgtttcca gtagggatgc acgagttata gtattaacag gagcggcatc cacaggagtg	1740
ggaggccaag ttagtgtaaa tatgcctctt cagaaaacta tggaaatagg ggagaactta	1800
acatttagaa catttagata taccgatttt agtaatcctt tttcatttag agctaattca	1860
gatataattg ggataagtga acaacctcta tttggtgcag gttctattag tagcggtgaa	1920
ctttatatag ataaaattga aattattcta gcagatgcaa caaatccgac gcgagaggcg	1980
gaagaggatc tagaagcagc gaagaaagcg gtggcgagct tgtttacacg tacaagggac	2040
ggattacaag taaatgtgac agattatcaa gtcgatcaag cggcaaattt agtgtcatgc	2100
ttatcagatg aacaatatgg gcatgacaaa aagatgttat tggaagcggc aagagcggca	2160
aaacgcctca gccgagaacg caacttactt caggatccag attttaatac aatcaatagt	2220
acagaagaaa atggatggaa agcaagtaac ggcgttacta ttagcgaggg cggtcattc	2280
tataaaggcc gtgcgttca gctagcaagc gcaagagaaa attacccaac atacatttat	2340
caaaaagtaa atgcatcaga gttaaagccg tatacacgtt atagactgga tgggttcgtg	2400
aagagtagtc aagatttaga aattgatctc attcaccatc ataaagtcca tctcgtgaaa	2460
aatgtaccag ataatttagt atccgatact tactcggatg gttcttgacg tggaatgaat	2520
cgatgtgagg aacaacagat ggtaaatgcg caactggaaa cagaacatca tcatccgatg	2580
gattgctgtg aagcggctca aacacatgag tttcttctt atattaatac aggcgatcta	2640
aattcaagtg tagatcaagg catttgggtt gtattgaaag ttcgaacaac cgatggttat	2700
gcgacgctag gaaatcttga attggttagag gtcggaccgt tatcgggtga atctctagaa	2760
cgtgaacaaa gggataatgc gaaatggagt gcagagctag gaagaaagcg tgcagaaaca	2820
gatcgcgtgt atcaagatgc caaacaatcc atcaatcatt tatttgtgga ttatcaagat	2880
caacaattaa atccagaaat agggatggca gatattattg acgctcaaaa tcttgtcgca	2940
tcaatttcag atgtgtatag cgatgcagta ctgcaaatcc ctggaattaa ctatgagatt	3000
tacacagagc tatccaatcg cttacaacaa gcatcgtatc tgtatacgtc tcgaaatgcg	3060
gtgcaaatg gggactttta cagcggctta gatagttgga atgcaacagg gggggctacg	3120
gtacaacagg atggcaatc gcatttctta gttctttctc attgggatgc acaagtttct	3180
caacaattta gagtgcagcc gaattgtaaa tatgtattac gtgtaacagc agagaaagta	3240
ggcggcggag acggatacgt gacaatccgg gatggtgctc atcatacaga aaagcttaca	3300

tttaatgcat gtgattatga tataaatggc acgtacgtga ctgataatac gtatctaaca 3360
 aaagaagtgg tattctattc acatacagaa cacatgtggg tagaggtaag tgaaacagaa 3420
 ggtgcatttc atatagatag tattgaattc gttgaaacag aaaagtag 3468
 <210> 38
 <211> 3468
 <212> DNA
 <213> Artificial
 <220><223> Synthetic nucleotide sequence designed for expression in a plant
 cell encoding TIC868_12.
 <400> 38
 atgacgagca accggaagaa cgagaacgag atcatcaacg ccctctcgat ccctgctgtt 60
 tcaaaccact ccgcgcagat gaacctgtcc accgacgcgc gcatcgagga ctccctctgc 120

 atagccgagg gcaacaacat cgaccatttc gtgtcgcca gcacggttca gaccggcatc 180
 aacatcgagg gccgtatcct cggcgctctc ggtgtcccat tcgccgttca gatcgctcc 240
 ttctactcgt tccttgtggg cgagctgtgg cctcgcggtc gtgacccgtg ggagatcttc 300
 ctggagcatg tggagcagtt gatccggcag caagtcacgg agaacacccg cgatactgct 360
 ctggccaggc tacagggcct gggaaactcc ttccggcat accagcagtc actggaggac 420
 tggttggaga acagggatga cgcggaaca cgctcggtac tctacacca gtacatcgct 480
 ctgaaactcg acttctgaa cgctatgccg ctgttcgcca tcaggaacca ggaagttcca 540

 ctcttatgg tgiacgcca ggccgccaac ttacatctgc tcctgctgcg ggacgccagc 600
 ctgttcggct ccgagttcgg actcacatct caagaaatcc agcgttacta cgagcgccaa 660
 gtggagaaga cccgtgagta cagtactac tgcgtcgat ggtacaacac agggctcaac 720
 aacctgcgcg gcaccaacgc tgagtcattg ctccgttaca accagttccg ccgcgacttg 780
 actttgggtg tcctagacct ggtggcgcta ttccgtctt acgacacacg ggtgtacca 840
 atgaacacta gcgcgcaact cagcgggag atctacacag accaatcgg ccggacgaac 900
 gcacctccg gtttcgcatc cacgaattgg ttcaacaaca acgcacctc ctctcggca 960

 atcaggccg ccgtcatccg cctcctcac ctgctcgact ttcccagca gtcacgac 1020
 ttctccgtgc tctcacgtg gtccaacaca cagtacatga actactgggt cgggcaccga 1080
 ttggagagta ggacgatccg tggcagcttg agcaccagta cccacggcaa caccaacacc 1140
 tccatcaacc cagttacgt acagttcacg agccgcgacg ttaccggac tgagtcgttc 1200
 gcgggcatta acatccttct gacaacgcc gtcaacggcg tccgtgggc cgggttcaac 1260
 tggcgtaacc cgttgaactc cctgcgcggg tcattgctct acaccatcgg gtacacgggc 1320

gtcggcaccc agctcttcga cagtgaact gagctgccgc ccgagaccac ggaacgcccg 1380

aactacgagt cctacagcca ccgctgtcc aacatccggc tcctctctgg caacacgctg 1440

cgtgcgccgg tgtactcctg gacacaccgc agcgccgacc ggaccaacac gatctcttcc 1500

gactccatta accagatccc gctcgtgaag ggcttccgtg tgtgggggtgg cacgagcgtc 1560

atcaccggtc cgggcttcac cgggtggagac atactgcggc gcaacacttt cggcgacttc 1620

gtttcgttgc aagtgaacat caactcgccg atcaccagc gttaccgtct gaggttccgc 1680

tacgcttcaa gccgcgacgc gaggtcatt gtctgaccg gagccgcgtc cacaggcgtg 1740

ggaggccaag tctcagtcaa catgcctctc cagaagacga tggagatagg cgagaacttg 1800

actagccgaa ccttccggtg cactgatttc tcgaaccctt tctcattcag agcgaaccct 1860

gacatcattg ggatctccga gcaaccgctg ttcggtgctg gctccatcag ctctggcgaa 1920

ctgtacatcg acaagattga gatcatcctg gcggatgcga cgaaccgcac gcgggaagct 1980

gaggaagact tgaagccgc caagaaagcg gtccgcagcc tgtttactcg gacgcgggac 2040

gggctccaag tgaatgtgac ggactatcaa gtggatcagg ccgctaacct cgtgtcatgc 2100

ctgagcgacg agcagtacgg tcacgacaag aaaatgtgc tggaggccgt ccgggccgcc 2160

aagcggctgt ccagggagcg taacctgcta caagatcccg actttaacac gatcaacagc 2220

acagaggaga atggctggaa ggccagcaac ggagttacga taagcgaggg cggtccttcc 2280

tacaagggtc gtgcccctca gctgcctct gcaagggaga actatccaac ctacatctat 2340

cagaaggatga acgcatccga gcttaagccc tacacacgt accgcctgga cgggttcgtt 2400

aagtccagtc aagacctaga gatagacctc atccaccacc acaaagtga tctggtaag 2460

aacgttcccc ataatctcgt gagcgatacc tactcagacg gctcatgctc tggcatgaac 2520

agatgtgagg agcaacagat ggtaaatgct caactcgaac ccgagcatca tcctctatg 2580

gattgtctgc aggccgcgca gacctatgag ttcagctctt acatcaacac cggagacctc 2640

aacagtagcg tggatcaggg aatttgggtg gtgcttaaag tgcgtacaac cgacggctac 2700

gccaccctcg gcaaccttga gcttgcgag gtcggaccac ttagcggcga gtccctggaa 2760

cgtgagcagc gggacaacgc caaatggagc gcagagctag ggcgcaaacg cgcggagacg 2820

gaccgggttt atcaggacgc gaagcagtc atcaatcacc tcttcgtgga ttatcaggac 2880

cagcagctta atccagagat cggcatggcc gacatcatcg acgcccagaa cctagtagcg 2940

tcgatttccg atgtctatc cgacgccgtg ctccaatac ctggcatcaa ctacgagatc 3000

tacacagagt tgtccaacag gctccagcaa gcgtcatacc tctacaccag ccgcaacgcc 3060

gtccagaatg gcgacttcaa ttccggacta gactcctgga acgccacggg cggagctacg 3120
 gtgcaacaag acggcaacac ccacttcctc gtacttagcc actgggacgc tcaagtgagt 3180
 cagcaattcc gggttcagcc gaactgcaag tacgtcctgc gcgtaacggc cgagaaggtt 3240
 ggaggcggag acggctacgt taccatccgc gacggcgcctc accacaccga gaaactgacg 3300
 ttcaacgctt gtgactacga catcaacggc acttacgtga cggacaacac ctacctgacg 3360
 aaggaggtgg tgtttctattc tcacaccgag cacatgtggg ttgaggtcag cgagaccgag 3420
 ggagccttcc acattgacag catcgagtgc gtggagactg agaagtga 3468

<210> 39

<211> 1155

<212> PRT

<213> Artificial

<220><223> Amino acid sequence of the chimeric protein variant TIC868_12.

<400> 39

Met Thr Ser Asn Arg Lys Asn Glu Asn Glu Ile Ile Asn Ala Leu Ser

1 5 10 15

Ile Pro Ala Val Ser Asn His Ser Ala Gln Met Asn Leu Ser Thr Asp

20 25 30

Ala Arg Ile Glu Asp Ser Leu Cys Ile Ala Glu Gly Asn Asn Ile Asp

35 40 45

Pro Phe Val Ser Ala Ser Thr Val Gln Thr Gly Ile Asn Ile Ala Gly

50 55 60

Arg Ile Leu Gly Val Leu Gly Val Pro Phe Ala Gly Gln Ile Ala Ser

65 70 75 80

Phe Tyr Ser Phe Leu Val Gly Glu Leu Trp Pro Arg Gly Arg Asp Pro

85 90 95

Trp Glu Ile Phe Leu Glu His Val Glu Gln Leu Ile Arg Gln Gln Val

100 105 110

Thr Glu Asn Thr Arg Asp Thr Ala Leu Ala Arg Leu Gln Gly Leu Gly

115 120 125

Asn Ser Phe Arg Ala Tyr Gln Gln Ser Leu Glu Asp Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Arg Asp Asp Ala Arg Thr Arg Ser Val Leu Tyr Thr Gln Tyr Ile Ala

145 150 155 160
 Leu Glu Leu Asp Phe Leu Asn Ala Met Pro Leu Phe Ala Ile Arg Asn
 165 170 175

 Gln Glu Val Pro Leu Leu Met Val Tyr Ala Gln Ala Ala Asn Leu His
 180 185 190
 Leu Leu Leu Leu Arg Asp Ala Ser Leu Phe Gly Ser Glu Phe Gly Leu
 195 200 205
 Thr Ser Gln Glu Ile Gln Arg Tyr Tyr Glu Arg Gln Val Glu Lys Thr
 210 215 220
 Arg Glu Tyr Ser Asp Tyr Cys Ala Arg Trp Tyr Asn Thr Gly Leu Asn
 225 230 235 240

 Asn Leu Arg Gly Thr Asn Ala Glu Ser Trp Leu Arg Tyr Asn Gln Phe
 245 250 255
 Arg Arg Asp Leu Thr Leu Gly Val Leu Asp Leu Val Ala Leu Phe Pro
 260 265 270
 Ser Tyr Asp Thr Arg Val Tyr Pro Met Asn Thr Ser Ala Gln Leu Thr
 275 280 285
 Arg Glu Ile Tyr Thr Asp Pro Ile Gly Arg Thr Asn Ala Pro Ser Gly
 290 295 300

 Phe Ala Ser Thr Asn Trp Phe Asn Asn Asn Ala Pro Ser Phe Ser Ala
 305 310 315 320
 Ile Glu Ala Ala Val Ile Arg Pro Pro His Leu Leu Asp Phe Pro Glu
 325 330 335
 Gln Leu Thr Ile Phe Ser Val Leu Ser Arg Trp Ser Asn Thr Gln Tyr
 340 345 350
 Met Asn Tyr Trp Val Gly His Arg Leu Glu Ser Arg Thr Ile Arg Gly
 355 360 365

 Ser Leu Ser Thr Ser Thr His Gly Asn Thr Asn Thr Ser Ile Asn Pro
 370 375 380
 Val Thr Leu Gln Phe Thr Ser Arg Asp Val Tyr Arg Thr Glu Ser Phe
 385 390 395 400

Ala Gly Ile Asn Ile Leu Leu Thr Thr Pro Val Asn Gly Val Pro Trp
405 410 415

Ala Arg Phe Asn Trp Arg Asn Pro Leu Asn Ser Leu Arg Gly Ser Leu
420 425 430

Leu Tyr Thr Ile Gly Tyr Thr Gly Val Gly Thr Gln Leu Phe Asp Ser
435 440 445

Glu Thr Glu Leu Pro Pro Glu Thr Thr Glu Arg Pro Asn Tyr Glu Ser
450 455 460

Tyr Ser His Arg Leu Ser Asn Ile Arg Leu Ile Ser Gly Asn Thr Leu
465 470 475 480

Arg Ala Pro Val Tyr Ser Trp Thr His Arg Ser Ala Asp Arg Thr Asn
485 490 495

Thr Ile Ser Ser Asp Ser Ile Asn Gln Ile Pro Leu Val Lys Gly Phe
500 505 510

Arg Val Trp Gly Gly Thr Ser Val Ile Thr Gly Pro Gly Phe Thr Gly
515 520 525

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

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

Tyr Ala Ser Ser Arg Asp Ala Arg Val Ile Val Leu Thr Gly Ala Ala
565 570 575

Ser Thr Gly Val Gly Gly Gln Val Ser Val Asn Met Pro Leu Gln Lys
580 585 590

Thr Met Glu Ile Gly Glu Asn Leu Thr Ser Arg Thr Phe Arg Tyr Thr
595 600 605

Asp Phe Ser Asn Pro Phe Ser Phe Arg Ala Asn Pro Asp Ile Ile Gly
610 615 620

Ile Ser Glu Gln Pro Leu Phe Gly Ala Gly Ser Ile Ser Ser Gly Glu
625 630 635 640

Leu Tyr Ile Asp Lys Ile Glu Ile Ile Leu Ala Asp Ala Thr Asn Pro

645	650	655	
Thr Arg Glu Ala Glu Glu Asp Leu Glu Ala Ala Lys Lys Ala Val Ala			
660	665	670	
Ser Leu Phe Thr Arg Thr Arg Asp Gly Leu Gln Val Asn Val Thr Asp			
675	680	685	
Tyr Gln Val Asp Gln Ala Ala Asn Leu Val Ser Cys Leu Ser Asp Glu			
690	695	700	
Gln Tyr Gly His Asp Lys Lys Met Leu Leu Glu Ala Val Arg Ala Ala			
705	710	715	720
Lys Arg Leu Ser Arg Glu Arg Asn Leu Leu Gln Asp Pro Asp Phe Asn			
725	730	735	
Thr Ile Asn Ser Thr Glu Glu Asn Gly Trp Lys Ala Ser Asn Gly Val			
740	745	750	
Thr Ile Ser Glu Gly Gly Pro Phe Tyr Lys Gly Arg Ala Leu Gln Leu			
755	760	765	
Ala Ser Ala Arg Glu Asn Tyr Pro Thr Tyr Ile Tyr Gln Lys Val Asn			
770	775	780	
Ala Ser Glu Leu Lys Pro Tyr Thr Arg Tyr Arg Leu Asp Gly Phe Val			
785	790	795	800
Lys Ser Ser Gln Asp Leu Glu Ile Asp Leu Ile His His His Lys Val			
805	810	815	
His Leu Val Lys Asn Val Pro Asp Asn Leu Val Ser Asp Thr Tyr Ser			
820	825	830	
Asp Gly Ser Cys Ser Gly Met Asn Arg Cys Glu Glu Gln Gln Met Val			
835	840	845	
Asn Ala Gln Leu Glu Thr Glu His His His Pro Met Asp Cys Cys Glu			
850	855	860	
Ala Ala Gln Thr His Glu Phe Ser Ser Tyr Ile Asn Thr Gly Asp Leu			
865	870	875	880
Asn Ser Ser Val Asp Gln Gly Ile Trp Val Val Leu Lys Val Arg Thr			
885	890	895	

