

(19) Organização Mundial da Propriedade  
Intelectual  
Secretaria Internacional



(10) Número de Publicação Internacional  
**WO 2011/009182 A2**

(43) Data de Publicação Internacional  
27 de Janeiro de 2011 (27.01.2011)

PCT

- (51) Classificação Internacional de Patentes :  
C12N 15/82 (2006.01)
- (21) Número do Pedido Internacional :  
PCT/BR2010/000242
- (22) Data do Depósito Internacional :  
26 de Julho de 2010 (26.07.2010)
- (25) Língua de Depósito Internacional :  
Português
- (26) Língua de Publicação :  
Português
- (30) Dados Relativos à Prioridade :  
012090001018  
24 de Julho de 2009 (24.07.2009) BR
- (71) Requerente (para todos os Estados designados, exceto US) : EMBRAPA - EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA [BR/BR]; Embrapa Ed. Sede - PQEB - Final W/3 Norte - Plano Piloto, 70770-901 - Brasília - DF (BR).
- (72) Inventores; e
- (75) Inventores/Requerentes (para US unicamente) :  
GROSSI DE SA, Maria Fátima [BR/BR]; Parque Estação Biológica - PQEB, Av. W75 Norte (Final), 70770-917 - Brasília - DF. (BR). RAMOS DE

- OLIVEIRA, Gustavo [BR/BR]; Parque Estação Biológica - PQEB, Av. W75 Norte (Final), 70770-917 - Brasília - DF. (BR). MATTAR DA SILVA, Maria Cristina [BR/BR]; Parque Estação Biológica - PQEB, Av. W75 Norte (Final), 70770-917 - Brasília - DF. (BR). LIMA ROCHA, Thales [BR/BR]; Parque Estação Biológica - PQEB, Av. W75 Norte (Final), 70770-917 - Brasília - DF. (BR). TORQUATO, QUEZADO DE MAGALHÃES, Mariana [BR/BR]; Parque Estação Biológica - PQEB, Av. W75 Norte (Final), 70770-917 - Brasília - DF. (BR).
- (74) Mandatário : DANNEMANN, SIEMSEN, BIGLER & IPANEMA MOREIRA; Caixa Postal 2142, Rua Marquês De Ollinda, 70, 22251-040 - Rio de Janeiro - RJ (BR).
- (81) Estados Designados (sem indicação contrária, para todos os tipos de proteção nacional existentes) : AE, AG, AL, AM, AO, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BH, BR, BW, BY, BZ, CA, CH, CL, CN, CO, CR, CU, CZ, DE, DK, DM, DO, DZ, EC, EE, EG, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, GT, HN, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KM, KN, KP, KR, KZ, LA, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LY, MA, MD, ME, MG, MK, MN, MW, MX, MY, MZ, NA, NG, NI, NO, NZ, OM, PE, PG, PH, PL, PT, RO, RS, RU,

(Continua na página seguinte)

(54) Title : ISOLATED NUCLEIC ACID MOLECULE, GENETIC CONSTRUCT, VECTOR, TRANSGENIC CELL, METHOD FOR PRODUCING A TRANSGENIC CELL AND PLANT, ISOLATED AND PURIFIED POLYPEPTIDE, BIODEGRADABLE PESTICIDE COMPOSITION, PEST CONTROL METHOD, METHOD FOR PRODUCING TRANSGENIC STRAINS RESISTANT TO INSECT PESTS

(54) Título : MOLÉCULA DE ÁCIDO NUCLÉICO ISOLADA, CONSTRUÇÃO GÊNICA, VETOR, CÉLULA TRANSGÊNICA, MÉTODO PARA OBTENÇÃO DE UMA CÉLULA E DE UMA PLANTA TRANSGÊNICA, POLIPEPTÍDEO ISOLADO E PURIFICADO, COMPOSIÇÃO PESTICIDA BIODEGRADÁVEL, MÉTODO PARA O CONTROLE DE UMA PRAGA, MÉTODO DE OBTENÇÃO DE LINHAGENS TRANSGÊNICAS RESISTENTES A UM INSETO PRAGA

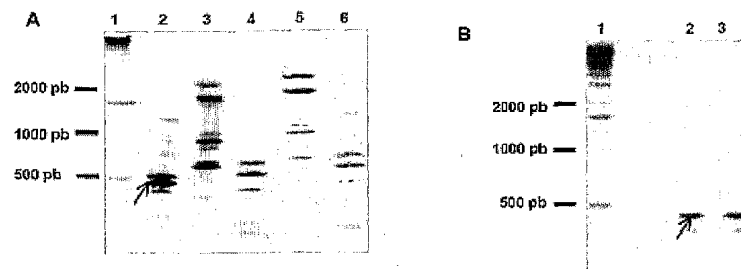


Fig. 1

(57) Abstract : The present invention pertains to an insecticide compound derived from a strain of *Bacillus thuringiensis* and relates to the field of plant pest control, particularly to the control of the boll weevil - *Anthonomus grandis*. More specifically, the subject matter of the invention relates to a new gene for a new delta-endotoxin designated Cry8Ha and to the cloning and expression of the gene that encodes for the protein Cry8Ha in *Escherichia coli*. The nucleotide and protein sequence that encodes the new delta-endotoxin, recombinant vectors and host cells are disclosed. Also disclosed are processes and means for the recombinant production and use of the new delta-endotoxin for controlling the boll weevil. Additionally, the invention also provides an optimized synthetic gene for expression in cotton plants. Using the gene described herein, it is possible to transform plants using techniques known by specialists in the field for the expression of the endotoxin active against the boll weevil.

(57) Resumo :

(Continua na página seguinte)



WO 2011/009182 A2



SC, SD, SE, SG, SK, SL, SM, ST, SV, SY, TH, TJ, TM, TN, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VC, VN, ZA, ZM, ZW.

SE, SI, SK, SM, TR), OAPI (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GQ, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

**(84) Estados Designados** (*sem indicação contrária, para todos os tipos de proteção regional existentes*): ARIPO (BW, GH, GM, KE, LR, LS, MW, MZ, NA, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZM, ZW), Eurasiático (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), Europeu (AL, AT, BE, BG, CH, CY, CZ, DE, DK, EE, ES, FI, FR, GB, GR, HR, HU, IE, IS, IT, LT, LU, LV, MC, MK, MT, NL, NO, PL, PT, RO,

**Publicado:**

- *sem relatório de pesquisa internacional; será republicado após receção do mesmo (Regra 48.2(g))*
- *com listagem de sequências, parte da descrição (Regra 5.2(a))*

---

A presente invenção pertence a um novo composto inseticida derivado de uma linhagem de *Bacillus Thuringiensis* e refere-se ao campo de controle de pragas de plantas, particularmente ao controle do bicudo-do-algodoeiro - *Anthonomus grandis*. Mais especificamente, o objeto da invenção refere-se a um novo gene para uma nova delta-endotoxina designada Cry8Ha e a clonagem e expressão em *Escherichia coli* do gene que codifica para a proteína Cry8Ha. São fornecidas a seqüência nucleotídica e protéica codificadora da nova delta-endotoxina, vetores recombinantes e células hospedeiras. São ainda fornecidos processos e meios para a produção recombinante e o uso da nova delta-endotoxina para aplicação no controle do bicudo-do-algodoeiro. Adicionalmente, a invenção também fornece um gene sintético otimizado para expressão em plantas de algodão. Usando o gene aqui descrito, é possível a transformação de plantas, a partir das técnicas conhecidas pelos especialistas na área, para a expressão da endotoxina ativa contra o bicudo-do-algodoeiro.

Relatório Descritivo da Patente de Invenção para "**MOLÉCULA DE ÁCIDO NUCLÉICO ISOLADA, CONSTRUÇÃO GÊNICA, VETOR, CÉLULA TRANSGÊNICA, MÉTODO PARA OBTENÇÃO DE UMA CÉLULA E DE UMA PLANTA TRANSGÊNICA, POLIPEPTÍDEO ISOLADO E PURIFICADO, COMPOSIÇÃO PESTICIDA BIODEGRADÁVEL, MÉTODO PARA O CONTROLE DE UMA PRAGA, MÉTODO DE OBTENÇÃO DE LINHAGENS TRANSGÊNICAS RESISTENTES A UM INSETO PRAGA**".

### CAMPO DA INVENÇÃO

O seguinte relatório descritivo da patente de invenção refere-se ao campo de controle de insetos-praga que atacam lavouras agrícolas, utilizando métodos e composições que compreendem  $\delta$ -endotoxinas derivadas do microrganismo *Bacillus thuringiensis*.

### FUNDAMENTOS DA INVENÇÃO

O algodoeiro é, dentre todas as plantas domésticas e cultiváveis, uma das mais atacadas por doenças e insetos-praga, além de apresentar alta sensibilidade à ocorrência imposta por plantas daninhas (Beltrão, E. M., Souza, J. G. O agronegócio do algodão no Brasil. Embrapa: Brasília, v.01, 1999). Dentre os principais insetos-praga, destaca-se o bicudo-do-  
algodoeiro, *Anthonomus grandis* (Boheman, C. H. Description of new species. In Schoenherr, Genera et species *Curculionidum cum synonymia hujus* Familiae, vol. 7, pt. 2. Paris: Roret. 461p., 1843), considerado uma das pragas mais sérias da cultura do algodão, encontrando-se dispersa no México, Cuba, Haiti, Venezuela, Colômbia, Paraguai e Brasil. Este inseto utiliza os botões florais e frutos do seu hospedeiro como fonte de alimento e local de desenvolvimento, causando prejuízos diretos à comercialização da fibra de algodão. Os níveis de infestação crescem rapidamente e os prejuízos podem atingir até 100% da produção, caso as medidas de controle não sejam adequadas. Este inseto representa um grande potencial de dano, sendo considerado praga-chave no planejamento e controle de insetos nocivos à cultura, principalmente devido à dificuldade de controle pelos inseticidas químicos.

O algodoeiro e suas pragas coexistem por um longo período e-

volutivo. Planta e inseto formam um sistema morfológico e bioquímico interdependente e competitivo, resultando na maioria das vezes, na utilização de parte da planta pelo inseto. Essa parte utilizada representa o dano causado pelo inseto à planta, e depende do tamanho da população da praga, e da habilidade da planta em resistir ao ataque e de se recuperar do dano sofrido (Beltrão, E. M., Souza, J. G. O agronegócio do algodão no Brasil. Embrapa: Brasília, v.01, 1999).

A interação planta versus inseto pode ser visualizada de pelo menos duas maneiras: do ponto de vista do inseto, com a planta variando de adequada a completamente inadequada como hospedeira e, por outro lado, do ponto de vista da planta onde, quanto menor o número de espécies e abundância de insetos associados a ela, e quanto menor o efeito que esses insetos exercem sobre elas, maior a sua resistência sobre esses insetos (Santos, W. J. Identificação, biologia, amostragem e controle das pragas do algodoeiro. In: Embrapa Agropecuária Oeste; Embrapa Algodão. Algodão: tecnologia de produção., p. 296p. 2002).

Entre um extremo e outro de resistência das plantas aos insetos-praga, existe um completo e extensivo arsenal de mecanismos de ataque e contra-ataque a ação dos insetos, que vão desde um simples impedimento morfológico a complexos componentes fitoquímicos, que interferem diretamente no processo metabólico envolvido na utilização da planta como hospedeira do inseto. Em termos práticos, a resistência do algodoeiro aos insetos-praga representa a habilidade de certas cultivares produzirem algodão de melhor qualidade em maior quantidade que outros cultivares, sob ataque da mesma população de insetos-praga (Freire, E. C. Cultivares e produção de semente na melhoria da qualidade do algodão no nordeste e centro-oeste do Brasil. Boletim informativo Embrapa/ CNPA. 1997).

Na maioria dos países onde o algodão é cultivado, a vulnerabilidade às pragas representa o principal problema desta cultura. Sem alternativas de controle mais eficazes, os produtores, de forma rotineira, continuam acreditando que os inseticidas químicos sejam a única forma de proteção das lavouras. Embora eficientes, são onerosos, potencialmente danosos ao

homem, ao meio ambiente e, em longo prazo, ocasionam o desencadeamento de processos de resistência, ressurgimento de pragas e redução na incidência de inimigos naturais (Panizzi, A. R. Efeito de inseticidas na população das principais pragas da soja. An. Soc. Entomol. Brasil, v.6, p.264-275. 1977). Diante disso, a presente invenção tem como objetivo aumentar a resistência de plantas, gerando plantas transgênicas, as quais sejam capazes de expressar genes de alta atividade entomotóxica, solucionando, conseqüentemente, o problema do uso abusivo de inseticidas químicos.

A introdução estável de genes exógenos em plantas de algodão, com a finalidade de induzir resistência a insetos-praga, é uma excelente alternativa para a diminuição de grande parte dos problemas associados aos métodos químicos. Esta tecnologia reúne várias vantagens, principalmente pelo fato de não poluir o ambiente. Dados gerais demonstram que plantas transformadas de algodão não apresentaram efeitos negativos sobre o ambiente, sendo as características herdáveis e expressas normalmente na planta (Adamczyk, J. J., L. C. Adams L. C., Hardee, D. D. Field efficacy and seasonal expression profiles for terminal leaves of single and double *Bacillus thuringiensis* toxin cotton genotypes. Journal of Economic Entomology, v.94, n.6, DEC, p.1589-1593. 2001).

A disponibilidade de microrganismos e compostos orgânicos na natureza para utilização biológica é muito grande, e os mesmos fornecem ampla variedade de matéria-prima para o desenvolvimento de novos produtos, com maior patogenicidade contra o inseto e amplo espectro de ação. Dentre estes microrganismos, uma grande descoberta foi a bactéria de solo *Bacillus thuringiensis*, a qual é amplamente utilizada como agente de controle biológico e como fonte de moléculas potenciais para programas biotecnológicos, destinados à obtenção de plantas transgênicas resistentes à insetos-praga. Com esta estratégia é possível reduzir em níveis toleráveis as populações de pragas agrícolas de interesse econômico (Perlak, F. J., R. W. Deaton, T. A. Armstrong, R. L. Fuchs, S. R. Sims, J. T. Greenplate e D. A. Fischhoff. Insect resistant cotton plants. Biotechnology (N Y), v.8, n.10, p.939-943. 1990).

Embora já tenham sido identificadas e descritas algumas  $\delta$ -endotoxinas com atividade sobre o bicudo-do-algodoeiro, o hábito endofítico desta praga dificulta ou até mesmo inviabiliza o emprego destas toxinas por meios convencionais, as quais são comercializadas como bioinseticidas, como por exemplo, formulações protéicas contendo as toxinas Cry. Estes

5 apresentam instabilidade no meio ambiente, baixo rendimento na purificação a partir de fontes naturais, além da fácil perda de atividade destas toxinas pelas intempéries do ambiente como chuva e sol. Diante deste problema, a estratégia de maior eficiência é a utilização dos genes codificadores de toxinas Cry na geração de plantas geneticamente modificadas.

10

O uso de genes codificantes para este tipo de proteínas entomotóxicas e a expressão das mesmas em sistemas heterólogos (bactérias ou plantas transgênicas) contorna as dificuldades geradas pelo uso dos bioinseticidas. Esta estratégia vem se destacando nos últimos anos na área da transgenia, devido à especificidade destas toxinas em relação aos insetos-praga, eficiência, expressão direcionada e sua inocuidade sobre animais e humanos. Desta forma, plantas geneticamente modificadas com resistência específica ao inseto-praga podem ser geradas em sistemas de alta eficiência.

15

Existem alguns genes e transgenes Bt com atividade para coleópteros, como, por exemplo, as plantas expressando um gene *cry8* da empresa DU PONT DE MENOURS com toxicidade para *Leptinotarsa decemlineata* (US20030177528), o milho transgênico com um gene *cry8-like* da PIONEER & DU PONT com toxicidade para *Diabrotica virgifera*, *Diabrotica undecimpunctata howardi*, *Leptinotarsa decemlineata* e *Anthonomus grandis* (US20060021096, como mencionado também nos pedidos de patente US7105332 e US2005166284), Feng, S *et al.*, 2005 também descrevem um gene *cry8* modificado, *cry8Ca*, com atividade específica para insetos coleópteros (CN1609220-A) e, mais recentemente, a PIONEER & DU PONT descrevem um gene sintético *cry8* com toxicidade para *Diabrotica virgifera virgifera* em plantas monocotiledôneas como exemplo em plantas de milho (como mencionado no pedido de patente US20060288448).

20

25

30

Atualmente, plantas expressando genes Bt do tipo *cry8* são, em sua totalidade, monocotiledôneas (p.ex.: milho). Sendo assim, até a presente data, nenhuma invenção descreveu um gene desta natureza, com potencial aplicação em plantas dicotiledôneas, como é o caso da planta de alg

5 dão.

Técnicas modernas de biologia molecular, como a construção de bibliotecas combinatórias, são utilizadas para desenvolver e identificar genes análogos mutantes com objetivos específicos.

A construção de bibliotecas de genes análogos variantes, utilizando técnicas de evolução molecular *in vitro*, têm sido empregada nas últimas três décadas. Esse fato se deve ao surgimento de ferramentas biotecnológicas, as quais servem como plataforma de engenharia genética no desenvolvimento de novas moléculas com atividade melhorada, visando principalmente a agricultura e a indústria farmacêutica (Ling Yuan, L. Kurek, I., English, J. and Keenan, R. Laboratory-directed protein evolution. Microbiology and Molecular Biology Review. Vol. 69, No. 3, p. 373 – 392, 2005). Existem diversas técnicas, as quais podem ser aplicadas para gerar mutações em uma seqüência gênica, na presente invenção destaca-se a técnica de embaralhamento de DNA (Rosic, N. N., Huang, W., Johnston, W. A., James J. Devoss, J. J., Gillam, E. M. J. Extending the diversity of cytochrome P450 enzymes by DNA family shuffling. Gene, Vol. 35762, No of Pages 9, 2007; Ling Yuan, L. Kurek, I., English, J. and Keenan, R. Laboratory-directed protein evolution. Microbiology and Molecular Biology Reviews, Vol. 69, No. 3, p. 373 – 392, 2005; Abécassis, V., Pompon, D. and Truan, G. High efficiency family shuffling based on multi-step PCR and in vivo DNA recombination in yeast: statistical analysis of a combinatorial library between human cytochrome P450 1A1 and 1A2. Nucleic Acids Research, Vol. 28, No. 20: E 88, 2000; Zhao, H. and Arnold, F.H. Functional and nonfunctional mutations distinguished by random recombination of homologous genes. Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A., Vol. 94, p. 7997 – 8000, 1997; Stemmer, W. P. C. Rapid evolution of a protein in vitro By DNA shuffling. Nature. London, Vol. 370, p. 389 – 391, 1994).

10  
15  
20  
25  
30

A técnica de embaralhamento de DNA consiste em uma evolução molecular dirigida, a qual gera mudanças pontuais na estrutura primária das moléculas de DNA por meio de mutações randômicas (Ling Yuan, L. Kurek, I., English, J. and Keenan, R. Laboratory-directed protein evolution. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, Vol. 69, No. 3, p. 373 – 392, 2005; Stemmer, W. P. C. Rapid evolution of a protein in vitro By DNA shuffling. *Nature*. London, Vol. 370, p. 389 – 391, 1994, US5605793, US5811238, US5830721). O gene de interesse é primeiramente fragmentado de forma aleatória em pequenas seqüências de 30-50 pares de base, sendo este produto recombinado em uma reação de PCR (Reação da Polimerase em Cadeia), a qual é conduzida sem adição de oligonucleotídeos. Em uma segunda reação consecutiva, são adicionados os produtos da primeira reação e oligonucleotídeos específicos. Permite-se, desta forma, a amplificação de uma população de genes análogos mutantes/ variantes (Stemmer, W. P. C. Rapid evolution of a protein in vitro by Embaralhamento de DNA. *Nature*. London, Vol. 370, p. 389 – 391, 1994; Zhao, H. and Arnold, F.H. Functional and nonfunctional mutations distinguished by random recombination of homologous genes. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.*, Vol. 94, p. 7997 – 8000, 1997).

A eficiência da técnica para produzir moléculas análogas de maior atividade biológica pôde ser comprovada em diversos trabalhos como, por exemplo, em Jager *et al* (Jager, S. A. W., Jekel, P. A. and Janssen, D. B. Hybrid penicillin acylases with improved properties for synthesis of  $\beta$ -lactam antibiotics. *Enzyme And Microbial Technology*, Vol. 40, p. 1335 – 1344, 2007), onde a atividade enzimática da penicilina aciclase aumentou em 90%. A técnica pode utilizar um único ou mais genes homólogos e seu sucesso dependente de um delicado arranjo entre o tamanho da biblioteca, a diversidade biológica originada e de uma metodologia de seleção das variantes com a característica desejada (Ling Yuan, L. Kurek, I., English, J. and Keenan, R. Laboratory-directed protein evolution. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, Vol. 69, No. 3, p. 373 – 392, 2005).

A associação das técnicas de embaralhamento de DNA (criação



de bibliotecas combinatórias) e apresentação de proteínas na superfície de bacteriófagos - *Phage Display*, tornam a seleção e a expressão de novas moléculas muito mais eficientes (Stoop, A. A., Jespers, L., Lasters, I., Eldering, E. And Pannekoek, H. High-density mutagenesis by combined DNA shuffling and Phage display to assign essential amino acid residues in protein-protein interactions: application to study structure-function of plasminogen activation inhibitor 1 (PAI-I). *J. Mol. Biol.*, Vol. 301, p. 1135 – 1147, 2000).

### **SUMÁRIO DA INVENÇÃO**

A presente invenção fornece moléculas que codificam novas  $\delta$ -endotoxinas naturais, análogos mutantes e análogos sintéticos para o controle de insetos-praga, particularmente o bicudo-do-algodoeiro (*Anthonomus grandis*), o qual apresenta susceptibilidade às novas toxinas.

São também aspectos da invenção, construções gênicas contendo as moléculas de ácido nucleico codificantes para as  $\delta$ -endotoxinas, vetores de transformação e expressão, células e organismos transgênicos, métodos para a expressão heteróloga das novas  $\delta$ -endotoxinas em organismos transgênicos, bem como o uso das mesmas no controle de pragas. A invenção compreende, também, um método para obtenção de uma planta transgênica caracterizado por compreender as seguintes etapas: a) transformar uma célula de planta com uma construção gênica de acordo com a reivindicação 4; b) cultivar a célula transformada, contendo a construção gênica de interesse estavelmente inserida em seu genoma, sob condições ideais de crescimento em cultura celular; e c) regenerar uma planta transgênica expressando o produto da construção inserida, a partir da célula transformada e de obtenção de plantas transgênicas.

A invenção também fornece genes análogos sintéticos, os quais são otimizados para transformação e expressão dos mesmos em plantas, particularmente em plantas de algodão.

Outra concretização da invenção refere-se aos peptídeos sintéticos de  $\delta$ -endotoxinas usados para o tratamento de plantas infectadas, no controle de insetos-praga e a utilização destes na elaboração de composições pesticidas biodegradáveis.

### BREVE DESCRIÇÃO DAS FIGURAS

**Figura 1: Amplificação do gene *cry8*.** Reação de amplificação por PCR, utilizando-se oligonucleotídeos específicos descritos por Bravo *et al* (1998). Gel de agarose 1,0% corado com brometo de etídio **(A)** Primeira rodada com os oligonucleotídeos descritos por Bravo *et al* (1998). **Linha 1.** Marcador de peso molecular 1 Kb ladder plus. **Linha 2.** Bandas amplificadas de aproximadamente 400 pb com o oligonucleotídeos *cry8b*, 2a. rodada. A seta indica o produto provável desejado. **Linha 3.** Oligonucleotídeos *cry8a*, 2a. rodada. **Linha 4.** Oligonucleotídeos *cry8geral*. **Linha 5.** Oligonucleotídeos *cry8a*, 1a. Rodada. **Linha 6.** Oligonucleotídeos *cry8geral*, 1a. Rodada. **(B)** Segunda rodada com o oligonucleotídeo *cry8b* **Linha 1.** Marcador de peso molecular 1 Kb ladder plus. **Linha 2 e 3.** Amplificação utilizando 1 µL da reação 1 (Figura A) e amostra da linha 2 com a banda de aproximadamente 450 pb.

**Figura 2: TAIL-PCR. Representação esquemática da técnica de TAIL-PCR (Liu *et al.*,1995).** 1. Primeira amplificação com os oligonucleotídeos específico 1 e arbitrário. 2. Resultado da primeira amplificação gerando produtos inespecíficos (a, b) e o produto específico (c). 3. Segunda amplificação com o mesmo oligonucleotídeo arbitrário e oligonucleotídeo específico mais interno gerando o segundo produto específico (d). 4. Terceira amplificação com o mesmo oligonucleotídeo arbitrário e o oligonucleotídeo específico 3 gerando o produto final (e). 5. Produto final específico.

**Figura 3: Clonagem do gene *cry8* da estirpe S811 por TAIL-PCR.** Géis de agarose 1,0% corados com brometo de etídio e marcador de peso molecular 1 Kb ladder plus. **(A)** Primeiro TAIL-PCR utilizando-se os oligonucleotídeos arbitrários AD1, AD2, AD3, AD4, mostrando as sucessivas rodadas de amplificações com cada oligonucleotídeos específico. **(B)** Primeiro TAIL-PCR utilizando-se os oligonucleotídeos arbitrários AD5, AD10, AD11, W4, mostrando as sucessivas rodadas de amplificações com cada oligonucleotídeos específico. **(C)** Segundo TAIL-PCR utilizando-se os oligonucleotídeos arbitrários AD3, AD4, AD2 e AD1, mostrando as sucessivas rodadas de amplificações com cada oligonucleotídeo específico. As setas

indicam os produtos potencialmente positivos que foram subsequentemente clonados e seqüenciados.

**Figura 4: Dendrograma do alinhamento da nova toxina Cry8Ka1, obtido após as duas rodadas de TAIL-PCR.** Análise com as demais toxinas Cry8 depositadas no banco de dados até o momento, mostrando a alta identidade entre elas e que o gene clonado codifica uma proteína distinta das demais. A escala indica que no espaço representado existe a troca de 0,1 aa. O dendrograma foi feito utilizando o programa MEGA4 (Tamura K, Dudley J, Nei M & Kumar S (2007) MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. *Molecular Biology and Evolution* 24:1596-1599).

**Figura 5: Mapa do vetor comercial pET101/D-TOPO para expressão heteróloga em *Escherichia coli*.** Representação esquemática do vetor, incluindo o promotor pT7. **Promotor T7:** Induzido por IPTG permite a expressão em larga escala em algumas linhagens de *Escherichia coli*; **Operon *lac* (*lacO*):** Sítio de ligação do repressor *lac*, importante para a redução da expressão basal das proteínas recombinantes (sua função pode ser regulada pela presença ou ausência de glicose no meio de cultura); **RBS:** Sítio de ligação do ribossomo, localizado acima da região 5' do gene a ser clonado na posição ideal para início do processo de tradução; **Sítio de clonagem TOPO:** Região que compreende a localização exata de onde o inserto será clonado; **Epitopo V5 (Gly- Lys-Pro-Ile-Pro-Asn-Pro-Leu-Leu- Gly-Leu-Asp-Ser-Thr):** Utilizado para a detecção de proteínas recombinantes por western blot utilizando anticorpos anti-V5; **6His C-terminal:** Importante para a purificação de proteínas, utilizando para tal, resinas as quais possuem metal acoplado; **Terminador T7:** Seqüência do bacteriófago T7 que permite a finalização da transcrição dos genes; **Promotor *bla*:** Promotor do gene de resistência a ampicilina; **Gene de resistência a ampicilina ( $\beta$ -lactamase):** Seleciona os plasmídeos resistentes em *E.coli*; **Origem de replicação pBR322 (*ori*):** Elemento de replicação e manutenção do plasmídeo em *E.coli*.

**Figura 6: Esquema do sistema de ligação do produto de**

**PCR no vetor de pET101/D-TOPO. (A)** A extremidade coesiva do vetor onde o produto de PCR será clonado é demonstrada juntamente com a presença da enzima topoisomerase. **(B)** O produto de PCR é diretamente clonado pela adição dos 4 pares de bases do oligonucleotídeo de orientação direta. A extremidade coesiva do vetor de clonagem (GTGG) invade a extremidade 5' do produto de PCR, anelando-se com as quatro bases adicionadas (CACC) e estabilizando o produto de PCR na orientação correta. A topoisomerase então cliva o pedaço sobressalente do produto de PCR para que a ligação seja efetiva.

**Figura 7: Análise por SDS-PAGE 12% da proteína recombinante Cry8Ka1 purificada por cromatografia de afinidade (Ni-NTA).** Linha 1. Marcador de peso molecular. Linha 2. Extrato total da *E. coli* expressando a proteína recombinante Cry8Ka1. Linha 3. Fração não retida na resina Ni-NTA. Linhas 4, 5 e 6. Proteína Cry8Ka1 eluída da resina Ni-NTA em diferentes concentrações para confirmação do grau de pureza da mesma. 5 µg (linhas 2, 3 e 4), 10 µg (linha 5) e 15 µg (linha 6) de amostra foram adicionadas a tampão de amostra, submetidas a SDS-PAGE 12%, a 25 mA e coradas com nitrato de prata.

**Figura 8: Bioensaios contra *A. grandis* e *S. frugiperda* com as toxinas Cry8Ka1 e Cry8Ka1 recombinantes. (A) Bioensaio contra *S. frugiperda* utilizando Cry8Ka1.** Dieta de superfície demonstrando mortalidade de 50% na concentração de 5 µg/mL. **(B) Bioensaio contra *A. grandis* utilizando Cry8Ka1.** Dieta incorporada demonstrando mortalidade de 50% na concentração de 230 µg/mL. **(C) Bioensaio contra *A. grandis* utilizando Cry8Ka1.** Dieta incorporada demonstrando mortalidade de 50% na concentração de 160µg/mL. Como controle foi utilizada a água de diálise na qual as proteínas foram submetidas. Todos os experimentos foram realizados em triplicatas com 30 insetos de *A. grandis* e 90 de *S. frugiperda*.

**Figura 9. Esquema da Técnica de embaralhamento de DNA utilizando um único gene como substrato.** Esquema da amplificação do gene *cry8Ka1* com oligonucleotídeos específicos para inserção do sítio de restrição à enzima *SfiI*. Fragmentações, amplificações e reconstrução dos

genes análogos mutantes.

**Figura 10. Interação entre BBMV's de *A. grandis* e fagos de fusão.** Para a leitura da absorbância foi utilizado o comprimento de onda de 405nm. R-1 a R-6 - Ciclos de seleção e o número de lavagens por ciclo. A maior absorbância, ou seja, maior número de fagos de fusão com especificidade a BBMV's do inseto *A. grandis*, ocorreu a partir do 5° ciclo da seleção.

**Figura 11. PCR de colônia de variantes BI utilizando oligonucleotídeos iniciadores específicos.** Foto de gel de agarose 1% exibindo DNA amplificado no tamanho esperado de aproximadamente 2000pb. Neste gel cinco colônias, além do controle positivo, apresentaram o tamanho esperado (4, 6, 10, 17 e 18). 1 - Marcador 1 Kb plus® (INVITROGEN). 2 a 18 - Variantes do gene *cry8Ka1*. 19 - Controle negativo (PCR sem DNA). 20 - Controle positivo, gene *cry8Ka1* com oligonucleotídeos iniciadores específicos.

**Figura 12. Bioensaio com larvas neonatas de *A. grandis* para a determinação da atividade inseticida das proteínas Cry8Ka1 e Cry8Ka5 (mutante).** Controle - Controle negativo, dieta sem a adição das proteínas em estudo. A - Mortalidade de larvas alimentadas com Cry8Ka1; B - Mortalidade de larvas alimentadas com Cry8Ka5. Foi observado na concentração de 6 µg/mL de dieta um aumento de duas vezes na atividade inseticida da nova molécula.

**Figura 13. Representação da estrutura modelada da toxina nativa Cry8Ka1 utilizando programa Modeller e visualizada pelo PyMOL** (Delano, W. L. The PyMOL Molecular Graphics System (2002) on World Wide Web <http://www.pymol.org>). No análogo Cry8Ka5 o esqueleto da estrutura permanece o mesmo sendo apenas as cadeias laterais dos resíduos de aminoácidos substituídas. Na Figura estão indicados os resíduos de aminoácidos de Cry8Ka1 que foram substituídos na sequência do análogo Cry8Ka5. Em **A**, representação da molécula com os três domínios I, II e III. Em **B**, Destaque para o domínio I, formado por sete α-hélices. A arginina 132 substituída por glutamina esta localizada na hélice 3. Em **C**, destaque

para as três folhas  $\beta$  anti-paralelas do domínio II, com indicação dos resíduos de Cry 8 nativa substituídos na molécula do análogo: tirosina 311 substituída em Cry8Ka5 por cisteína e prolina 372 pela alanina. Em D, o  $\beta$  sanduíche do Domínio III, e indicação dos três resíduos substituídos na molécula do análogo (arginina 559 por glicina, lisina 589 por ácido glutâmico e ácido glutâmico 645 pela asparagina.

**Figura 14. Gráfico da atividade entomotóxica dos genes *cry8* análogos ao gene nativo *cry8Ka1*.** O bioensaio foi conduzido com os fagos de fusão. Legenda: C- - Controle negativo utilizando fagos HELPER. Cry8Ka1 - Proteína original expressa no sistema de fago. Cry8Ka2, Cry8Ka3, Cry8Ka4 e Cry8Ka5 - Variantes da toxina Cry8 expressas no sistema de fago.

**Figura 15. Alinhamento da seqüência de nucleotídeos de Cry8Ka1 com as seqüências de Cry8AB00.1, 50C (b) e Cry8Bb1.** A primeira linha representa a seqüência de Cry8Ka1; a segunda linha, Cry8AB00.1, seqüência 3 da patente US 73297361; a terceira linha, Cry8AB00.1, seqüência 5 da patente US 7339092; a quarta linha, a seqüência de 50C (b) da patente US 5554534; a quinta linha, Cry8Bb1, seqüência 15 da patente WO2005083095; a sexta linha, Cry8Bb1, seqüência 17 da patente WO2005083095. Os números acima dos alinhamentos referem-se à posição de cada nucleotídeo na seqüência. As seqüências foram alinhadas utilizando o programa CLUSTALW2. (<http://www.ebi.ac.uk/Tools/clustalw2/>) (Larkin, MA; Blackshields, G; Brown, NP; Chenna, R; McGettigan, PA; McWilliam, H; Valentin, F; Wallace, IM; Wilm, A; Lopez, R; Thompson, JD; Gibson, TJ; Higgins, DG. ClustalW and ClustalX version 2. *Bioinformatics*. 2007;23:2947–2948. doi: 10.1093/bioinformatics/btm404). O alinhamento completo das seqüências pode ser observado no Pedido de Patente correspondente brasileiro protocolado sob o número 012090001018.

**Figura 16. Alinhamento da seqüência de nucleotídeos de Cry8Ka1 com Cry8Bb1.** A primeira linha representa a seqüência de Cry8Ka1; da segunda linha à 32ª linha, Cry8Bb1, seqüências 1, 3, 5, 7, 11, 13, 17, 18, 21, 25, 29, 33, 39, 41, 43, 45, 47, 49, 51, 59, 61, 67, 69, 71, 73,

75, 77, 79, 81, 83, 91 e 93 da patente WO2005063996. Os números acima dos alinhamentos referem-se à posição de cada nucleotídeo na seqüência. As seqüências foram alinhadas utilizando o programa CLUSTALW2. (<http://www.ebi.ac.uk/Tools/clustalw2/>) (Larkin, MA; Blackshields, G; Brown, NP; Chenna, R; McGettigan, PA; McWilliam, H; Valentin, F; Wallace, IM; Wilm, A; Lopez, R; Thompson, JD; Gibson, TJ; Higgins, DG. ClustalW and ClustalX version 2. *Bioinformatics*. 2007;23:2947–2948. doi: 10.1093/bioinformatics/btm404). O alinhamento completo das seqüências pode ser observado no Pedido de Patente correspondente brasileiro protocolado sob o número 012090001018.

**Figura 17. Alinhamento da seqüência de nucleotídeos de Cry8Ka1 com Cry8Bb1.** A primeira linha representa a seqüência de Cry8Ka1; da segunda linha à 31ª linha, Cry8Bb1, seqüências 1, 3, 7, 11, 13, 17, 18, 21, 25, 29, 33, 39, 41, 43, 45, 47, 49, 51, 59, 61, 67, 69, 71, 73, 75, 77, 79, 81, 83, 91 e 93 da patente US 7105332. Os números acima dos alinhamentos referem-se à posição de cada nucleotídeo na seqüência. As seqüências foram alinhadas utilizando o programa CLUSTALW2. (<http://www.ebi.ac.uk/Tools/clustalw2/>) (Larkin, MA; Blackshields, G; Brown, NP; Chenna, R; McGettigan, PA; McWilliam, H; Valentin, F; Wallace, IM; Wilm, A; Lopez, R; Thompson, JD; Gibson, TJ; Higgins, DG. ClustalW and ClustalX version 2. *Bioinformatics*. 2007;23:2947–2948. doi: 10.1093/bioinformatics/btm404). O alinhamento completo das seqüências pode ser observado no Pedido de Patente correspondente brasileiro protocolado sob o número 012090001018.

**Figura 18. Alinhamento da seqüência de nucleotídeos de Cry8Ka1 com Cry8Bb1.** A primeira linha representa a seqüência de Cry8Ka1; da segunda linha à 31ª linha, Cry8Bb1, seqüências 1, 3, 7, 11, 13, 17, 18, 21, 25, 29, 33, 39, 41, 43, 45, 47, 49, 51, 59, 61, 67, 69, 71, 73, 75, 77, 79, 81, 83, 91 e 93 da patente US 7378499. Os números acima dos alinhamentos referem-se à posição de cada nucleotídeo na seqüência. As seqüências foram alinhadas utilizando o programa CLUSTALW2. (<http://www.ebi.ac.uk/Tools/clustalw2/>) (Larkin, MA; Blackshields, G; Brown,

NP; Chenna, R; McGettigan, PA; McWilliam, H; Valentin, F; Wallace, IM; Wilm, A; Lopez, R; Thompson, JD; Gibson, TJ; Higgins, DG. ClustalW and ClustalX version 2. *Bioinformatics*. 2007;23:2947–2948. doi: 10.1093/bioinformatics/btm404). O alinhamento completo das seqüências pode ser observado no Pedido de Patente correspondente brasileiro protocolado sob o número 012090001018.

**Figura 19. Alinhamento das seqüências de aminoácidos da nova  $\delta$ -endotoxina Cry8Ka1 com seqüências de Cry8.** As seqüências foram alinhadas utilizando o programa CLUSTALW2 (<http://www.ebi.ac.uk/Tools/clustalw2/>) (Larkin, MA; Blackshields, G; Brown, NP; Chenna, R; McGettigan, PA; McWilliam, H; Valentin, F; Wallace, IM; Wilm, A; Lopez, R; Thompson, JD; Gibson, TJ; Higgins, DG. *ClustalW and ClustalX version 2. Bioinformatics*. 2007;23:2947–2948. doi: 10.1093/bioinformatics/btm404). Os resíduos contendo \* são aminoácidos conservados; :, substituições conservativas; ., substituições semiconservativas. O alinhamento completo das seqüências pode ser observado no Pedido de Patente correspondente brasileiro protocolado sob o número 012090001018.

### DESCRIÇÃO DETALHADA DA INVENÇÃO

Na presente invenção, foi identificado e clonado um novo gene pertencente à família *cry8*, com alta toxicidade a insetos coleópteros, especificamente ao bicudo-do-algodoeiro. Os códons desta seqüência foram otimizados para sua expressão em plantas, especificamente, para plantas de algodão. Além disso, foi construída uma biblioteca combinatória, através da técnica de embaralhamento de DNA, com o intuito de desenvolver genes análogos mutantes, os quais também codificam para a proteína da família Cry8. Os genes análogos mutantes gerados, assim como o gene original, possuem potencial efeito no controle do bicudo-do-algodoeiro.

Para alcançar o objetivo desejado, ou seja, genes de  $\delta$ -endotoxinas com atividade sobre o bicudo do algodoeiro, realizou-se inicialmente, uma varredura no banco de germoplasma de *B. thuringiensis* da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, com o intuito de identificar



estirpes com atividade sobre o bicudo-do-algodoeiro. As estirpes efetivas tiveram seu material genético extraído e submetido a técnicas de biologia molecular para identificação, caracterização e posterior clonagem dos genes *cry*. A partir desta varredura, foi identificada uma estirpe, denominada S811, altamente efetiva contra o bicudo-do-algodoeiro.

Para a clonagem dos genes *cry* da estirpe S811 (Banco de Germoplasma, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia) foi feita uma amplificação inicial por PCR com oligonucleotídeos específicos para diversas famílias de  $\delta$ -endotoxinas. A amplificação com oligonucleotídeos específicos para a família Cry8 resultou em um fragmento de cerca de 500 pb correspondente à extremidade 5' de um gene novo da família *cry8*. Para obter a seqüência completa do gene foi utilizada a técnica de TAIL-PCR (Reação da Polimerase em Cadeia por Entrelaçamento Termal Assimétrico), com oligonucleotídeos específicos derivados das seqüências previamente amplificadas e oito oligonucleotídeos iniciadores arbitrários. O TAIL-PCR consiste numa aplicação da técnica de PCR que permite o isolamento de segmentos de DNA adjacentes a seqüências conhecidas (Liu & Whittier, Efficient isolation and mapping of *Arabidopsis thaliana* T-DNA insert junctions by thermal asymmetric interlaced PCR. Plant J. 8: 457-463. 1995).

Resumidamente, são feitas seqüencialmente três reações de PCR utilizando três oligonucleotídeos seqüenciais específicos de um lado e um oligonucleotídeo de seqüência arbitrária do outro lado. É feito um ciclo inicial a baixa estringência de modo a permitir o anelamento do oligonucleotídeo arbitrário com o segmento alvo de seqüência desconhecida, seguido de alguns ciclos a alta estringência de modo a favorecer o anelamento do oligonucleotídeo específico e a amplificação linear da seqüência alvo. Alternando-se ciclos de alta e de baixa estringência, são formadas moléculas dupla fita e a amplificação da seqüência alvo torna-se logarítmica. Num segundo e terceiro ciclo de ampliações produtos não específicos deixam de ser amplificados e são eliminados.

Fragmentos amplificados no TAIL-PCR e, potencialmente positivos, foram clonados e seqüenciados em ambas as direções em um seqüên-

ciador automático. No total, foram realizadas duas reações seqüenciais de TAIL-PCR e amplificados 2688 pb (SEQ ID N° 1) equivalentes a 896 amino-ácidos (SEQ ID N° 2) de um novo gene de *B. thuringiensis* pertencente à família de  $\delta$ -endotoxinas Cry8. A seqüência protéica predita do novo gene, denominado *cry8Ka1* (nomenclatura seguindo regras oficiais [http://www.lifesci.sussex.ac.uk/home/Neil\\_Crickmore/Bt/](http://www.lifesci.sussex.ac.uk/home/Neil_Crickmore/Bt/)), apresenta os três domínios estruturais característicos da extremidade N-terminal ativada das  $\delta$ -endotoxinas e 240 aminoácidos da extensão C-terminal. Esta seqüência original serviu como molde para a geração de análogos com atividade entomotóxica melhorada.

Para obtenção de genes *cry* análogos, com alta entomotoxicidade para o bicudo-do-algodoeiro, foi utilizado o gene *cry8Ka1* isolado da cepa S811 de *B. thuringiensis*. Este gene foi utilizado como substrato no processo de originar genes variantes pela técnica de embaralhamento de DNA. Os variantes foram selecionadas quanto a capacidade de se ligarem a receptores presentes na membrana do intestino médio do bicudo-do-algodoeiro (BBMVs), pela técnica de apresentação de proteínas na superfície de bacteriófagos - *Phage display* (Barbas III, C. F.; Burton, D. R.; Scott, J. K.; Silverman, G. J. Selection from antibody libraries. In: *Phage display – A laboratory manual –USA: Cold Spring Laboratory, p. 10.1-10.20, 2001*).

Para a seleção dos variantes do gene *cry8* da presente invenção utilizamos a técnica de apresentação de proteínas na superfície de bacteriófagos - *Phage Display* (Zhang, Q., Bai, G., Cheng, J., Yu, Y., Tian, W. and Yang, W. Use of an enhanced green fluorescence protein linked to a single chain fragment variable antibody to localize *Bursaphelenchus xylophilus* cellulose. *Biosci. Biotechnol. Biochem*, Vol. 71, No 6, p. 1514 – 1520, 2007; Andris-Widhopf, J., Rader, C., Steinberger, P., Fuller, R., Barbas III, C. F. Methods for the generation of chicken monoclonal antibody fragments by *Phage display*. *Journal of Immunological Methods*, Vol. 242, p. 159 – 181, 2000; Stoop, A. A., Jespers, L., Lasters, I., Eldering, E. and Pannekoek, H. High-density mutagenesis by combined DNA shuffling and Phage display to assign essential amino acid residues in protein-protein interactions: applica-

tion to study structure-function of plasminogen activation inhibitor 1 (PAI-I). J. Mol. Biol., Vol. 301, p. 1135 – 1147, 2000; Barbas III, C. F., Bain, J. D., Hoekstra, D. M., And Lerner, R. A. Semisynthetic combinatorial antibody libraries: A chemical solution to the diversity problem. Proc. Nati. Acad. Sci. USA, Vol. 89, p. 4457 – 4461, 1992).

Ao final, a toxina nativa Cry8Ka1, seus análogos mutantes e sintéticos tiveram seus efeitos entomotóxicos avaliados *in vitro*, por meio de bioensaios seletivos. Para isso, os genes análogos selecionados foram clonados em vetores de expressão heteróloga (*Escherichia coli*) e as toxinas recombinantes geradas utilizadas em bioensaios contra os insetos-praga do algodoeiro (SEQ ID N° 5 a 12).

A invenção descreve novas entomotoxinas e métodos, os quais possibilitam a geração de tecnologias capazes de controlar insetos-praga de grande interesse econômico. Mais especificamente, os ácidos nucleicos (genes) da presente invenção, incluindo fragmentos e variantes dos mesmos, compreendem seqüências nucleotídicas, as quais codificam proteínas (polipeptídeos) entomotóxicas. As proteínas entomotóxicas descritas são biologicamente ativas contra alguns insetos-praga pertencentes à ordem Coleóptera, como por exemplo: o bicudo-do-algodoeiro, *Anthonomus grandis*; o verme da raiz do milho ocidental, *Diabrotica virgifera virgifera*; a vaquinha, *Diabrotica longicornis barberi*; o besouro do pepino, *Diabrotica undecimpunctata howardi*. Pragas adicionais incluem: larvas de besouros elatérios como *Melanotus*, *Eleodes*, *Conoderus*, e *Aeolus* spp; besouro japonês, *Popillia japonica*; larva branca, *Phyllophaga crinita*; pulguinha do milho e do arroz, *Chaetocnema pulicaria*; besouro do caule de girassol, *Cylindrocapturus adpersus*; besouro de semente de girassol cinza, *Smicronyx sordidus*; besouro de girassol, *Zygogramma exclamationis*; besouro de alfafa, *Hypera nigrirostris*; besouro 'sem asa' de crucíferas, *Phyllotreta cruciferae*; besouro da batata Colorado, *Leptinotarsa decemlineata*; besouro 'sem asa' listrado, *Phyllotreta striolata*; besouro 'sem asa' listrado da raiz de mostarda, *Phyllotreta nemorum* e o besouro de Brassica, *Meligethes aeneus*.

Além das seqüências nucleotídicas, a presente invenção tam-

bém descreve um vetor de expressão compreendendo as seqüências gênicas codificadoras de proteínas com alta atividade entomotóxica.

As seqüências nucleotídicas da invenção possuem uso direto nos métodos de controle dos insetos-praga, particularmente da ordem Coleoptera. A presente invenção provê novas técnicas, as quais não dependem  
5 do uso dos pesticidas químicos sintéticos tradicionais. A invenção diz respeito a pesticidas biodegradáveis ocorrendo naturalmente e genes codificando os mesmos.

Em algumas concretizações a invenção provê um gene codificador para  $\delta$ -endotoxinas da família Cry8, obtido de fontes naturais, denominado *cry8Ka1* (seguindo nomenclatura oficial destes genes; [www.http://epunix.biols.susx.ac.uk/Home/Neil\\_Crickmore/Bt.html](http://epunix.biols.susx.ac.uk/Home/Neil_Crickmore/Bt.html)). Foram criados por mutação *in vitro*, genes análogos mutantes e genes sintéticos ao gene nativo, também codificadores de  $\delta$ -endotoxinas. Em outras concretizações, a invenção provê microrganismos e plantas geneticamente modificados capazes de expressar (produzir) as novas  $\delta$ -endotoxinas, bem como métodos envolvendo o uso dos ácidos nucléicos em composições e/ou produtos pesticidas para atuar contra os insetos-praga em questão. A invenção também está relacionada às possíveis seqüências codificadoras ou aos  
10 fragmentos variantes codificadores de  $\delta$ -endotoxinas.  
15  
20

Na descrição que segue, vários termos são utilizados extensivamente. As seguintes definições são providas para facilitar o entendimento da invenção.

Como descrito aqui, o termo "análogo" descreve seqüências nucleotídicas ou protéicas diferentes das seqüências originais especificamente  
25 identificadas, onde um ou mais nucleotídeos ou resíduos de aminoácidos foram deletados, substituídos e/ou adicionados. Estas seqüências podem ser caracterizadas pela porcentagem de identidade de suas seqüências, por algoritmos comuns empregados no estado da técnica, com as seqüências nucleotídicas (SEQ ID Nº 1-2) ou protéicas (SEQ ID Nº 3-4) descritas aqui. A  
30 identidade percentual é determinada pelo alinhamento de duas seqüências a serem comparadas, determinando o número de resíduos idênticos na por-

ção alinhada, dividindo este número pelo número total de resíduos na sequência pesquisada e multiplicando o resultado por 100. Esse alinhamento pode ser feito através de ferramentas de domínio público, como BLASTN e BLASTP, disponíveis na página do Centro Nacional para Informação Biotecnológica/NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>). O alinhamento de sequência e o cálculo de porcentagem de identidade da presente invenção foram realizados conforme descrito com as seqüências depositadas no Banco de Genes. As Figuras 15-19 mostram o alinhamento da seqüência da presente invenção (Cry8Ka1) com as seqüências descritas no estado da técnica.

10 Como usado aqui, os termos “ácido nucléico” e “seqüências nucleotídicas” fazem referência a um polímero desoxiribonucleotídeo de cadeia dupla (DNA), englobando análogos conhecidos que possuem a essência natural dos nucleotídeos naturais e hibridizam especificamente com ácidos nucleicos de cadeia simples de maneira similar aos nucleotídeos ocorrendo naturalmente.

15 O termo “oligonucleotídeo” é referido aqui como ‘primers’ e ‘sondas’ da presente invenção, e é definido como uma molécula de ácido nucleico compreendendo de dez a trinta desoxiribonucleotídeos, preferencialmente mais do que oito. O tamanho exato dos oligonucleotídeos é dependente dos fatores experimentais particulares de cada etapa do processo.

20 Conforme usado na presente invenção, os termos “codificador”, “codificando” ou “codificado” significam que uma seqüência nucleotídica possui uma informação, a qual será traduzida biologicamente da seqüência de nucleotídeo em uma seqüência proteica específica. A informação codificada de uma proteína é especificada pelos códons expressos na seqüência nucleotídica. Estes códons são explorados por cada organismo vivo de maneira diferenciada, podendo partes de seqüências nucleotídicas distintas serem traduzidas biologicamente em peptídeos idênticos.

30 Como usado aqui, o termo “antisense”, usado no contexto da orientação de uma seqüência de nucleotídeo, refere-se a uma seqüência complementar de uma seqüência codificante de polinucleotídeo, que é

operacionalmente ligada no sentido 3'-5' portanto, a partir da extremidade 5' de um gene. A cadeia antisense é complementar a cadeia de orientação sense gerando um mRNA final capaz de hibridizar com o mRNA produzido a partir da transcrição da sequência original.

5 O termo "gene" corresponde a uma seqüência nucleotídica específica localizada em uma região em particular do cromossomo, sendo responsável por codificar um produto final específico. O gene também carrega em sua estrutura primária toda a informação necessária para os processos de transcrição e tradução biológica, como por exemplo, regiões  
10 promotoras e reguladoras da transcrição. No caso da presente invenção, gene compreende uma seqüência nucleotídica codificadora correspondente as toxinas Cry provenientes de *Bacillus thuringiensis*.

O termo "vetor" diz respeito a um replicon, como plasmídeo, fago ou vírus, no qual outras seqüências genéticas ou elementos (sejam  
15 eles de DNA ou RNA) podem ser ligados. Desta forma, os genes podem ser replicados juntamente com o vetor. Preferencialmente um dos vetores de interesse da presente invenção diz respeito ao fagomídeo. O termo "fagomídeo" diz respeito a um vetor que contém seqüência para replicação em fago e em bactéria, este vetor tem características que atendem as  
20 especificações da célula hospedeira bem como agentes selecionadores e promotores. Um exemplo é o fagomídeo pComb3X (Andris-Widhopf, J.; Rader, C.; Steinberger, P.; Fuller, R., Barbas III, C. F. Methods for the generation of chicken monoclonal antibody fragments by *Phage display*. *Journal of Immunological Methods*, 242: 159-181, 2000), que tem como  
25 característica fusionar a sequência de interesse ao gene da proteína III, do bacteriófago filamentoso M13, localizada no capsídeo viral. O termo "vetor recombinante" é resultante da combinação de um vetor comercial com genes da presente invenção operacionalmente ligado a um polinucleotídeo endógeno e/ou heterólogo de interesse que por sua vez está operacionalmente  
30 ligado a um sinal de terminação. Tais vetores podem ser obtidos comercialmente, incluindo aqueles fornecidos por Clontech Laboratories, Inc (Palo Alto, Calif.), Stratagene (La Jolla, Calif), Invitrogen (Carlsbad, Calif.), New En-

gland Biolabs (Beverly, Mass.) e Promega (Madison, Wis.). Alguns exemplos de vetores utilizados na presente invenção, mas não limitados, são os vetores pGEM-T easy (Promega Corporation), pET101/ D-TOPO (Invitrogen), pComb3X (Andris-Widhopf, J.; Rader, C.; Steinberger, P.; Fuller, R., Barbas III, C. F. Methods for the generation of chicken monoclonal antibody fragments by *Phage display*. *Journal of Immunological Methods*, 242: 159-181, 2000). A obtenção de vetores recombinantes compreendendo promotores ligados a ácidos nucleicos é conhecida no estado da técnica e pode ser encontrada em Sambrook *et al.* (Sambrook, J., Russell, D. W., Molecular Cloning, A Laboratory Manual, 2nd ed., Cold Spring Harbor Laboratory Press. 1989).

Um “vetor de expressão” é um vetor especializado que contém um gene com regiões regulatórias necessárias para a expressão em uma célula hospedeira. Tais vetores podem ser obtidos comercialmente, incluindo aqueles fornecidos por Clontech Laboratories, Inc (Palo Alto, Calif.), Stratagene (La Jolla, Calif), Invitrogen (Carlsbad, Calif.), New England Biolabs (Beverly, Mass.) e Promega (Madison, Wis.). O termo “operacionalmente ligado” significa que as seqüências regulatórias necessárias para expressão da seqüência codificante estão colocadas na molécula de DNA em posições apropriadas de maneira que quando juntadas à seqüência codificante, esta mantenha a fase de leitura adequada para efeito de sua expressão. Essa mesma definição é, às vezes, aplicada para o arranjo de seqüências codificantes e elementos controladores da transcrição (por exemplo, promotores, acentuadores ou “enhancers” e elementos de terminação) no vetor de expressão. Uma região codificante exógena é tipicamente flanqueada por regiões regulatórias operacionalmente ligadas que regulam a expressão da região codificante exógena em uma célula transformada (podendo ser microrganismo, vegetal ou animal). Uma região regulatória típica operacionalmente ligada a uma região codificante exógena inclui um promotor, isto é, um fragmento de ácido nucléico que pode causar transcrição de regiões codificantes exógenas, posicionado na região 5’ da região codificante exógena.