Thr Asp Gly Tyr Ala Thr Leu Gly Asn Leu Glu Leu Val Glu Val Gly
 900 905 910
 Pro Leu Ser Gly Glu Ser Leu Glu Arg Glu Gln Arg Asp Asn Ala Lys
 915 920 925
 Trp Ser Ala Glu Leu Gly Arg Lys Arg Ala Glu Thr Asp Arg Val Tyr
 930 935 940

 Gln Asp Ala Lys Gln Ser Ile Asn His Leu Phe Val Asp Tyr Gln Asp
 945 950 955 960
 Gln Gln Leu Asn Pro Glu Ile Gly Met Ala Asp Ile Ile Asp Ala Gln
 965 970 975
 Asn Leu Val Ala Ser Ile Ser Asp Val Tyr Ser Asp Ala Val Leu Gln
 980 985 990
 Ile Pro Gly Ile Asn Tyr Glu Ile Tyr Thr Glu Leu Ser Asn Arg Leu
 995 1000 1005

 Gln Gln Ala Ser Tyr Leu Tyr Thr Ser Arg Asn Ala Val Gln Asn
 1010 1015 1020
 Gly Asp Phe Asn Ser Gly Leu Asp Ser Trp Asn Ala Thr Gly Gly
 1025 1030 1035
 Ala Thr Val Gln Gln Asp Gly Asn Thr His Phe Leu Val Leu Ser
 1040 1045 1050
 His Trp Asp Ala Gln Val Ser Gln Gln Phe Arg Val Gln Pro Asn
 1055 1060 1065

 Cys Lys Tyr Val Leu Arg Val Thr Ala Glu Lys Val Gly Gly Gly
 1070 1075 1080
 Asp Gly Tyr Val Thr Ile Arg Asp Gly Ala His His Thr Glu Lys
 1085 1090 1095
 Leu Thr Phe Asn Ala Cys Asp Tyr Asp Ile Asn Gly Thr Tyr Val
 1100 1105 1110
 Thr Asp Asn Thr Tyr Leu Thr Lys Glu Val Val Phe Tyr Ser His
 1115 1120 1125

 Thr Glu His Met Trp Val Glu Val Ser Glu Thr Glu Gly Ala Phe

1130 1135 1140
His Ile Asp Ser Ile Glu Phe Val Glu Thr Glu Lys

1145 1150 1155

<210> 40
<211> 3732
<212> DNA
<213> Artificial
<220><223> Synthetic nucleotide sequence designed for expression in a plant
cell encoding TIC868_13.
<400> 40

atgacgagca accggaagaa cgagaacgag atcatcaacg ccctctcgat ccctgctgtt 60
tcaaaccact ccgcgcagat gaacctgtcc accgacgcgc gcatcgagga ctccctctgc 120

atagccgagg gcaacaacat cgacccattc gtgtcgcca gcacggttca gaccggcatc 180
aacatcgagg gccgtatcct cggcgctctc ggtgtcccat tcgccgttca gatcgcgctc 240
ttctactcgt tccttgtggg cgagctgtgg cctcgcggtc gtgacccgtg ggagatcttc 300
ctggagcatg tggagcagtt gatccggcag caagtcacgg agaacacccg cgatactgct 360
ctggccaggc tacagggcct gggaaactcc ttccggcat accagcagtc actggaggac 420
tggttggaga acagggatga cgcggaaca cgctcggtac tctacacca gtacatcgct 480
ctcgaactcg acttctgaa cgctatgccg ctgttcgcca tcaggaacca ggaagttcca 540

ctccttatgg tgiacgcca ggccgccaac ttacatctgc tcctgctgcg ggacgccagc 600
ctgttcggct ccgagttcgg actcacatct caagaaatcc agcgttacta cgagcgccaa 660
gtggagaaga cccgtgagta cagtactac tgcgtcgat ggtacaacac agggctcaac 720
aacctgcgcg gcaccaacgc tgagtcattg ctccgttaca accagttccg ccgcgacttg 780
actttgggtg tcctagacct ggtggcgcta ttccgtctt acgacacag ggtgtacca 840
atgaacacta gcgcgcaact cagcgggag atctacacag acccaatcgg ccggacgaac 900
gcacctccg gtttcgcac caggaattgg ttcaacaaca acgcacctc cttctcgga 960

atcgaggccg ccgtcatccg cctcctcac ctgctcgact ttcccagca gtcacgac 1020
ttctccgtgc tctcacgtg gtccaacaca cagtacatga actactgggt cgggcaccga 1080
ttggagagta ggacgatccg tggcagcttg agcaccagta cccacggcaa caccaacacc 1140
tccatcaacc cagttacgt acagttcacg agccgcgacg ttaccggac tgagtcgttc 1200
gcgggcatta acatccttct gacaacgcc gtcaacggcg tccgtgggc cgggttcaac 1260
tggcgtaacc cgttgaactc cctgcgcggg tcattgctct acaccatcgg gtacacgggc 1320

gtcggcaccc agctcttcga cagtgaact gagctgccgc ccgagaccac ggaacgcccg 1380

aactacgagt cctacagcca ccgctgtcc aacatccggc tcattctctgg caacacgctg 1440

cgtgcgccgg tgtactcctg gacacaccgc agcgccgacc ggaccaaacac gatctcttcc 1500

gactccatta accagatccc gctcgtgaag ggcttccgtg tgtgggggtgg cagcagcgtc 1560

atcaccggtc cgggcttcac cgggtggagac atactgcggc gcaacacttt cggcgacttc 1620

gtttcgttgc aagtgaacat caactcgccg atcaccagc gttaccgtct gaggttccgc 1680

tacgcttcaa gccgcgacgc gaggtcatt gtctgaccg gagccgcgtc cacaggcgtg 1740

ggaggccaag tctcagtcaa catgcctctc cagaagacga tggagatagg cgagaacttg 1800

actagccgaa ccttccggtg cactgatttc tcgaaccctt tctcattcag agcgaaccct 1860

gacatcattg ggatctccga gcaaccgctg ttcggtgctg gctccatcag ctctggcgaa 1920

ctgtacatcg acaagattga gatcatcctg gcggatgcga cgacggcgac cttcgaggcg 1980

gagtatgact tggagcgggc tcaggaggcc gtcaacgcgc tgttcacaaa caccaatcct 2040

cgccgcctca agacgggtgt gactgattac cacattgacg aggtctcaa ctgggtcgcg 2100

tgtctgtccg atgagttctg cctggacgag aagcgggaac tgcaggagaa ggtcaagtac 2160

gccaagcgcc tctccgacga aaggaacctc ctccaagatc ccaactttac ttccattaac 2220

aagcagccgg acttcatctc caccaacgag cagtccaact tcacctcaat ccacgagcag 2280

tcggagcacg gggtgtgggg cagcgagaac atcaccatcc aagagggcaa cgacgtcttc 2340

aaggagaact acgtgatcct ccccgccacc ttcaacgagt gttacccgac ctatctctac 2400

cagaagattg gcgaagcgga actcaaggct tacaccggtt accaactgag tggctacatt 2460

gaggactcac aagacctgga aatctacctg atccgctaca acgccaagca cgagaccctc 2520

gacgtgcctg gcacggagtc cgtctggccc ttgagcgtgg agtctctat cggtcgttgc 2580

ggcgagccca atcgctgcgc tccgcacttt gattggaatc ctgatttga ttgctcctgc 2640

cgagacggtg agaaatgcgc ccaccactcg caccattca gcctagacat cgacgtgggc 2700

tgcattgacc tgcacgagaa cttgggcgtc tgggtcgtgt tcaagatcaa gacacaggag 2760

ggccatgctc ggcttgggaa cctggagtgc atcgaggaga agccactgct gggatgaagcc 2820

ttgtcacggg tgaacgcgc cgagaagaag tggcgggaca aacgggagaa gctccagtgt 2880

gagacaaagc gtgtgtacac agaggccaag gaggccgtgg atgccttgtt cgtggacagt 2940

cagtacgaca ggctgcaagc ggacaccaac atcgggatga tccacgcggc tgataagctt 3000

gttcacagaa tccgcgaggc gtacctgtca gagcttagcg tgatcccagg cgtcaacgcc 3060

gaaatcttcg aggaactgga gggccgcatt atcacggcaa tctcacttta tgacgcgagg 3120
aatgtggtca agaacgggtga cttcaacaac ggcttggcgt gttggaacgt taaagggcac 3180
gtggatgtac aacagtcaca ccacagaagt gtcttgggtca tcccggagtg ggaggcgga 3240
gtgagccagg ccgtccgggt ctgccctggg cgcggttaca tcctccgcgt gacagcgta 3300
aaggagggct acggtgaggg ctgcgtgacg atccacgaga ttgagaacaa cacggacgag 3360
cttaagtcca agaactgcga ggaggaggaa gtgtaccga cagacaccgg cacctgcaac 3420
gactacaccg cccaccaagg gaccgccgcc tgcaacagcc gcaacgcggg ctatgaagat 3480

gcgtacgagg ttgataccac cgcctcagtg aactacaaac cgacttatga ggaggagaca 3540
tacacggacg tcaggcgga caaccattgt gactacgacc gtggctacgt gaactatccg 3600
ccggtgccag cgggctacat gacgaaggag ctagaatact tccctgagac ggacaaggtg 3660
tggattgaaa tcggcgagac cgagggaag ttatcgtgg attctgtcga gctgctgcta 3720
atggaggagt ag 3732

<210> 41

<211> 1243

<212> PRT

<213> Artificial

<220><223> Amino acid sequence of the chimeric protein variant TIC868_13.

<400> 41

Met Thr Ser Asn Arg Lys Asn Glu Asn Glu Ile Ile Asn Ala Leu Ser

1 5 10 15

Ile Pro Ala Val Ser Asn His Ser Ala Gln Met Asn Leu Ser Thr Asp

20 25 30

Ala Arg Ile Glu Asp Ser Leu Cys Ile Ala Glu Gly Asn Asn Ile Asp

35 40 45

Pro Phe Val Ser Ala Ser Thr Val Gln Thr Gly Ile Asn Ile Ala Gly

50 55 60

Arg Ile Leu Gly Val Leu Gly Val Pro Phe Ala Gly Gln Ile Ala Ser

65 70 75 80

Phe Tyr Ser Phe Leu Val Gly Glu Leu Trp Pro Arg Gly Arg Asp Pro

85 90 95

Trp Glu Ile Phe Leu Glu His Val Glu Gln Leu Ile Arg Gln Gln Val

100 105 110

Thr Glu Asn Thr Arg Asp Thr Ala Leu Ala Arg Leu Gln Gly Leu Gly
115 120 125

Asn Ser Phe Arg Ala Tyr Gln Gln Ser Leu Glu Asp Trp Leu Glu Asn
130 135 140

Arg Asp Asp Ala Arg Thr Arg Ser Val Leu Tyr Thr Gln Tyr Ile Ala
145 150 155 160

Leu Glu Leu Asp Phe Leu Asn Ala Met Pro Leu Phe Ala Ile Arg Asn
165 170 175

Gln Glu Val Pro Leu Leu Met Val Tyr Ala Gln Ala Ala Asn Leu His
180 185 190

Leu Leu Leu Leu Arg Asp Ala Ser Leu Phe Gly Ser Glu Phe Gly Leu
195 200 205

Thr Ser Gln Glu Ile Gln Arg Tyr Tyr Glu Arg Gln Val Glu Lys Thr
210 215 220

Arg Glu Tyr Ser Asp Tyr Cys Ala Arg Trp Tyr Asn Thr Gly Leu Asn
225 230 235 240

Asn Leu Arg Gly Thr Asn Ala Glu Ser Trp Leu Arg Tyr Asn Gln Phe
245 250 255

Arg Arg Asp Leu Thr Leu Gly Val Leu Asp Leu Val Ala Leu Phe Pro
260 265 270

Ser Tyr Asp Thr Arg Val Tyr Pro Met Asn Thr Ser Ala Gln Leu Thr
275 280 285

Arg Glu Ile Tyr Thr Asp Pro Ile Gly Arg Thr Asn Ala Pro Ser Gly
290 295 300

Phe Ala Ser Thr Asn Trp Phe Asn Asn Asn Ala Pro Ser Phe Ser Ala
305 310 315 320

Ile Glu Ala Ala Val Ile Arg Pro Pro His Leu Leu Asp Phe Pro Glu
325 330 335

Gln Leu Thr Ile Phe Ser Val Leu Ser Arg Trp Ser Asn Thr Gln Tyr
340 345 350

Met Asn Tyr Trp Val Gly His Arg Leu Glu Ser Arg Thr Ile Arg Gly

355	360	365
Ser Leu Ser Thr Ser Thr His Gly Asn Thr Asn Thr Ser Ile Asn Pro		
370	375	380
Val Thr Leu Gln Phe Thr Ser Arg Asp Val Tyr Arg Thr Glu Ser Phe		
385	390	395
Ala Gly Ile Asn Ile Leu Leu Thr Thr Pro Val Asn Gly Val Pro Trp		
405	410	415
Ala Arg Phe Asn Trp Arg Asn Pro Leu Asn Ser Leu Arg Gly Ser Leu		
420	425	430
Leu Tyr Thr Ile Gly Tyr Thr Gly Val Gly Thr Gln Leu Phe Asp Ser		
435	440	445
Glu Thr Glu Leu Pro Pro Glu Thr Thr Glu Arg Pro Asn Tyr Glu Ser		
450	455	460
Tyr Ser His Arg Leu Ser Asn Ile Arg Leu Ile Ser Gly Asn Thr Leu		
465	470	475
Arg Ala Pro Val Tyr Ser Trp Thr His Arg Ser Ala Asp Arg Thr Asn		
485	490	495
Thr Ile Ser Ser Asp Ser Ile Asn Gln Ile Pro Leu Val Lys Gly Phe		
500	505	510
Arg Val Trp Gly Gly Thr Ser Val Ile Thr Gly Pro Gly Phe Thr Gly		
515	520	525
Gly Asp Ile Leu Arg Arg Asn Thr Phe Gly Asp Phe Val Ser Leu Gln		
530	535	540
Val Asn Ile Asn Ser Pro Ile Thr Gln Arg Tyr Arg Leu Arg Phe Arg		
545	550	555
Tyr Ala Ser Ser Arg Asp Ala Arg Val Ile Val Leu Thr Gly Ala Ala		
565	570	575
Ser Thr Gly Val Gly Gly Gln Val Ser Val Asn Met Pro Leu Gln Lys		
580	585	590
Thr Met Glu Ile Gly Glu Asn Leu Thr Ser Arg Thr Phe Arg Tyr Thr		
595	600	605