A presente invenção não está limitada para o uso de qualquer promotor, estes podem ser induzíveis, constitutivos e tecido-específicos. Preferencialmente, o promotor da presente invenção é do grupo dos promotores dos genes da fibra de algodão, podendo ser, mas não estando limitado a E6, H6S, Rac13, LTP, ACP, Expansina, CAP, Anexina, FbL2A e actina 2.

O promotor pode conter elementos "enhancers". Um "enhancer" é uma seqüência de DNA que pode estimular a atividade do promotor. Ela pode ser um elemento inato do promotor ou um elemento heterólogo inserido para aumentar o nível e/ou a tecido-especificidade de um promotor. "Promotores constitutivos" referem-se àqueles que dirigem a expressão gênica em todos os tecidos e durante todo tempo. Promotores "tecido-específicos" ou "desenvolvimento-específicos" são aqueles que dirigem a expressão gênica quase que exclusivamente em tecidos específicos, tais como folhas, raízes, caules, flores, frutos ou sementes, ou em estágios específicos do desenvolvimento em um tecido, como no início ou final da embriogênese.

Conforme descrito anteriormente, a expressão "vetores de expressão" pode compreender um promotor induzível operacionalmente ligado a uma seqüência de ácido nucléico codificando a proteína pesticida da presente invenção. Promotores "induzíveis" podem dirigir a expressão de um polinucleotídeo com o qual eles estejam operacionalmente ligados, em um tecido ou estágio específico do desenvolvimento ou respondendo a condições ambientais. Em um dos aspectos da invenção, vetores de expressão compreendem um promotor induzível firmemente regulado operacionalmente ligado à uma molécula de ácido nucleico codificando uma proteína pesticida. Tal vetor de expressão pode adicionalmente compreender um gene marcador de seleção (por exemplo, um gene codificando uma proteína que confere resistência a antibiótico) operacionalmente ligado a um promotor constitutivo ou a um promotor induzível firmemente regulado. Dependendo da aplicação, ele pode beneficiar a expressão da seqüência de ácido nucleico codificando uma



proteína pesticida através de um promotor induzível de inseto-praga. Em um aspecto da presente invenção pode ser vantajoso utilizar promotores que são expressos localmente ou próximo do sítio de infecção da praga.

Em um dos aspectos da invenção, o promotor é um promotor expresso em plantas. Como usado aqui, o termo “promotor expresso em plantas” significa uma seqüência de DNA que é capaz de iniciar e/ou controlar a transcrição em uma célula de planta. Isso inclui qualquer promotor de origem vegetal; qualquer promotor de origem não vegetal que seja capaz de direcionar a síntese do gene presente no T-DNA de *Agrobacterium*; promotores tecido-específicos ou órgão-específicos, incluindo mas não limitados a promotores semente-específicos (WO8903887), promotores específicos de órgãos primordiais (como mencionado no pedido de patente US20030175783, An, Y. Q., Huang, S., McDowell, J. M., McKinney, E. C., Meagher, R. B., Conserved expression of the *Arabidopsis* ACT1 and ACT3 actin subclass in organ primordia and mature pollen. *The Plant Cell* 8, 15-30, 1996), promotores específicos de caule (como mencionado no pedido de patente US20030175783, Keller, B., Sauer, N., Lamb, C. J., Glycine-rich cell wall proteins in bean: Gene structure and association of the protein with the vascular system. *EMBO J.* 7: 3625-3633, 1988), promotores específicos de folhas (como mencionado no pedido de patente US20030175783, Hudspeth, R. L., Grula, J. W., Structure and expression of the maize gene encoding the phosphoenolpyruvate carboxylase involved in C<sub>4</sub> photosynthesis. *Plant Mol Biol* 12:579-589, 1989), promotores específicos de mesófilo, promotores específicos de raiz (como mencionado no pedido de patente US20030175783, Keller, B., Lamb, C. J., Specific expression of a novel cell wall hydroxyproline-rich glycoprotein gene in lateral root initiation. *Genes Devel.* 3:1639-1646, 1989), promotores específicos de tubérculos (como mencionado no pedido de patente US20030175783, Keil, M., Sánchez-Serrano, J. J., Willmitzer, L., Both wound-inducible and tuber-specific expression are mediated by the promoter of a single member of the potato proteinase inhibitor II gene family. *EMBO J.* 8: 1323:1330, 1989), promotores específicos de tecidos vasculares (como mencionado no pedido de patente

US20030175783, Peleman J., Saito, K., Cottyn, B., Engler, G., Seurinck, J., Van Montagu, M., Inze, D., Structure and expression analyses of the S-adenosylmethionine synthetase gene family in *Arabidopsis thaliana*. Gene 84: 359-369, 1989), promotores específicos de estames (WO8910396, 5 WO9213956), promotores específicos da zona de deiscência (WO9713865); e semelhantes.

Uma "seqüência líder" ou "seqüência sinal" na presente invenção significa uma seqüência de ácido nucleico que, quando operacionalmente ligada a uma molécula de ácido nucleico, permite a 10 secreção do produto da molécula de ácido nucleico. A seqüência líder está preferencialmente localizada na região 5' da molécula de ácido nucleico. Preferencialmente, a seqüência líder é obtida do mesmo gene que o promotor utilizado para dirigir a transcrição da molécula de ácido nucleico, ou é obtida do gene onde a molécula de ácido nucleico é derivada. 15 Preferencialmente a presente invenção utiliza a seqüência sinal proveniente de uma cultivar de algodão brasileira.

O sinal de terminação da transcrição e a região de poliadenilação da presente invenção inclui, mas não está limitado a, sinal de terminação de SV40, sinal de adenilação de HSV TK, sinal de terminação do 20 gene da nopalina sintetase de *Agrobacterium tumefaciens* (NOS), sinal de terminação do gene da octopina sintetase, sinal de terminação do gene 19S e 35S do CaMV, sinal de terminação do gene da álcool desidrogenase de milho, sinal de terminação do gene da manopina sintetase, sinal de terminação do gene da beta-faseolina, sinal de terminação do gene da 25 ssRUBISCO, sinal de terminação do gene da sucrose sintetase, sinal de terminação do vírus que ataca o *Trifolium subterranean* (SCSV), sinal de terminação do gene *trpC* de *Aspergillus nidulans*, e outros semelhantes.

Os termos "polipeptídeo", "peptídeo" e "proteína" são usados de forma interrelacionada para referir a um polímero de resíduos de 30 aminoácidos. Os termos aplicam-se para polímeros de aminoácidos onde um ou mais resíduo de aminoácido é um análogo químico artificial de um aminoácido correspondente ocorrendo naturalmente, bem como para

polímeros de aminoácidos ocorrendo naturalmente.

Polipeptídeos da invenção podem ser produzidos ou através de um ácido nucleico descrito aqui, ou pelo uso de técnicas padrões de biologia molecular. Por exemplo, uma proteína truncada da invenção pode ser  
5 produzida pela expressão de um ácido nucleico recombinante da invenção em uma célula hospedeira apropriada, ou alternativamente pela combinação de procedimentos, tais como digestão utilizando protease e purificação.

O termo “substancialmente pura” refere-se a preparações compreendendo pelo menos 50-60% de peso do componente de interesse  
10 (por exemplo, ácido nucleico, oligonucleotídeo, polipeptídeo, proteína, etc). Mais preferencialmente, a preparação compreende pelo menos 75% de peso, e mais preferencialmente 90-99% de peso do componente de interesse. A pureza é medida por meio de métodos apropriados para o componente de interesse (por exemplo, espectometria de massa e  
15 similares).

O termo “proteína isolada” ou “proteína isolada e purificada” é, às vezes, utilizado na presente invenção. Este termo refere-se a uma proteína produzida pela expressão de uma molécula de ácido nucleico isolada da presente invenção. Alternativamente, este termo pode referir-se a  
20 uma proteína que foi suficientemente separada de outras proteínas as quais ela poderia estar naturalmente associada, tal como ela existe na sua forma “substancialmente pura”. O termo “isolado” não exclui misturas sintéticas ou artificiais com outros compostos ou materiais, ou a presença de impurezas que não interferem com a atividade fundamental da proteína, e que pode  
25 estar presente, por exemplo, em uma purificação incompleta, adição de estabilizadores, ou combinados dentro, por exemplo, em uma composição agriculturalmente aceitável.

O termo “veículo agriculturalmente aceitável” refere-se a soluções nas quais uma proteína pesticida ou uma seqüência de ácido  
30 nucleico codificadora de uma proteína pesticida possa ser mantida sem a alteração das propriedades funcionais da molécula da proteína aqui descrita para uso agrícola. Os veículos utilizados na presente invenção podem ser

líquidos ou sólidos. Veículos líquidos que podem ser utilizados para formar composições utilizando proteína recombinante da presente invenção podem ser, mas não estão limitados a água ou solventes orgânicos, tais como polióis, ésteres, cloreto de metileno, álcool, ou óleo vegetal. Outros componentes que podem ser incluídos na formulação incluem umectantes, preservativos, espessantes, agentes antimicrobianos, antioxidantes, emulsificadores, polímeros formadores de filme e misturas destes. Umectantes podem incluir polióis, açúcares (tais como melaço), glicóis e sais higroscópicos. Membranas vítreas, polímeros formadores de filmes incluem goma rosina, látex, pirlidona polivinil, álcool polivinil, cloreto polivinil, polietileno, acetato de polivinil, e misturas destes. Aditivos opcionais adicionais incluem metil, metalcriato, e misturas destes.

Os termos “análogo peptídico” ou “análogo mutante” significam um análogo natural ou mutante de uma proteína, compreendendo uma série de fragmentos lineares ou descontínuos daquela proteína e no qual pode ter um ou mais aminoácidos recolocado(s) com outro(s) aminoácido(s) e que pode ter sua atividade biológica alterada, auxiliada, aumentada ou diminuída quando comparada com a proteína parental nativa ou não-mutada.

O termo “atividade biológica” diz respeito a uma função ou um grupo de funções executado por uma molécula em um contexto biológico (isto é, em um organismo ou substituto *in vitro* ou algum outro modelo similar). Para as proteínas entomotóxicas, a atividade biológica é caracterizada pelas propriedades físico-químicas como por exemplo, estruturação em domínios altamente hidrofóbicos, capazes de formar oligômeros, e afinidade por membrana biológicas, causando a destruição das mesmas. Esta afinidade por membranas pode ser ocasionada pela presença de receptores específicos bem como pela simples interação química entre ambas.

Como usado aqui, o termo “impactando insetos-praga” refere-se ao efeito de mudar nos insetos a alimentação, crescimento, e/ou comportamento em qualquer estágio do desenvolvimento, incluindo, mas não limitado a: matar o inseto; retardar o crescimento; impedir capacidade

reprodutiva; atividade anti-alimentação; e outros semelhantes.

Os termos “atividade pesticida” e “atividade inseticida” são utilizados sinonimamente para referir-se a atividade de um organismo ou uma substância (p.ex: uma proteína) que pode ser medida por, mas não estando limitada a mortalidade da praga, perda de peso da praga, repelência à pragas, e outros comportamentos e mudanças físicas de uma praga depois da alimentação e exposição por um apropriado período de tempo. Dessa forma, o impacto da atividade pesticida deve ter pelo menos um parâmetro mensurável de aptidão da praga. Por exemplo, “proteínas pesticidas” são proteínas que desencadeiam a atividade pesticida por elas mesmas ou em combinação com outras proteínas. Endotoxinas e  $\delta$ -endotoxina são proteínas pesticidas. Outros exemplos de proteínas pesticidas incluem, por exemplo, pentina-1 e jaburetox.

O termo “quantidade efetiva de pesticida” diz respeito a uma quantidade de uma substância ou organismo que tem atividade pesticida quando presente no ambiente da praga. Para cada substância ou organismo, a quantidade efetiva de pesticida é determinada empiricamente para cada praga afetada em um ambiente específico. Similarmente o termo “quantidade efetiva de pesticida” pode ser usado para referir a uma “quantidade efetiva de pesticida” quando uma praga é um inseto-praga.

O termo “recombinantemente engenheirado” ou “engenheirado” diz respeito a utilização da tecnologia do DNA recombinante para gerar (engenheirar) uma mudança na estrutura da proteína baseando-se no entendimento do mecanismo de ação da mesma, podendo os aminoácidos serem introduzidos, deletados ou substituídos.

O termo “Embaralhamento de DNA” é utilizado para descrever um método empregado em evolução molecular dirigida in vitro para gerar variantes de uma única seqüência gênica, ou duas ou mais seqüências gênicas homólogas por meio de recombinações de fragmentos gerados randomicamente, com recuperação de seqüências modificadas e com consequente modificação de resíduos de aminoácidos na proteína codificada pelo análogo mutante.

O termo “apresentação de proteínas na superfície de bacteriófagos - *Phage display*” diz respeito a um sistema de expressão e de interações de proteínas fusionadas a bacteriófagos que permitem uma varredura em células, tecidos ou órgãos a procura de pares receptores-ligantes, sendo es-  
5 ses ligantes proteínas que se ligam aos receptores presentes no alvo em estudo.

Como usado aqui, o termo “seqüência de nucleotídeo mutada” ou “mutação” ou “seqüência de nucleotídeo mutageneizada” diz respeito a uma seqüência de nucleotídeo que foi mutada ou alterada para conter para  
10 conter um ou mais resíduos de nucleotídeos (p.ex.: pares de base) que não estão presentes no tipo selvagem ou na seqüência não-mutada. Tal mutagênese ou alteração consiste de uma ou mais adições, deleções, ou substituições ou realocamento de resíduos de ácidos nucleicos.

O termo “análogo” ou “mutante” é utilizado para identificar um  
15 gene que foi alterado por mutação e que o torna diferente do tipo selvagem ou da variação normal da população.

Como usado aqui, o termo “melhora da atividade inseticida” ou “melhora da atividade pesticida” caracteriza um polipeptídeo ou uma  $\delta$ -endotoxina da invenção que possui a atividade pesticida contra coleópteros  
20 melhorada em relação às outras  $\delta$ -endotoxinas que sejam efetivas contra insetos. Para medir a melhora da atividade pesticida ou inseticida deve-se requerer uma demonstração de aumento da toxicidade de pelo menos 10%, contra o inseto alvo, e mais preferencialmente 20%, 25%, 30%, 35%, 40%, 45%, 50%, 60%, 70%, 100%, 200% ou um maior aumento de toxicidade  
25 com relação à atividade inseticida das  $\delta$ - endotoxinas Cry8 existentes que sejam ativas contra o mesmo inseto.

O termo “toxina” ou “endotoxina” está relacionado a um polipeptídeo, o qual apreñeta atividade tóxica inseticida. É conhecido, no estado da técnica, que as  $\delta$ -endotoxinas de ocorrência natural, são sinteti-  
30 zadas por *B. thuringiensis*, os quais esporulam liberando a inclusão cristalina protéica contendo a  $\delta$ -endotoxina.

Para um interesse particular da invenção, foram otimizadas se-

qüências codificando proteínas pesticidas desta invenção. Como usada aqui, os termos “seqüências de nucleotídeos otimizadas” ou “seqüências sintéticas” referem-se a ácidos nucleicos que são otimizados para expressão em um organismo particular. Seqüências de nucleotídeos otimizadas incluem aquelas seqüências que foram tão modificadas que o conteúdo GC da seqüência de nucleotídeos passa a ficar alterado. Tal modificação na seqüência de nucleotídeo pode ou não compreender uma região codificadora. Onde a seqüência modificada de nucleotídeo compreende uma região codificadora, as alterações no conteúdo de GC podem ser feitas em vista de outro fenômeno genético, como por exemplo, a preferência de um códon por um organismo particular ou a tendência do conteúdo de GC na região codificadora.

Em algumas concretizações da invenção, onde a seqüência de nucleotídeo otimizada compreende a região codificadora, a alteração no conteúdo de GC não resulta em uma mudança na proteína codificada pela seqüência de nucleotídeo. Em outras concretizações, a alteração no conteúdo de GC resulta em mudanças na proteína codificada que podem ser mudanças em aminoácidos conservados que podem não alterar significativamente a função da proteína codificada. O conteúdo de GC de uma seqüência de nucleotídeo pode diferir da seqüência de nucleotídeo nativa em pelo menos 1%, 2%, 3%, 4%, 5%, 6%, 7%, 8%, 9%, 10%, ou 11%, 12%, 13%, 14%, 15%, 16%, 17%, 18%, 19%, 20%, 21%, 22%, 23%, 24%, 25%, 26%, 27%, 28%, 29%, 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, ou 50%, ou mais. Então, o conteúdo de GC de uma seqüência de nucleotídeo otimizada pode ser 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, ou 80%, ou maior.

Um especialista no assunto tem conhecimento de que avanços no campo da biologia molecular tais como uma mutagênese sítio-específica ou ao acaso, metodologia da reação de polimerase em cadeia (PCR), e téc-

nicas da engenharia protéica dispõem de uma extensiva coleção de ferramentas e protocolos viáveis para o uso para alterar ou engenheirar ambas as seqüências de aminoácido e seqüências genéticas disfarçadas de proteínas de interesse agrícola. Então, as proteínas pesticidas da invenção podem ser alteradas de várias maneiras, incluindo substituição de aminoácido, deleções, trunicações, e inserções. Métodos para tais manipulações são geralmente conhecidos no estado da técnica. Por exemplo, uma seqüência de aminoácido variante da proteína pesticida da presente invenção pode ser preparada pela introdução de mutações dentro de um ácido nucleico sintético (p.ex.: molécula de DNA). Métodos para mutagênese e alterações em ácidos nucleicos são bem descritos no estado da técnica.

O desenho do gene sintético foi realizado com base na seqüência original do gene, incluindo a porção N-terminal da proteína com os três domínios responsáveis pela atividade inseticida. No desenho do gene sintético foram modificados 262 pares de base, resultando na eliminação de 25 possíveis sinais de poliadenilação, 17 motivos de instabilidade, 95 códons pouco usados em plantas e no aumento do conteúdo de G-C de 35.6 para 43.8%. A seqüência protéica final do gene sintético é idêntica a seqüência original, ou seja, permaneceu inalterada.

Entende-se que os polipeptídeos da invenção podem ser produzidos tanto pela expressão de um ácido nucleico descrito aqui, ou pelo uso de técnicas padrões de biologia molecular.

Sabe-se que proteínas pesticidas podem ser oligoméricas e variam em peso molecular, número de resíduos, componentes peptídicos, atividades contra pragas particulares, e outras características. No entanto, pelos métodos descritos aqui, proteínas ativas contra uma variedade de pragas podem ser isoladas e caracterizadas. As proteínas pesticidas da invenção podem ser usadas em combinação com  $\delta$ -endotoxinas Bt ou outras proteínas inseticidas para aumentar a ação no inseto alvo. Além do mais, o uso de proteínas pesticidas da presente invenção em combinação com  $\delta$ -endotoxinas de Bt ou outros princípios inseticidas de uma natureza diferente podem ter uma utilidade particular para prevenção e/ou manejo da resistên-



cia à inseto. Outros princípios inseticidas incluem, mas não estão limitados a inibidores de protease (ambos serina e cisteína), lectinas, alfa-amilases, e peroxidases.

5 A invenção também diz respeito a microrganismos transformados com pelo menos um ácido nucleico da presente invenção, com um gene quimérico compreendendo o ácido nucleico, ou com um vetor de expressão compreendendo o gene quimérico. Preferencialmente, o microrganismo é um que se multiplica em plantas. Mais preferencialmente, o microrganismo é uma bactéria colonizadora de raiz. Uma concretização da presente invenção  
10 diz respeito a uma proteína pesticida encapsulada, que compreende um microrganismo transformado compreendendo pelo menos uma proteína pesticida da invenção.

A invenção também provê composições pesticidas compreendendo um organismo transformado da invenção. Preferencialmente o microrganismo transformado está presente na composição pesticida em uma  
15 quantidade pesticida efetiva, junto com um veículo carregador aceitável. A invenção também compreende composições pesticidas compreendendo uma proteína isolada da invenção, sozinha ou em combinação com um organismo transformado da invenção e/ou uma proteína pesticida encapsulada da invenção, em uma quantidade inseticida efetiva, junto com um veículo  
20 aceitável.

A invenção também provê um método de aumentar o alcance do inseto alvo através do uso de proteínas pesticidas da invenção em combinação com pelo menos uma segunda proteína pesticida que seja diferente da  
25 proteína pesticida da invenção. Qualquer proteína pesticida conhecida no estado da técnica pode ser utilizada no método da presente invenção. Tais proteínas pesticidas incluem, mas não estão limitadas a  $\delta$ -endotoxinas de Bt, inibidores de protease, lectinas, alfa amilases, hidrolases acil lipídicas, e peroxidases.

30 A invenção também compreende plantas transgênicas ou transformadas compreendendo pelo menos uma seqüência nucleotídica da invenção. Preferencialmente, a planta é estavelmente transformada com um

gene quimérico compreendendo pelo menos uma seqüência nucleotídica da invenção operacionalmente ligada a um promotor que dirige a expressão em células vegetais. Como usado aqui, o termo “plantas transgênicas” ou “plantas transformadas” refere-se a uma planta que compreende dentro de seu

5 genoma um polinucleotídeo heterólogo. Geralmente, o polinucleotídeo heterólogo é integrado ao genoma de uma planta transgênica, de forma estável para que o polinucleotídeo seja passado para gerações sucessivas. O polinucleotídeo heterólogo pode ser integrado dentro do genoma sozinho ou como parte de um vetor recombinante.

10 Como usado aqui, o termo “transgênico” inclui qualquer célula, linhagem celular, calos, tecidos, parte da planta, ou genótipo da planta que tem sido alterado pela presença do ácido nucleico heterólogo incluindo aqueles transgênicos inicialmente alterados bem como aqueles criados por cruzamento sexual ou propagação sexual do transgênico sexual.

15 O termo “plantas” refere-se a organismos fotossintéticos, ambos eucariotos e procariotos, onde o termo “plantas desenvolvidas” refere-se a plantas eucariotas. O termo refere-se a plantas inteiras, órgãos vegetais (p.ex.: folhas, caules, raízes, flores, entre outros), sementes, células vegetais, e progênies dos mesmos. Partes das plantas transgênicas

20 também estão incluídas dentro do escopo da invenção compreendendo, por exemplo, células vegetais, protoplastos, tecidos, calos, embriões, bem como flores, óvulos, caules, frutos, folhas, raízes originados de plantas transgênicas ou sua progênie previamente transformada com uma molécula de DNA da invenção e, portanto, consistindo de pelo menos parte das

25 células transgênicas, são também objeto da presente invenção. Os ácidos nucleicos da invenção podem ser utilizados para conferir tratos desejados em essencialmente qualquer planta. Então, a invenção possui uso sobre várias espécies de plantas, incluindo espécies dos gêneros *Anona*, *Arachis*, *Artocarpus*, *Asparagus*, *Atropa*, *Avena*, *Brassica*, *Carica*, *Citrus*, *Citrullus*,

30 *Capsicum*, *Carthamus*, *Cocos*, *Coffea*, *Cucumis*, *Cucurbita*, *Daucus*, *Elaeis*, *Fragaria*, *Glycine*, *Gossypium*, *Helianthus*, *Heterocallis*, *Hordeum*, *Hyoseyamus*, *Lactuca*, *Linum*, *Lolium*, *Lupinus*, *Lycopersicon*, *Malus*,

*Manihot*, *Majorana*, *Medicago*, *Nicotiana*, *Olea*, *Oryza*, *Panicum*, *Pannasetum*, *Passiflora*, *Persea*, *Phaseolus*, *Pistachia*, *Pisum*, *Pyrus*, *Prunus*, *Psidium*, *Raphanus*, *Ricinus*, *Secale*, *Senecio*, *Sinapis*, *Solanum*, *Sorghum*, *Theobromus*, *Trigonella*, *Triticum*, *Vicia*, *Vitis*, *Vigna*, e *Zea*.

- 5 Particularmente a presente invenção diz respeito a plantas de algodão transformadas com as seqüências nucleotídicas da presente invenção bem como fragmentos e derivados das mesmas, mais especificamente plantas transformadas de *Gossypium hirsutum*.

10 Protocolos de transformação bem como protocolos para introduzir seqüências de nucleotídeos dentro de plantas podem variar dependendo do tipo de planta ou de célula vegetal, por exemplo, monocotiledôneas ou dicotiledôneas, alvos da transformação. Métodos viáveis de introduzir seqüências nucleotídicas em células vegetais e a subsequente inserção dentro do genoma vegetal são bem descritos no estado da técnica e podem ser,  
15 mas não estão limitados a técnicas tais como eletroporação e microinjeção de protoplastos de células de plantas, ou a construção pode ser introduzida diretamente no tecido vegetal utilizando-se métodos balísticos, tais como bombardeamento de partículas recobertas com DNA.

Técnicas de microinjeção são conhecidas no estado da técnica  
20 e bem descritas em literatura científica e patentária (Zhou, G., Wang, J., Zeng, Y., Huang, J., Qian, S., Liu, G., Introduction of exogenous DNA into cotton embryos. Meth. in Enzymol., 101, 433-448, 1983) (como mencionado no pedido de patente US4743548). A introdução de construções gênicas utilizando-se precipitações de polietileno glicol é descrita em Paszkowski *et al.*  
25 (Paszkowski, J., Shillito, R. D., Saul, M., Mandák, V., Hohn, T. Hohn, B., Potrykus, I., Direct gene transfer to plants. Embo J. 3: 2717-2722, 1984) (como mencionado no pedido de patente US20020152501). Técnicas de eletroporação são descritas em Fromm *et al* (Fromm, M. E., Taylor, L. P. Walbot, V., Expression of genes electroporated into monocot and dicot plant cells. Proc.  
30 Natl. Acad. Sci. USA 82:5824, 1985) (como mencionado no pedido de patente US20020152501). Técnicas de transformações balísticas são descritas em Klein *et al* (Klein, T. M., Wolf, E. D., Wu, R., Sanford, J. C., High velocity

microprojectiles for delivering nucleic acids into living cells. *Nature* 327:70-73, 1987) (como mencionado no pedido de patente US20020152501).

Alternativamente, as construções gênicas podem ser combinadas com regiões flanqueadoras de T-DNA apropriadas e introduzidas em um  
5 vetor convencional, o hospedeiro *Agrobacterium tumefaciens*. A função de virulência do hospedeiro *Agrobacterium tumefaciens* direcionará a inserção das construções gênicas e marcador adjacente dentro do DNA da célula vegetal quando a célula é infectada pela bactéria. Técnicas de transformação  
10 mediadas por *Agrobacterium tumefaciens*, incluindo desarmamento e o uso de vetores binários, são bem descritas na literatura científica (como mencionado no pedido de patente US 20020152501, Horsch, R. B., Fraley, R. T., Rogers, S. G., Sanders, P. R., Lloyd, A., Hoffmann, N. Inheritance of functional foreign genes in plants. *Science* 233:496-498, 1984; e Fraley, R. T., Rogers, S. G., Horsch, R. B., Sanders, P. R., Flick, J. S., Adams, S. P., Bittner, M. L., Brand, L. A., Fink, C. L., Fry, J. S., Galluppi, G. R., Goldberg, S. B., Hoffmann, N. L., Woo, S. C. Expression of bacterial genes in plant cells. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 80:4803, 1983).

Células de plantas transformadas derivadas de qualquer uma das técnicas de transformação descritas acima podem ser cultivadas para  
20 regenerar uma planta inteira que possua o genótipo transformado e então o fenótipo desejado, tal como resistência a insetos. Tais técnicas de regeneração contam com a manipulação de certos fitohormônios em meio de crescimento de cultura de tecidos, tipicamente contendo um marcador biocida e/ou herbicida, que deve ser introduzido junto com a seqüência de nucleotídeos desejada. Regeneração de plantas a partir de cultura de protoplastos é  
25 descrita em Evans *et al* (Evans, D. E., and Bravo, J. E., Protoplasts Isolation and Culture, Handbook of Plant Cell Culture, vol. 1, 124-176, MacMillan Publishing Company, New York, 1983); e Binding 1985 (Binding, H., Regeneration of Plants, Plant Protoplasts, pp. 21-73, CRC Press, Boca Raton, 1985) (como mencionado no pedido de patente US20020152501). A regeneração pode ser também obtida através de calos de planta, explantes, órgãos, ou parte da mesma. Tais técnicas de regeneração são descritas ge-  
30

ralmente em Klee *et al* (Klee, H., Horsch, R., Rogers, S., *Agrobacterium*-mediated plant transformation and its further applications to plant biology. Ann. Ver. Of Plant Phys. 38:467-486, 1987 (como mencionado no pedido de patente US20020152501).

5 Sabe-se que os genes codificando as proteínas pesticidas podem ser usados para transformar organismos patogênicos a insetos. Tais organismos incluem baculovírus, fungos, protozoários, bactérias, e nematóides.

Um gene codificando uma proteína pesticida da invenção pode ser introduzido através de um vetor viável dentro de um hospedeiro microbi-  
10 ano, e o dito hospedeiro pode ser aplicado no ambiente, ou em plantas, ou em animais. O termo "introduzido" no contexto de inserir um ácido nucleico dentro de uma célula significa "transfecção" ou "transformação" ou "transdução" e inclui a incorporação de um ácido nucleico dentro de uma célula pro-  
15 cariótica ou eucariótica onde o ácido nucleico pode ser incorporado dentro do genoma da célula (p.ex.: cromossomo, plasmídeo, plastídeo, ou DNA mitocondrial), convertido dentro de um replicon autônomo, ou expresso transientemente (p.ex.: RNAm transfetado).

Microorganismos hospedeiros têm sido conhecidos por ocupar a  
20 "fitosfera" (filoplano, filosfera, rizosfera, e/ou rizoplano) de uma ou mais culturas de interesse selecionada(s). Esses microorganismos de interesse são selecionados para serem capazes de competir com sucesso em um meio ambiente particular com microorganismos selvagens, provendo uma manutenção e expressão estável do gene expressando a proteína pesticida,  
25 e desejavelmente, melhorar a proteção do pesticida da degradação ambiental e inativação.

Tais microorganismos incluem, mas não estão limitados a bactérias, algas e fungos. Particularmente os microorganismos incluem bactérias tais como *Pseudomonas*, *Erwinia*, *Serratia*, *Klebsiella*, *Xanthomonas*, *Streptomyces*, *Rhizobium*, *Rhodopseudomonas*, *Methylius*, *Agrobacterium*, *Acetobacter*, *Lactobacillus*, *Arthrobacter*, *Azotobacter*, *Leuconostoc*, e *Alcaligenes*, fungos, particularmente leveduras, por exemplo, *Saccharomyces*, *Cryp-*  
30

*tococcus, Kluyveromyces, Sporobolomyces, Rhodotorula, e Aureobasidium.* De particular interesse existem as espécies bacterianas da fitosfera como *Pseudomonas syringae, Pseudomonas fluorescens, Serratia marcescens, Acetobacter xylinum, Agrobacteria, Rhodopseudomonas spheroides, Xanthomonas campestris, Rhizobium melioli, Alcaligenes entrophus, Clavibacter xyli* e *Azotobacter vinlandir* e espécies de leveduras da fitosfera tais como *Rhodotorula rubra, R. glutinis, R. marina, R. aurantiaca, Cryptococcus albidus, C. diffluens, C. laurentii, Saccharomyces rosei, S. pretoriensis, S. cerevisiae, Sporobolomyces rosues, S. odorus, Kluyveromyces veronae, e Aureobasidium pollulans.*

Existem vários métodos viáveis para introduzir um gene expressando a proteína pesticida dentro de um microrganismo hospedeiro sob condições que permitam a manutenção e a expressão estável do gene. Por exemplo, vetores de expressão podem ser construídos contendo a seqüência nucleotídica de interesse operacionalmente ligada a sinais regulatórios de transcrição e tradução para expressão da seqüência de nucleotídeo. Quando uma seqüência de nucleotídeo homóloga interna do organismo se encontra com a seqüência no vetor de expressão, poderá haver uma recombinação entre elas e o gene que codifica a proteína pesticida se integrará no genoma do organismo hospedeiro de forma estável.

Células hospedeiras viáveis, onde as células contendo a proteína pesticida serão tratadas para prolongar a atividade da proteína pesticida na célula quando a célula tratada for aplicada no meio ambiente da praga alvo, podem incluir células de procariotos ou eucariotos, normalmente sendo limitadas àquelas células que não produzem substâncias tóxicas em organismos superiores. No entanto, organismos que produzem substâncias tóxicas em organismos superiores podem ser usados, desde que a toxina seja instável ou o nível de aplicação suficientemente baixo para evitar qualquer possibilidade de toxicidade a hospedeiros mamíferos. Particularmente os hospedeiros são procariotas e eucariotas menos desenvolvidos como os fungos. Exemplos de procariotos, ambos gram negativos e gram positivos, incluem, mas não estão limitados a *Enterobacteriaceae*, tais como *Escheri-*

chia, *Erwinia*, *Shigella*, *Salmonella*, e *Proteus*; *Bacillaceae*; *Rhizobiceae*, tais como *Rhizobium*; *Spirillaceae*, tais como *Photobacterium*, *Zymomonas*, *Serratia*, *Aeromonas*, *Vibrio*, *Desulfovibrio*, *Spirillum*; *Lactobacillaceae*; *Pseudomonadaceae*, tais como *Pseudomonas* e *Acetobacter*; *Azotobacteraceae* e *Nitrobacteraceae*. Entre os eucariotos podem ser exemplificados os fungos, tais como *Phycomycetes* e *Ascomycetes*, os quais incluem leveduras, tais como *Saccharomyces* e *Schizosaccharomyces*; e *Basidiomycetes*, tais como *Rhodotorula*, *Aureobasidium*, *Sporobolomyces*, e semelhantes.

Características de interesse particular na seleção de uma célula hospedeira para o propósito de produzir a proteína pesticida incluem a facilidade de introdução do gene da proteína pesticida dentro do sistema de expressão, eficiência de expressão, estabilidade da proteína no hospedeiro, e a presença de capacidades genéticas auxiliares. Características de interesse para o uso de uma microcápsula pesticida incluem qualidade protetora para o pesticida, tais como espessura da parede celular, pigmentação, e empacotamento intracelular ou formação de corpos de inclusão; afinidade foliar; ausência de toxicidade a mamíferos; atratividade para ingestão pelas pragas; facilidade de matar e fixar sem prejudicar a toxina; e semelhantes. Outras considerações incluem facilidade de formulação e manuseio, economia, estabilidade de estocagem, e semelhantes.

Organismos hospedeiros de particular interesse incluem leveduras, tais como *Rhodotorula spp.*, *Aureobasidium spp.*, *Saccharomyces spp.*, e *Sporobolomyces spp.*, organismos filoplanos tais como *Pseudomonas spp.*, *Erwinia spp.*, e *Flavobacterium spp.*, e outros organismos, incluindo *Pseudomonas aeruginosa*, *Pseudomonas fluorescens*, *Saccharomyces cerevisiae*, *Bacillus thuringiensis*, *Escherichia coli*, *Bacillus subtilis*, e outros semelhantes.

Na presente invenção, um microorganismo transformado (contendo a seqüência codificadora da proteína pesticida da invenção) ou uma proteína pesticida isolada pode ser formulado como um veículo carregador aceitável dentro de uma composição pesticida, que pode ser, por exemplo, uma suspensão, uma solução, uma emulsão, um pó, um grânulo dispersível,

um pó umedecido, um concentrado emulsificado, um aerosol, um grânulo impregnado, um adjuvante, uma cápsula coberta, e também encapsulações em, por exemplo, substâncias poliméricas.

Tais composições divulgadas aqui podem ser obtidas pela adição de um agente superfície-ativo, um veículo carregador inerte, um preservativo, um umectante, um estimulante de alimentação, um atrativo, um agente encapsulante, um ligante, um emulsificador, um corante, um protetor U.V. (ultra-violeta), um tampão, um agente de fluxo ou fertilizante, doadores de micronutriente, ou outras preparações que influenciam o crescimento da planta. Um ou mais agroquímicos incluindo, mas não limitados a herbicidas, inseticidas, fungicidas, bactericidas, nematocidas, moluscocidas, acaricidas, reguladores de crescimento de planta, suportes de colheita, e fertilizantes, podem ser combinados com veículos carregadores, surfactantes ou adjuvantes normalmente utilizados em formulações, ou outros componentes utilizados para facilitar o manuseio e aplicação para uma praga alvo em particular. Carregadores e adjuvantes viáveis podem ser sólidos ou líquidos e correspondem a substâncias ordinariamente empregadas em uma tecnologia de formulação, por exemplo, natural ou substâncias minerais regeneradas, solventes, dispersantes, agentes umidificantes, ligantes, ou fertilizantes. Os ingredientes ativos da presente invenção são normalmente aplicados na forma de composições e podem ser aplicados na área cultivada, plantas, ou sementes a ser tratadas. Por exemplo, as composições da presente invenção podem ser aplicadas em grãos nas preparações ou durante a estocagem em um silo de grãos, por exemplo. As composições da presente invenção podem ser aplicadas simultaneamente ou em sucessão com outros compostos. Métodos de aplicar um ingrediente ativo da presente invenção ou uma composição agroquímica da presente invenção que contenha pelo menos uma das proteínas pesticidas produzidas pelas cepas bacterianas da presente invenção incluem, mas não estão limitados a aplicação foliar, cobertura de semente, e aplicação no solo. O número de aplicações e taxa de aplicação dependerá da intensidade da infestação pela praga correspondente.



Exemplos de materiais inertes incluem, mas não estão limitados a minerais inorgânicos tais como kaolina, filosilicatos, carbonatos, sulfatos, fosfatos, ou materiais botânicos tais como cortiça, caroço de milho em pó, massa do amendoim, massa do arroz, concha da noz.

5 As composições da presente invenção podem estar em uma forma viável para aplicação direta ou como um concentrado da composição primária que requer diluição com uma quantidade viável de água ou outro diluente antes de ser aplicada. A concentração pesticida irá variar dependendo da natureza da formulação em particular, especificamente, se é um  
10 concentrado ou será utilizado diretamente. A composição pode conter de 1 a 98% de um veículo inerte líquido ou sólido, e 0 a 50%, preferencialmente de 0,1% a 50% de um surfactante. Essas composições serão administradas em uma taxa rotulada para produtos comerciais, preferencialmente cerca de 0,01 lb - 5,0 lb por acre quando na forma seca e cerca de 0,01 pts – 10 pts  
15 por acre quando na forma líquida.

As concretizações da presente invenção podem ser efetivas contra uma variedade de pragas. Para os propósitos da presente invenção, as pragas incluem, mas não estão limitadas a, insetos, fungos, bactérias, nematóides, ácaros, patógenos protozoários, parasitas animais, e seme-  
20 lhantes. Pragas de particular interesse são insetos-praga, particularmente insetos-praga que causam danos significativos para plantas agrícolas. Entende-se como "insetos-praga" insetos e outras pragas similares tais como, por exemplo, os insetos das ordens Diptera, Hymenoptera, Lepidoptera, Mallophaga, Homoptera, Hemiptera, Orthoptera, Thysanoptera, Dermapte-  
25 ra, Isoptera, Anoplura, Siphonaptera, Trichoptera, etc., particularmente Coleoptera, especialmente *Anthonomus grandis*, *Diabrotica virgifera* e *Lepidoptera*. Insetos-praga da presente invenção da maioria das cultivares incluem, mas não estão limitadas a Milho: *Ostrinia nubilalis*, *Agrotis ipsilon*, *Helicoverpa zea*, *Spodoptera frugiperda*, *Diatraea grandiosella*, *Elasmopalpus lignosellus*, *Diatraea saccharalis*, *Diabrotica virgifera virgifera*, *Diabrotica longicornis barberi*, *Diabrotica undecimpunctata howardi*, *Melanotus spp.*, *Cyclocephala borealis*, *Cyclocephala immaculata*, *Popillia japonica*, *Chaetocnema*

*pulicaria*, *Sphenophorus maidis*, *Rhopalosiphum maidis*, *Anuraphis maidiradicis*, *Blissus leucopterus leucopterus*, *Melanoplus femurrubrum*, *Melanoplus sanguinipes*, *Hylemya platura*, *Agromyza parvicornis*, *Anaphothrips obscurus*, *Solenopsis milesta*, *Tetranychus urticae*; Sorgo: *Chilo partellus*, *Spodoptera frugiperda*, *Helicoverpa zea*, *Elasmopalpus lignosellus*, *Feltia subterranea*, *Phyllophaga crinita*, *Eleodes*, *Conoderus*, e *Aeolus* spp., *Oulema melanopus*, *Chaetocnema pulicaria*, *Sphenophorus maidis*, *Rhopalosiphum maidis*, *Sipha flava*, *Blissus leucopterus leucopterus*, *Contarinia sorghicola*, *Tetranychus cinnabarinus*, *Tetranychus urticae*; Trigo: *Pseudaletia unipunctata*, *Spodoptera frugiperda*, *Elasmopalpus lignosellus*, *Agrotis orthogonia*, *Elasmopalpus lignosellus*, *Oulema melanopus*, *Hypera punctata*, *Diabrotica undecimpunctata howardi*, *Schizaphis graminum*, *Macrosiphum avenae*, *Melanoplus femurrubrum*, *Melanoplus differentialis*, *Melanoplus sanguinipes*, *Mayetiola destructor*, *Sitodiplosis mosellana*, *Meromyza americana*, *Hylemya coarctata*, *Frankliniella fusca*, *Cephus cinctus*, *Aceria tulipae*; Girassol: *Cylindrocapturus adpersus*, *Smicronyx fulus*, *Smicronyx sordidus*, *Suleima helianthana*, *Homoeosoma electellum*, *Zygogramma exclamationis*, *Bothyrus gibbosus*, *Neolasioptera murtfeldtiana*; Algodão: *Heliiothis virescens*, lagartadas-maçãs; *Helicoverpa zea*, lagarta da espiga do milho; *Spodoptera exigua*, lagarta do cartucho; *Pectinophora gossypiella*, lagarta rosada; *Anthonomus grandis*, bicudo-do-algodoeiro; *Aphis gossypii*, pulgão-do-algodoeiro; *Pseudatomoscelis seriatus*, pulga saltadora do algodão; *Trialeurodes abutilonea*, mosca branca *Bemisia tabaci*; *Melanoplus femurrubrum*, gafanhoto; *Melanoplus differentialis*, gafanhoto; *Thrips tabaci*, tripes-do-fumo; *Frankliniella fusca*, tripes; *Tetranychus cinnabarinus*, ácaro vermelho; *Tetranychus urticae*, ácaro-rajado; Arroz: *Diatraea saccharalis*, *Spodoptera frugiperda*, *Helicoverpa zea*, *Colaspis brunnea*, *Lissorhoptrus oryzophilus*, *Sitophilus oryzae*, *Nephotettix nigropictus*, *Blissus leucopterus leucopterus*, *Acrosternum hilare*; Soja: *Pseudoplusia includens*, *Anticarsia gemmatalis*, *Plathypena scabra*, *Ostrinia nubilalis*, *Agrotis ipsilon*, *Spodoptera exigua*, *Heliiothis virescens*, *Helicoverpa zea*, *Epilachna varivestis*, *Myzus persicae*, *Empoasca fabae*, *Acrosternum hilare*, *Melanoplus femurrubrum*, *Melanoplus differentialis*, H-

*Jylemya platura*, *Sericothrips variabilis*, *Thrips tabaci*, *Tetranychus turkestanii*, *Tetranychus urticae*; Cevada: *Ostrinia nubilalis*, *Agrotis ipsilon*, *Schizaphis graminum*, *Blissus leucopterus leucopterus*; *Acrosternum hilare*, *Euschistus servus*, *Jylemya platura*, *Mayetiola destructor*, *Petrobia latens*; Canola: *Vre-  
5 vicoryne brassicae*, *Phyllotreta cruciferae*, *Phyllotreta striolata*, *Phyllotreta nemorum*, *Meligethes aeneus*, *Meligethes rufimanus*, *Meligethes nigrescens*, *Meligethes canadianus*, e *Meligethes viridescens*; Batata, *Leptinotarsa decemlineata*.

Os exemplos abaixo são colocados de forma a ilustrar e elucidar  
10 melhor a invenção e não podem ser tidos como forma de limitar a presente invenção.

### **EXEMPLOS**

Técnicas usuais de biologia molecular (p.ex.: transformação de  
bactérias e eletroforese em gel de agarose de ácidos nucleicos) estão des-  
15 critas por meio de termos comumente empregados. Detalhes da prática de tais técnicas são descritos em Sambrook *et al* (Sambrook, J., Russell, D. W., Molecular Cloning, A Laboratory Manual, 2nd ed., Cold Spring Harbor Laboratory Press. 1989).

**Exemplo 1** – Seleção da estirpe S811 de *Bacillus thuringiensis*  
20 proveniente do Banco de Germoplasma da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnológicos.

Em um trabalho prévio de Silva-Werneck *et al.* (Monerat, R. G., Silva, S. F., Silva-Werneck, J. O. Catálogo do banco de germoplasma de bactérias do gênero *Bacillus*. Brasília: Embrapa-Cenargen, Documentos 60,  
25 65 p., 2001), foram identificadas e caracterizadas diversas estirpes pertencentes ao Banco de Germoplasma Microbiano da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Dentre estas, selecionou-se a estirpe S811 devido a sua elevada atividade entomotóxica contra insetos da ordem Coleóptera, como, por exemplo, *Anthonomus grandis*. A avaliação da toxicidade foi feita  
30 por meio de bioensaios seletivos, utilizando-se como substrato o extrato protéico total da bactéria *Bacillus thuringiensis* S811.

Para obtenção do extrato bruto protéico a estirpe foi cultivada

em meio de cultura caldo nutritivo (MCCN; caldo nutriente 8 g/L, extrato de levedura 1 g/L e 1 g/L de fosfato de potássio monobásico) a 30°C, sob uma agitação de 200 rpm. Após 12 horas de cultivo, com a cultura em fase vegetativa e após 48 – 72 horas com completa esporulação, pode-se obter o material genético e o extrato protéico bruto, respectivamente.

**Exemplo 2** – Identificação, isolamento e caracterização do gene *cry8* proveniente da estirpe de *Bacillus thuringiensis* S811.

A extração de DNA total do *Bacillus thuringiensis* S811 foi realizada de acordo com o protocolo de CTAB (2 % CTAB, 0,2 % de  $\beta$ -mercaptoetanol). Após 12 horas de cultivo, 30 mL da cultura, em fase vegetativa, foram centrifugados a 5000 rpm por 20 minutos. O sedimento foi congelado em nitrogênio líquido e macerado seguindo-se as descrições do protocolo descrito por Romano, E. (Romano, E. Extração de DNA de tecidos vegetais. In: Manual de transformação genética de plantas. A.C.M. Brasileiro & V.T.C. Carneiro (Eds). Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, 1998). O produto final foi seco e ressuspendido em 50  $\mu$ L de água Milli-Q e, posteriormente, armazenado a -20°C.

Para identificação de genes codificadores de toxinas Cry na estirpe S811, foi utilizada a técnica de PCR (Reação em Cadeia da Polimerase). As amplificações foram realizadas utilizando oligonucleotídeos específicos para detecção de genes do subgrupo *cry1* (Cerón, J.; Covarrubias, L.; Quintero, R.; Ortiz, A.; Ortiz, M.; Aranda, E.; Lina, L., Bravo, A. PCR analysis of the *cryI* insecticidal crystal family genes from *Bacillus thuringiensis*. Appl. Environ. Microbiol., 60, 353-356, 1994; Cerón, J.; Ortíz, A.; Quintero, R.; Güereca, L., Bravo, A. Specific PCR primers directed to identify *cryI* and *cryIII* genes within a *Bacillus thuringiensis* strain collection. Appl. Environ. Microbiol., 61, 3826-3831, 1995) e *cry8* (Bravo, A.; Sarabia, S.; Lopez, L.; Ontiveros, H.; Abarca, C.; Ortiz, A.; Ortiz, M.; Lina, L.; Villalobos, F.J.; Peña, G.; Nuñez-Valdez, M.E.; Soberón, M.; Quintero, R. Characterization of *cry* Genes in a Mexican *Bacillus thuringiensis* Strain Collection. Appl. Environ. Microbiol., v. 64, p. 4965-4972, 1998). As condições de reação PCR contendo os oligonucleotídeos do grupo *cry1* foram descritas por Cerón *et al* (Ce-

rón, J.; Covarrubias, L.; Quintero, R.; Ortiz, A.; Ortiz, M.; Aranda, E.; Lina, L., Bravo, A. PCR analysis of the *cryI* insecticidal crystal family genes from *Bacillus thuringiensis*. *Appl. Environ. Microbiol.*, 60, 353-356, 1994) e as condições de reação de PCR contendo os oligonucleotídeos do grupo *cry8* foram descritas por Bravo *et al* (Bravo, A.; Sarabia, S.; Lopez, L.; Ontiveros, H.; Abarca, C.; Ortiz, A.; Ortiz, M.; Lina, L.; Villalobos, F.J.; Peña, G.; Nuñez-Valdez, M.E.; Soberón, M.; Quintero, R. Characterization of *cry* Genes in a Mexican *Bacillus thuringiensis* Strain Collection. *Appl. Environ. Microbiol.*, v. 64, p. 4965-4972, 1998). Todas as reações foram realizadas em volumes de 25 µL contendo 2,5 µg de DNA total, 10 mM Tris-HCl pH 8,4, 2 mM de Mg-Cl<sub>2</sub>, 50 mM KCl, 200 mM de cada dNTP (deoxi-ribonucleotídeos trifosfato), 500 nM de cada oligonucleotídeo e 0,1 U/µL de Taq DNA polimerase para cada amostra de DNA. A amplificação foi realizada em termociclador (MasterCicle Gradient Eppendorf) sob as seguintes condições: desnaturação prévia a 94 °C por 2 minutos, repetição e 30 ciclos a 94 °C por 45 segundos (desnaturação), anelamento dos oligonucleotídeos por 45 segundos (temperatura específica para cada oligonucleotídeo), 72 °C por 2 minutos (extensão da DNA polimerase) e ao final uma extensão final de 72 °C por 5 minutos. Os fragmentos amplificados por PCR foram separados e visualizados em gel 0,8% de agarose. Os fragmentos de DNA foram excisados do gel e purificados utilizando-se kit GeneClean (Bio101 System) e quantificados por espectrofotometria. Os fragmentos purificados foram então ligados a 50 ng de vetor comercial pGEMT-easy (PROMEGA), na razão molar de 3:1 (inserto:vetor) com 4 U/µL T4 DNA ligase e tampão 1 X no volume final de 15 µL. Os vetores gerados foram utilizados para transformar células competentes de *Escherichia coli* por eletroporação. Os clones positivos foram identificados por PCR de colônia e tiveram seu DNA plasmidial extraído. Os DNAs plasmidiais obtidos foram seqüenciados em um seqüenciador automático ABI, utilizando-se oligonucleotídeos gerais T7, SP6, reverso e universal (Nag, D.K., Huang, H.V. and Berg, D.E. Bidirectional Chaintermination Nucleotide Sequencing: Transposon Tn5seq1 as a Mobile Source of Primer Sites. *Gene* 64, 135-145.1988).

As seqüências obtidas foram comparadas com as seqüências do Banco de Dados (GeneBank e SwissProt) pelo programa BLAST (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/>). O alinhamento múltiplo das seqüências dos clones obtidos foi realizado com as seqüências mais similares depositadas no Banco de Dados (GeneBank) foi feito pelo CLUSTALW (<http://www.ebi.ac.uk/clustalw/>) (Thompson, J. D., D. G. Higgins e T. J. Gibson. CLUSTALW: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, positionspecific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic Acids Res*, v.22, n.22, Nov 11, p.4673-4680. 1994).

A primeira reação de amplificação por PCR com os oligonucleotídeos específicos para a família *cry8*, Bravo *et al*, 1998, teve como resultado um fragmento de 442 pb (Figura 1) correspondente à extremidade 5' de um novo gene pertencente a família *cry8* (SEQ. ID NO.1). Como intuito de obter a seqüência completa do gene *cry8*, realizou-se duas rodadas de amplificação pela técnica de TAIL-PCR (Reação da Polimerase em Cadeia por Entrelaçamento Termal Assimétrico) (Liu, Y.; Whittier, R.F. Thermal asymmetric interlaced PCR: Automatable amplification and sequencing of insert end fragments from P1 and YAC clones for chromosome walking. *Genomics*, v. 25, p. 674-681, 1995) (Figura 2). Esta técnica consiste uma aplicação da técnica de PCR que permite o isolamento de segmentos de DNA adjacentes a seqüências conhecidas, utilizando para tal o DNA genômico do organismo. A técnica utiliza oligonucleotídeos específicos seqüenciais, junto a pequenos oligonucleotídeos arbitrários degenerados de modo a controlar termicamente a eficiência de amplificação relativa de produtos específicos e inespecíficos. Intercalando-se ciclos de altas e baixas estringências, produtos específicos são preferencialmente amplificados sobre produtos não-específicos.

Resumidamente, feitas três reações seqüenciais de PCR utilizando usando oligonucleotídeos específicos derivados das seqüências previamente amplificadas de um lado (Bravo, A.; Sarabia, S.; Lopez, L.; Ontiveros, H.; Abarca, C.; Ortiz, A.; Ortiz, M.; Lina, L.; Villalobos, F.J.; Peña, G.; Nuñez-Valdez, M.E.; Soberón, M.; Quintero, R. Characterization of *cry*

Genes in a Mexican *Bacillus thuringiensis* Strain Collection. Appl. Environ. Microbiol., v. 64, p. 4965-4972, 1998) e oito oligonucleotídeos arbitrários do outro (Liu, Y.; Whittier, R.F. Thermal asymmetric interlaced PCR: Automatable amplification and sequencing of insert end fragments from P1 and YAC clones for chromosome walking. Genomics, v. 25, p. 674-681, 1995). Fragmentos foram amplificados, clonados, seqüenciados e analisados nas mesmas condições descritas anteriormente para a identificação inicial do gene.

O produto final, obtido pela técnica de TAIL-PCR, contém 2688 pb amplificado (SEQ ID Nº 1) e codifica uma nova  $\delta$ -endotoxina de 896 aminoácidos (SEQ ID Nº 2). A análise da seqüência nucleotídica pelo programa BLASTn, tendo como padrão de busca o banco de dados de patentes depositados no NCBI, indentificou a seqüência da presente invenção como sendo correspondente à família Cry8, apresentando mais de 90% de identidade, como demonstrado nos alinhamentos (Figuras 18, 19, 20 e 21).

Análises da seqüência protéica predita do novo gene *Cry8* mostram a presença dos três domínios estruturais característicos das  $\delta$ -endotoxinas, em sua porção N-Terminal. As análises também demonstram a presença de mais 240 aminoácidos da extensão C-terminal da nova  $\delta$ -endotoxina (Figura 3).

O alinhamento das seqüências de aminoácidos da presente invenção com outras proteínas patenteadas da família Cry8 mostra que a nova  $\delta$ -endotoxina difere 80% das outras seqüências de aminoácidos, apresentando cerca de 150 aminoácidos conservados (Figura 19).

Quando comparada a outras  $\delta$ -endotoxinas, a nova  $\delta$ -endotoxina *Cry8*, apresentou maior similaridade com o gene *cry8Aa* (53% identidade e 67% similaridade), seguido dos genes *cry8Ba* (53% identidade e 66% similaridade) e *cry8Ca* (49% identidade e 65% similaridade). A Figura 4 apresenta um dendograma do alinhamento da nova toxina *Cry8* com as demais toxinas *Cry8* depositadas no banco de dados até o momento atual. Na Figura 4 podemos observar a alta identidade entre as toxinas. A escala indica que no espaço representado existe a troca de pelo menos 0,1 aa.