Asp Phe Ser Asn Pro Phe Ser Phe Arg Ala Asn Pro Asp Ile Ile Gly
 610 615 620
 Ile Ser Glu Gln Pro Leu Phe Gly Ala Gly Ser Ile Ser Ser Gly Glu
 625 630 635 640

 Leu Tyr Ile Asp Lys Ile Glu Ile Ile Leu Ala Asp Ala Thr Thr Ala
 645 650 655
 Thr Phe Glu Ala Glu Tyr Asp Leu Glu Arg Ala Gln Glu Ala Val Asn
 660 665 670
 Ala Leu Phe Thr Asn Thr Asn Pro Arg Arg Leu Lys Thr Gly Val Thr
 675 680 685
 Asp Tyr His Ile Asp Glu Val Ser Asn Leu Val Ala Cys Leu Ser Asp
 690 695 700

 Glu Phe Cys Leu Asp Glu Lys Arg Glu Leu Leu Glu Lys Val Lys Tyr
 705 710 715 720
 Ala Lys Arg Leu Ser Asp Glu Arg Asn Leu Leu Gln Asp Pro Asn Phe
 725 730 735
 Thr Ser Ile Asn Lys Gln Pro Asp Phe Ile Ser Thr Asn Glu Gln Ser
 740 745 750
 Asn Phe Thr Ser Ile His Glu Gln Ser Glu His Gly Trp Trp Gly Ser
 755 760 765

 Glu Asn Ile Thr Ile Gln Glu Gly Asn Asp Val Phe Lys Glu Asn Tyr
 770 775 780
 Val Ile Leu Pro Gly Thr Phe Asn Glu Cys Tyr Pro Thr Tyr Leu Tyr
 785 790 795 800
 Gln Lys Ile Gly Glu Ala Glu Leu Lys Ala Tyr Thr Arg Tyr Gln Leu
 805 810 815
 Ser Gly Tyr Ile Glu Asp Ser Gln Asp Leu Glu Ile Tyr Leu Ile Arg
 820 825 830

 Tyr Asn Ala Lys His Glu Thr Leu Asp Val Pro Gly Thr Glu Ser Val
 835 840 845
 Trp Pro Leu Ser Val Glu Ser Pro Ile Gly Arg Cys Gly Glu Pro Asn

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

Ala Tyr Lys Glu Gly Tyr Gly Glu Gly Cys Val Thr Ile His Glu
 1100 1105 1110
 Ile Glu Asn Asn Thr Asp Glu Leu Lys Phe Lys Asn Cys Glu Glu
 1115 1120 1125
 Glu Glu Val Tyr Pro Thr Asp Thr Gly Thr Cys Asn Asp Tyr Thr
 1130 1135 1140

Ala His Gln Gly Thr Ala Ala Cys Asn Ser Arg Asn Ala Gly Tyr
 1145 1150 1155
 Glu Asp Ala Tyr Glu Val Asp Thr Thr Ala Ser Val Asn Tyr Lys
 1160 1165 1170
 Pro Thr Tyr Glu Glu Glu Thr Tyr Thr Asp Val Arg Arg Asp Asn
 1175 1180 1185
 His Cys Glu Tyr Asp Arg Gly Tyr Val Asn Tyr Pro Pro Val Pro
 1190 1195 1200

Ala Gly Tyr Met Thr Lys Glu Leu Glu Tyr Phe Pro Glu Thr Asp
 1205 1210 1215
 Lys Val Trp Ile Glu Ile Gly Glu Thr Glu Gly Lys Phe Ile Val
 1220 1225 1230
 Asp Ser Val Glu Leu Leu Leu Met Glu Glu
 1235 1240

<210> 42

<211> 3702

<212> DNA

<213> Artificial

<220><223> Synthetic nucleotide sequence designed for expression in a plant
 cell encoding TIC868_14.

<400> 42

atgacgagca accggaagaa cgagaacgag atcatcaacg ccctctcgat ccctgtgtgt	60
tcaaaccact ccgcgcagat gaacctgtcc accgacgcgc gcatcgagga ctccctctgc	120
atagccgagg gcaacaacat cgaccattc gtgtcggccca gcacgggttca gaccggcatc	180
aacatcgagg gccgtatcct cggcgctcctc ggtgtcccat tcgccggtca gatcgcgctc	240
ttctactcgt tccttgtggg cgagctgtgg cctcgcggtc gtgaccctg ggagatcttc	300

ctggagcatg tggagcagtt gatccggcag caagtcacgg agaacacccg cgatactgct	360
ctggccaggc tacagggcct gggaaactcc ttccgggcat accagcagtc actggaggac	420
tggttggaga acagggatga cgcgcgaaca cgtcgggtac tctacacca gtacatcgct	480
ctcgaactcg acttcctgaa cgctatgccg ctgttcgcca tcaggaacca ggaagttcca	540
ctccttatgg tgtacgcca ggccgccaac ttacatctgc tctgtctgcg ggacgccagc	600
ctgttcggct ccgagttcgg actcacatct caagaaatcc agcgttacta cgagcgccaa	660
gtggagaaga cccgtgagta cagtactac tgcgctcgat ggtacaacac agggctcaac	720
aacctgcgcg gcaccaacgc tgagtcagtg ctccgttaca accagttccg ccgcgacttg	780
actttgggtg tcttagacct ggtggcgcta ttcccgcttt acgacacacg ggtgtacca	840
atgaacacta gcgcgcaact cagcggggag atctacacag acccaatcgg ccggacgaac	900
gcacctccg gtttcgcatc caggaattgg ttcaacaaca acgcacctc ctctcggca	960
atcgaggccg ccgtcatccg cctcctcac ctgctcgact ttcccgagca gctcacgac	1020
ttctccgtgc tctcacgtg gtccaacaca cagtacatga actactgggt cgggcaccga	1080
ttggagagta ggacgatccg tggcagcttg agcaccagta cccacggcaa caccaacacc	1140
tccatcaacc cagttacgt acagttcacg agccgcgacg ttaccggac tgagtcgttc	1200
gcgggcatta acatccttct gacaacgcc gtcaacggcg tccgtgggc ccggttcaac	1260
tggcgtaacc cgttgaactc cctgcgcggg tcattgctct acaccatcgg gtacacgggc	1320
gtcggcacc agctcttga cagtgaact gagctgccg ccgagaccac ggaacgccc	1380
aactacgagt cctacagcca ccgctgtcc aacatccggc tcattcttgg caacacgtg	1440
cgatgcgcgg tgiactctg gacacaccg agcgcggacc ggaccaacac gatctcttc	1500
gactccatta accagatccc gctcgtgaag ggcttccgtg tgtggggtgg cagcagctc	1560
atcacggtc cgggcttcac cggtgagac atactgcggc gcaacacttt cggcgacttc	1620
gtttcgttgc aagtgaacat caactcgccg atcaccagc gttaccgtct gaggttccg	1680
tacgttcaa gccgcgacg gaggttcatt gtctgaccg gagccgcgtc cacaggcgtg	1740
ggaggccaag tctcagtcaa catgcctctc cagaagacga tggagatagg cgagaacttg	1800
actagccgaa ccttcggta cactgatttc tcgaacctt tctattcag agcgaacct	1860
gacatcattg gcatctccga gcaaccgtg ttccgtgctg gctccatcag ctctggcgaa	1920
ctgtacatcg acaagattga gatcatctg gcggatgca cgaccgcgac gtttgaagct	1980
gaatccgacc tcgagcgtgc gcgcaaggcg gtgaacgctc tgttcacgag caccaacct	2040

cgtggcttga agacggatgt gacggactac cacatcgacc aagtctcgaa cctcgtggag 2100

 tgcctgagcg acgagttctg tcttgacaag aagcgcgagc tgctggagga ggtgaagtac 2160
 gccaaagccc tctccgatga gcgcaacctg ctccaagatc ctaccttcac gtcgatttcc 2220
 ggccaaaccg accgtggatg gatcggtctg actggcatct ccatccaggg cggcgacgac 2280
 atcttcaagg agaactatgt tcggctgccc ggacaggtgg acgagtgtta cccgacgtac 2340
 ctctaccaga agatagacga gagtcaactc aagtcctaca cgcggtatca gttacgtggc 2400
 tacattgaag actcccagga cttggaaatc tatctcatc ggtacaacgc caagcacgag 2460
 accttaagcg tgccgggaac ggagtcgccc tggccaagct ctggcgtgta cccttccggt 2520

 aggtgcggcg agcccaaccg ctgtgcacct cgaatcgaat ggaacccgga ccttgactgc 2580
 tcttgccggt acggcgagaa gtgcgtccat cattctcacc acttcagctt ggacattgac 2640
 gtcggctgca ccgacctcaa tgaagacctc ggagtgtggg tcattcttcaa gatcaagaca 2700
 caggacgggc acgcgaaact aggaacctg gagttcatcg aggagaagcc actcctcggc 2760
 aaggcacttt ccagggtcaa gcgggccgag aagaaatgga gggacaagta cgagaaactc 2820
 cagctcgaaa caaagcgggt gtacacggag gcaaaggaat ccgtggacgc cctgttcgtg 2880
 gactctcagt acgacaagct ccaggcgaac acaaacattg gcatcatcca cggcgcggac 2940

 aagcaagtgc acaggatacg ggagccttac ctctcggagc tgccggtgat tccctcgatc 3000
 aacgcggcga tcttcgagga actggagggc cacatcttca aggcgatttc tctgtacgac 3060
 gcgcgtaacg tcatcaagaa cggcgacttc aacaatgggc tgtctctgtg gaacgttaaa 3120
 ggccacgtcg atgtccagca gaaccacat aggtcagtc tggctgtgag cgagtgggag 3180
 gcggagggtg ccagaagggt gcgcgtgtgc ccggtatcgc gctacatctt gagggtgaca 3240
 gcctacaagg agggctacgg cgagggtgtg gtcacgatcc atgagttcga ggacaacacg 3300
 gatgtcctga aattccgtaa ctctcgtcag gagggagtct atccaacaa caccgtgacc 3360

 tgcaacgact acacgaccaa tcagtcggct gagggcagta ccgatgcctg caacagctac 3420
 aaccgtggtt acgaagatgg atacgagaac cgctacgagc ccaatccttc ggctcccgtg 3480
 aattacactc ccacgtacga ggaggcatg tacactgaca ctacaggcta caaccattgc 3540
 gtcagcgacc gtggctaccg caaccacacg ccgtcccag cgggctacgt gacgtggag 3600
 ctggaatact ttcccagagc agaacaagtg tggatagaga tcggcgagac cgagggcaca 3660
 ttcacgtgg gctctgtgga attgctctc atggaggagt aa 3702

<210> 43

<211> 1200

<212> PRT

<213> Artificial

<220><223> Amino acid sequence of the chimeric protein variant TIC868_14.

<400> 43

Met Thr Ser Asn Arg Lys Asn Glu Asn Glu Ile Ile Asn Ala Leu Ser

1 5 10 15

Ile Pro Ala Val Ser Asn His Ser Ala Gln Met Asn Leu Ser Thr Asp

20 25 30

Ala Arg Ile Glu Asp Ser Leu Cys Ile Ala Glu Gly Asn Asn Ile Asp

35 40 45

Pro Phe Val Ser Ala Ser Thr Val Gln Thr Gly Ile Asn Ile Ala Gly

50 55 60

Arg Ile Leu Gly Val Leu Gly Val Pro Phe Ala Gly Gln Ile Ala Ser

65 70 75 80

Phe Tyr Ser Phe Leu Val Gly Glu Leu Trp Pro Arg Gly Arg Asp Pro

85 90 95

Trp Glu Ile Phe Leu Glu His Val Glu Gln Leu Ile Arg Gln Gln Val

100 105 110

Thr Glu Asn Thr Arg Asp Thr Ala Leu Ala Arg Leu Gln Gly Leu Gly

115 120 125

Asn Ser Phe Arg Ala Tyr Gln Gln Ser Leu Glu Asp Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Arg Asp Asp Ala Arg Thr Arg Ser Val Leu Tyr Thr Gln Tyr Ile Ala

145 150 155 160

Leu Glu Leu Asp Phe Leu Asn Ala Met Pro Leu Phe Ala Ile Arg Asn

165 170 175

Gln Glu Val Pro Leu Leu Met Val Tyr Ala Gln Ala Ala Asn Leu His

180 185 190

Leu Leu Leu Leu Arg Asp Ala Ser Leu Phe Gly Ser Glu Phe Gly Leu

195 200 205

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

210 215 220

Arg Glu Tyr Ser Asp Tyr Cys Ala Arg Trp Tyr Asn Thr Gly Leu Asn
 225 230 235 240
 Asn Leu Arg Gly Thr Asn Ala Glu Ser Trp Leu Arg Tyr Asn Gln Phe
 245 250 255
 Arg Arg Asp Leu Thr Leu Gly Val Leu Asp Leu Val Ala Leu Phe Pro
 260 265 270
 Ser Tyr Asp Thr Arg Val Tyr Pro Met Asn Thr Ser Ala Gln Leu Thr
 275 280 285
 Arg Glu Ile Tyr Thr Asp Pro Ile Gly Arg Thr Asn Ala Pro Ser Gly
 290 295 300
 Phe Ala Ser Thr Asn Trp Phe Asn Asn Asn Ala Pro Ser Phe Ser Ala
 305 310 315 320
 Ile Glu Ala Ala Val Ile Arg Pro Pro His Leu Leu Asp Phe Pro Glu
 325 330 335
 Gln Leu Thr Ile Phe Ser Val Leu Ser Arg Trp Ser Asn Thr Gln Tyr
 340 345 350
 Met Asn Tyr Trp Val Gly His Arg Leu Glu Ser Arg Thr Ile Arg Gly
 355 360 365
 Ser Leu Ser Thr Ser Thr His Gly Asn Thr Asn Thr Ser Ile Asn Pro
 370 375 380
 Val Thr Leu Gln Phe Thr Ser Arg Asp Val Tyr Arg Thr Glu Ser Phe
 385 390 395 400
 Ala Gly Ile Asn Ile Leu Leu Thr Thr Pro Val Asn Gly Val Pro Trp
 405 410 415
 Ala Arg Phe Asn Trp Arg Asn Pro Leu Asn Ser Leu Arg Gly Ser Leu
 420 425 430
 Leu Tyr Thr Ile Gly Tyr Thr Gly Val Gly Thr Gln Leu Phe Asp Ser
 435 440 445
 Glu Thr Glu Leu Pro Pro Glu Thr Thr Glu Arg Pro Asn Tyr Glu Ser
 450 455 460
 Tyr Ser His Arg Leu Ser Asn Ile Arg Leu Ile Ser Gly Asn Thr Leu