As extremidades N-terminal e C-terminal da nova  $\delta$ -endotoxina

Cry8Ka1 apresentam alta identidade com outras  $\delta$ -endotoxinas Cry8, enquanto os três domínios estruturais são menos conservados, particularmente o segundo e terceiro domínios (Tabela 1), que estão envolvidos na ligação ao receptor, sugerindo novas atividades/especificidades inseticidas para o gene isolado.

**Tabela 1. Identidade média entre os domínios da  $\delta$ -endotoxina Cry8Ga e os domínios correspondentes em outras  $\delta$ -endotoxina Cry8.**

	Cry8Ka1				
	N-terminal	Domínio I	Domínio II	Domínio III	C-terminal
Cry8Aa	87.7%	48.6%	29.8%	35.5%	90.7%
Cry8Ba	89.8%	47.7%	31.3%	37.6%	91.1%
Cry8Ca	73.5%	57.7%	31.6%	33.3%	68.6%

**Exemplo 3** – Construção do vetor de expressão contendo o novo gene *cry8Ka1* e obtenção da toxina recombinante.

Para expressão da proteína heteróloga foi utilizado o vetor de expressão comercial pET101-D/TOPO (Invitrogen – Figura 5). O vetor foi adquirido em sua forma linearizada com uma extremidade abrupta e outra coesiva, complementar à extremidade do inserto de gene amplificado. Neste sistema, o produto de PCR é diretamente clonado pela adição dos quatro pares de bases do oligonucleotídeo de orientação “sense”. A extremidade coesiva do vetor de clonagem (GTGG) invade a extremidade 5' do produto de PCR, anelando-se com as quatro bases adicionadas (CACC) e estabiliza o produto de PCR na correta orientação. A topoisomerase então cliva a porção sobressalente do produto de PCR para que a ligação seja efetiva (Figura 6). Os insertos podem ser clonados desta forma com 90% de eficiência.

Para amplificar o gene *cry8* com as extremidades complementares, foram desenhados oligonucleotídeos com base no códon de iniciação (ATG) dos genes, com adição da seqüência CACC na região 5' do oligonucleotídeo em orientação “sense”, segundo instruções do fabricante do sistema pET Directional TOPO cloning (Invitrogen). O oligonucleotídeo “anti-sense” não possui o códon de terminação, pois o mesmo encontra-se logo



após a cauda de poli-histidina (Figura 5). Estes oligonucleotídeos foram então utilizados em uma reação de PCR com volume final de 25  $\mu$ L, contendo 400 nM de cada oligonucleotídeo, 200 mM de dNTPs, 1 X do tampão para a enzima *pfu*, 2,5 U de DNA polimerase *pfu* (Stratagene) e 10 ng dos genes *cry* clonados no vetor pGEMT-easy (Invitrogen). A amplificação foi realizada em termociclador (Mastercycler Gradient – Eppendorf) sob as seguintes condições: desnaturação prévia a 94 °C por 1,5 minuto uma repetição de 30 ciclos a 94 °C por 1 minuto (desnaturação); 55 °C por 1 minuto (anelamento dos oligonucleotídeos) e 72 °C por 2 minutos (Extensão da DNA polimerase) e ao final uma extensão 72 °C por 5 minutos.

O produto gerado foi então submetido a uma reação de ligação nas seguintes condições: 10 ng do produto de PCR, 200 mM de NaCl, 10 mM de MgCl<sub>2</sub>, 1  $\mu$ L do vetor pET101. A mistura foi incubada à temperatura ambiente, 25 °C, por 30 minutos. Células competentes de *E. coli* TOP10 foram transformadas com 3  $\mu$ L do sistema de ligação (10 ng) por choque térmico. Para este procedimento, os 10 ng de DNA foram misturados a 200  $\mu$ L de células competentes e a mistura incubada em gelo por 30 min. O choque térmico foi realizado por 3 minutos a 42 °C. As células foram imediatamente transferidas para o gelo e subseqüentemente foram adicionados 500  $\mu$ L de meio de cultura SOC (2% triptona; 0,5% extrato de levedura; 0,05% NaCl; 2,5 mM KCl; 20 mM MgCl<sub>2</sub>). Posteriormente, as células foram inoculadas em 10 mL de meio de cultura Luria-Bertani ágar contendo 100  $\mu$ M de ampicilina/mL e crescidas durante 16 horas, a 37 °C. Para verificação de clones positivos foi realizada uma PCR de colônia, a qual utilizou como molde o DNA das bactérias transformadas e as mesmas condições descritas para a clonagem dos genes. Os clones positivos foram então inoculados em 5 mL de meio Luria-Bertani ágar contendo 100  $\mu$ M de ampicilina/mL.

Para expressão do novo gene, os plasmídeos gerados foram transformados por choque térmico em células de *Escherichia coli* BL21 (DE) Star (Invitrogen). Foram adicionados 10 ng dos vetores *pET101/cry8Ka1* em 200  $\mu$ L de células competentes e incubou-se a mistura em gelo por 30 minutos. O choque térmico foi realizado por 3 min a 42 °C e, logo em seguida, a

mistura de células foi colocada no gelo. Em seguida, adicionou-se 250 µL de meio SOC e incubou-se por 30 minutos a 37 °C e 200 rpm de agitação. Após este período as células foram inoculadas em 10 mL de meio LB-amp e crescidas por 16 horas. Esta cultura foi então utilizada com pré-inóculo para a expressão. Para cada 100 mL de meio Luria-Bertoni foram adicionados a 5 mL do pré-inóculo. O material foi incubado a 37 °C com 200 rpm de agitação. Após a cultura atingir a DO<sub>600</sub> entre 0,6-0,8 foi adicionado o indutor (IPTG) na concentração de 1 mM e a cultura permaneceu a 37 °C por mais 16 horas a fim de se obter a toxina recombinante Cry8Ka1. Determinadas as condições de cultura ideais para melhor rendimento da expressão da proteína recombinante, as células foram inoculadas em volumes de 500 mL. Após as 18 h de cultivo, o montante de células foi centrifugado por 10 minutos a 4000 g e o sobrenadante foi descartado. O precipitado de células foi ressuspenso em 10 mL de tampão de lise (50 mM de tampão fosfato pH 7,8; 300 mM NaCl, 10% glicerol, 0,5% triton X-100 contendo ou não 2 mg/mL lisozima) e as células foram rompidas por ultra-som (3 X 5 min). O produto lisado foi então centrifugado por 15 min a 10000 g. O sobrenadante foi então recolhido, quantificado pela metodologia descrita por Lowry *et al.* (Lowry, O. H., N. J. Rosebrough, A. L. Farr e R. J. Randall. Protein measurement with the Folin phenol reagent. J Biol Chem, v.193, n.1, Nov, p.265-275. 1951).

Com o intuito de obter a toxina recombinante purificada, o sobrenadante obtido foi submetido à cromatografia de afinidade a Níquel (Ni), utilizando-se 5 ml da resina Ni-NTA (ácido nitrilotriacético-Níquel), com a capacidade de reter 5-10 mg de proteína recombinante com cauda de polihistidina. A resina foi então empacotada em uma coluna de vidro e equilibrada com 4 volumes de coluna com solução de equilíbrio (50 mM de tampão fosfato de sódio pH 7,8; 300mM NaCl e 10 mM imidazol). A amostra foi adicionada (não excedendo a capacidade total da resina) e a porção não retida, reservada e quantificada para análise. O excesso de material foi retirado com a adição de 3 volumes de coluna de tampão de equilíbrio. A lavagem foi realizada com 6 volumes de coluna de solução de lavagem (50 mM

de tampão fosfato pH 7,8; 300 mM NaCl e 20 mM imidazol). A proteína foi eluída com dois volumes de coluna de tampão de eluição (50 mM de tampão fosfato pH 7,8; 300mM NaCl e 250 mM imidazol). O material eluído foi então dialisado contra 15 mM tampão carbonato (1,59 g de Na<sub>2</sub>CO<sub>3</sub> e 2,93 g de NaHCO<sub>3</sub>), quantificado por Lowry e submetido à eletroforese unidimensional em gel de poliacrilamida 12 % (Figura 7). A Figura 7 mostra todo o processo de expressão e purificação da nova  $\delta$ -endotoxina, em gel de poliacrilamida 12%.

**Exemplo 4** – Bioensaios seletivos contra o bicudo-do-algodoeiro para determinação da atividade entomotóxica da nova  $\delta$ -endotoxina recombinante Cry8Ka1.

Com a finalidade de verificar a atividade das toxinas recombinantes foram realizados os bioensaios seletivos contra os insetos-praga de interesse. Os bioensaios seletivos foram realizados segundo Praça *et al* (Praça, L. B., Batista, A. C., Martins, E. S., Siqueira, C. B., Dias, D. G. S., Gomes, A. C. M. M., Falcão, R., Monnerat, G. R. Estirpes De *Bacillus thuringiensis* Efetivas Contra Insetos Das Ordens Lepidoptera, Coleoptera E Díptera. Brasília: Embrapa-Cenargen. 2004, Vol. 39, No 1, p. 11-16), incorporando-se 50  $\mu$ g/mL, 100  $\mu$ g/mL, 200  $\mu$ g/mL da nova toxina recombinante Cry8Ka1 em 5 mL de dieta artificial (a 50 °C), vertida em Placas de Células de 6 poços NUNC™. Após solidificação da dieta, foram feitos 15 furos de aproximadamente 0,6 mm<sup>2</sup>, onde as larvas neonatas (uma por furo) foram inseridas, sendo realizada a leitura no sétimo dia (Monnerat, R.G., Dias, S.C., Oliveira Neto, O.B. de, Nobre, S.D., Silva-Werneck, J.O. E Sa, M.F.G. de. Criação Massal Do Bicudo-do-algodoeiro *Anthonomus Grandis* Em Laboratório. Brasília: Embrapa-Cenargen, 2000. 4p. Comunicado Técnico, 46). Os bioensaios foram repetidos três vezes e utilizou-se como controle positivo utilizou-se culturas da estirpe de *Bacillus thuringiensis* S811, contendo o gene *cry8* nativo e, como controle negativo, 15 mM tampão carbonato.

Como controle externo ao experimento realizou-se bioensaios contra larvas neonatas de *Spodoptera frugiperda*. Os bioensaios mostraram atividade tóxica significativa da cultura de *Bacillus thuringiensis* expressando

a toxina Cry8Ka1 nativa, bem como da toxina recombinante pura, sobre *Anthonomus grandis* (Figura 8). Desta forma, foi confirmada a atividade entomotóxica do gene *cry8Ka1*.

**Exemplo 5** – Geração de genes mutantes, análogos ao gene *cry8Ka1* nativo, altamente eficazes no controle de *Anthonomus grandis* pela técnica de embaralhamento de DNA.

A construção de biblioteca de genes recombinantes análogos ao novo gene *cry8* é uma importante estratégia biotecnológica, contribuindo de modo importante em programas de melhoramento de plantas, via transformação genética para geração de transgênicos. Esta tecnologia disponibiliza uma variedade de novas moléculas com potencial uso na transformação de plantas visando o controle do inseto-alvo, bem como a melhoria da atividade inseticida de novas proteínas codificadas pelos genes recombinantes. Este fator torna-se ainda mais relevante quando levamos em consideração os baixos níveis de expressão destas proteínas heterólogas em plantas geneticamente transformadas.

Uma vez confirmada a atividade entomotóxica da nova  $\delta$ -endotoxina Cry8Ka1 contra o inseto-praga *Anthonomus grandis*, partiu-se para a estratégia de obtenção *in vitro* de novos genes, análogos ao gene *cry8*, codificadores para a mesma toxina Cry8Ka1. Para isso, o gene nativo *cry8Ka1* foi re-amplificado por PCR com oligonucleotídeos específicos para seqüência gênica em questão, os quais contêm a seqüência da enzima de restrição *SfiI* (5'GGCCNN NNNGGCC3'). Estes oligonucleotídeos foram desenhados em nosso laboratório utilizando-se como molde a seqüência gênica nativa *cry8Ka1* e introduzem às extremidade 5' e 3' do gene nativo a seqüência da enzima em questão (oligonucleotídeo 5': *SfiI* F - 5'CCCGGCCAGGC GGCCGACCACGCGTATCGA 3' e oligonucleotídeo 3': *SfiI* R - 5'CCCGGCCGGCCT GGCCGTTCAAGGAACCGTT 3'). Estes oligonucleotídeos foram então utilizados em uma reação de PCR com volume final de 25  $\mu$ L, contendo 300nM de cada oligonucleotídeo específico, 200 nM de dNTPs, 1 X do tampão para a enzima *taq* (PHT), 1 U de DNA polimerase *taq* (PHT) e 400 ng de DNA *cry8Ka1* (ativo). A amplificação foi reali-

zada em termociclador (Mastercycler Gradient – Eppendorf) sob as seguintes condições: desnaturação prévia a 95 °C por 5 minutos; uma repetição de 29 ciclos a 95 °C por 40 segundos (desnaturação), 45 °C por 40 segundos (anelamento dos oligonucleotídeos) e 72 °C por 40 segundos (Extensão da DNA polimerase) e ao final uma extensão 72 °C por 2 minutos.

A reação gerou um produto de 2000 pb (pares de base), o qual foi submetido a uma eletroforese em gel de agarose 1%, a 100 Volts por 90 minutos. O fragmento gênico foi excisado e eluído do gel de agarose utilizando-se o kit GeneClean® II (Qbiogene). Foram digeridos 100 µg do novo produto de DNA (*Sfil/cry8Ka1/Sfil*) com a enzima *Sfil* por 24 horas a 50 °C. O produto da digestão enzimática foi submetido a uma eletroforese em gel de agarose 1%, excisado e eluído do gel. Ao final, obteve-se aproximadamente 40µg do novo produto de DNA (*Sfil/cry8Ka1/Sfil*) digerido com *Sfil*.

Seguindo o protocolo da técnica de embaralhamento de DNA descrito por Stemmer, W.P.C.*et al.*, (Stemmer, W. P. C. Rapid evolution of a protein in vitro By Embaralhamento de DNA. Nature. London, 1994, Vol. 370, p. 389 - 391; Zhao, H. and Arnold, F.H. Functional and nonfunctional mutations distinguished by random recombination of homologous genes. Proc. Natl. Acad. Sci. USA., 1997, Vol. 94, p. 7997 – 8000), foi realizada a digestão, com a nuclease DNaseI, de 10µg do novo produto de DNA (*Sfil/cry8Ka1/Sfil*) digerido com *Sfil*. A reação foi conduzida em tampão próprio da enzima com 10 U da mesma e interrompida pela adição de 26 mM de EDTA (Ácido 4-acético 2-amino etileno). Após esta etapa, o produto gênico é completamente fragmentado gerando pequenos pedaços gênicos de 30 a 50 pb, os quais foram purificados com o Kit High Pure PCR Product Purification® (Roche). Os fragmentos purificados foram utilizados em uma reação de PCR, a qual seguiu as seguintes condições: 100 ng do produto puro digerido com DNaseI, 1 X do Tampão *Taq Platinum*, 2.5 mM de dNTPs, 0.5 mM de MgSO<sub>4</sub>, 2,5 U de *Taq Platinum* High Fidelity DNA polimerase. A reação de PCR foi realizada em termociclador (Mastercycler Gradient – Eppendorf) sob as seguintes condições: desnaturação prévia a 95 °C por 2 minutos, uma repetição de 43 ciclos a 95 °C por 1 minuto (desnaturação); 44 °C por 1 mi-

nuto (anelamento dos fragmentos) e 72 °C por 1 minuto com acréscimo de 5 segundos por ciclo (Extensão da DNA polimerase) e ao final uma extensão 72 °C por 7 minutos.

Esta reação de embaralhamento de DNA é conduzida sem a adição de oligonucleotídeos, o que gera ao final um montante de fragmentos de tamanhos variados. Este novo produto é então utilizado na segunda reação de PCR como molde, nas seguintes condições: 1/3 do volume do produto da primeira reação (molde), 1 X do Tampão *Taq Platinum*, 0,2 mM dNTPs, 0,8 µM dos oligonucleotídeos específicos *SfiI* F e *SfiI* R, 2mM de MgSO<sub>4</sub> e 25 U na mistura de 1:1 *Taq Platinum High Fidelity* (Invitrogen)/*Taq PHT*. A reação de amplificação foi realizada em termociclador (Mastercycler Gradient – Eppendorf) sob as seguintes condições: desnaturação prévia a 95 °C por 2 minutos, uma repetição de 10 ciclos a 95 °C por 30 segundos (desnaturação); 45 °C por 30 segundos (anelamento dos fragmentos), 72 °C por 1 minuto (extensão da DNA polimerase), outra repetição de 14 ciclos a 95 °C por 30 segundos (desnaturação), 43 °C por 30 segundos (anelamento do produto), 72 °C por 42 segundos (extensão da DNA polimerase) com acréscimo de 20 segundos por ciclo e ao final uma extensão 72 °C por 7 minutos.

Sendo assim, o gene original é reconstituído com modificações em sua estrutura nucleotídica, seja pela introdução, deleção ou substituição de nucleotídeos. Este produto final, reconstruído foi submetido a uma eletroforese em gel de agarose 1%, a 100 Volts por 90 minutos, excisado e eluído do gel com o Kit GeneClean<sup>®</sup> II (Qbiogene). O produto purificado, aproximadamente 25 µg, foi então digerido com a enzima de restrição *SfiI* (condições anteriores) e submetido a uma eletroforese em gel de agarose 1%, a 100 Volts por 90 minutos. A banda no tamanho aproximado do gene original (aproximadamente 2000 pb) foi excisada do gel e o DNA eluído pelo GeneClean<sup>®</sup> II Kit (Qbiogene) (Figura 9).

O produto final (população de genes recombinados) com adaptadores específicos torna-se apto à clonagem no vetor pCOMB3X (Andris-Widhopf, J.; Rader, C.; Steinberger, P.; Fuller, R., Barbas III, C. F. Methods

for the generation of chicken monoclonal antibody fragments by *Phage display*. *Journal of Immunological Methods*, 242: 159-181, 2000). Assim, os novos genes reconstruídos (análogos ao gene nativo *cry8Ka1*) foram clonados no vetor com auxílio da enzima T4 DNA Ligase<sup>®</sup> (Invitrogen) e este utilizado para transformar células de *Escherichia coli* XL1-Blue<sup>®</sup> (Stratagene), via eletroporação, nas seguintes condições: capacitância 25 uFD, resistência 200  $\Omega$ , voltagem 2,5 KVolts. Os transformantes foram então semeados em placas contendo meio de cultura Luria-Bertani Agar e Ampicilina<sup>®</sup> USB (100  $\mu$ g/mL). Após 17 horas a 37 °C as colônias crescidas em meio seletivo indicam o título da biblioteca contendo  $10^5$  transformantes.

Esta biblioteca de análogos de *cry8Ka1* gerada por embaralhamento de DNA e fusionados a proteína III do capsídeo do fago filamentoso M13 (fagos de fusão) foi então selecionada pela técnica de apresentação de proteínas na superfície de bacteriófagos - *Phage Display* (Barbas III, C. F.; Burton, D. R., Scott, J. K., Silverman, G. J. Selection from antibody libraries. In: *Phage display – A Laboratory Manual – USA: Cold Spring Laboratory, 10.1 – 10.20, 2001*) utilizando como ligantes BBMV de *A. grandis* (Francis, B. R., Maaty, W. S. A., Bulla- Jr, L. A. Effects of Midgut-Protein-Preparative and Ligand Binding Procedures on the Toxin Binding Characteristics of BT-R1, a Common High-Affinity Receptor in *Manduca sexta* for Cry1A *Bacillus thuringiensis* Toxins. *Applied and Environmental Microbiology*. June 1998, Vol. 64, No. 6, p. 2158–2165).

O cultivo de células de *E. coli* XL1-Blue transformadas, em meio SB contendo 100 $\mu$ g mL<sup>-1</sup> carbenicilina, 5 $\mu$ g mL<sup>-1</sup> tetraciclina, foi incubado em 37°C com agitação até atingir densidade óptica  $A_{550} = 0.6-0.8$ . Então,  $1 \times 10^{12}$  pfu mL<sup>-1</sup> do fago auxiliar (VCSM13<sup>®</sup> Stratagene) foi adicionado para produzir fagos de fusão contendo os análogos do *cry8Ka1*, incubados por 2 h a 37°C. Adicionou-se Canamicina 100 $\mu$ g mL<sup>-1</sup>, e a incubação seguiu por 12 h a 37°C. As células coletadas por centrifugação foram guardadas a -20 °C para posterior preparação de DNA. Os fagos de fusão foram precipitados com PEG-8000 (4% p/v) durante 30 minutos no gelo e após centrifugação ressuspendidos em 2 mL of 1% (p/v) ASB (Albumina de soro bovino) em solu-

ção salina. Coletados após centrifugação, a preparação de fagos de fusão é utilizada nos ciclos de seleção.

No procedimento de seleção por afinidade de ligação, os fagos fusionados foram depositados em poços de uma placa de microtitulação previamente sensibilizados com BBMV's ( $100 \mu\text{g } \mu\text{L}^{-1}$ ), extraídas da membrana do intestino de larvas do bicudo do algodoeiro. A cada ciclo de seleção, os poços são lavados com solução PBS-Tween ( $137 \text{ mM NaCl}$ ,  $2.7 \text{ mM KCl}$ ,  $12 \text{ mM Na}_2\text{HPO}_4$ ,  $1.2 \text{ mM KH}_2\text{PO}_4$  and  $0.05\% \text{ Tween } 20^{\text{®}}$ ) e, os fagos específicos, eluídos em baixo pH, são usados para transfectar novas células de *E. coli*. As partículas de fagos amplificadas são utilizadas no sucessivo ciclo de seleção. O procedimento envolveu cinco ciclos de lavagem, eluição e amplificação. A titulação das colônias coletadas em cada ciclo é feito pelo plaqueamento de colônias em diluições seriais em meio SB-agar contendo carbenicilina  $100 \mu\text{g mL}^{-1}$ . As colônias isoladas do montante de fagos específicos eluídos no quinto ciclo de seleção (apresentando o maior título e portanto, representando o ciclo de enriquecimento de fagos específicos) Figura 10 foram amplificadas com oligonucleotídeos específicos para o gene *cry8Ka1*. Colônias mostrando amplificação em PCR e contendo aproximadamente 2000bp (tamanho do gene original) foram selecionadas para a expressão em fagos Figura 11.

O gene *cry8Ka1* e os genes análogos selecionados no quinto ciclo de seleção foram expressados em meio seletivo (1% MOPS, 2% Extrato de Levedura, 3% triptona,  $100 \mu\text{g mL}^{-1}$  ampicilina,  $5 \mu\text{g mL}^{-1}$  tetraciclina,  $100 \mu\text{g mL}^{-1}$  Canamicina, pH 7.0) contendo o fago auxiliar VCSM13, com incubação de 18 h a  $37^{\circ}\text{C}$ . O cultivo foi centrifugado e os fagos coletados precipitados com solução PEG-NaCl (20% Polietileno-Glicol 8000, 15% Cloreto de Sódio) durante 30 minutos no gelo. Após a centrifugação os fagos foram ressuspensos em solução salina TBS ( $5 \text{ mM Tris-HCl}$ ,  $15 \text{ mM NaCl}$ , pH 7.5), novamente centrifugados, coletados e armazenados a  $4^{\circ}\text{C}$  para utilização imediata em bioensaios.

Os análogos selecionados foram avaliados por meio de bioensaios seletivos contra as larvas de *Anthonomus grandis*, sendo aqueles que



apresentaram maior atividade entomotóxica submetidos a uma reação de seqüenciamento nas seguintes condições: 400-800 ng de DNA plasmidial contendo os análogos e 4 pM de oligonucleotídeos específicos (*Sfi*I R e *Sfi*I F) em um seqüenciador automático modelo 3130 xL Genetic Analyzer (APPLIED BIOSYSTEMS).

Ao final, foram selecionadas quatro seqüências análogas ao novo gene *cry8Ka1*, as quais estão discriminadas na Tabela 2. As novas moléculas geradas pela recombinação do gene *cry8Ka1* apresentaram diferenças significativas de 13,29 a 16,33% pares de bases e de 2,10 a 5,11% de resíduos de aminoácidos modificados (Tabela 2). Para a análise das seqüências e classificação das mesmas como análogas do gene nativo *cry8Ka1*, estas moléculas foram agrupadas por similaridade de seqüências nucleotídicas obedecendo ao sistema de nomenclatura para toxinas Cry ([http://www.lifesci.sussex.ac.uk/home/Neil\\_Crickmore/Bt/](http://www.lifesci.sussex.ac.uk/home/Neil_Crickmore/Bt/)). Devido a uma variação  $\leq 5\%$  entre as toxinas análogas e a toxina nativa *Cry8Ka1*, as novas seqüências foram classificadas na família das toxinas *Cry8*, sendo posteriormente nomeadas de *Cry8Ka2*, *Cry8Ka3*, *Cry8Ka4* e *Cry8Ka5* (Tabela 2) (SEQ ID N° 5-12).

**Tabela 2. Modificações de bases nucleotídicas e de resíduos de aminoácidos gerados pela técnica de embaralhamento de DNA no gene *cry8Ka1* e mortalidade de larvas neonatas de *Anthonomus grandis* alimentadas com as proteínas expressas no sistema de fago.**

Gene	Nucleotídeos		Aminoácidos		DL 50 (%)
	Pares de base	Modificados (%)	Resíduos	Modificados (%)	
<i>cry8Ka1</i>	2001	-	666	-	36,1
<i>cry8Ka2</i>	1982	13,29	660	2,1	54,6
<i>cry8Ka3</i>	1991	13,25	663	2,84	63
<i>cry8Ka4</i>	1989	14,1	663	2,99	50
<i>cry8Ka5</i>	1947	16,33	649	5,11	77,08

Apesar do elevado número de mutações nucleotídicas nas seqüências geradas (de 13 a 16%) ocorreram poucas modificações de resí-

duos de aminoácidos (de 2 a 5%) sendo gerado também a deleção de resíduos de aminoácido na extremidade 5' das variantes. A nova molécula Cry8Ka5 se mostrou aproximadamente 3 vezes mais ativa que a molécula original (Cry8Ka1) exibindo uma mortalidade de 77% das larvas neonatas alimentadas com dieta contendo 6 µg de proteína por mL de dieta (Figura 12).

**Exemplo 6** – Determinação da estrutura terciária *in silico* das toxinas nativa Cry8Ka1 e análoga Cry8Ka5.

As estruturas terciárias das toxinas Cry8Ka1 e do análogo Cry8Ka5 foram preditas *in silico*, sendo modeladas pela modelagem molecular utilizando como molde as estruturas de cristal das toxinas Cry3Bb1 e Cry3A (1ji6.pdb; Galitsky, N., Cody, V.; Wojtczak, A.; Ghosh, D.; Luft, J. R.; Pangborn, W. & English, L. Structure of insecticidal bacterial δ-endotoxin Cry3Bb1 of *Bacillus thuringiensis*. Acta Crystallographica, Section D, Biological Crystallography, 57: 1101-1109, 2001) e Cry3A (1dlc.pdb; Li, J.; Carrol, J., Ellar, D. J. Crystal structure of insecticidal δ-endotoxin from *Bacillus thuringiensis* at 2.5Å resolution. Nature, 353: 815–821, 1991) depositadas no Banco de Dados de estrutura de Proteínas (PDB), O alinhamento de sequências múltiplas contendo as sequencias das estruturas moldes e da toxinas para modelar foi submetido para o programa Modeller Version 9.2 (Sali A, Blundell TL: Comparative protein modelling by satisfaction of spatial restraints. *J Mol Biol* 1993, 234(3):779-815).

Os modelos obtidos pelo programa Modeller foram analisados quanto suas propriedades estereoquímicas pelo programa PROCHECK (Laskowski RA, Macarthur MW, Moss DS, Thornton JM: Procheck - a Program to Check the Stereochemical Quality of Protein Structures. *Journal of Applied Crystallography* 1993, 26:283-291).

Os modelos de Cry8Ka1 e do análogo Cry8Ka5 mostraram o mesmo esqueleto estrutural, sendo diferenças observadas apenas nas cadeias laterais dos aminoácidos substituídos no análogo. As estruturas original e análoga Cry8Ka5 apresentam os três domínios funcionais conservados (I, II, e III), típicos das toxinas Cry, sendo todas as mutações e/ou substitui-

ções localizadas na superfície externa da molécula (Figura 13).