465 470 475 480
 Arg Ala Pro Val Tyr Ser Trp Thr His Arg Ser Ala Asp Arg Thr Asn
 485 490 495
 Thr Ile Ser Ser Asp Ser Ile Asn Gln Ile Pro Leu Val Lys Gly Phe

 500 505 510
 Arg Val Trp Gly Gly Thr Ser Val Ile Thr Gly Pro Gly Phe Thr Gly
 515 520 525
 Gly Asp Ile Leu Arg Arg Asn Thr Phe Gly Asp Phe Val Ser Leu Gln
 530 535 540
 Val Asn Ile Asn Ser Pro Ile Thr Gln Arg Tyr Arg Leu Arg Phe Arg
 545 550 555 560
 Tyr Ala Ser Ser Arg Asp Ala Arg Val Ile Val Leu Thr Gly Ala Ala

 565 570 575
 Ser Thr Gly Val Gly Gly Gln Val Ser Val Asn Met Pro Leu Gln Lys
 580 585 590
 Thr Met Glu Ile Gly Glu Asn Leu Thr Ser Arg Thr Phe Arg Tyr Thr
 595 600 605
 Asp Phe Ser Asn Pro Phe Ser Phe Arg Ala Asn Pro Asp Ile Ile Gly
 610 615 620
 Ile Ser Glu Gln Pro Leu Phe Gly Ala Gly Ser Ile Ser Ser Gly Glu

 625 630 635 640
 Leu Tyr Ile Asp Lys Ile Glu Ile Ile Leu Ala Asp Ala Thr Thr Ala
 645 650 655
 Thr Phe Glu Ala Glu Ser Asp Leu Glu Arg Ala Arg Lys Ala Val Asn
 660 665 670
 Ala Leu Phe Thr Ser Thr Asn Pro Arg Gly Leu Lys Thr Asp Val Thr
 675 680 685
 Asp Tyr His Ile Asp Gln Val Ser Asn Leu Val Glu Cys Leu Ser Asp

 690 695 700
 Glu Phe Cys Leu Asp Lys Lys Arg Glu Leu Leu Glu Glu Val Lys Tyr
 705 710 715 720

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

965	970	975
His Gly Ala Asp Lys Gln Val	His Arg Ile Arg Glu Pro Tyr Leu Ser	
980	985	990
Glu Leu Pro Val Ile Pro Ser Ile	Asn Ala Ala Ile Phe Glu Glu Leu	
995	1000	1005
Glu Gly His Ile Phe Lys Ala	Tyr Ser Leu Tyr Asp Ala Arg Asn	
1010	1015	1020
Val Ile Lys Asn Gly Asp Phe	Asn Asn Gly Leu Ser Cys Trp Asn	
1025	1030	1035
Val Lys Gly His Val Asp Val	Gln Gln Asn His His Arg Ser Val	
1040	1045	1050
Leu Val Leu Ser Glu Trp Glu	Ala Glu Val Ser Gln Lys Val Arg	
1055	1060	1065
Val Cys Pro Asp Arg Gly Tyr	Ile Leu Arg Val Thr Ala Tyr Lys	
1070	1075	1080
Glu Gly Tyr Gly Glu Gly Cys	Val Thr Ile His Glu Phe Glu Asp	
1085	1090	1095
Asn Thr Asp Val Leu Lys Phe	Arg Asn Phe Val Glu Glu Glu Val	
1100	1105	1110
Tyr Pro Asn Asn Thr Val Thr	Cys Asn Asp Tyr Thr Thr Asn Gln	
1115	1120	1125
Ser Ala Glu Gly Ser Thr Asp	Ala Cys Asn Ser Tyr Asn Arg Gly	
1130	1135	1140
Tyr Glu Asp Gly Tyr Glu Asn	Arg Tyr Glu Pro Asn Pro Ser Ala	
1145	1150	1155
Pro Val Asn Tyr Thr Pro Thr	Tyr Glu Glu Gly Met Tyr Thr Asp	
1160	1165	1170
Thr Gln Gly Tyr Asn His Cys	Val Ser Asp Arg Gly Tyr Arg Asn	
1175	1180	1185
His Thr Pro Leu Pro Ala Gly	Tyr Val Thr Leu Glu	
1190	1195	1200

<210> 44

<211> 3687

<212> DNA

<213> Artificial

<220><223> Synthetic nucleotide sequence designed for expression in a plant cell encoding TIC868_15.

<400> 44

atgacgagca accggaagaa cgagaacgag atcatcaacg ccctctcgat ccctgctgtt	60
tcaaaccact ccgcgcagat gaacctgtcc accgacgcgc gcatcgagga ctccctctgc	120
atagccgagg gcaacaacat cgaccattc gtgtcgcca gcacggttca gaccggcatc	180
aacatcgagg gccgtatcct cggcgtctc ggtgtcccat tcgccgtca gatcgctcc	240
ttctactcgt tccttgtggg cgagctgtgg cctcgcggtc gtgacccgtg ggagatcttc	300
ctggagcatg tggagcagtt gatccggcag caagtcacgg agaacaccg cgatactgct	360
ctggccaggc tacagggcct gggaaactcc ttctgggcat accagcagtc actggaggac	420
tggttggaga acagggatga cgcggaaca cgctcggtac tctacacca gtacatcgct	480
ctcgaactcg acttctgaa cgctatgccg ctgttcgcca tcaggaacca ggaagtcca	540
ctccttatgg tgtacgcca ggccccaac ttacatctgc tctgtctgc ggacgccagc	600
ctgttcggct ccgagttcgg actcacatct caagaaatcc agcgttacta cgagcgccaa	660
gtggagaaga cccgtgagta cagtactac tgcgtcgat ggtacaacac agggctcaac	720
aacctgcgcg gcaccaacgc tgagtcattg ctccgttaca accagttccg ccgcgacttg	780
actttgggtg tcctagacct ggtggcgcta ttccgtctt acgacacag ggtgtacca	840
atgaacacta gcgcgcaact cagcgggag atctacacag acccaatcgg ccggacgaac	900
gcacctccg gtttcgcatc cacgaattgg ttcaacaaca acgcaccctc ctctcggca	960
atcaggccg ccgtcatccg ccctctcac ctgctcgact ttcccagca gtcacgac	1020
ttctccgtgc tctcacgtg gtccaacaca cagtacatga actactgggt cgggcaccga	1080
ttggagagta ggacgatccg tggcagcttg agcaccagta cccacggcaa caccaacacc	1140
tccatcaacc cagttacgt acagttcacg agccgcgacg ttaccggac tgagtcgttc	1200
gcgggcatta acatcttct gacaacgcc gtcaacggcg tccgtgggc cgggttaac	1260
tggcgtaac cgltgaactc cctgcgcggg tcattgtct acaccatcgg gtacacgggc	1320
gtcggaacc agctcttga cagtgaact gagctgccg ccgagaccac ggaacgccg	1380
aactacgagt cctacagcca ccgcctgtcc aacatccggc tcattcttg caacacgtg	1440

cgtgcgccgg tgiactcctg gacacaccgc agcgccgacc ggaccaaacac gatctcttcc 1500

 gactccatta accagatccc gctcgtgaag ggcttccgtg tgtggggtgg cagcagcgtc 1560
 atcacccgtc cgggcttcac cggcggagac atactgcggc gcaacacttt cggcgacttc 1620
 gtttcgttgc aagtgaacat caactcgccg atcaccagc gttaccgtct gaggttccgc 1680
 tacgtttcaa gccgcgacgc gaggttcatt gtcctgaccg gagccgcgtc cacaggcgtg 1740
 ggaggccaag tctcagtcaa catgcctctc cagaagacga tggagatagg cgagaacttg 1800
 actagccgaa ccttccggtc cactgatttc tcgaaccctt tctcattcag agcgaaccct 1860
 gacatcattg ggatctccga gcaaccgctg ttcggtgctg gctccatcag ctctggcgaa 1920

 ctgtacatcg acaagattga gatcatcctg gcggatgcga cggatgctac ctttgaagca 1980
 gagtccgact tggaacgtgc acagaaggca gtgaacgcac tcttcacctc aagcaaccag 2040
 atcggattga agacagatgt gacagattac cacatcgacc aagtgcgaa cttggtggat 2100
 tgcttgcag atgagttctg cttggatgag aagcgtgaac tctccgagaa ggtgaagcac 2160
 gcaaagcgtc tctcagatga acgtaatctc cttcaagacc ctaactttcg tggatatcaat 2220
 cgtcagccag atcgtggatg gcgtggatca acagacatca ccatccaggg aggcgatgat 2280
 gtgttcaagg agaactacgt gaccctccca ggaaccgtgg atgaatgcta cccaacctac 2340

 ctctaccaga agatcgacga gtcaaagctc aaggettaca cccgttatga actccgtggc 2400
 tacatcgaag atagccagga tctcgaaatc tatctcatcc gttacaatgc taagcacgaa 2460
 atcgtgaatg tgccaggaac cggctcactc tgccactct cagcacagtc accaatcggc 2520
 aagtgcggcg aacccaatcg ctgcgtcct catctcgaat ggaatccga tctcgactgc 2580
 tcctgccgag acggcgagaa gtgtgcacat cactcacacc acttcacct cgacatcgac 2640
 gtgggctgca ccgacctcaa tgaagacctg ggctgtggg tgatcttcaa gatcaagacc 2700
 caggacggcc acgcacgact gggcaatctg gattttctgg aggagaagcc actgcttggc 2760

 gaggcactgg cagcagtgaa acgagccgag aagaaatggc gagacaaacg tgagaagctg 2820
 caactggaga ccaacatcgt gtacaaagag gccaaagagt cagttgacgc cctgtttgtc 2880
 aatagccagt atgaccgact gcaagttgac accaaccatcg ccatgatcca cgctgcggac 2940
 aagcgcgtcc accgcatccg cgagcttat ctgcccagc tgagcgtcat tcccgcgtc 3000
 aatgccgca tcttcgagga gtttagaggc cgcatttca ccgcctacag cctctatgac 3060
 gcccgcaatg tcattaagaa tggcgacttc aacaatggct tactatgctg gaatgtcaaa 3120
 gggcacgttg acgtcgagga gcagaacaat caccgcagcg tcttagtcat acccgagtgg 3180

gaggccgaag tcagccagga agtccgcgtc tgtccagggc gcgggtacat cctgcgggtc 3240
accgcctaca aagagggata cggcgagggt tgtgtcacca tacacgagat agaggacaat 3300
accgacgaac tcaagttcag caattgtgtc gaggaggaag tctatcccaa caataccgta 3360
acctgcaaca actacaccgg aaccaggag gagtatgaag ggacgtacac ctgcggaac 3420
cagggtatg acgaagccta tgggaacaac ccgtcgggtc ctgctgacta tgcgtcggtc 3480
tatgaggaga aatcgtacac ggacggggcg cgggagaatc cgtgtgagtc gaatcgggg 3540
tatggtgact acacgccgt accggcgggc tatgtaacga aagacctgga atacttccg 3600

gagacggaca aagtatggat agagataggc gagacggagg gaacgttcat cgtggactcg 3660
gtagagctgc tgctcatgga ggagtga 3687

<210> 45

<211> 1228

<212> PRT

<213> Artificial

<220><223> Amino acid sequence of the chimeric protein variant TIC868_15.

<400> 45

Met Thr Ser Asn Arg Lys Asn Glu Asn Glu Ile Ile Asn Ala Leu Ser

1 5 10 15

Ile Pro Ala Val Ser Asn His Ser Ala Gln Met Asn Leu Ser Thr Asp

20 25 30

Ala Arg Ile Glu Asp Ser Leu Cys Ile Ala Glu Gly Asn Asn Ile Asp

35 40 45

Pro Phe Val Ser Ala Ser Thr Val Gln Thr Gly Ile Asn Ile Ala Gly

50 55 60

Arg Ile Leu Gly Val Leu Gly Val Pro Phe Ala Gly Gln Ile Ala Ser

65 70 75 80

Phe Tyr Ser Phe Leu Val Gly Glu Leu Trp Pro Arg Gly Arg Asp Pro

85 90 95

Trp Glu Ile Phe Leu Glu His Val Glu Gln Leu Ile Arg Gln Gln Val

100 105 110

Thr Glu Asn Thr Arg Asp Thr Ala Leu Ala Arg Leu Gln Gly Leu Gly

115 120 125

Asn Ser Phe Arg Ala Tyr Gln Gln Ser Leu Glu Asp Trp Leu Glu Asn

130 135 140
 Arg Asp Asp Ala Arg Thr Arg Ser Val Leu Tyr Thr Gln Tyr Ile Ala
 145 150 155 160

 Leu Glu Leu Asp Phe Leu Asn Ala Met Pro Leu Phe Ala Ile Arg Asn
 165 170 175
 Gln Glu Val Pro Leu Leu Met Val Tyr Ala Gln Ala Ala Asn Leu His
 180 185 190
 Leu Leu Leu Leu Arg Asp Ala Ser Leu Phe Gly Ser Glu Phe Gly Leu
 195 200 205
 Thr Ser Gln Glu Ile Gln Arg Tyr Tyr Glu Arg Gln Val Glu Lys Thr
 210 215 220

 Arg Glu Tyr Ser Asp Tyr Cys Ala Arg Trp Tyr Asn Thr Gly Leu Asn
 225 230 235 240
 Asn Leu Arg Gly Thr Asn Ala Glu Ser Trp Leu Arg Tyr Asn Gln Phe
 245 250 255
 Arg Arg Asp Leu Thr Leu Gly Val Leu Asp Leu Val Ala Leu Phe Pro
 260 265 270
 Ser Tyr Asp Thr Arg Val Tyr Pro Met Asn Thr Ser Ala Gln Leu Thr
 275 280 285

 Arg Glu Ile Tyr Thr Asp Pro Ile Gly Arg Thr Asn Ala Pro Ser Gly
 290 295 300
 Phe Ala Ser Thr Asn Trp Phe Asn Asn Asn Ala Pro Ser Phe Ser Ala
 305 310 315 320
 Ile Glu Ala Ala Val Ile Arg Pro Pro His Leu Leu Asp Phe Pro Glu
 325 330 335
 Gln Leu Thr Ile Phe Ser Val Leu Ser Arg Trp Ser Asn Thr Gln Tyr
 340 345 350

 Met Asn Tyr Trp Val Gly His Arg Leu Glu Ser Arg Thr Ile Arg Gly
 355 360 365
 Ser Leu Ser Thr Ser Thr His Gly Asn Thr Asn Thr Ser Ile Asn Pro
 370 375 380

Val Thr Leu Gln Phe Thr Ser Arg Asp Val Tyr Arg Thr Glu Ser Phe
 385 390 395 400
 Ala Gly Ile Asn Ile Leu Leu Thr Thr Pro Val Asn Gly Val Pro Trp
 405 410 415

Ala Arg Phe Asn Trp Arg Asn Pro Leu Asn Ser Leu Arg Gly Ser Leu
 420 425 430
 Leu Tyr Thr Ile Gly Tyr Thr Gly Val Gly Thr Gln Leu Phe Asp Ser
 435 440 445
 Glu Thr Glu Leu Pro Pro Glu Thr Thr Glu Arg Pro Asn Tyr Glu Ser
 450 455 460
 Tyr Ser His Arg Leu Ser Asn Ile Arg Leu Ile Ser Gly Asn Thr Leu
 465 470 475 480

Arg Ala Pro Val Tyr Ser Trp Thr His Arg Ser Ala Asp Arg Thr Asn
 485 490 495
 Thr Ile Ser Ser Asp Ser Ile Asn Gln Ile Pro Leu Val Lys Gly Phe
 500 505 510
 Arg Val Trp Gly Gly Thr Ser Val Ile Thr Gly Pro Gly Phe Thr Gly
 515 520 525
 Gly Asp Ile Leu Arg Arg Asn Thr Phe Gly Asp Phe Val Ser Leu Gln
 530 535 540

Val Asn Ile Asn Ser Pro Ile Thr Gln Arg Tyr Arg Leu Arg Phe Arg
 545 550 555 560
 Tyr Ala Ser Ser Arg Asp Ala Arg Val Ile Val Leu Thr Gly Ala Ala
 565 570 575
 Ser Thr Gly Val Gly Gly Gln Val Ser Val Asn Met Pro Leu Gln Lys
 580 585 590
 Thr Met Glu Ile Gly Glu Asn Leu Thr Ser Arg Thr Phe Arg Tyr Thr
 595 600 605

Asp Phe Ser Asn Pro Phe Ser Phe Arg Ala Asn Pro Asp Ile Ile Gly
 610 615 620
 Ile Ser Glu Gln Pro Leu Phe Gly Ala Gly Ser Ile Ser Ser Gly Glu

625 630 635 640
 Leu Tyr Ile Asp Lys Ile Glu Ile Ile Leu Ala Asp Ala Thr Asp Ala
 645 650 655
 Thr Phe Glu Ala Glu Ser Asp Leu Glu Arg Ala Gln Lys Ala Val Asn
 660 665 670

 Ala Leu Phe Thr Ser Ser Asn Gln Ile Gly Leu Lys Thr Asp Val Thr
 675 680 685
 Asp Tyr His Ile Asp Gln Val Ser Asn Leu Val Asp Cys Leu Ser Asp
 690 695 700
 Glu Phe Cys Leu Asp Glu Lys Arg Glu Leu Ser Glu Lys Val Lys His
 705 710 715 720
 Ala Lys Arg Leu Ser Asp Glu Arg Asn Leu Leu Gln Asp Pro Asn Phe
 725 730 735

 Arg Gly Ile Asn Arg Gln Pro Asp Arg Gly Trp Arg Gly Ser Thr Asp
 740 745 750
 Ile Thr Ile Gln Gly Gly Asp Asp Val Phe Lys Glu Asn Tyr Val Thr
 755 760 765
 Leu Pro Gly Thr Val Asp Glu Cys Tyr Pro Thr Tyr Leu Tyr Gln Lys
 770 775 780
 Ile Asp Glu Ser Lys Leu Lys Ala Tyr Thr Arg Tyr Glu Leu Arg Gly
 785 790 795 800

 Tyr Ile Glu Asp Ser Gln Asp Leu Glu Ile Tyr Leu Ile Arg Tyr Asn
 805 810 815
 Ala Lys His Glu Ile Val Asn Val Pro Gly Thr Gly Ser Leu Trp Pro
 820 825 830
 Leu Ser Ala Gln Ser Pro Ile Gly Lys Cys Gly Glu Pro Asn Arg Cys
 835 840 845
 Ala Pro His Leu Glu Trp Asn Pro Asp Leu Asp Cys Ser Cys Arg Asp
 850 855 860

 Gly Glu Lys Cys Ala His His Ser His His Phe Thr Leu Asp Ile Asp
 865 870 875 880

Val Gly Cys Thr Asp Leu Asn Glu Asp Leu Gly Val Trp Val Ile Phe

885 890 895

Lys Ile Lys Thr Gln Asp Gly His Ala Arg Leu Gly Asn Leu Glu Phe

900 905 910

Leu Glu Glu Lys Pro Leu Leu Gly Glu Ala Leu Ala Arg Val Lys Arg

915 920 925

Ala Glu Lys Lys Trp Arg Asp Lys Arg Glu Lys Leu Gln Leu Glu Thr

930 935 940

Asn Ile Val Tyr Lys Glu Ala Lys Glu Ser Val Asp Ala Leu Phe Val

945 950 955 960

Asn Ser Gln Tyr Asp Arg Leu Gln Val Asp Thr Asn Ile Ala Met Ile

965 970 975

His Ala Ala Asp Lys Arg Val His Arg Ile Arg Glu Ala Tyr Leu Pro

980 985 990

Glu Leu Ser Val Ile Pro Gly Val Asn Ala Ala Ile Phe Glu Glu Leu

995 1000 1005

Glu Gly Arg Ile Phe Thr Ala Tyr Ser Leu Tyr Asp Ala Arg Asn

1010 1015 1020

Val Ile Lys Asn Gly Asp Phe Asn Asn Gly Leu Leu Cys Trp Asn

1025 1030 1035

Val Lys Gly His Val Asp Val Glu Glu Gln Asn Asn His Arg Ser

1040 1045 1050

Val Leu Val Ile Pro Glu Trp Glu Ala Glu Val Ser Gln Glu Val

1055 1060 1065

Arg Val Cys Pro Gly Arg Gly Tyr Ile Leu Arg Val Thr Ala Tyr

1070 1075 1080

Lys Glu Gly Tyr Gly Glu Gly Cys Val Thr Ile His Glu Ile Glu

1085 1090 1095

Asp Asn Thr Asp Glu Leu Lys Phe Ser Asn Cys Val Glu Glu Glu

1100 1105 1110

Val Tyr Pro Asn Asn Thr Val Thr Cys Asn Asn Tyr Thr Gly Thr

1115 1120 1125
 Gln Glu Glu Tyr Glu Gly Thr Tyr Thr Ser Arg Asn Gln Gly Tyr
 1130 1135 1140
 Asp Glu Ala Tyr Gly Asn Asn Pro Ser Val Pro Ala Asp Tyr Ala
 1145 1150 1155
 Ser Val Tyr Glu Glu Lys Ser Tyr Thr Asp Gly Arg Arg Glu Asn
 1160 1165 1170

Pro Cys Glu Ser Asn Arg Gly Tyr Gly Asp Tyr Thr Pro Leu Pro
 1175 1180 1185
 Ala Gly Tyr Val Thr Lys Asp Leu Glu Tyr Phe Pro Glu Thr Asp
 1190 1195 1200
 Lys Val Trp Ile Glu Ile Gly Glu Thr Glu Gly Thr Phe Ile Val
 1205 1210 1215
 Asp Ser Val Glu Leu Leu Leu Met Glu Glu
 1220 1225

<210> 46

<211> 3600

<212>

DNA

<213> Artificial

<220><223> Synthetic nucleotide sequence designed for expression in a plant cell encoding TIC868_29.

<400> 46

atgacgagca accggaagaa cgagaacgag atcatcaacg ccctctcgat ccctgctgtt 60
 tcaaaccact ccgcgcagat gaacctgtcc accgacgcgc gcatcgagga ctccctctgc 120
 atagccgagg gcaacaacat cgaccattc gtgtcggcca gcacggttca gaccggcatc 180
 aacatcgagg gccgtatcct cggcgctcctc ggtgtcccat tcgccgttca gatcgctcc 240
 ttctactcgt tccttgtggg cgagctgtgg cctcgcggtc gtgacccgtg ggagatcttc 300

 ctggagcatg tggagcagtt gatccggcag caagtcacgg agaacaccg cgatactgct 360
 ctggccaggc tacagggcct gggaaactcc tttcgggcat accagtactc actggaggac 420
 tggttggaga acagggatga cgcgcaaca cgctcggtac tctacacca gtacatcgct 480
 ctggaactcg acttctgaa cgctatgccg ctgttcgcca tcaggaacca ggaagtcca 540
 ctcttatgg tgtacgcca ggccgccaac ttacatctgc tcctgctgcg ggacgccagc 600

ctgttcggct ccgagttcgg actcacatct caagaaatcc agcgttacta cgagcgccaa 660
gtggagaaga cccgtgagta cagtactac tgcgtcgat ggtacaacac agggctcaac 720

aacctgcgcg gcaccaacgc tgagtcattg ctccgttaca accagttccg ccgcgacttg 780
actttgggtg tcttagacct ggtggcgcta tccccgtctt acgacacacg ggtgtacca 840
atgaacacta gcgcgaact cagcgggag atctacacag acccaatcgg ccggacgaac 900
gcacctccg gtttcgcac cagcaattgg ttcaacaaca acgcacctc cttctcgga 960
atcgaggcgg ccgtcatccg cctcctcac ctgctcgact tccccgagca gctcacgac 1020
tttccccagc tctcacgtg gtccacaca cagtacatga actactgggt cgggcaccga 1080
ttggagagta ggacgatccg tggcagcttg agcaccagta cccacggcaa caccaacacc 1140

tccatcaacc cagttacgt acagttcacg agccgcgacg tttaccggac tgagtcgttc 1200
gcgggcatta acatccttct gacaacgcc gtcaacggcg tccgtgggc ccggttcaac 1260
tggcgtaacc cgttgaactc cctgcgcggg tcattgtctt acaccatcgg gtacacgggc 1320
gtcggcacc agctcttga cagtgaact gagctgccg ccgagaccac ggaacggcg 1380
aactacgagt cctacagcca ccgctgtcc aacatccggc tcctctctgg caacacgtg 1440
cgtgcgccg tgiactctg gacacaccg agcggcgacc ggaccaacac gatctcttc 1500
gactccatta accagatccc gctcgtgaag ggcttccgtg tgtgggtgg cagagcgtc 1560

atcacgggtc cgggcttcac cgggtggagc atactgcggc gcaacacttt cggcgacttc 1620
gtttcgttgc aagtgaacat caactgcgg atcaccagc gttaccgtct gaggttccgc 1680
tacgttcaa gccgcgacg gaggtcatt gtctgaccg gagccgcgtc cacaggcgtg 1740
ggaggccaag tctcagtaa catgcctctc cagaagacga tggagatagg cgagaacttg 1800
actagccgaa cttccggtg cactgatttc tcgaacctt tctcattcag agcgaacct 1860
gacatcatt ggatctccg gcaaccgtg ttcggtgctg gctccatcag ctctggcgaa 1920
ctgtacatcg acaagattga gatcatctg gcggatgcga cgttcgagc cgagtctgac 1980

ctggagcggg ctcaagaaggc tgtaacgaa ctgttcacca gcagcaacca gattgggtc 2040
aagaccgacg tcacggacta tcacattgac caagtgtcca acctgtgga gtgcctgtcc 2100
gacgagttct gcctcgacga gaagaaggag ctgtccgaga aggtcaaaca cgcgaagcgt 2160
ctgagtacg agcgggaattt gctccaggac ccgaacttc gtggcatcaa ccgcagctc 2220
gaccgtggtt ggcgcgggag tacagacatc accatccagg gaggcgacga tgtgttcaag 2280
gagaactatg tgacgtgct cgggactttc gacgaatgct acccgacgta tctctaccag 2340

aagatagacg agagtaaatt gaaggcgtac acccgctacc agcttcgcgg gtacatcgag 2400

gatagtcagg acctggaaat ctacctgac cgatacaacg ccaagcacga gacagtgaac 2460

gtgccaggca cgggctcact ttggccattg agegctccct ctecaatcgg aaagtgcgt 2520

caccactcgc accacttctc tctggacatc gacgtgggct gcaccgacct caacgaggac 2580

ctgggtgtct gggttatctt caagattaag acccaggacg gacatgcccg cctcggcaac 2640

ctggagtacc ttgaggagaa gcctctctgt ggcgaggccc tcgctcgtgt gaagcgcgcc 2700

gagaagaaat ggcgagacaa gcgggagaag ctggagtggg agaccaacat cgtgtacaag 2760

gaggccaagg agtcagtga cgcactcttc gtcaacagcc agtacgaccg cctccaggct 2820

gacaccaaca tcgcatgat ccacgcggct gacaagcggg tccacagcat ccgtgaggcg 2880

tacctgcccg agctgtcagt gatccctggt gtgaacgcgg cgatcttcga ggaactggag 2940

ggccgcatct tcacagcatt cagcctgtac gatgccagga atgttattaa gaacggtgac 3000

ttcaacaacg ggctgagttg ctggaacgtc aagggccatg tggacgtcga ggagcagaac 3060

aaccaccggt ccgtgctggt cgtgccggag tgggaggcag aggtgagcca ggaggtccgc 3120

gtctgccctg gtcgcggtca catctccgt gtgactgcgt acaaggaagg ctacggtgaa 3180

ggctgcgtga ctatccacga gatcgagaac aacaccgacg agctcaagtt ctcgaactgt 3240

gtggaggagg aggtgtaccc gaacaacacc gttacttgca acgactacac tgccacgcaa 3300

gaggagtacg agggcactta cacttcccgg aatcgcggt atgatggcgc gtacgagtc 3360

aacagcagcg tgcctgcgga ttatgcgtcc gttacgagg agaaggcgta caccgacgga 3420

cggagggaca acccttgca gtccaaccgt ggctacggtg actacactcc gctgcccgcc 3480

gggtacgtca ccaaggagct ggagtacttc ccggagaccg acaagtctg gatcgagatc 3540

ggcgagacgg agggcacttt catcgtggac tcggtcgagc tgctactgat ggaggagtga 3600

<210> 47

<211> 1199

<212> PRT

<213> Artificial

<220><223> Amino acid sequence of the chimeric protein variant TIC868_29.