**Exemplo 7** – Bioensaios seletivos contra o bicudo-do-algodoeiro para determinação da atividade entomotóxica da nova  $\delta$ -endotoxina recombinante Cry8Ka1 e seus análogos Cry8Ka2, Cry8Ka3, Cry8Ka4 e Cry8Ka5.

5 Os bioensaios seletivos foram realizados seguindo as mesmas condições previamente descritas no exemplo 3 desta invenção. A Figura 14 demonstra os resultados referentes as atividades entomotóxicas determinadas.

10 **Exemplo 8** – Desenho de um gene *cry8Ka1* sintético otimizado para expressão em plantas de algodão.

O desenho do gene *cry8Ka1* sintético foi baseado na seqüência do gene *cry8Ka1* nativo, incluindo os três domínios responsáveis pela atividade inseticida, constituída de 666 aminoácidos. No desenho do gene *cry8Ka1* sintético foram modificados 262 pares de base, resultando na eliminação de 25 possíveis sinais de poliadenilação, 17 motivos de instabilidade, 95 códons pouco usados em plantas e no aumento do conteúdo de G-C de 35.6 para 43.8%. A seqüência protéica final do gene *cry8Ka1* sintético (SEQ ID N° 4) é idêntica a seqüência original (SEQ ID N° 2). Um resumo das modificações introduzidas é apresentado na Tabela 3.

20 **Tabela 3. Modificações introduzidas na seqüência nucleotídica do gene *cry8Ka1* sintético e os parâmetros levados em consideração para modificações da seqüência (SEQS ID 03 e 04).**

Pares de base (pb)	Segmento N-terminal domínios I, II & III do gene <i>Cry8Ka1</i>	<i>Cry8Ka1</i> sintético
	1998 pb = 666 aa	1998 pb = 666 aa
A	690	558
T	597	565
C	333	441
G	378	434
A+T	1287 (64.4%)	1123 (56.2%)
C+G	711 (35.6%)	875 (43.8%)
pb modificados	0	262 (13%)
Códons modificados	0	261 (39%)

	Segmento N-terminal domínios I, II & III do gene <i>Cry8Ka1</i>	<i>Cry8Ka1</i> sintético
Pares de base (pb)	1998 pb = 666 aa	1998 pb = 666 aa
Motivo ATTTA	17	0
Sítios de poliadeni- lação putativos	26	1
Códons NCG	23	0
Códons NTA	72	0

Para modificar a seqüência do gene *cry8Ka1* foi utilizada a metodologia Ligação Direta do Molde por Reação da Polimerase em Cadeia – TDL-PCR, descrita por Strizhov et al. (Strizhov, N.; Keller, M.; Mathur, J.; Koncz-Kálmán, K.; Bosch, D.; Prudovsky, E.; Schell, J.; Sneh, B.; Koncz, C.; Zilberstein, A. A synthetic *cryIC* gene, encoding a *Bacillus thuringiensis* endotoxin, confers *Spodoptera* resistance in alfalfa and tobacco. Proc. Natl. Acad. Sci. USA, v. 93, p. 15012-15017, 1996)

A seqüência do gene *cry8Ka1* foi dividida em três blocos denominados A, B e C com 595, 665 e 753 pb, respectivamente. Os blocos A e B são delimitados por um sítio de *Nde* I e os blocos B e C por um sítio de *Spe* I. Para a síntese do bloco A foram desenhados 6 ‘oligonucleotídeos’, para o bloco B, 7 ‘oligonucleotídeos’ e para o bloco C, 9 ‘oligonucleotídeos’. Os oligonucleotídeos nas extremidades de cada bloco contêm seqüências únicas não complementares ao gene original, para a posterior amplificação seletiva por PCR. Dentro de cada bloco não há sobreposição na seqüência dos oligonucleotídeos.

**Exemplo 9** – Construção do gene sintético *cry8Ka1* otimizado para expressão em plantas de algodão.

Resumidamente, a metodologia utilizada, ‘template directed ligation-PCR’ – TDL-PCR, descrita por Strizhov et al. (Strizhov, N.; Keller, M.; Mathur, J.; Koncz-Kálmán, K.; Bosch, D.; Prudovsky, E.; Schell, J.; Sneh, B.; Koncz, C.; Zilberstein, A. A synthetic *cryIC* gene, encoding a *Bacillus thuringiensis* endotoxin, confers *Spodoptera* resistance in alfalfa and tobacco. Proc. Natl. Acad. Sci. USA, v. 93, p. 15012-15017, 1996), consiste das se-

guintes etapas: (1) Análise da seqüência e síntese química dos oligonucleotídeos com as modificações a serem introduzidas; (2) Produção de DNA fita simples, da seqüência do gene, e que será utilizado como molde na etapa subsequente; (3) Anelamento dos oligonucleotídeos com o DNA molde fita simples, parcialmente complementar, derivado do gene original, e ligação dos oligos utilizando uma DNA ligase; (4) Amplificação seletiva e síntese da segunda fita do DNA sintético por PCR, com oligonucleotídeos complementares apenas ao DNA sintético; (5) Montagem do gene, subclonagem e seqüenciamento.

10                   A Tabela 3 mostra as modificações introduzidas na seqüência nucleotídica do gene *cry8Ka1* sintético. A Tabela também mostra os parâmetros levados em consideração para modificações da seqüência.

15                   Modificações das concretizações aqui apresentadas, relacionadas com a presente invenção, poderão ser idealizadas por especialistas na matéria a que esta invenção se refere, partindo-se dos ensinamentos apresentados na presente descrição e respectivas Figuras. Portanto, entende-se que a invenção não se limita às concretizações especificamente divulgadas e que eventuais modificações e outras concretizações podem ser incluídas dentro do escopo da invenção aqui divulgada.

20                   Todas as publicações e os pedidos de patentes mencionados no relatório descritivo são indicativos do estado da técnica à qual pertence esta invenção. Todas as publicações e os pedidos de patentes são aqui incorporados por referência.

## REIVINDICAÇÕES

1. Molécula de ácido nucléico isolada caracterizada por codificar uma proteína com atividade sobre insetos-praga onde a referida molécula compreende uma seqüência nucleotídica capaz de codificar uma proteína tendo ao menos 95% de identidade com a seqüência de aminoácidos da seqüência SEQ ID Nº. 2.
2. Molécula de ácido nucléico isolada de acordo com a reivindicação 1, caracterizada pelo fato de o inseto praga ser preferencialmente o bicudo-do-algodoeiro.
3. Molécula de ácido nucléico isolada caracterizada por apresentar os domínios I, II e III, original e/ou otimizada para expressão em plantas, onde a seqüência nucleotídica compreende a seqüência descrita na SEQ ID Nº. 3.
4. Construção gênica caracterizada por compreender:
  - a) um polinucleotídeo compreendendo a seqüência descrita em SEQ ID Nº. 3; e
  - b) um promotor ativo, operacionalmente ligado ao polinucleotídeo definido em (a).
5. Vetor caracterizado por compreender a molécula de ácido nucléico isolada de acordo com a reivindicação 1, ou um fragmento desta.
6. Vetor de acordo com a reivindicação 5, caracterizado pelo fato de o referido vetor ser capaz de promover a expressão da molécula de interesse ou um fragmento desta.
7. Célula transgênica caracterizada por conter uma seqüência polinucleotídica otimizada para expressão em plantas, onde o polinucleotídeo compreende a seqüência descrita na SEQ ID Nº. 3.
8. Célula transgênica de acordo com a reivindicação 7, caracterizada pelo fato de a célula consistir de uma célula vegetal.
9. Célula transgênica de acordo com a reivindicação 7, caracterizada pelo fato de a célula consistir de uma célula microbiana.
10. Método para obtenção de uma célula transgênica, caracterizado por compreender as seguintes etapas:

a) transformar uma célula com uma construção gênica de acordo com a reivindicação 4; e

b) regenerar a célula transformada, contendo a construção gênica de interesse estavelmente inserida em seu genoma, sob condições ideais de crescimento em cultura celular; e

c) expressar o produto gênico da construção inserida na célula regenerada.

11. Método de acordo com a reivindicação 10, caracterizado pelo fato de a célula ser de um microorganismo.

12. Método de acordo com a reivindicação 11, caracterizado pelo fato de o microorganismo ser uma bactéria colonizadora de raiz.

13. Método de acordo com a reivindicação 10, caracterizado pelo fato de a célula ser uma célula vegetal.

14. Método para obtenção de uma planta transgênica caracterizado por compreender as seguintes etapas:

a) transformar uma célula de planta com uma construção gênica de acordo com a reivindicação 4;

b) cultivar a célula transformada, contendo a construção gênica de interesse estavelmente inserida em seu genoma, sob condições ideais de crescimento em cultura celular; e

c) regenerar uma planta transgênica expressando o produto da construção inserida, a partir da célula transformada.

15. Método de acordo com a reivindicação 14 caracterizado pelo fato de a planta ser monocotiledônea ou dicotiledônea.

16. Método de acordo com a reivindicação 15 caracterizado pelo fato de a dicotiledônea ser uma planta de algodão.

17. Polipeptídeo isolado e purificado, caracterizado por compreender a seqüência de aminoácidos como descrito na SEQ ID N<sup>o</sup>. 2.

18. Polipeptídeo de acordo com a reivindicação 17, caracterizado por exibir atividade inseticida, quando administrado oralmente, a larvas de insetos susceptíveis.

19. Polipeptídeo de acordo com a reivindicação 17, caracteriza-

do por exibir atividade inseticida, quando fornecido em uma dieta administrada oralmente a uma larva de inseto coleóptero.

20. Polipeptídeo de acordo com a reivindicação 19, caracterizado pelo fato de a larva de inseto ser uma larva de bicudo-do-algodoeiro.

5 21. Polipeptídeo isolado, caracterizado pelo fato deste ser codificado por um segmento de ácido desoxirribonucléico nucléico compreendendo a fase aberta de leitura descrita na SEQ ID N<sup>o</sup>. 3, do nucleotídeo 001 ao nucleotídeo 2001.

10 22. Polipeptídeo isolado de acordo com as reivindicações 17 e 21, caracterizado por ser uma  $\delta$ -endotoxina.

23. Composição pesticida biodegradável caracterizada por compreender uma concentração eficaz do polipeptídeo isolado de acordo com a reivindicação 22 ou análogo mutante, em um veículo carreador agronomicamente aceitável.

15 24. Composição pesticida biodegradável de acordo com a reivindicação 23, caracterizada pelo fato de o veículo carreador aceitável ser um microorganismo transformado.

20 25. Composição pesticida biodegradável de acordo com a reivindicação 23, caracterizada pelo fato de que um veículo carreador aceitável pode ser um agente superfície-ativo, um veículo carreador inerte, um preservativo, um umectante, um estimulante de alimentação, um atrativo, um agente encapsulante, um ligante, um emulsificador, um corante, um protetor uv (ultra-violeta), um tampão, um agente de fluxo ou fertilizante, doadores de micronutriente, ou outras preparações que influenciam o crescimento da  
25 planta.

26. Composição pesticida biodegradável de acordo com a reivindicação 23, caracterizada pelo fato de o polipeptídeo de acordo com a reivindicação 22 ser usado em combinação com  $\delta$ -endotoxinas Bt ou outras proteínas inseticidas.

30 27. Método para o controle de uma praga caracterizado por compreender:

a) detectar a ocorrência da praga em um ambiente;



b) promover o contato da praga com uma proteína pesticida isolada ou com uma composição da invenção, em que a referida proteína consiste da seqüência de aminoácidos descrita em SEQ ID N°. 4.

28. Método de obtenção de linhagens transgênicas resistentes a um inseto praga, caracterizado por compreender as seguintes etapas:

a) transformar uma cultivar de interesse com uma construção gênica de acordo com a reivindicação 4;

b) regenerar linhagens transgênicas contendo a referida construção estavelmente integrada em seus genomas;

c) selecionar as linhagens transgênicas com os maiores níveis de expressão da  $\delta$ -endotoxina da invenção.