<400> 47

Met Thr Ser Asn Arg Lys Asn Glu Asn Glu Ile Ile Asn Ala Leu Ser

1 5 10 15

Ile Pro Ala Val Ser Asn His Ser Ala Gln Met Asn Leu Ser Thr Asp

20 25 30

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

275 280 285
 Arg Glu Ile Tyr Thr Asp Pro Ile Gly Arg Thr Asn Ala Pro Ser Gly
 290 295 300
 Phe Ala Ser Thr Asn Trp Phe Asn Asn Asn Ala Pro Ser Phe Ser Ala

 305 310 315 320
 Ile Glu Ala Ala Val Ile Arg Pro Pro His Leu Leu Asp Phe Pro Glu
 325 330 335
 Gln Leu Thr Ile Phe Ser Gln Leu Ser Arg Trp Ser His Thr Gln Tyr
 340 345 350
 Met Asn Tyr Trp Val Gly His Arg Leu Glu Ser Arg Thr Ile Arg Gly
 355 360 365
 Ser Leu Ser Thr Ser Thr His Gly Asn Thr Asn Thr Ser Ile Asn Pro

 370 375 380
 Val Thr Leu Gln Phe Thr Ser Arg Asp Val Tyr Arg Thr Glu Ser Phe
 385 390 395 400
 Ala Gly Ile Asn Ile Leu Leu Thr Thr Pro Val Asn Gly Val Pro Trp
 405 410 415
 Ala Arg Phe Asn Trp Arg Asn Pro Leu Asn Ser Leu Arg Gly Ser Leu
 420 425 430
 Leu Tyr Thr Ile Gly Tyr Thr Gly Val Gly Thr Gln Leu Phe Asp Ser

 435 440 445
 Glu Thr Glu Leu Pro Pro Glu Thr Thr Glu Arg Pro Asn Tyr Glu Ser
 450 455 460
 Tyr Ser His Arg Leu Ser Asn Ile Arg Leu Ile Ser Gly Asn Thr Leu
 465 470 475 480
 Arg Ala Pro Val Tyr Ser Trp Thr His Arg Ser Ala Asp Arg Thr Asn
 485 490 495
 Thr Ile Ser Ser Asp Ser Ile Asn Gln Ile Pro Leu Val Lys Gly Phe

 500 505 510
 Arg Val Trp Gly Gly Thr Ser Val Ile Thr Gly Pro Gly Phe Thr Gly
 515 520 525

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

770 775 780
 Ser Lys Leu Lys Ala Tyr Thr Arg Tyr Gln Leu Arg Gly Tyr Ile Glu
 785 790 795 800
 Asp Ser Gln Asp Leu Glu Ile Tyr Leu Ile Arg Tyr Asn Ala Lys His
 805 810 815
 Glu Thr Val Asn Val Pro Gly Thr Gly Ser Leu Trp Pro Leu Ser Ala

 820 825 830
 Pro Ser Pro Ile Gly Lys Cys Ala His His Ser His His Phe Ser Leu
 835 840 845
 Asp Ile Asp Val Gly Cys Thr Asp Leu Asn Glu Asp Leu Gly Val Trp
 850 855 860
 Val Ile Phe Lys Ile Lys Thr Gln Asp Gly His Ala Arg Leu Gly Asn
 865 870 875 880
 Leu Glu Phe Leu Glu Glu Lys Pro Leu Val Gly Glu Ala Leu Ala Arg

 885 890 895
 Val Lys Arg Ala Glu Lys Lys Trp Arg Asp Lys Arg Glu Lys Leu Glu
 900 905 910
 Trp Glu Thr Asn Ile Val Tyr Lys Glu Ala Lys Glu Ser Val Asp Ala
 915 920 925
 Leu Phe Val Asn Ser Gln Tyr Asp Arg Leu Gln Ala Asp Thr Asn Ile
 930 935 940
 Ala Met Ile His Ala Ala Asp Lys Arg Val His Ser Ile Arg Glu Ala

 945 950 955 960
 Tyr Leu Pro Glu Leu Ser Val Ile Pro Gly Val Asn Ala Ala Ile Phe
 965 970 975
 Glu Glu Leu Glu Gly Arg Ile Phe Thr Ala Phe Ser Leu Tyr Asp Ala
 980 985 990
 Arg Asn Val Ile Lys Asn Gly Asp Phe Asn Asn Gly Leu Ser Cys Trp
 995 1000 1005
 Asn Val Lys Gly His Val Asp Val Glu Glu Gln Asn Asn His Arg

 1010 1015 1020

Ser Val Leu Val Val Pro Glu Trp Glu Ala Glu Val Ser Gln Glu
1025 1030 1035
Val Arg Val Cys Pro Gly Arg Gly Tyr Ile Leu Arg Val Thr Ala
1040 1045 1050
Tyr Lys Glu Gly Tyr Gly Glu Gly Cys Val Thr Ile His Glu Ile
1055 1060 1065
Glu Asn Asn Thr Asp Glu Leu Lys Phe Ser Asn Cys Val Glu Glu
1070 1075 1080
Glu Val Tyr Pro Asn Asn Thr Val Thr Cys Asn Asp Tyr Thr Ala
1085 1090 1095
Thr Gln Glu Glu Tyr Glu Gly Thr Tyr Thr Ser Arg Asn Arg Gly
1100 1105 1110
Tyr Asp Gly Ala Tyr Glu Ser Asn Ser Ser Val Pro Ala Asp Tyr
1115 1120 1125
Ala Ser Ala Tyr Glu Glu Lys Ala Tyr Thr Asp Gly Arg Arg Asp
1130 1135 1140
Asn Pro Cys Glu Ser Asn Arg Gly Tyr Gly Asp Tyr Thr Pro Leu
1145 1150 1155
Pro Ala Gly Tyr Val Thr Lys Glu Leu Glu Tyr Phe Pro Glu Thr
1160 1165 1170
Asp Lys Val Trp Ile Glu Ile Gly Glu Thr Glu Gly Thr Phe Ile
1175 1180 1185
Val Asp Ser Val Glu Leu Leu Leu Met Glu Glu
1190 1195

<210> 48

<211> 3432

<212> DNA

<213> Artificial

<220><223> Recombinant nucleotide sequence used for expression in a
bacterial cell encoding TIC869.

<400> 48

atggagataa ataatcagaa gcaatgcata ccatataatt gcttaagtaa tcctgaggaa

60

gtacttttgg atggggagag gatattacct gatatcgatc cactcgaagt ttctttgtcg 120
cttttgcaat ttcttttgaa taactttgtt ccagggggag gctttatttc aggattagtt 180
gataaaatat ggggggcttt gagaccatct gaatgggact tttttcttgc acagattgaa 240
cggttgattg atcaaagaat agaagcaaca gtaagagcaa aagcaatcac tgaattagaa 300

ggattaggga gaaattatca aatatacgtt gaagcattta aagaatggga atcagatcct 360
gataacgaag cggtctaaaag tagagtaatt gatcgctttc gtatacttga tgggtctaatt 420
gaagcaaata tcccttcatt tccgataatt ggatttgaag tgccactttt atcggtttat 480
gttcaagcag ctaatctaca tctcgtctta ttgagagatt ctgttatttt tggagagaga 540
tggggattga cgacaaaaaa tgtcaatgat atctataata gacaaattag agaaattcat 600
gaatatagca atcattgcgt agatacgtat aacacagaac tagaacgtct agggtttaga 660
tctatagcgc agtggagaat atataatcag tttagaagag aactaacact aactgtatta 720

gatattgtcg ctcttttccc gaactatgac agtagactgt atccgatcca aactttttct 780
caattgacaa gagaaattgt tacatcccca gtaagcgaat tttattatgg tgttattaat 840
agtggtaata taattggtag tcttactgaa cagcagataa ggcgaccaca tcttatggac 900
ttctttaact ccatgatcat gtatacatca gataatagac gggaacatta ttggtcagga 960
cttgaatga cggcttattt tacaggattt gcaggagctc aagtgtcatt ccttttagtc 1020
gggactagag gggagtgcag tccaccatta actgttagaa gtgttaatga tgggaattat 1080
agaatattat cggcaccgtt ttattcagcg ccttttctag gcaccattgt attgggaagt 1140

cgtggagaaa aatttgattt tgcgtttaat aatatttcac ctccgccatc tacaatatac 1200
agacatcctg gaacagtaga ttactagtc agtataccgc cacaggataa tagcgtagca 1260
ccgcacaggg gatctagta tctgattaagt catgttaciaa tgcgcgcaag ttcccctata 1320
ttccattgga cgcacgcag cgcaaccact acaaatataa ttaatccaaa tgctattatc 1380
caaataccac tagtaaaagc atttaacctt cattcaggtg cactgttgt tagaggacca 1440
gggtttacag gtggagatct cttacgaaga acgaatactg gtacatttgc agacataaga 1500
gtcaatgttc cttcatcact attttcccaa agatatacgc taaggattcg ttatgcttct 1560

actaccgatt tacaattttt cagcagaatt aatggaactt ctgttaatca aggtaatttc 1620
tcaaaaacga tggatagagg ggataaactg aaatctgaaa actttagaac tgccggattt 1680
agtactcctt ttagattttc aaattttcaa agtacattca cgttgggtac tcaggctttt 1740
tcaaatacagg aagtttatat agatagaatt gaatttgtcc cggcagaagt aacattcgag 1800
gcagaatctg atttagaaag agcacaaaag gcggtgaatg agctgtttac ttcttccaat 1860
caaatcgggt taaaacaga tgtgacggat tatcatattg atcaagtatc caatttagtt 1920

gagtgtttat ctgatgaatt ttgtctggat gaaaaaaaaag aattgtccga gaaagtcaaa 1980

catgcgaagc gacttagtga tgagcggaat ttacttcaag atccaaactt tagagggatc 2040

aatagacaac tagaccgtgg ctggagagga agtacggata ttaccatcca aggaggcgat 2100

gacgtattca aagagaatta cgttacgcta ttgggtacct ttgatgagtg ctatccaacg 2160

tatttatatc aaaaaataga tgagtcgaaa ttaaaagcct ataccgtta ccaattaaga 2220

gggtatatcg aagatagtca agacttagaa atctatttaa ttcgtacaa tgccaaacac 2280

gaaacagtaa atgtgccagg tacgggttcc ttatggccgc tttcagcccc aagtccaatc 2340

ggaaaatgtg cccatcattc ccatcatttc tccttggaca ttgatgttgg atgtacagac 2400

ttaaattgagg acttaggtgt atgggtgata ttcaagatta agacgcaaga tggccatgca 2460

agactaggaa atctagaatt tctcgaagag aaaccattag taggagaagc actagctcgt 2520

gtgaaaagag cggagaaaaa atggagagac aaactgaaa aattggaatg ggaacaaat 2580

attgtttata aagaggcaaa agaattctga gatgctttat ttgtaaactc tcaatatgat 2640

agattacaag cggataccaa catcgcgatg attcatgcgg cagataaacg cgttcatagc 2700

attcgagaag cttatctgcc tgagctgtct gtgattccgg gtgtcaatgc ggctattttt 2760

gaagaattag aagggcgtat tttcactgca ttctccctat atgatgcgag aaatgtcatt 2820

aaaaatggtg attttaataa tggcttatcc tgctggaacg tgaaaggga tgtagatgta 2880

gaagaacaaa acaaccaccg ttcggtcctt gttgttccgg aatgggaagc agaagtgtca 2940

caagaagttc gtgtctgtcc gggtcgtggc tatatccttc gtgtcacagc gtacaaggag 3000

ggatatggag aaggttgcgt aaccattcat gagatcgaga acaatacaga cgaactgaag 3060

tttagcaact gtgtagaaga ggaagtatat ccaacaaca cggtaacgtg taatgattat 3120

actgcgactc aagaagaata tgagggtacg tacacttctc gtaatcgagg atatgacgga 3180

gcctatgaaa gcaattcttc tgtaccagct gattatgcat cagcctatga agaaaaagca 3240

tatacagatg gacgaagaga caatccttgi gaatctaaca gaggatatgg ggattacaca 3300

ccactaccag ctggctatgt gacaaaagaa ttagagtact tcccagaaac cgataaggta 3360

tggattgaga tcggagaaac ggaaggaaca ttcacgtggg acagcgtgga attacttctt 3420

atggaggaat ag 3432

<210> 49

<211> 3432

<212> DNA

<213> Artificial

<220><223> Synthetic nucleotide sequence designed for expression in a plant

cell encoding TIC869.

<400> 49

atggagataa acaaccagaa gcagtgcatt ccgtacaact gcctcagcaa cccggaggag	60
gtgctgctgg acggcgagcg tatectcca gacatcgacc cactggaggt cagcctgagc	120
ctctccagt tctctctcaa taacttcgtg ccaggcggcg gcttcattctc cggcctgggtg	180
gacaagatct ggggcgcaact ccggccaagt gagggggac tgttcctggc ccaaactcag	240
cgcctgatcg accagaggat cgaggcgacg gtccgcgcca aggcgataac cgagctggag	300
ggcctcggtc gcaactacca gatctacga gaggcggtca aggagtggga gagcgacccg	360
gacaacgagg cggccaagtc tcgggtgatt gaccgcttc gcacctcga cggcctcatc	420
gaagccaaca tcccttcctt ccggatcata ggcttcgaag tcccgtcct cagcgtgtac	480
gtgcaagcgg ccaatctcca ctcgcgttg ctccgtgaca gcgtcatctt tggcgagaga	540
tggggcctga cgacgaagaa cgtgaacgac atctacaaca ggagatccg agagattcac	600
gagtacagca accactgctt ggacacatac aacacggagc tggagcggct cggcttcgc	660
tcaatcgctc agtggcggtt ctacaaccag ttccgcgcg agctgacct caccgtgctc	720
gacatcgctc cattgtttcc caattacgac tcacgcctct acccaatcca gactttcagc	780
cagctcacac gcgagattgt gaccagcccg gtgtcagagt tctactacgg cgtcatcaac	840
tcaggcaaca tcacgggac actgactgaa cagcagatca gacgtccga cttgatggac	900
ttcttcaact ccatgattat gtacacatca gacaacagga gagagcacta ctggctccggg	960
ttggagatga ctgcttactt caccggcttc gccggtgccc aagtgagctt cccactggtc	1020
ggaactcgtg gcgagtcagc tctccgcta actgtgcgat ctgtcaacga cgggatctac	1080
agaatactgt cggtccctt ctacagtgcg ccgttcctcg gcaccatcgt cctcggtca	1140
cgtggtgaga agttcgactt cgcaactgaac aacattagcc cgccgcctag tacaatctac	1200
aggcaccttg gcaccgtgga ctactggtt tcgatccgc cacaagaaa cagtgtgccg	1260
ccacatcgtg gttctagcca caggtcttc catgtgacca tgcgcgctc ttcaccgatc	1320
tttactgga cccatcggtc cgctacaacc acaaacacca tcaaccctaa cgccatcatc	1380
caaatccgc tgggaagc gtttaacctc cacagcggcg caactgtcgt gcgcggccct	1440
ggattcaccg gtggtgacct gtcctcggtg accaatactg gcacgttcgc agacatccga	1500
gtgaacgtcc cgtcctcgtt gttcagtcag cgctaccgtg tccgattcg gtacgttcc	1560
accacggatc tccagttctt tactcgcac aatgggacga gcgtcaacca gggcaacttc	1620
agcaagacga tggaccgtgg agataagctc aagtccgaga acttcgcac ggctggcttc	1680

tcgacaccgt tcagattcag caacttccag agcactttca cgctgggcac acaggcggtc	1740
tccaaccagg aggtgtacat cgaccgcac gagttcgtgc ctgctgaggt taccttcgag	1800
gcggaaagcg acctcgaaag ggcccagaag gccgtcaacg agctgttcac ctccagcaac	1860
cagatcggtc tcaagaccga cgtcactgac tatcacattg accaagtcag caacctgggtg	1920
gagtgcctca gtgatgagtt ctgcctggat gagaagaagg agcttagcga gaaggtcaag	1980
cacgcaaagc gcttgagcga cgagcgcaac cttctccagg acccgattt ccgtgggtatc	2040
aatagacagc ttgaccgtgg gtggcgcggt agtaccgaca taaccatcca ggggtggcgac	2100
gatgtgttca aggagaatta tgttacgtg ctcggtacgt tcgacgagtg ctatcccacg	2160
tacttgtacc agaagattga cgagagcaag ctcaaggcgt acaccgtta ccagtcctgt	2220
ggctacatcg aggacagcca ggatctggaa atctacctta tccgatacaa tgctaagcac	2280
gagacagtca acgtgccgg aacagggtcg ctctggccgc tcagtgtcc gtcgccatt	2340
ggcaagtgcg cgcaccattc gcatacttc tcacttgaca ttgacgtggg ctgcaccgac	2400
ctgaacgagg atctgggtgt ctgggtcatc ttcaagatca agaccaaga cggccacgcg	2460
cgcctcggga acctggagtt cctggaggag aagcctttgg taggtgaagc cctggccgc	2520
gtcaagcgcg cggagaagaa gtggcgcgac aagagggaga agctggaatg ggagaccaac	2580
atcgtgtaca aggaggcgaa ggagtcgtg gacgcactat tcgtgaactc ccagtacgac	2640
cgtctccagg ccgacaccaa catcgcatg atccacgccg ctgacaaacg agttcatcc	2700
attcgtgaag cctatcttc ccagctgtct gtcataccgg gcgtcaacgc ggccatcttc	2760
gaggagttag agggtcggat ctttacagct ttctactgt acgatgccg caacgtcatc	2820
aagaacggcg acttcaacaa cggctctctc tgttgaacg tgaaggcca cgtggatgtc	2880
gaggagcaga acaaccaccg ctctgtgtt gtggtgccg agtgggagc cgaggtgagc	2940
caggaggtcc gcgtctgtcc gggtcgccc tacatctgc gggtcaccgc ctacaaggag	3000
ggctacggcg aaggctgctg tactattcac gagattgaga acaataccga cgaactcaag	3060
ttctccaact gtgtcgagga ggaggtgtac ccgaacaaca ccgtgacgtg caacgactac	3120
accgcgacac aggaggaata cgagggcacc tacaccagcc gcaaccgagg ctacgacgga	3180
gcgtacgaga gcaactcgtc cgtgcccgt gattacgca gtgcgtacga ggagaaggct	3240
tacaccgacg gacggcgca caatccctgc gagagtaacc gtggatacgg agattacag	3300
ccgtacccg ctggctacgt cactaaggaa ctggagtact tcccagagac ggacaagggtg	3360
tggatcgaat tcggcgagac agagggcacg ttcacgtgg actccgtgga gctgctgctg	3420

atggaggagt ga

3432

<210> 50

<211> 1143

<212> PRT

<213> Artificial

<220><223> Amino acid sequence of the chimeric protein TIC869.