1/75

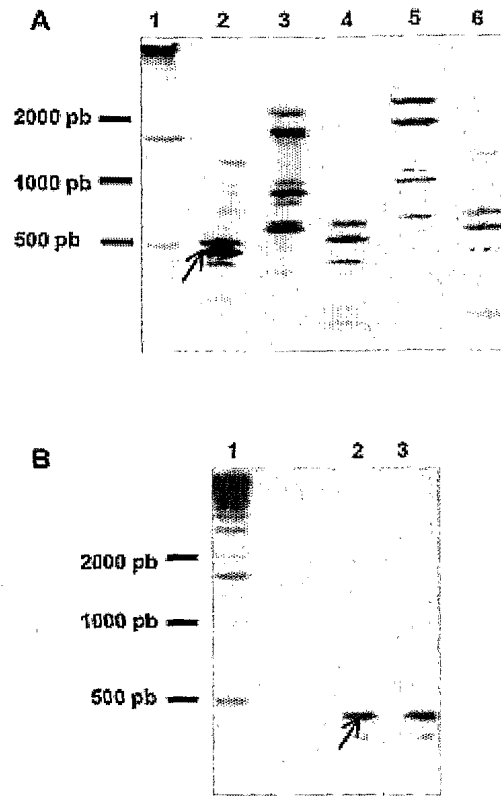


Fig. 1

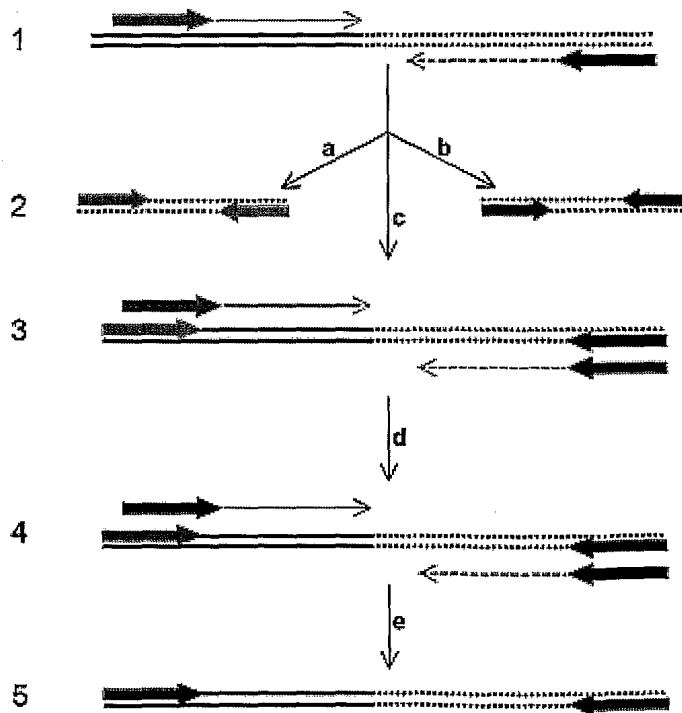


Fig. 2

2/75

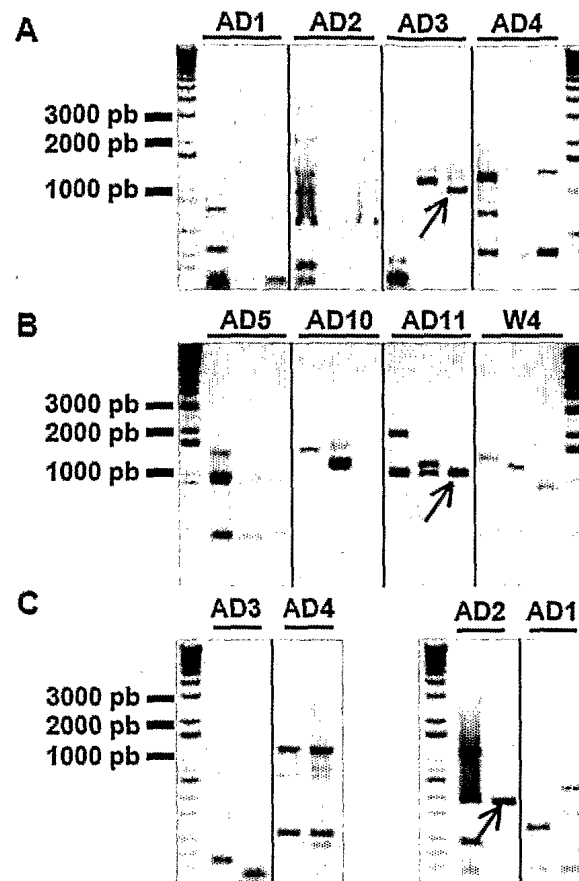


Fig. 3

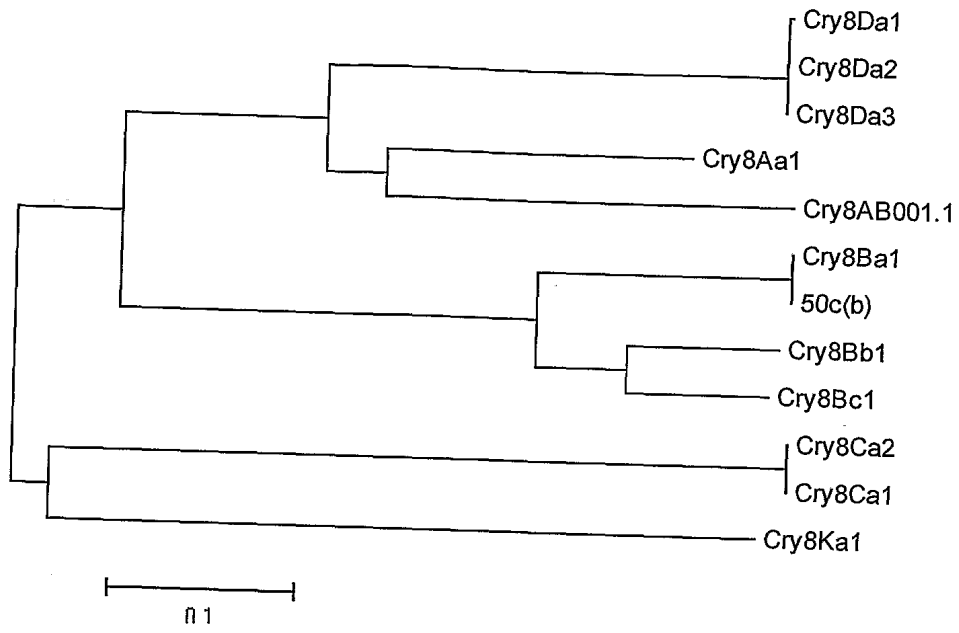


Fig. 4

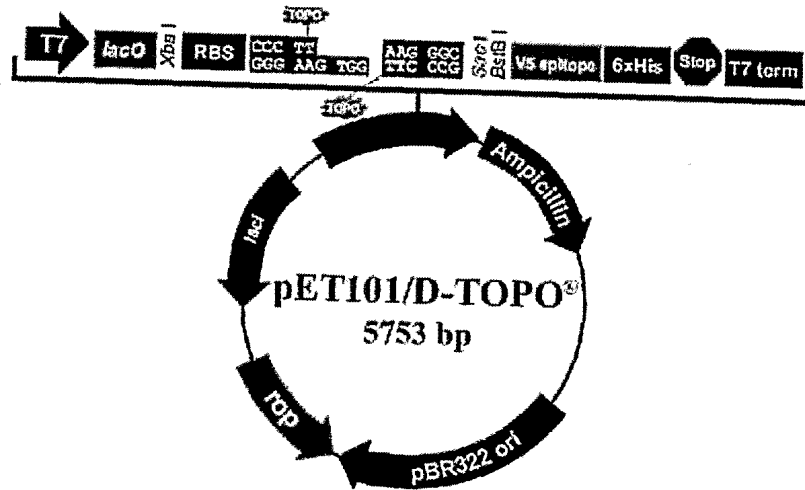


Fig. 5

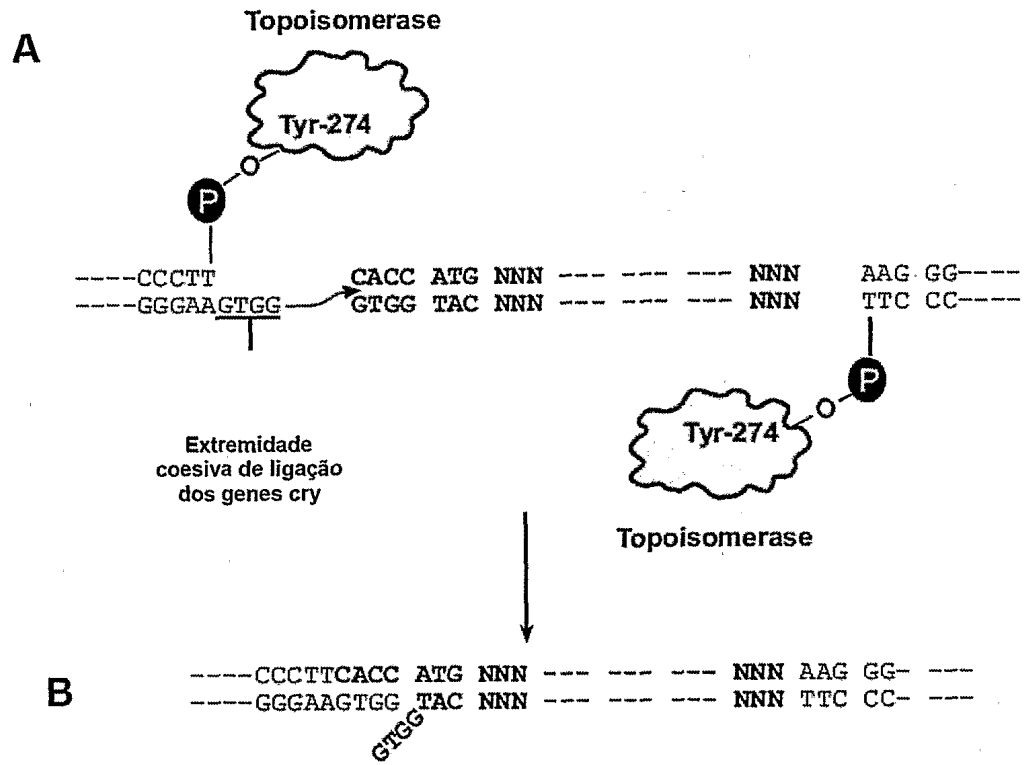


Fig. 6

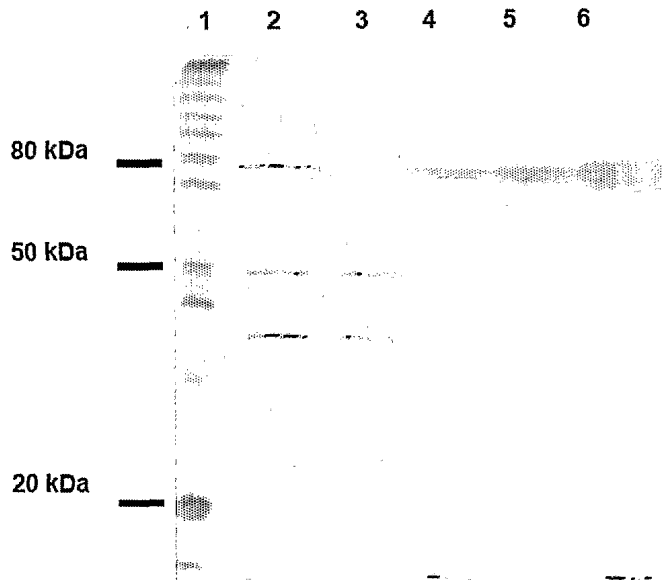


Fig. 7

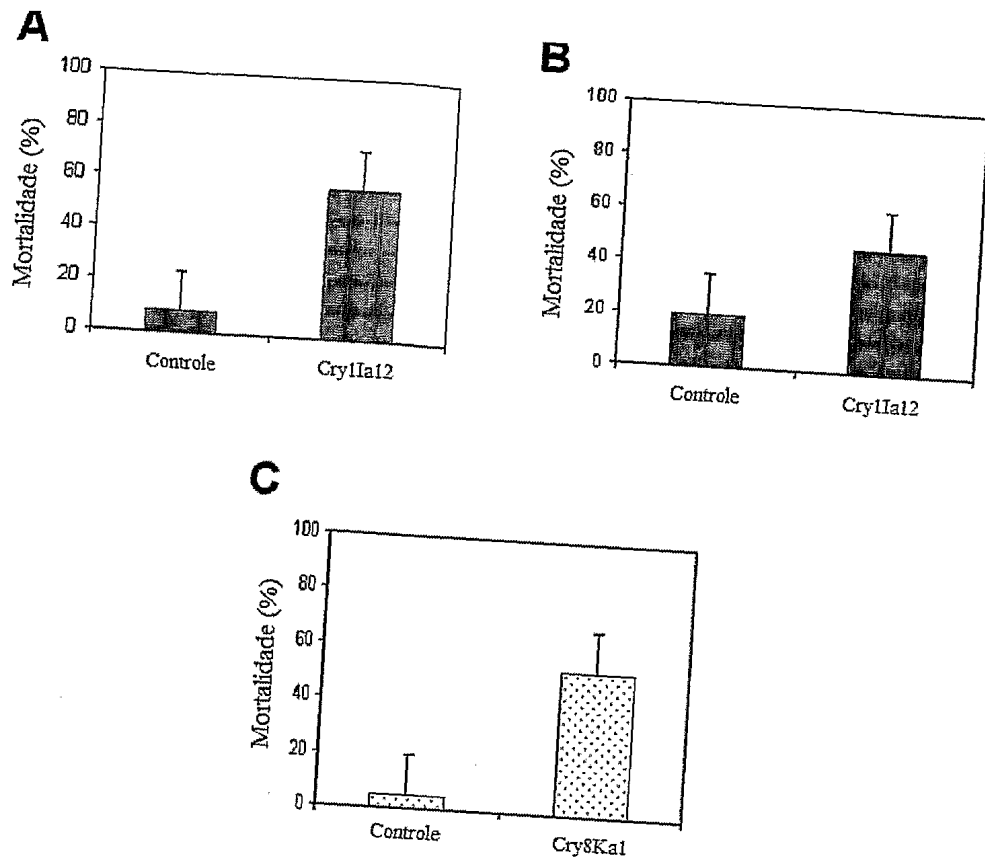


Fig. 8

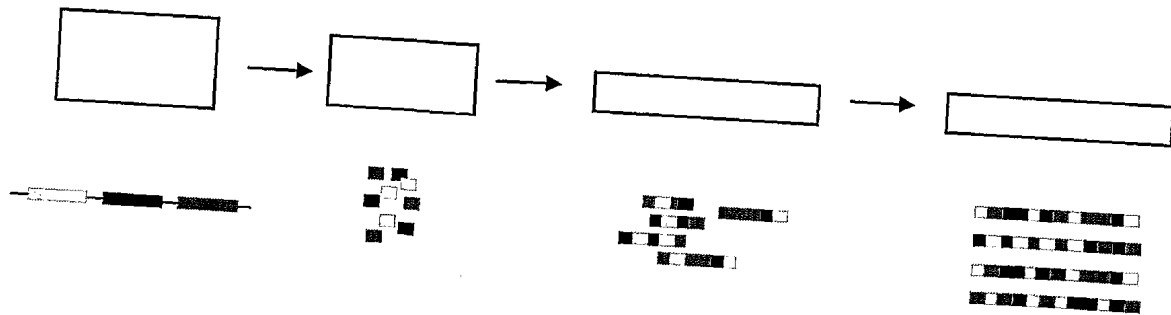


Fig. 9

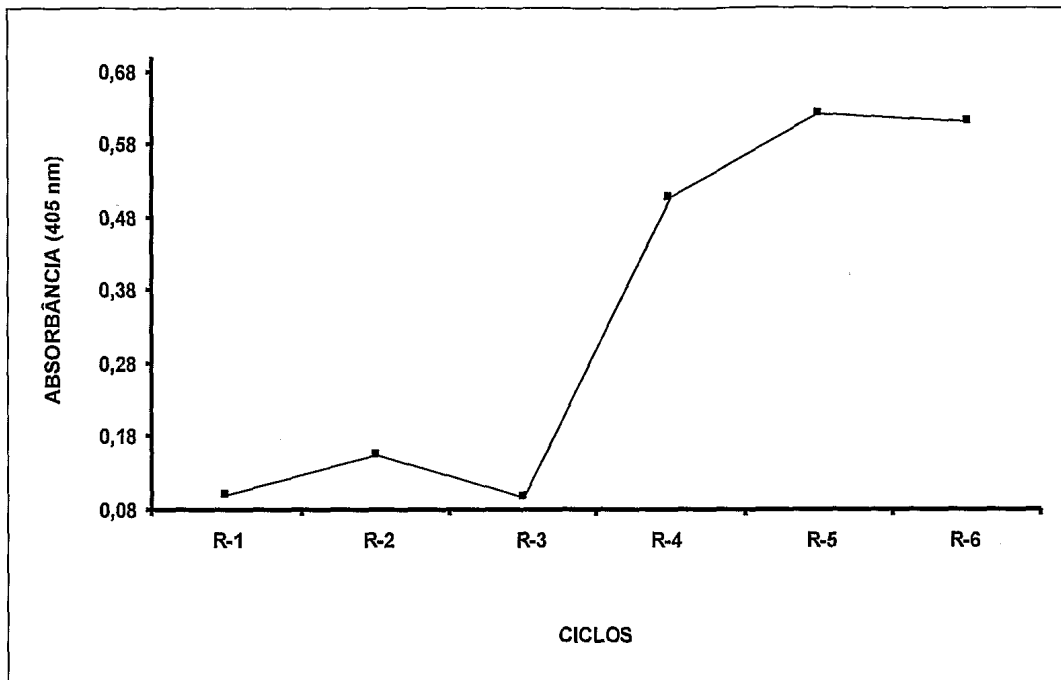


Fig. 10

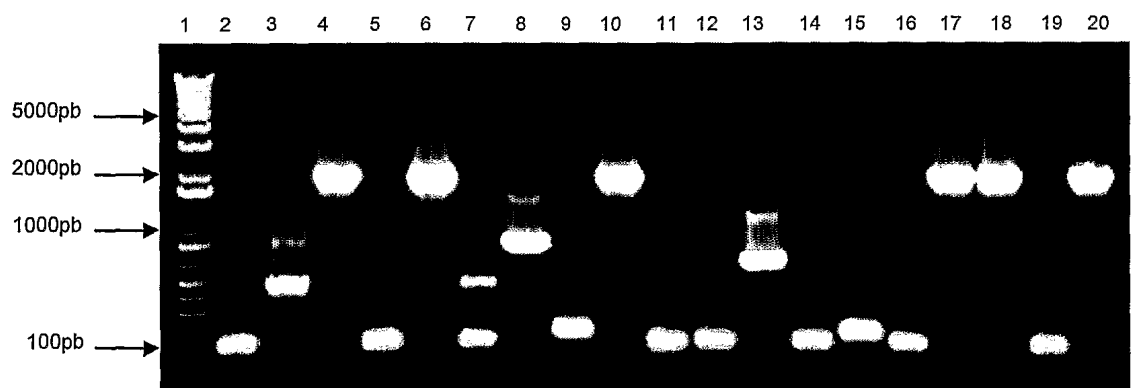


Fig. 11

7/75

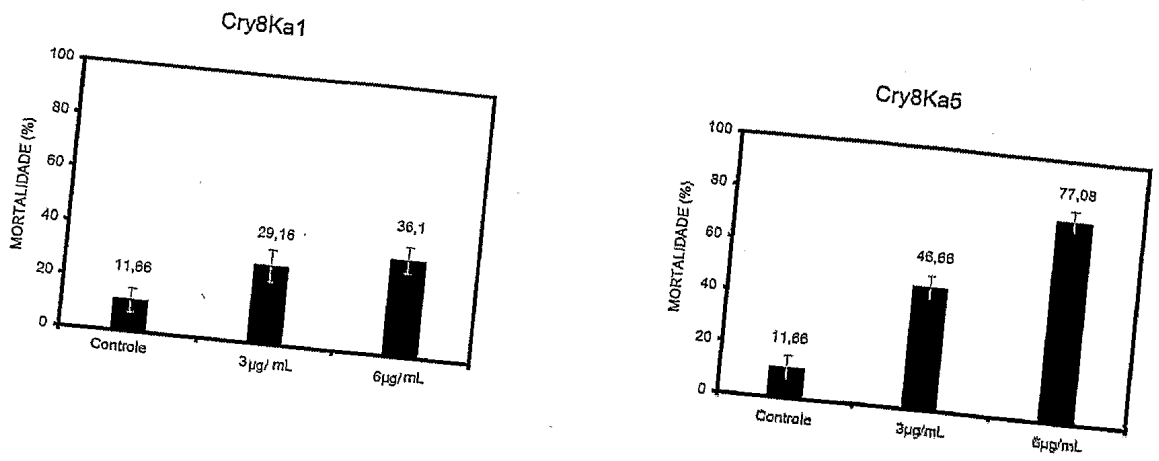


Fig. 12

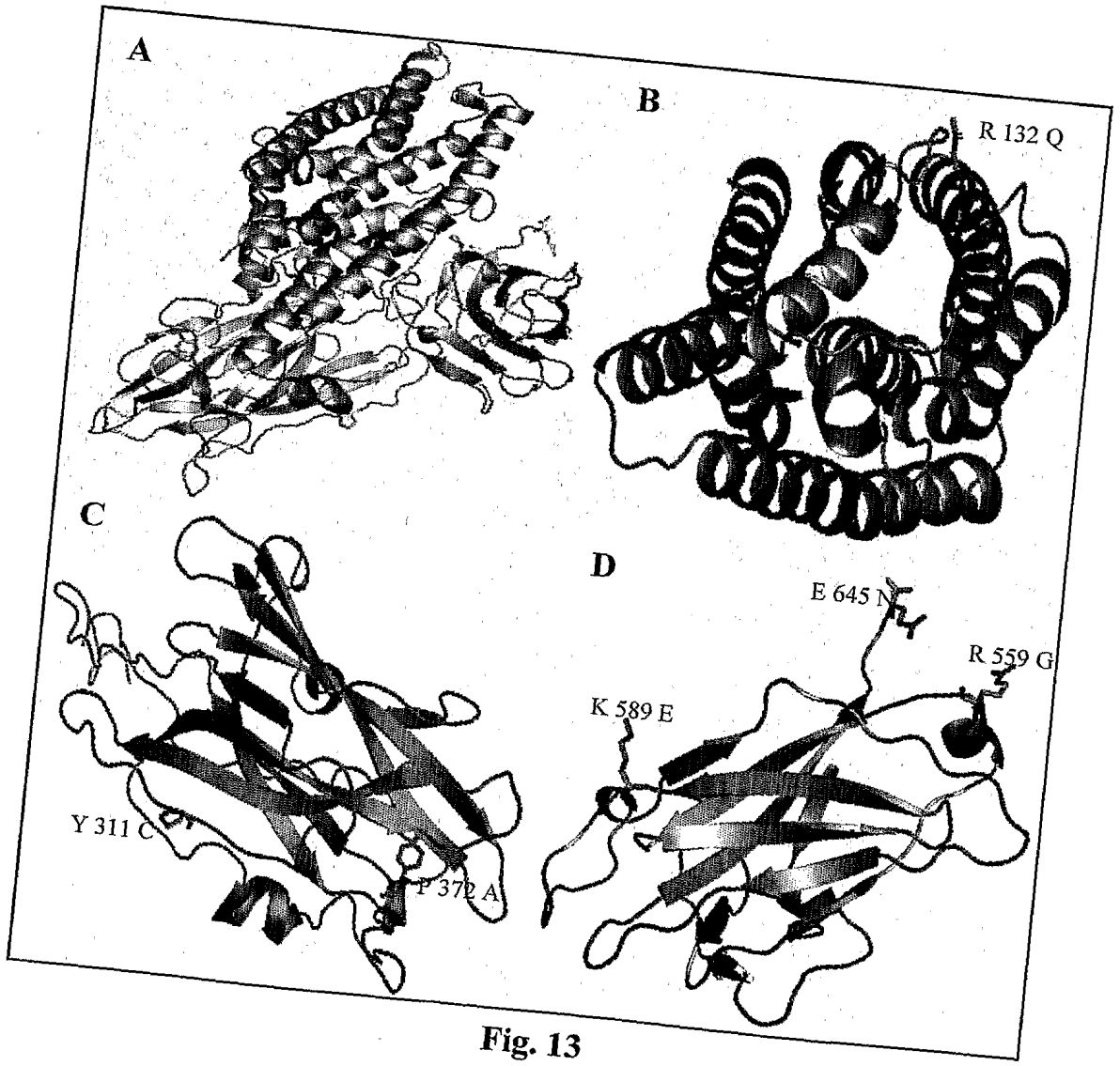


Fig. 13



8/75

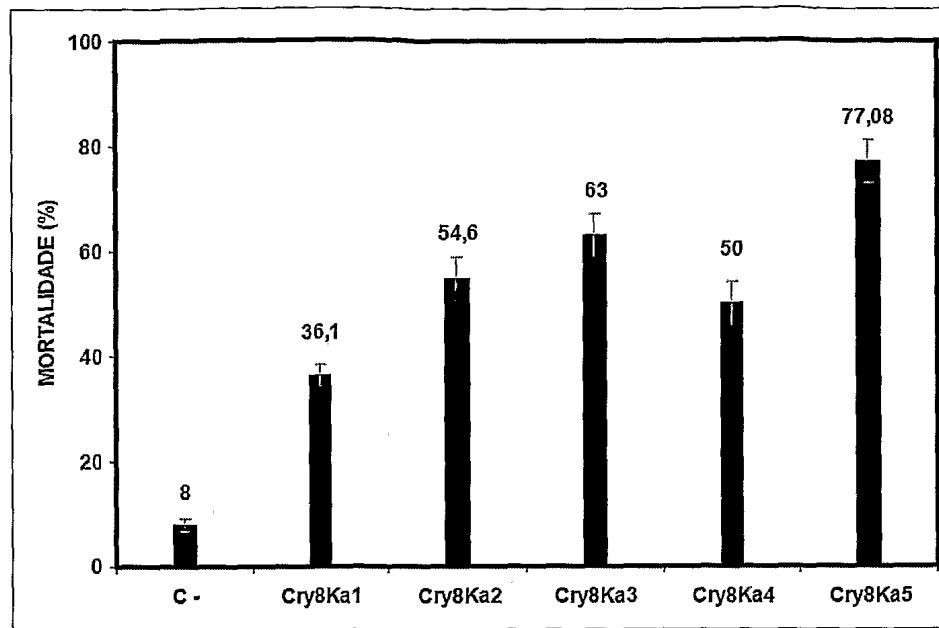


Fig. 14

Fig. 15 (ABAIKO)

Cry8Bb1\_Seq\_15 ATGAGTCCAAATAATCAAAATGAATATGAAATTATAGATGCGACACCTTCTACTTCTGTA 60  
Cry8Bb1\_Seq\_17 ATGAGTCCAAATAATCAAAATGAATATGAAATTATAGATGCGACACCTTCTACTTCTGTA 60  
Cry8AB00.1\_Seq\_5 ATGAGTCCAAATAATCAAAATGAATATGAAATTATAGATGCGACACCTTCTACTTCTGTA 60  
50C\_b ATGAGTCCAAATAATCAAAATGAATATGAAATTATAGATGCGACACCTTCTACTTCTGTA 60  
Cry8AB00.1\_Seq\_3 ATGAGTCCAAATAATCAAAATGAATATGAAATTATAGATGCGACACCTTCTACTTCTGTA 60  
Cry8Ka1 ATGAGTCCAAATAATCAAAATGAATATGAAATTATAGATGCGACACCTTCTACTTCTGTA 60  
\*\*\*\*\*

Cry8Bb1\_Seq\_15 TCCAATGATTCTAACAGATACCCTTTTGGCAATGAGCCAACAAATGCGCTACAAAATATG 120  
Cry8Bb1\_Seq\_17 TCCAATGATTCTAACAGATACCCTTTTGGCAATGAGCCAACAAATGCGCTACAAAATATG 120  
Cry8AB00.1\_Seq\_5 TCCAATGATTCTAACAGATACCCTTTTGGCAATGAGCCAACAAATGCGCTACAAAATATG 120  
50C\_b TCCAATGATTCTAACAGATACCCTTTTGGCAATGAGCCAACAAATGCGCTACAAAATATG 120  
Cry8AB00.1\_Seq\_3 TCCAATGATTCTAACAGATACCCTTTTGGCAATGAGCCAACAAATGCGCTACAAAATATG 120  
Cry8Ka1 TCTAATGATTCTAACAGATACCCTTTATGCGAATGAGCCCAAAATGCGTTACAAAATATG 120  
\*\* \*\*\*\*\*

Cry8Bb1\_Seq\_15 GATTATAAAGATTATTTAAAAATGCTGCGGGAAATGCTAGTGAATACCCTGGTTCACCT 180  
Cry8Bb1\_Seq\_17 GATTATAAAGATTATTTAAAAATGCTGCGGGAAATGCTAGTGAATACCCTGGTTCACCT 180  
Cry8AB00.1\_Seq\_5 GATTATAAAGATTATTTAAAAATGCTGCGGGAAATGCTAGTGAATACCCTGGTTCACCT 180  
50C\_b GATTATAAAGATTATTTAAAAATGCTGCGGGAAATGCTAGTGAATACCCTGGTTCACCT 180  
Cry8AB00.1\_Seq\_3 AATTATAAGGATTATTTAAGAATGCTGAGGGGATGATAGTGAATATTTGGTTCACCT 180  
Cry8Ka1 AATTATAAGGATTATTTAAGAATGCTGAGGGTACGATAAATAATTTTGGCAATCCT 180  
\*\*\*\*\* \*\* \* \* \* \* \* \*\* \*

Cry8Bb1\_Seq\_15 GAAGTACTTGTAGCGGACAAGATGCAGCTAAGGCCGCAATTGATATAGTAGGTAATTA 240  
Cry8Bb1\_Seq\_17 GAAGTACTTGTAGCGGACAAGATGCAGCTAAGGCCGCAATTGATATAGTAGGTAATTA 240  
Cry8AB00.1\_Seq\_5 GAAGTACTTGTAGCGGACAAGATGCAGCTAAGGCCGCAATTGATATAGTAGGTAATTA 240  
50C\_b GAGGTATTTCTAAGCGAGCAAGATGCAGTAAAGGCCGCAATTGATATAGTAGGTAATTA 240  
Cry8AB00.1\_Seq\_3 GGAGCACTTGTAGTGGAAAACAAGCAATTAAGGTTGGAATCGATATTTGCGGCAACATA 240  
Cry8Ka1 GAAGTGTGCT---GCACCAGGTGGGATTACAACCTGGAATTACTATAGTTACTAAATTA 237  
\* \* \*\* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \*

Cry8Bb1\_Seq\_15 CTATCAGGTTTAGGGTCCCATTTGTTGGGCCGATAGTGAATCCTTATACTCAACTTATT 300  
Cry8Bb1\_Seq\_17 CTATCAGGTTTAGGGTCCCATTTGTTGGGCCGATAGTGAATCCTTATACTCAACTTATT 300  
Cry8AB00.1\_Seq\_5 CTATCAGGTTTAGGGTCCCATTTGTTGGGCCGATAGTGAATCCTTATACTCAACTTATT 300  
50C\_b CTAAACAGGTTTAGGGTCCCATTTGTTGGGCCGATAGTGAATCCTTATACTCAACTTATT 300  
Cry8AB00.1\_Seq\_3 TTAGGTAAGTTAGGAGTTCCTGTTGCTAGTCAAGTAAAGTATTTATAATTTTATTCTC 300  
Cry8Ka1 CTGGGGTGGTTAGGACTTCCATTTGCTGGGGAACAGGGATGGCTCTTAATTTCACTTCTA 297  
\* \*\*\*\*\* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \*

Cry8Bb1\_Seq\_15 GATATTTCTGTGGCCTTCAGGGGAAAAGAGTCAATGGGAAATTTTATGGAACAAGTAGAA 360  
Cry8Bb1\_Seq\_17 GATATTTCTGTGGCCTTCAGGGGAAAAGAGTCAATGGGAAATTTTATGGAACAAGTAGAA 360  
Cry8AB00.1\_Seq\_5 GATATTTCTGTGGCCTTCAGGGGAAAAGAGTCAATGGGAAATTTTATGGAACAAGTAGAA 360  
50C\_b GATATTTCTGTGGCCTTCAAAACAAAAGAGTCAATGGGAAATTTTATGGAACAAGTAGAA 360  
Cry8AB00.1\_Seq\_3 GATCAGCTATGGCCATCAAAATCTGTGAGTGTATGGGAACAGATTATGACGCTAGTGGAA 360  
Cry8Ka1 GGTCTATTATGGCCACA---TCAGGAACCCGTTGGGCTGAACATAATGATATTGGTAGAA 354  
\* \*

Cry8Bb1\_Seq\_15 GAACTCATTAATCAAAAATAGCAGAATATGCAAGGAATAAAGCGCTTTCGGAATTAGAA 420  
Cry8Bb1\_Seq\_17 GAACTCATTAATCAAAAATAGCAGAATATGCAAGGAATAAAGCGCTTTCGGAATTAGAA 420  
Cry8AB00.1\_Seq\_5 GAACTCATTAATCAAAAATAGCAGAATATGCAAGGAATAAAGCGCTTTCGGAATTAGAA 420  
50C\_b GAACTCATTAATCAAAAATAGCAGAATATGCAAGGAATAAAGCGCTTTCGGAATTAGAA 420  
Cry8AB00.1\_Seq\_3 GAACTTGTAGATCAAAAATACAGAAATATGCAAGGAATAAAGCACTCGCTGAATTAATA 420  
Cry8Ka1 GAACTCATTAATCAAAAATAGAGAGACTGTAAAGAAACAAAGCACTAGCGGATTTGGGC 414  
\*\*\*\*\* \* \*\*\*\*\* \*\* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \*

Cry8Bb1\_Seq\_15 GGATTAGGTAATAATTACCAATATATCTAAGTGCAGTGAAGAAATGGGAAGAAAATCCA 480  
Cry8Bb1\_Seq\_17 GGATTAGGTAATAATTACCAATATATCTAAGTGCAGTGAAGAAATGGGAAGAAAATCCA 480  
Cry8AB00.1\_Seq\_5 GGATTAGGTAATAATTACCAATATATCTAAGTGCAGTGAAGAAATGGGAAGAAAATCCA 480  
50C\_b GGGCTAGGGAATAATTACCAATATATCTAAGTGCAGTGAAGAAATGGGAAGAAAATCCA 480  
Cry8AB00.1\_Seq\_3 GGATTAGGAGATGCTTTGGGTGTATATCAGCAATCACTTGAAGCTTGGTTGGAAAATCGC 480  
Cry8Ka1 AATTACAGGTAGGCTTACGATCTTAAACGCATTTGAAGATTTGGCAAAAACCCCT 474  
\*\*\* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \*

Cry8Bb1\_Seq\_15 TTTCGACGAGGTTTTCGACGAGGTGCCTTACGAGATGTGCGAAATCGATTTGAAATCCTG 540  
Cry8Bb1\_Seq\_17 TTTCGACGAGGTTTTCGACGAGGTGCCTTACGAGATGTGCGAAATCGATTTGAAATCCTG 540  
Cry8AB00.1\_Seq\_5 AAT-----GGTTC-----AAGAGCCTTACGAGATGTGCGAAATCGATTTGAAATCCTG 528  
50C\_b AAT-----GGTTC-----AAGAGCCTTACGAGATGTGCGAAATCGATTTGAAATCCTG 528  
Cry8AB00.1\_Seq\_3 AAT-----GACAC-----GAGAGCTAGAAGTGTGTTTCTAATCAATTTATAGCCTTA 528  
Cry8Ka1 AAT-----ATCTTT-----CGGAGTAAAGAGTTA-GTAAAAGAAAGATTTTCAACCGG 522  
\* \*

Cry8Bb1\_Seq\_15 GATAGTTTATTTACGCAATATATGCCATCTTTTAGAGTGACAAAATTTTGAAGTACCATTC 600  
Cry8Bb1\_Seq\_17 GATAGTTTATTTACGCAATATATGCCATCTTTTAGAGTGACAAAATTTTGAAGTACCATTC 600  
Cry8AB00.1\_Seq\_5 GATAGTTTATTTACGCAATATATGCCATCTTTTAGAGTGACAAAATTTTGAAGTACCATTC 588

Fig. 15 (CONTINUAÇÃO)

50C\_b GATAGTTTATTTACGCAATATATGCCATCTTTTCGAGTGACAAATTTTGAAGTACCATT 588  
Cry8AB00.1\_Seq\_3 GAACTGGATTTTGTGGAGCAATTCATCCCTTTCAGATATCCGGGAGGAGTACCATTA 588  
Cry8Ka1 GAACATTCATACGTACCGAAATGAGTTCTTTTGGCCATAAGAGGATTTGAAATCCCTCTT 582  
\*\* \*\* \*\* \*\* \*\*

Cry8Bb1\_Seq\_15 CTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTATTAAAGGACGCGTCAATT 660  
Cry8Bb1\_Seq\_17 CTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTATTAAAGGACGCGTCAATT 660  
Cry8AB00.1\_Seq\_5 CTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTATTAAAGGACGCGTCAATT 648  
50C\_b CTTACAGTATATACAATGGCAGCAAACCTACATTTACTTTTATTAAGGGACGCATCAATT 648  
Cry8AB00.1\_Seq\_3 TTAGCAGTATATGCAAGGCTGTGAAACATGCACCTTATTGTTACTAAGAGACGCCTTCTATT 648  
Cry8Ka1 TTAGCAACATATGCACAAGCTGCGAATTTACATTTATTTCTAATTAAGATATTCAAATT 642  
\* \* \*\*\*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \*

Cry8Bb1\_Seq\_15 TTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCGTCAAATG 720  
Cry8Bb1\_Seq\_17 TTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCGTCAAATG 720  
Cry8AB00.1\_Seq\_5 TTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCGTCAAATG 708  
50C\_b TTTGGAGAAGAATGGGGATGTCTACAAGCACTATTAATAACTACTATAATCGTCAAATG 708  
Cry8AB00.1\_Seq\_3 TTTGGAGAAGAGTGGGGATTCACATCATCTGAAATTTCCACTTACTACAACCGTCAAGTG 708  
Cry8Ka1 TATGGAAAAGAATGGGGATATACTCAAGCGGATATGACTTATTATTATAGAGAACAAGTA 702  
\* \*\*\*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \*

Cry8Bb1\_Seq\_15 AAACCTACTGCAGAATATTTCTGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTTAGCAAAA 780  
Cry8Bb1\_Seq\_17 AAACCTACTGCAGAATATTTCTGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTTAGCAAAA 780  
Cry8AB00.1\_Seq\_5 AAACCTACTGCAGAATATTTCTGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTTAGCAAAA 768  
50C\_b AAACCTACTGCAGAATATTTCTGACCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTTAGCAAAA 768  
Cry8AB00.1\_Seq\_3 CAACCTACTTCTCAATATTTCCGATTTTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTTAGCAAAA 768  
Cry8Ka1 GAGTTTACGAAAAGATACCCGAACACTGTATTATATTTATAATGATGGTTTAATCAA 762  
\* \* \*\* \*\*\*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \*

Cry8Bb1\_Seq\_15 TTAAAAGGCACGAGCGCTAAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGCTAGAGAAATGACA 840  
Cry8Bb1\_Seq\_17 TTAAAAGGCACGAGCGCTAAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGCTAGAGAAATGACA 840  
Cry8AB00.1\_Seq\_5 TTAAAAGGCACGAGCGCTAAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGCTAGAGAAATGACA 828  
50C\_b TTAAAAGGCACGAGCGCTAAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGCTAGAGAAATGACA 828  
Cry8AB00.1\_Seq\_3 TTAAAAGGTACGAGCGCTGAGAGTGGCTGGAGTATCATCAATTCGCGAGAGAGATGACT 828  
Cry8Ka1 TTAAAAGGTTCGAATGCTAAGCAATGGATTCGATTTAATCGCTTCGCTAGAGAAATGACA 822  
\*\*\*\*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \*

Cry8Bb1\_Seq\_15 CTGGCGGTTTTATAGTGTGTTGCATTATTTCCAAATTAATGACACACGACGTACCCAATG 900  
Cry8Bb1\_Seq\_17 CTGGCGGTTTTATAGTGTGTTGCATTATTTCCAAATTAATGACACACGACGTACCCAATG 900  
Cry8AB00.1\_Seq\_5 CTGGCGGTTTTATAGTGTGTTGCATTATTTCCAAATTAATGACACACGACGTACCCAATG 888  
50C\_b TTGACGGGTAGTAGCTGTTGTTGCATTATTTCCAAATTAATGACACACGACGTACCCAATG 888  
Cry8AB00.1\_Seq\_3 TTGACGGTATTAGATTTGGTGTGCATTATTTCCAAACTACGATACACACGATCCACTT 888  
Cry8Ka1 TTGACGGTACTGGATGTAGTTGCATTATTTCCCAACTATGATGTACGTTACTCCCTATA 882  
\* \*\*\* \* \*\* \* \*\*\*\*\* \* \*\* \* \*\* \* \* \*\* \* \*\* \*

Cry8Bb1\_Seq\_15 GAAACGAAAGCACAACCTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCG-----CG 951  
Cry8Bb1\_Seq\_17 GAAACGAAAGCACAACCTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCG-----CG 951  
Cry8AB00.1\_Seq\_5 GAAACGAAAGCACAACCTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCG-----CG 939  
50C\_b GCAACAACAGCTCAGCTTACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCG-----CG 939  
Cry8AB00.1\_Seq\_3 GAAACAAGGCTCAACTTACACGGAAGTATATACGATCCGATCCGCTTTAATCTTTCT 948  
Cry8Ka1 AAAACAACCTACAGACTAACGAGAACAATTTATACCGATCCACTGGGTACA-----CG 936  
\*\*\* \* \* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \*

Cry8Bb1\_Seq\_15 GTAAACGTGCTTCAATTGGTTCCTGGT---ATGACAAAGCACCTTCTTTCCGAGTGATA 1008  
Cry8Bb1\_Seq\_17 GTAAACGTGCTTCAATTGGTTCCTGGT---ATGACAAAGCACCTTCTTTCCGAGTGATA 1008  
Cry8AB00.1\_Seq\_5 GTAAACGTGCTTCAATTGGTTCCTGGT---ATGACAAAGCACCTTCTTTCCGAGTGATA 996  
50C\_b GTAGATGTGCCAATATTTGGCTCCTGGT---ATGACAAAGCACCTTCTTTCCGAGTGATA 996  
Cry8AB00.1\_Seq\_3 GGGGCAGCGGTTTTGTAGCCCTTGGTCAAAGTATACTGGTATTCTTTTCCGAGGATT 1008  
Cry8Ka1 AAAACGGGTTCTAGTAGTACACCCCATGGTATAATTTAGGATCTAGTTTCATATATA 996  
\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \*

Cry8Bb1\_Seq\_15 GAATCATCCGTTATTCGACCACCCATGATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTAT 1068  
Cry8Bb1\_Seq\_17 GAATCATCCGTTATTCGACCACCCATGATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTAT 1068  
Cry8AB00.1\_Seq\_5 GAATCATCCGTTATTCGACCACCCATGATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTAT 1056  
50C\_b GAAAAGCGGCTATTTCGTCACCTCATGTGTTTGTATTATATAACGGGACTCACAGTGTAT 1056  
Cry8AB00.1\_Seq\_3 GAAAATGATGTAATTCGTCGCTCATTTTATTTAATCTACTCAGAGTGTAGAGATTAAAT 1068  
Cry8Ka1 GAAAGTGTAGCGATTCAGCCCTAGTCTGGTAAAGTCAAGTCAAGTGAATTTAAT 1056  
\*\*\* \* \*\*\*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \*