<400> 50

Met Glu Ile Asn Asn Gln Lys Gln Cys Ile Pro Tyr Asn Cys Leu Ser

1 5 10 15

Asn Pro Glu Glu Val Leu Leu Asp Gly Glu Arg Ile Leu Pro Asp Ile

20 25 30

Asp Pro Leu Glu Val Ser Leu Ser Leu Leu Gln Phe Leu Leu Asn Asn

35 40 45

Phe Val Pro Gly Gly Gly Phe Ile Ser Gly Leu Val Asp Lys Ile Trp

50 55 60

Gly Ala Leu Arg Pro Ser Glu Trp Asp Leu Phe Leu Ala Gln Ile Glu

65 70 75 80

Arg Leu Ile Asp Gln Arg Ile Glu Ala Thr Val Arg Ala Lys Ala Ile

85 90 95

Thr Glu Leu Glu Gly Leu Gly Arg Asn Tyr Gln Ile Tyr Ala Glu Ala

100 105 110

Phe Lys Glu Trp Glu Ser Asp Pro Asp Asn Glu Ala Ala Lys Ser Arg

115 120 125

Val Ile Asp Arg Phe Arg Ile Leu Asp Gly Leu Ile Glu Ala Asn Ile

130 135 140

Pro Ser Phe Arg Ile Ile Gly Phe Glu Val Pro Leu Leu Ser Val Tyr

145 150 155 160

Val Gln Ala Ala Asn Leu His Leu Ala Leu Leu Arg Asp Ser Val Ile

165 170 175

Phe Gly Glu Arg Trp Gly Leu Thr Thr Lys Asn Val Asn Asp Ile Tyr

180 185 190

Asn Arg Gln Ile Arg Glu Ile His Glu Tyr Ser Asn His Cys Val Asp

195 200 205
 Thr Tyr Asn Thr Glu Leu Glu Arg Leu Gly Phe Arg Ser Ile Ala Gln
 210 215 220
 Trp Arg Ile Tyr Asn Gln Phe Arg Arg Glu Leu Thr Leu Thr Val Leu

 225 230 235 240
 Asp Ile Val Ala Leu Phe Pro Asn Tyr Asp Ser Arg Leu Tyr Pro Ile
 245 250 255
 Gln Thr Phe Ser Gln Leu Thr Arg Glu Ile Val Thr Ser Pro Val Ser
 260 265 270
 Glu Phe Tyr Tyr Gly Val Ile Asn Ser Gly Asn Ile Ile Gly Thr Leu
 275 280 285
 Thr Glu Gln Gln Ile Arg Arg Pro His Leu Met Asp Phe Phe Asn Ser

 290 295 300
 Met Ile Met Tyr Thr Ser Asp Asn Arg Arg Glu His Tyr Trp Ser Gly
 305 310 315 320
 Leu Glu Met Thr Ala Tyr Phe Thr Gly Phe Ala Gly Ala Gln Val Ser
 325 330 335
 Phe Pro Leu Val Gly Thr Arg Gly Glu Ser Ala Pro Pro Leu Thr Val
 340 345 350
 Arg Ser Val Asn Asp Gly Ile Tyr Arg Ile Leu Ser Ala Pro Phe Tyr

 355 360 365
 Ser Ala Pro Phe Leu Gly Thr Ile Val Leu Gly Ser Arg Gly Glu Lys
 370 375 380
 Phe Asp Phe Ala Leu Asn Asn Ile Ser Pro Pro Pro Ser Thr Ile Tyr
 385 390 395 400
 Arg His Pro Gly Thr Val Asp Ser Leu Val Ser Ile Pro Pro Gln Asp
 405 410 415
 Asn Ser Val Pro Pro His Arg Gly Ser Ser His Arg Leu Ser His Val

 420 425 430
 Thr Met Arg Ala Ser Ser Pro Ile Phe His Trp Thr His Arg Ser Ala
 435 440 445

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

690 695 700
 Glu Asn Tyr Val Thr Leu Leu Gly Thr Phe Asp Glu Cys Tyr Pro Thr
 705 710 715 720
 Tyr Leu Tyr Gln Lys Ile Asp Glu Ser Lys Leu Lys Ala Tyr Thr Arg
 725 730 735
 Tyr Gln Leu Arg Gly Tyr Ile Glu Asp Ser Gln Asp Leu Glu Ile Tyr

 740 745 750
 Leu Ile Arg Tyr Asn Ala Lys His Glu Thr Val Asn Val Pro Gly Thr
 755 760 765
 Gly Ser Leu Trp Pro Leu Ser Ala Pro Ser Pro Ile Gly Lys Cys Ala
 770 775 780
 His His Ser His His Phe Ser Leu Asp Ile Asp Val Gly Cys Thr Asp
 785 790 795 800
 Leu Asn Glu Asp Leu Gly Val Trp Val Ile Phe Lys Ile Lys Thr Gln

 805 810 815
 Asp Gly His Ala Arg Leu Gly Asn Leu Glu Phe Leu Glu Glu Lys Pro
 820 825 830
 Leu Val Gly Glu Ala Leu Ala Arg Val Lys Arg Ala Glu Lys Lys Trp
 835 840 845
 Arg Asp Lys Arg Glu Lys Leu Glu Trp Glu Thr Asn Ile Val Tyr Lys
 850 855 860
 Glu Ala Lys Glu Ser Val Asp Ala Leu Phe Val Asn Ser Gln Tyr Asp

 865 870 875 880
 Arg Leu Gln Ala Asp Thr Asn Ile Ala Met Ile His Ala Ala Asp Lys
 885 890 895
 Arg Val His Ser Ile Arg Glu Ala Tyr Leu Pro Glu Leu Ser Val Ile
 900 905 910
 Pro Gly Val Asn Ala Ala Ile Phe Glu Glu Leu Glu Gly Arg Ile Phe
 915 920 925
 Thr Ala Phe Ser Leu Tyr Asp Ala Arg Asn Val Ile Lys Asn Gly Asp

 930 935 940

Phe Asn Asn Gly Leu Ser Cys Trp Asn Val Lys Gly His Val Asp Val
 945 950 955 960
 Glu Glu Gln Asn Asn His Arg Ser Val Leu Val Val Pro Glu Trp Glu
 965 970 975
 Ala Glu Val Ser Gln Glu Val Arg Val Cys Pro Gly Arg Gly Tyr Ile
 980 985 990
 Leu Arg Val Thr Ala Tyr Lys Glu Gly Tyr Gly Glu Gly Cys Val Thr

 995 1000 1005
 Ile His Glu Ile Glu Asn Asn Thr Asp Glu Leu Lys Phe Ser Asn
 1010 1015 1020
 Cys Val Glu Glu Glu Val Tyr Pro Asn Asn Thr Val Thr Cys Asn
 1025 1030 1035
 Asp Tyr Thr Ala Thr Gln Glu Glu Tyr Glu Gly Thr Tyr Thr Ser
 1040 1045 1050
 Arg Asn Arg Gly Tyr Asp Gly Ala Tyr Glu Ser Asn Ser Ser Val

 1055 1060 1065
 Pro Ala Asp Tyr Ala Ser Ala Tyr Glu Glu Lys Ala Tyr Thr Asp
 1070 1075 1080
 Gly Arg Arg Asp Asn Pro Cys Glu Ser Asn Arg Gly Tyr Gly Asp
 1085 1090 1095
 Tyr Thr Pro Leu Pro Ala Gly Tyr Val Thr Lys Glu Leu Glu Tyr
 1100 1105 1110
 Phe Pro Glu Thr Asp Lys Val Trp Ile Glu Ile Gly Glu Thr Glu

 1115 1120 1125
 Gly Thr Phe Ile Val Asp Ser Val Glu Leu Leu Leu Met Glu Glu
 1130 1135 1140

<210> 51

<211> 3513

<212> DNA

<213> Artificial

<220><223> Recombinant nucleotide sequence used for expression in a
 bacterial cell encoding TIC836.

<400> 51

atggagaata atattcaaaa tcaatgcgta ccttacaatt gtttaaataa tcctgaagta	60
gaaatattaa atgaagaaag aagtactggc agattaccgt tagatataatc cttatcgctt	120
acacgtttcc ttttgagtga atttgttcca ggtgtgggag ttgcgtttgg attatttgat	180
ttaatatggg gttttataac tccttctgat tggagcttat ttcttttaca gattgaacaa	240
ttgattgagc aaagaataga aacattggaa aggaaccggg caattactac attacgaggg	300
ttagcagata gctatgaaat ttatattgaa gcactaagag agtgggaagc aaatcctaata	360
aatgcacaat taaggaaga tgtgcgtatt cgatttgcta atacagacga cgctttaata	420
acagcaataa ataattttac acttacaagt ttgaaatcc ctcttttatc ggtctatgtt	480
caagcggcga atttacattt atcactatta agagacgctg tatcgtttgg gcagggttgg	540
ggactggata tagctactgt taataatcat tataatagat taataaatct tattcataga	600
tatacgaac attgtttgga cacatacaat caaggattag aaaacttaag aggtactaat	660
actcgacaat gggcaagatt caatcagttt aggagagatt taacacttac tgtattagat	720
atcgttgctc tttttccgaa ctacgatgtt agaacatata caattcaaac gtcacccaa	780
ttaacaaggg aaattttatac aagttcagta attgaggatt ctccagtttc tgctaataa	840
cctaattggtt ttaatagggc ggaatttga gttagaccgc cccatcttat ggactttatg	900
aattctttgt ttgtaactgc agagactgtt agaagtcaaa ctgtgtgggg aggacactta	960
gtagttcac gaaatacggc tggtaacctg ataaatttcc ctagttacgg ggtcttcaat	1020
cctgggtggc ccatttggat tgcagatgag gatccacgtc ctttttatcg gacattatca	1080
gatactgttt ttgtccgagg aggatttggg aatcctcatt atgtactggg gcttagggga	1140
gtagcatttc aacaactgg tacgaaccac acccgaacat ttagaatag tgggaccata	1200
gattctctag atgaaatccc acctcaggat aatagtgggg caccttggaa tgattatagt	1260
catgtattaa atcatgttac atttgtacga tggccagggtg agatttcagg aagtgttca	1320
tggagagctc caatgttttc ttggacgcac cgtagtgcaa cccctacaaa tacaattgat	1380
ccggagagga ttacacaaat acctttaaca aaatctacta atcttggctc tggaaacttct	1440
gtcgttaaag gaccaggatt tacaggagga gatattcttc gaagaacttc acctggccag	1500
atttcaacct taagagtaaa tattactgca ccattatcac aaagatatcg ggtagaatt	1560
cgctacgctt ctaccacaaa tttaacaatt catacatcaa ttgacggaag acctattaat	1620
cagggaatt tttcagcaac tatgagtagt gggagtaatt tacagtccgg aagctttagg	1680
actgtaggtt ttactactcc gttaacttt tcaaatggat caagtgtatt tacgttaagt	1740

gctcatgtct tcaattcagg caatgaagtt tatatagatc gaattgaatt tgttccggca 1800

gaagtaacct ttgaggcaga atatgattta gaaagagcgc agaaggcggg gaatgcgctg 1860

tttacgtcta caaaccaact agggctaaaa acaaatgtaa cggattatca tattgatcaa 1920

gtgtccaatt tagttacgta tttatcggat gaattttgtc tggatgaaaa gcgagaattg 1980

tccgagaaag tcaaacatgc gaagcgactc agtgaatgaac gcaatttact ccaagattca 2040

aatttcaaag acattaatag gcaaccagaa cgtgggtggg gcggaagtac agggattacc 2100

atccaaggag gggatgacgt atttaaagaa aattacgtca cactatcagg tacctttgat 2160

gagtgtatc caacatat ttgtatcaaaaa atcgaatgaat caaaattaaa agcctttacc 2220

cgttatcaat taagagggta tatcgaagat agtcaagact tagaaatcta tttaatcgc 2280

tacaatgcaa aacatgaac agtaaatgtg ccaggtagcg gttccttatg gccgctttca 2340

gccccaaagtc caatcggaag gtgtggagag ccgaatcgat gcgcgccaca ccttgaatgg 2400

aatcctgact tagattgttc gtgtagggat ggagaaaagt gtgccccatca ttcgcatcat 2460

ttctccttag acattgatgt aggatgtaca gacttaaatg aggacctagg tgtatgggtg 2520

atctttaaga ttaagacgca agatgggcac gcaagactag ggaatctaga gtttctcgaa 2580

gaaaaacat tagtaggaga agcgctagct cgtgtgaaaa gagcggagaa aaaatggaga 2640

gacaaacgtg aaaaattgga atgggaaaca aatatcgttt ataaagagc aaaagaatct 2700

gtagatgctt tatttgtaa ctctcaatat gatcaattac aagcggatag gaatattgcc 2760

atgattcatg cgcgagataa acgtgttcat agcattcgag aagcttatct gcctgagctg 2820

tctgtgattc cgggtgtcaa tgcggctatt ttgaagaat tagaaggcg tattttcact 2880

gcattctccc tatatgatgc gagaaatgtc attaaaaatg gtgattttaa taatggctta 2940

tcctgtctga acgtgaaagg gcatgtagat gtagaagaac aaaacaacca acgttcggtc 3000

cttgttgttc cggaatggga agcagaagtg tcacaagaag ttcgtgtctg tccgggtcgt 3060

ggctatatcc ttcgtgtcac agcgtacaag gagggatatg gagaaggttg cgtaaccatt 3120

catgagatcg agaacaatag agacgaactg aagtttagca actgcgtaga ggaggaaatc 3180

tatccaaata acacggtaac gtgtaatgat tatactgtaa atcaagaaga atacggaggt 3240

gcgtacattt ctcgtaatcg aggatataac gaagctcctt ccgtaccagc tgattatgcg 3300

tcagtctatg aagaaaaatc gtatacagat ggacgtagag agaatccttg tgaatttaac 3360

agagggtata gggattacac gccactacca gttggttatg tgacaaaaga attagaatac 3420

ttcccagaaa ccgataaggt atggattgag attggagaaa cggaaggaac atttatcgtg 3480

gacagcgtgg aattactcct tatggaggaa taa 3513

<210> 52

<211> 3513

<212> DNA

<213> Artificial

<220><223> Synthetic nucleotide sequence designed for expression in a plant cell encoding TIC836.

<400> 52

atggagaaca acatccagaa ccagtgcgtg ccctacaact gcctgaacaa cctgaggtt 60

gagatcctga acgaggagcg tagcaccggt aggctcccgc tagacatctc cctgagcctg 120

acccgcttcc tccttagtga gtctgtgccc ggctgtggcg tggccttcgg cctcttcgac 180

ctcatctggg gcttcatcac tccttcgac tggtcctct tctccttca gattgagcaa 240

ctgatcgagc agcgcatcga gacccttgag cgcaaccgcg ccatcaccac tctcagaggt 300

ctgcgcgact cctacgaaat ctacatcgag gcaactcgtg agtgggaggc caaccggaac 360

aatgcccagc tccgcgagga cgtgaggatc agattcgcca acaccgacga tgccctcatc 420

accgccatca acaatttcac cctcacctcc ttcgagatcc ctcttctgtc tgtgtacgtt 480

caagtgtcta accttcacct ttccctctg cgcgacgccc tgagcttcgg ccagggtcgg 540

ggcctcgaca tcgccaccgt gaacaatcac tacaaccgcc tcatcaacct catccaccgc 600

tacaccaagc actgccttga cacctacaac cagggccttg agaacctccg tggcaccaac 660

acccgccagt gggcccgtt caaccagtgc cgcagagacc tcaccctcac cgtgctcgac 720

atcgtggcac tcttcccaa ctacgacgtg cgtacctacc ctatccagac ctccagccag 780

ctcaccaggg aaatctacac ctccagcgtg atcgaggact ctctgtgtc cgccaacatc 840

cctaaccggt tcaaccgccc cgagttcggc gtgcgccctc ctacacctat ggacttcatg 900

aactcctct tctgctacgc cgagaccgtg cgtcccaga ccgtgtgggg cggtcacctc 960

gtgtccagcc gtaacaccgc tggcaacagg atcaacttcc cgtcctacgg cgtgttcaac 1020

ccaggcgggt ccatctggat cgccgatgaa gaccctcgtc ctttctaccg taccctgtcc 1080

gaccctgtgt tctgtcgtgg cggtttcggc aacctcact acgtgctggg cctgctggc 1140

gtggccttcc agcaaacggg caccaaccac accaggacgt tccgtaacct cggcaccatc 1200

gacagtcttg acgagatccc tccgaagac aactccgtg caccttgaa cgactactcc 1260

cacgtgtga accacgtgac ctctgtgagg tggcctggcg aaatctccgg ctccgactcc 1320

tggagggtc ctatgttcag ttggaccac aggagcgcta cgcctacaa caccatcgac 1380

cctgagcgta tcaatcagat ccctctgact aagagcacta acctgggcag cggcactagc 1440

gtggtcaagg gccctggctt cactggcggg gacatcctga ggcggactag ccctggccag	1500
atcagcactc tgagggtgaa catcactgct ccgctgagcc agcggttacag ggtcagaatc	1560
cgttacgctt ctactactaa ccttcagttc cacactagca tcgacggcgg tccgatcaac	1620
cagggcaact tccttgctac tatgagttct ggcagtaacc tccagtctgg tagtttccgg	1680
actgtcgggt tcaactacgc gttcaacttc tccaacggta gttctgtctt cactctgtct	1740
gtcacgtgt tcaactctgg caacgagggt tacatcgacc ggatcgagtt cgtccctgct	1800
gaggtgacgt tcgaggccga gtacgacctg gagcgggctc agaaggctgt caacgctctg	1860
ttcacttcta ctaaccagct tggtttgaag actaacgtga ccgactacca cattgatcaa	1920
gtcagtaacc tggtcacgta cctgtctgac gagttctgtc ttgacgagaa gcgggagctg	1980
tctgagaagg tcaagcacgc taagcggctg tctgacgagc ggaacctgct tcaagacagt	2040
aacttcaagg acattaacgc ccagcctgag cgtggttggg gagggtcac ggggtattacg	2100
attcaaggag gtgacgatgt ctttaaggag aactatgtga cgctttcggg tacgtttgat	2160
gagtgtatc caacgtacct ttaccagaag attgacgagt cgaagctgaa ggctttcact	2220
cgttaccagc ttcgtggtta cattgaggac tcgcaagacc tcgaaatcta cctcattcgt	2280
tacaacgcta agcacgagac tgtcaacgtc cctggtacgg gtatctttg gccgctttct	2340
gtcagtcgc cgattggcaa gtgtggcgag ccgaaccgtt gcgctctca ctggagtg	2400
aacccggatc tcgattgctc gtgccgtgac ggtgagaagt gcgcgcacca tagtcatcac	2460
tttagccttg acattgatgt cggttgcacg gatcttaacg aggatcttgg agtctgggtg	2520
atlttcaaga tcaaaactca ggatgggcac gcgcgtcttg ggaatcttga gttcctggag	2580
gagaagccac ttgtcggta ggcgcttgcg cgtgtcaagc gtgcggagaa gaaatggcgt	2640
gataagcgtg agaagttgga gtgggagacg aacatcgtgt acaaggaggc gaaggagtcg	2700
gtcgatgcgt tgtttgtcaa tagtcaatac gatcaattgc aagcgatc gaacatcgca	2760
atgattcatg cggcagataa gcgtgtccat tcgattcgtg aggcgtactt gccagagttg	2820
tcggtcatcc caggagttaa tgccgcaatc tttgaggaat tggagggcag aatcttcacg	2880
gcgttctcgt tgiacgatgc aagaaatgtt attaagaatg gagatttcaa caatgggttg	2940
tcatgctgga atgttaaggg tcacgttgat gttgaagaac agaacaacca gagatcagtg	3000
ttggttgta cagagtggga ggcagagggt tcacaagagg tgagagtttg cccaggcaga	3060
ggctacatct tgagagttac agcatacaaa gagggatcgc gcgagggatg tgttacaatc	3120
cacgaaatcg agaacaatac cgatgagcta aagttctcaa attgtgttga ggaggagatc	3180

tacccgaaca acacggttac ttgtaatgat tacacagtga accaggagga gtatggtggt 3240
gcatacacat caagaaatag aggctacaat gaagcaccat cagttccagc agattatgcc 3300
tcagtttatg aggagaagtc atacacagat ggacgacgtg agaatccatg tgagttcaat 3360
cgaggatacc gagattacac accactacca gttggatacg ttacaaagga actagaatac 3420
ttcccagaaa cagataaagt atggatagag atcggagaaa cagaaggaac attcatcgtt 3480
gattcagtag aactactact tatggaagaa tga 3513

<210> 53

<211> 1170

<212> PRT

<213> Artificial

<220><223> Amino acid sequence of the chimeric protein TIC836.

<400> 53

Met Glu Asn Asn Ile Gln Asn Gln Cys Val Pro Tyr Asn Cys Leu Asn

1 5 10 15

Asn Pro Glu Val Glu Ile Leu Asn Glu Glu Arg Ser Thr Gly Arg Leu

20 25 30

Pro Leu Asp Ile Ser Leu Ser Leu Thr Arg Phe Leu Leu Ser Glu Phe

35 40 45

Val Pro Gly Val Gly Val Ala Phe Gly Leu Phe Asp Leu Ile Trp Gly

50 55 60

Phe Ile Thr Pro Ser Asp Trp Ser Leu Phe Leu Leu Gln Ile Glu Gln

65 70 75 80

Leu Ile Glu Gln Arg Ile Glu Thr Leu Glu Arg Asn Arg Ala Ile Thr

85 90 95

Thr Leu Arg Gly Leu Ala Asp Ser Tyr Glu Ile Tyr Ile Glu Ala Leu

100 105 110

Arg Glu Trp Glu Ala Asn Pro Asn Asn Ala Gln Leu Arg Glu Asp Val

115 120 125

Arg Ile Arg Phe Ala Asn Thr Asp Asp Ala Leu Ile Thr Ala Ile Asn

130 135 140

Asn Phe Thr Leu Thr Ser Phe Glu Ile Pro Leu Leu Ser Val Tyr Val

145 150 155 160

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

405 410 415
 Asn Asp Tyr Ser His Val Leu Asn His Val Thr Phe Val Arg Trp Pro
 420 425 430
 Gly Glu Ile Ser Gly Ser Asp Ser Trp Arg Ala Pro Met Phe Ser Trp

 435 440 445
 Thr His Arg Ser Ala Thr Pro Thr Asn Thr Ile Asp Pro Glu Arg Ile
 450 455 460
 Thr Gln Ile Pro Leu Thr Lys Ser Thr Asn Leu Gly Ser Gly Thr Ser
 465 470 475 480
 Val Val Lys Gly Pro Gly Phe Thr Gly Gly Asp Ile Leu Arg Arg Thr
 485 490 495
 Ser Pro Gly Gln Ile Ser Thr Leu Arg Val Asn Ile Thr Ala Pro Leu

 500 505 510
 Ser Gln Arg Tyr Arg Val Arg Ile Arg Tyr Ala Ser Thr Thr Asn Leu
 515 520 525
 Gln Phe His Thr Ser Ile Asp Gly Arg Pro Ile Asn Gln Gly Asn Phe
 530 535 540
 Ser Ala Thr Met Ser Ser Gly Ser Asn Leu Gln Ser Gly Ser Phe Arg
 545 550 555 560
 Thr Val Gly Phe Thr Thr Pro Phe Asn Phe Ser Asn Gly Ser Ser Val

 565 570 575
 Phe Thr Leu Ser Ala His Val Phe Asn Ser Gly Asn Glu Val Tyr Ile
 580 585 590
 Asp Arg Ile Glu Phe Val Pro Ala Glu Val Thr Phe Glu Ala Glu Tyr
 595 600 605
 Asp Leu Glu Arg Ala Gln Lys Ala Val Asn Ala Leu Phe Thr Ser Thr
 610 615 620
 Asn Gln Leu Gly Leu Lys Thr Asn Val Thr Asp Tyr His Ile Asp Gln

 625 630 635 640
 Val Ser Asn Leu Val Thr Tyr Leu Ser Asp Glu Phe Cys Leu Asp Glu
 645 650 655

Lys Arg Glu Leu Ser Glu Lys Val Lys His Ala Lys Arg Leu Ser Asp
 660 665 670
 Glu Arg Asn Leu Leu Gln Asp Ser Asn Phe Lys Asp Ile Asn Arg Gln
 675 680 685
 Pro Glu Arg Gly Trp Gly Gly Ser Thr Gly Ile Thr Ile Gln Gly Gly
 690 695 700
 Asp Asp Val Phe Lys Glu Asn Tyr Val Thr Leu Ser Gly Thr Phe Asp
 705 710 715 720
 Glu Cys Tyr Pro Thr Tyr Leu Tyr Gln Lys Ile Asp Glu Ser Lys Leu
 725 730 735
 Lys Ala Phe Thr Arg Tyr Gln Leu Arg Gly Tyr Ile Glu Asp Ser Gln
 740 745 750
 Asp Leu Glu Ile Tyr Leu Ile Arg Tyr Asn Ala Lys His Glu Thr Val
 755 760 765
 Asn Val Pro Gly Thr Gly Ser Leu Trp Pro Leu Ser Ala Gln Ser Pro
 770 775 780
 Ile Gly Lys Cys Gly Glu Pro Asn Arg Cys Ala Pro His Leu Glu Trp
 785 790 795 800
 Asn Pro Asp Leu Asp Cys Ser Cys Arg Asp Gly Glu Lys Cys Ala His
 805 810 815
 His Ser His His Phe Ser Leu Asp Ile Asp Val Gly Cys Thr Asp Leu
 820 825 830
 Asn Glu Asp Leu Gly Val Trp Val Ile Phe Lys Ile Lys Thr Gln Asp
 835 840 845
 Gly His Ala Arg Leu Gly Asn Leu Glu Phe Leu Glu Glu Lys Pro Leu
 850 855 860
 Val Gly Glu Ala Leu Ala Arg Val Lys Arg Ala Glu Lys Lys Trp Arg
 865 870 875 880
 Asp Lys Arg Glu Lys Leu Glu Trp Glu Thr Asn Ile Val Tyr Lys Glu
 885 890 895
 Ala Lys Glu Ser Val Asp Ala Leu Phe Val Asn Ser Gln Tyr Asp Gln

900	905	910	
Leu Gln Ala Asp Thr Asn Ile Ala Met Ile His Ala Ala Asp Lys Arg			
915	920	925	
Val His Ser Ile Arg Glu Ala Tyr Leu Pro Glu Leu Ser Val Ile Pro			
930	935	940	
Gly Val Asn Ala Ala Ile Phe Glu Glu Leu Glu Gly Arg Ile Phe Thr			
945	950	955	960
Ala Phe Ser Leu Tyr Asp Ala Arg Asn Val Ile Lys Asn Gly Asp Phe			
965	970	975	
Asn Asn Gly Leu Ser Cys Trp Asn Val Lys Gly His Val Asp Val Glu			
980	985	990	
Glu Gln Asn Asn Gln Arg Ser Val Leu Val Val Pro Glu Trp Glu Ala			
995	1000	1005	
Glu Val Ser Gln Glu Val Arg Val Cys Pro Gly Arg Gly Tyr Ile			
1010	1015	1020	
Leu Arg Val Thr Ala Tyr Lys Glu Gly Tyr Gly Glu Gly Cys Val			
1025	1030	1035	
Thr Ile His Glu Ile Glu Asn Asn Thr Asp Glu Leu Lys Phe Ser			
1040	1045	1050	
Asn Cys Val Glu Glu Glu Ile Tyr Pro Asn Asn Thr Val Thr Cys			
1055	1060	1065	
Asn Asp Tyr Thr Val Asn Gln Glu Glu Tyr Gly Gly Ala Tyr Thr			
1070	1075	1080	
Ser Arg Asn Arg Gly Tyr Asn Glu Ala Pro Ser Val Pro Ala Asp			
1085	1090	1095	
Tyr Ala Ser Val Tyr Glu Glu Lys Ser Tyr Thr Asp Gly Arg Arg			
1100	1105	1110	
Glu Asn Pro Cys Glu Phe Asn Arg Gly Tyr Arg Asp Tyr Thr Pro			
1115	1120	1125	
Leu Pro Val Gly Tyr Val Thr Lys Glu Leu Glu Tyr Phe Pro Glu			
1130	1135	1140	

Thr	Asp	Lys	Val	Trp	Ile	Glu	Ile	Gly	Glu	Thr	Glu	Gly	Thr	Phe
1145						1150						1155		
Ile	Val	Asp	Ser	Val	Glu	Leu	Leu	Leu	Met	Glu	Glu			
1160						1165						1170		