Cry8Bb1\_Seq\_15 ACACAATCAAGAAGCATTTC-----TTCCGCTCGCTATATAAGACATTTGGGCTGGTCAT 1122  
Cry8Bb1\_Seq\_17 ACACAATCAAGAAGCATTTC-----TTCCGCTCGCTATATAAGACATTTGGGCTGGTCAT 1122  
Cry8AB00.1\_Seq\_5 ACACAATCAAGAAGCATTTC-----TTCCGCTCGCTATATAAGACATTTGGGCTGGTCAT 1110  
50C\_b ACAAAAAACAGTAGCTTCAC-----TTCTGATCGTATATGAGATATTGGGCTGGTCAT 1110  
Cry8AB00.1\_Seq\_3 ACAGTTAGGGGGACAATTTTAGGTAAATACTAAAGATTACCTAAACTATTGGGCTGGTCAT 1128  
Cry8Ka1 TCGAAATCCGCAAGGCTAC-----ACCGCAAAGTGC--GGATTATTTGGGCGAGGACAT 1107  
\* \* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \*

Fig. 15 (CONTINUAÇÃO)

Cry8Bb1\_Seq\_15 CAAATAAGCTACCATCGTGTCTAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAA-ATGTATGGAAGTAA 1181  
 Cry8Bb1\_Seq\_17 CAAATAAGCTACCATCGTGTCTAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAA-ATGTATGGAAGTAA 1181  
 Cry8AB00.1\_Seq\_5 CAAATAAGCTACCATCGTGTCTAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAA-ATGTATGGAAGTAA 1169  
 50C\_b CAAATAAGCTATAAGCATATCGGTACGAGTAGTACCTTTACACAG-ATGTATGGAACCAA 1169  
 Cry8AB00.1\_Seq\_3 TCTCTACAATATAATTTATAGGTAAGA-CAATAGTCAGGGAAAGTAATTTATGGAT---A 1184  
 Cry8Ka1 ACAATAACATATCCTATAGTGGAGATGATGGTCAAGCAGTACCT-AATTTATGGAGATAG 1166  
 \*\* \* \* \* \* \*

Cry8Bb1\_Seq\_15 TC AAAATCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCT 1241  
 Cry8Bb1\_Seq\_17 TC AAAATCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCT 1241  
 Cry8AB00.1\_Seq\_5 TC AAAATCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCT 1229  
 50C\_b TC AAAATTTACAAGTACTAGCAATTTTATGATTTTACGAATTACGATATTTACAAGACTTT 1229  
 Cry8AB00.1\_Seq\_3 TCTTACTTCAGAAAAAACTAGGA---TTGAATTAGACACTAGAGATATTTTGAATTTAA 1241  
 Cry8Ka1 AACGAATCCTGTAAATGTAAATCGTATATAATTTTGGAGCAGGCTGACATTTATAGAGTTTC 1226  
 \* \* \* \* \*

Cry8Bb1\_Seq\_15 ATCAAAGGATGCAGTACTCCTTGATATTGTTTACCTGGTTATACGTATATATTTTTTGG 1301  
 Cry8Bb1\_Seq\_17 ATCAAAGGATGCAGTACTCCTTGATATTGTTTACCTGGTTATACGTATATATTTTTTGG 1301  
 Cry8AB00.1\_Seq\_5 ATCAAAGGATGCAGTACTCCTTGATATTGTTTACCTGGTTATACGTATATATTTTTTGG 1289  
 50C\_b ATCAAATGGTGCAGTACTCCTTGATATAGTTTACCTGGTTATACGTATACATTTTTTGG 1289  
 Cry8AB00.1\_Seq\_3 TTCAACTGCCGCCAA-----GCTTAGCG-AATTAATCAAGAGACTATAGG 1286  
 Cry8Ka1 ATCATCTGTTGCT-----TCAAGTACAAC TAGTGGTGTAAATTTATTA 1270  
 \*\*\* \* \*\* \* \* \*

Cry8Bb1\_Seq\_15 AATGCCAGAAGTCGAGTTTTTTCATGGTAA-ACCAAT-TGAATAATACCAGAAAGACGTTA 1359  
 Cry8Bb1\_Seq\_17 AATGCCAGAAGTCGAGTTTTTTCATGGTAA-ACCAAT-TGAATAATACCAGAAAGACGTTA 1359  
 Cry8AB00.1\_Seq\_5 AATGCCAGAAGTCGAGTTTTTTCATGGTAA-ACCAAT-TGAATAATACCAGAAAGACGTTA 1347  
 50C\_b AATGCCAGAAACCGAGTTTTTTCATGGTAA-ATCAAT-TGAATAATACCAGAAAGACGTTA 1347  
 Cry8AB00.1\_Seq\_3 TGTGCCAGAATCTAGGCTCCATTTGGTGGAGATGGGC-TAGCCCATATATATCATCTC 1345  
 Cry8Ka1 C-TACTA-----AGGCTATATTTGATGGCATAAGTACAACAATGGACTAGTGGATTAC 1323  
 \* \* \* \* \*

Cry8Bb1\_Seq\_15 AAGTATAATCCAGTTTTCCAAAGA--TATTATAGCGAGTACAAGAGATT-CGGAATTA--- 1413  
 Cry8Bb1\_Seq\_17 AAGTATAATCCAGTTTTCCAAAGA--TATTATAGCGAGTACAAGAGATT-CGGAATTA--- 1413  
 Cry8AB00.1\_Seq\_5 AAGTATAATCCAGTTTTCCAAAGA--TATTATAGCGAGTACAAGAGATT-CGGAATTA--- 1401  
 50C\_b ACGTATAAACCCAGCTTCCAAAGA--TATTATAGTACGGACAAGAGATT-CGGAATTA--- 1401  
 Cry8AB00.1\_Seq\_3 ATCTTTATTCTAAACACATACAACCTGGAGAAGGTTGTACACAAGTTT-ATGAATCAAGT 1404  
 Cry8Ka1 ATGTATGAAAAATTTATCGAACTTTTTTAAATGAAC TAAAAGATACAATTACAGACTACCT 1383  
 \* \* \* \* \*

Cry8Bb1\_Seq\_15 GAATTACCTCCAGAACTTCAGATCAACCAAATTTATGAGTCATATAGCCATAGATTATGT 1473  
 Cry8Bb1\_Seq\_17 GAATTACCTCCAGAACTTCAGATCAACCAAATTTATGAGTCATATAGCCATAGATTATGT 1473  
 Cry8AB00.1\_Seq\_5 GAATTACCTCCAGAACTTCAGATCAACCAAATTTATGAGTCATATAGCCATAGATTATGT 1461  
 50C\_b GAATTGCCCTCCAGAACTTCAGGTCACCCAAATTTACGAGTCATATAGCCATAGATTATGT 1461  
 Cry8AB00.1\_Seq\_3 GAGGAAATACCTGTAGACAGAACCGTACCATAAATGAAGGTTATAGTCACAGACTATCG 1464  
 Cry8Ka1 GTTCAGATATCCAGTCCCTCCTACCTACCGGGGATGCTGAACAGTACAGTATCGGCTATCC 1443  
 \* \* \* \* \*

Cry8Bb1\_Seq\_15 CATATCACAAAGTATTTCCCGCG-----ACGGGTAACACT-----ACCGGATTAGTA 1518  
 Cry8Bb1\_Seq\_17 CATATCACAAAGTATTTCCCGCG-----ACGGGTAACACT-----ACCGGATTAGTA 1518  
 Cry8AB00.1\_Seq\_5 CATATCACAAAGTATTTCCCGCG-----ACGGGTAACACT-----ACCGGATTAGTA 1506  
 50C\_b CATATCACAAATTTTACTTCC-----A---GTCAACT-----AGCACGTATGTA 1503  
 Cry8AB00.1\_Seq\_3 TATGTCACCGCTCTCTTTTTCCAGAAAATTTAATACTTTTTATAGAAATGGAACTCTA 1524  
 Cry8Ka1 TATGTTTTCTAATGCTCCAACAGAGTACTCTTCGGGCGGACATTTAATTTTGGGACTAATC 1503  
 \*\* \* \* \*

Cry8Bb1\_Seq\_15 CCTGTATTTCTTTGGACACATCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAA 1578  
 Cry8Bb1\_Seq\_17 CCTGTATTTCTTTGGACACATCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAA 1578  
 Cry8AB00.1\_Seq\_5 CCTGTATTTCTTTGGACACATCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAA 1566  
 50C\_b CCTGTATTTCTTTGGACACATCGGAGTGCAGATCTAACAAATACAGTTAAAAGTGGCGAA 1563  
 Cry8AB00.1\_Seq\_3 CCTGTCTTTGTTTGGACACATCGAAGTGCAGATCTTACAATAACAATTTATCCAGATGTA 1584  
 Cry8Ka1 CCAGTACTGGGTTGGACGATAGTCTTAACTCAAACAATCAGATACATTTCTGACTCA 1563  
 \*\* \* \* \* \* \*

Cry8Bb1\_Seq\_15 ATCACTCAAATTCGGCCGTTAAATGTTGGGA-----TAATTTACCGTT-TGT 1625  
 Cry8Bb1\_Seq\_17 ATCACTCAAATTCGGCCGTTAAATGTTGGGA-----TAATTTACCGTT-TGT 1625  
 Cry8AB00.1\_Seq\_5 ATCACTCAAATTCGGCCGTTAAATGTTGGGA-----TAATTTACCGTT-TGT 1613  
 50C\_b ATCACTCAAATACCAGGGGCAAGT-CTAGCA-----CCATAGGCAGAAATAC 1610  
 Cry8AB00.1\_Seq\_3 ATTACTCAAATACCAGTGGTAAAGGCCATGAATTTGGGTAGCTCCATCTTACAGATAGT 1644  
 Cry8Ka1 ATTACTCAAATTCAGCTGTTAAAGCAATAG-----TGTTAGTTCTTATGT 1610  
 \*\* \* \* \* \* \*

Cry8Bb1\_Seq\_15 TC-----CAGTGGTAAAAGGACCAGGACATACAGGAGGGGATTTATT-----ACA 1670  
 Cry8Bb1\_Seq\_17 TC-----CAGTGGTAAAAGGACCAGGACATACAGGAGGGGATTTATT-----ACA 1670  
 Cry8AB00.1\_Seq\_5 TC-----CAGTGGTAAAAGGACCAGGACATACAGGAGGGGATTTATT-----ACA 1658

Fig. 15 (CONTINUAÇÃO)

50C\_b TT-----ATATAATAAAAGGGCGTGGTTATACAGGGGGAGACTTAGTGGCTTTAACG 1662

```

Cry8AB00.1_Seq_3      CCATCACCTACTATTTGTGCCAGGGCTGGATTTACAGGGGGGATATAATACAATTACTG 1704
Cry8Ka1                TA-----CTGTTGAAAAGGGAACAGGCTTTACAGGTGGAGATTTAGTG-----AAA 1656
                        *      **      *      *      *      *      *      *
Cry8Bb1_Seq_15        G--TATAATAGAAGTACTGGTCTCTGTAG-GAACCTTATTTCTAGCTCGATATGGCCTA-G 1726
Cry8Bb1_Seq_17        G--TATAATAGAAGTACTGGTCTCTGTAG-GAACCTTATTTCTAGCTCGATATGGCCTA-G 1726
Cry8AB00.1_Seq_5      G--TATAATAGAAGTACTGGTCTCTGTAG-GAACCTTATTTCTAGCTCGATATGGCCTA-G 1714
50C_b                  GACCGCATCGGAAGTTGTGAGTTTCAGA-TGATCTT--TCCAGAGTCTCAACGATTC--G 1718
Cry8AB00.1_Seq_3      GCGAATACAAAAGGTATAGCAAATATGA-ATTTTGAATTCAGACATTAATAAAGAATA 1763
Cry8Ka1                TTCTCCACTGGATTTCATGTCTACAGGAATACAGTTTAAATTTAAAGATAGAAGAAAGAA 1716
                        *      *      *      *
Cry8Bb1_Seq_15        CATTAGAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGCTA-CTGATGCAGAT--- 1782
Cry8Bb1_Seq_17        CATTAGAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGCTA-CTGATGCAGAT--- 1782
Cry8AB00.1_Seq_5      CATTAGAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGCTA-CTGATGCAGAT--- 1770
50C_b                  TATTCGGA---TTCGTTACGCTTCTAATGAACT-AGTTATATTAGTTTTATACGGACTAA 1774
Cry8AB00.1_Seq_3      TATTATGAGAAATTCGGTATGCTTCCGCTGCAAT--CCTGAATTC---AATATAGCT--- 1815
Cry8Ka1                CGTTA-----TCGTATCCGTATACGATATGCCG--CTGATGTTA-----ATGCTACTCTA 1764
                        **      *      *      *      *      *
Cry8Bb1_Seq_15        ATTGTATTGCATGTAACGATGCTCAGATTCAGATGCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAG 1842
Cry8Bb1_Seq_17        ATTGTATTGCATGTAACGATGCTCAGATTCAGATGCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAG 1842
Cry8AB00.1_Seq_5      ATTGTATTGCATGTAACGATGCTCAGATTCAGATGCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAG 1830
50C_b                  ACCAAAGCGGAACCTTAAAAATCAACCAGACATATTCATAAAAAATGAA-----AAT 1827
Cry8AB00.1_Seq_3      GTTGGTACTAGTGGAGAAAGAGTTAGTACTAGTGCTCAAAAAACTATGAATCCAGGGGAT 1875
Cry8Ka1                TCTGCACCTTGGATTAATGATGCAATTTAATTAACATTAATTCGCAATGTCTCAAGACACA 1824
                        *      *      *      *      *
Cry8Bb1_Seq_15        GATCTGACATCTAAAACCTTTTAAAGTTGCAGATGCTATCACAACAGTAAATTTAG--CAA 1900
Cry8Bb1_Seq_17        GATCTGACATCTAAAACCTTTTAAAGTTGCAGATGCTATCACAACAGTAAATTTAG--CAA 1900
Cry8AB00.1_Seq_5      GATCTGACATCTAAAACCTTTTAAAGTTGCAGATGCTATCACAACATTAATTTAG--CAA 1888
50C_b                  GATTTAACATATAATGATTTCAAATATATAGAA--TATC-CAAGAGTCAATTCAG--TAA 1882
Cry8AB00.1_Seq_3      ATTTTAAACATTTAATAAATTTAATTTACGCAACT--TTCCCTCCCATAAATTTAATTCAA 1933
Cry8Ka1                CCATGGAAGTATAACGATTTCCAATATGCAGAAGCTGACAAAACAGTGCATTTATACAAT 1884
                        * * * **      *      *      *      *      *      *
Cry8Bb1_Seq_15        CAGATAGTTTCGGTAGCAGTGAACATAAATTTAGGTGAAGACCCTAATTCACATTATCTG 1960
Cry8Bb1_Seq_17        CAGATAGTTTCGGTAGCAGTGAACATAAATTTAGGTGAAGACCCTAATTCACATTATCTG 1960
Cry8AB00.1_Seq_5      CAGATAGTTTCGGTAGCAGTGAACATAAATTTAGGTGAAGACCCTAATTCACATTATCTG 1948
50C_b                  ATGCTTCTTCAAACATACAGAGGTATATCATAAGTATACAAACGATACAAATTTATTTA 1942
Cry8AB00.1_Seq_3      CTAAAATTCGATAAATGTTAACAGCAAGATTGGCTGCTTTTGCAAGCAC---TTATTGG 1990
Cry8Ka1                CCTCGTTTTTCTTTTATATTTAGA--AAATTCAGATCAATCCGGGAAAG-----TATTTA 1937
                        **      *      *      *      *      *
Cry8Bb1_Seq_15        GTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCCCAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAAT 2020
Cry8Bb1_Seq_17        GTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCCCAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAAT 2020
Cry8AB00.1_Seq_5      GTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCCCAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAAC 2008
50C_b                  TTTTAG-----ACCGAATCGAATTCATCCCAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAAA 1993
Cry8AB00.1_Seq_3      A---AACCTATATAGATAGAAATCGAATTCATCCCAGTAGATGAAACATACGAGGCGGAGA 2047
Cry8Ka1                T-----ATAGATCGAATCGAATTCATCCCAGTAGATGAGACCTATGAAGCAGAAC 1987
                        *      *      *      *      *      *
Cry8Bb1_Seq_15        AA----- 2022
Cry8Bb1_Seq_17        AA----- 2022
Cry8AB00.1_Seq_5      AAGATTTAGAAGCAGCGAAGAAAGCAGTGAATGCCTTGTTTACGAATACAAAAGATGGCT 2068
50C_b                  CGGATTTAGAAGCAGCGAAGAAAGCAGTGAATGCCTTGTTTACGAATACAAAAGATGGAT 2053
Cry8AB00.1_Seq_3      CAGATTTAGAAACGGCGAAGAAAGCAGTGAATGCCTTGTTTACGAATACAAAAGATGGCT 2107
Cry8Ka1                AAGAT----- 1992

```

FIGURA 16

Sequence\_1 -----ATGAGTC 7

```

Sequence_17      AAAAGAAAGTGTA AAAAATCTTTGTATCTTTGTATATGTATAGGAGGAAAATAGATGAGTC 737
Sequence_3      -----ATGAGTC 7
Sequence_13     -----ATGAGTC 7
Sequence_18     TTAAAAAAGTGTAAGAAATTTTATATCTTTTGTATGTATAGGAGGAAAATAGATGAGTC 1260
Cry8Hal        -----ATGAGTC 7
                *****

```

```

Sequence_71     CAAATAATCAAAATGAATATGAAATTATAGATGCGACACCTTCTACTTCTGTATCCAATG 67
Sequence_73     CAAATAATCAAAATGAATATGAAATTATAGATGCGACACCTTCTACTTCTGTATCCAATG 67
Sequence_21     CAAATAATCAAAATGAATATGAAATTATAGATGCGACACCTTCTACTTCTGTATCCAATG 67
Sequence_67     CAAATAATCAAAATGAATATGAAATTATAGATGCGACACCTTCTACTTCTGTATCCAATG 67
Sequence_61     CAAATAATCAAAATGAATATGAAATTATAGATGCGACACCTTCTACTTCTGTATCCAATG 67
Sequence_93     CAAATAATCAAAATGAATATGAAATTATAGATGCGACACCTTCTACTTCTGTATCCAATG 67
Sequence_59     CAAATAATCAAAATGAATATGAAATTATAGATGCGACACCTTCTACTTCTGTATCCAATG 67
Sequence_91     CAAATAATCAAAATGAATATGAAATTATAGATGCGACACCTTCTACTTCTGTATCCAATG 67
Sequence_39     CAAATAATCAAAATGAATATGAAATTATAGATGCGACACCTTCTACTTCTGTATCCAATG 67
Sequence_41     CAAATAATCAAAATGAATATGAAATTATAGATGCGACACCTTCTACTTCTGTATCCAATG 67
Sequence_49     CAAATAATCAAAATGAATATGAAATTATAGATGCGACACCTTCTACTTCTGTATCCAATG 67
Sequence_81     CAAATAATCAAAATGAATATGAAATTATAGATGCGACACCTTCTACTTCTGTATCCAATG 67
Sequence_45     CAAATAATCAAAATGAATATGAAATTATAGATGCGACACCTTCTACTTCTGTATCCAATG 67
Sequence_77     CAAATAATCAAAATGAATATGAAATTATAGATGCGACACCTTCTACTTCTGTATCCAATG 67
Sequence_75     CAAATAATCAAAATGAATATGAAATTATAGATGCGACACCTTCTACTTCTGTATCCAATG 67
Sequence_43     CAAATAATCAAAATGAATATGAAATTATAGATGCGACACCTTCTACTTCTGTATCCAATG 67
Sequence_47     CAAATAATCAAAATGAATATGAAATTATAGATGCGACACCTTCTACTTCTGTATCCAATG 67
Sequence_79     CAAATAATCAAAATGAATATGAAATTATAGATGCGACACCTTCTACTTCTGTATCCAATG 67
Sequence_51     CAAATAATCAAAATGAATATGAAATTATAGATGCGACACCTTCTACTTCTGTATCCAATG 67
Sequence_83     CAAATAATCAAAATGAATATGAAATTATAGATGCGACACCTTCTACTTCTGTATCCAATG 67
Sequence_7      CAAATAATCAAAATGAATATGAAATTATAGATGCGACACCTTCTACTTCTGTATCCAATG 67
Sequence_25     CAAATAATCAAAATGAATATGAAATTATAGATGCGACACCTTCTACTTCTGTATCCAATG 67
Sequence_29     CAAATAATCAAAATGAATATGAAATTATAGATGCGACACCTTCTACTTCTGTATCCAATG 67
Sequence_33     CAAATAATCAAAATGAATATGAAATTATAGATGCGACACCTTCTACTTCTGTATCCAATG 67
Sequence_69     CAAATAATCAAAATGAATATGAAATTATAGATGCGACACCTTCTACTTCTGTATCCAATG 67
Sequence_11     CAAATAATCAAAATGAATATGAAATTATAGATGCGACACCTTCTACTTCTGTATCCAATG 67
Sequence_5      CAAATAATCAAAATGAATATGAAATTATAGATGCGACACCTTCTACTTCTGTATCCAATG 67
Sequence_1      CAAATAATCAAAATGAATATGAAATTATAGATGCGACACCTTCTACTTCTGTATCCAATG 67
Sequence_17     CAAATAATCAAAATGAATATGAAATTATAGATGCGACACCTTCTACTTCTGTATCCAATG 797
Sequence_3      CAAATAATCAAAATGAATATGAAATTATAGATGCGACACCTTCTACTTCTGTATCCAATG 67
Sequence_13     CAAATAATCAAAATGAATATGAAATTATAGATGCGACACCTTCTACTTCTGTATCCAATG 67
Sequence_18     CAAATAATCAAAATGAATATGAAATTATAGATGCGACACCTTCTACTTCTGTATCCAATG 1320
Cry8Hal        CAAATAATCTAAATGAATATGAAATTATAGATGCGACACCTTCTACATCTGTATCTAATG 67
                *****
                *****

```

```

Sequence_71     ATTCTAACAGATACCCTTTTGC GAATGAGCCAACAAATGCGCTACAAAATATGGATTATA 127
Sequence_73     ATTCTAACAGATACCCTTTTGC GAATGAGCCAACAAATGCGCTACAAAATATGGATTATA 127
Sequence_21     ATTCTAACAGATACCCTTTTGC GAATGAGCCAACAAATGCGCTACAAAATATGGATTATA 127
Sequence_67     ATTCTAACAGATACCCTTTTGC GAATGAGCCAACAAATGCGCTACAAAATATGGATTATA 127
Sequence_61     ATTCTAACAGATACCCTTTTGC GAATGAGCCAACAAATGCGCTACAAAATATGGATTATA 127
Sequence_93     ATTCTAACAGATACCCTTTTGC GAATGAGCCAACAAATGCGCTACAAAATATGGATTATA 127
Sequence_59     ATTCTAACAGATACCCTTTTGC GAATGAGCCAACAAATGCGCTACAAAATATGGATTATA 127
Sequence_91     ATTCTAACAGATACCCTTTTGC GAATGAGCCAACAAATGCGCTACAAAATATGGATTATA 127
Sequence_39     ATTCTAACAGATACCCTTTTGC GAATGAGCCAACAAATGCGCTACAAAATATGGATTATA 127
Sequence_41     ATTCTAACAGATACCCTTTTGC GAATGAGCCAACAAATGCGCTACAAAATATGGATTATA 127
Sequence_49     ATTCTAACAGATACCCTTTTGC GAATGAGCCAACAAATGCGCTACAAAATATGGATTATA 127
Sequence_81     ATTCTAACAGATACCCTTTTGC GAATGAGCCAACAAATGCGCTACAAAATATGGATTATA 127
Sequence_45     ATTCTAACAGATACCCTTTTGC GAATGAGCCAACAAATGCGCTACAAAATATGGATTATA 127
Sequence_77     ATTCTAACAGATACCCTTTTGC GAATGAGCCAACAAATGCGCTACAAAATATGGATTATA 127
Sequence_75     ATTCTAACAGATACCCTTTTGC GAATGAGCCAACAAATGCGCTACAAAATATGGATTATA 127
Sequence_43     ATTCTAACAGATACCCTTTTGC GAATGAGCCAACAAATGCGCTACAAAATATGGATTATA 127
Sequence_47     ATTCTAACAGATACCCTTTTGC GAATGAGCCAACAAATGCGCTACAAAATATGGATTATA 127
Sequence_79     ATTCTAACAGATACCCTTTTGC GAATGAGCCAACAAATGCGCTACAAAATATGGATTATA 127
Sequence_51     ATTCTAACAGATACCCTTTTGC GAATGAGCCAACAAATGCGCTACAAAATATGGATTATA 127

```

FIGURA 16 (Continuação)

Sequence_83	ATTCTAACAGATACCCCTTTTGC	GAATGAGCCAACAAATGCGCTACAAAATATGGATTATA	127
Sequence_7	ATTCTAACAGATACCCCTTTTGC	GAATGAGCCAACAAATGCGCTACAAAATATGGATTATA	127
Sequence_25	ATTCTAACAGATACCCCTTTTGC	GAATGAGCCAACAAATGCGCTACAAAATATGGATTATA	127
Sequence_29	ATTCTAACAGATACCCCTTTTGC	GAATGAGCCAACAAATGCGCTACAAAATATGGATTATA	127
Sequence_33	ATTCTAACAGATACCCCTTTTGC	GAATGAGCCAACAAATGCGCTACAAAATATGGATTATA	127
Sequence_69	ATTCTAACAGATACCCCTTTTGC	GAATGAGCCAACAAATGCGCTACAAAATATGGATTATA	127
Sequence_11	ATTCTAACAGATACCCCTTTTGC	GAATGAGCCAACAAATGCGCTACAAAATATGGATTATA	127
Sequence_5	ATTCTAACAGATACCCCTTTTGC	GAATGAGCCAACAAATGCGCTACAAAATATGGATTATA	127
Sequence_1	ATTCTAACAGATACCCCTTTTGC	GAATGAGCCAACAAATGCGCTACAAAATATGGATTATA	127
Sequence_17	ATTCTAACAGATACCCCTTTTGC	GAATGAGCCAACAAATGCGCTACAAAATATGGATTATA	857
Sequence_3	ATTCTAACAGATACCCCTTTTGC	GAATGAGCCAACAAATGCGCTACAAAATATGGATTATA	127
Sequence_13	ATTCTAACAGATACCCCTTTTGC	GAATGAGCCAACAAATGCGCTACAAAATATGGATTATA	127
Sequence_18	ATTCTAACAGATACCCCTTTTGC	GAATGAGCCAACAAATGCGCTACAAAATATGGATTATA	1380
Cry8Hal	ATTCTAACAGATACCCCTTTTGC	GAATGAGCCAACAAATGCGCTACAAAATATGGATTATA	127
	*****	*****	*****
Sequence_71	AAGATTATTTAAAAATGCTCTG	CGGGAAATGCTAGTGAATACCCCTGGTTCACCTGAAGTAC	187
Sequence_73	AAGATTATTTAAAAATGCTCTG	CGGGAAATGCTAGTGAATACCCCTGGTTCACCTGAAGTAC	187
Sequence_21	AAGATTATTTAAAAATGCTCTG	CGGGAAATGCTAGTGAATACCCCTGGTTCACCTGAAGTAC	187
Sequence_67	AAGATTATTTAAAAATGCTCTG	CGGGAAATGCTAGTGAATACCCCTGGTTCACCTGAAGTAC	187
Sequence_61	AAGATTATTTAAAAATGCTCTG	CGGGAAATGCTAGTGAATACCCCTGGTTCACCTGAAGTAC	187
Sequence_93	AAGATTATTTAAAAATGCTCTG	CGGGAAATGCTAGTGAATACCCCTGGTTCACCTGAAGTAC	187
Sequence_59	AAGATTATTTAAAAATGCTCTG	CGGGAAATGCTAGTGAATACCCCTGGTTCACCTGAAGTAC	187
Sequence_91	AAGATTATTTAAAAATGCTCTG	CGGGAAATGCTAGTGAATACCCCTGGTTCACCTGAAGTAC	187
Sequence_39	AAGATTATTTAAAAATGCTCTG	CGGGAAATGCTAGTGAATACCCCTGGTTCACCTGAAGTAC	187
Sequence_41	AAGATTATTTAAAAATGCTCTG	CGGGAAATGCTAGTGAATACCCCTGGTTCACCTGAAGTAC	187
Sequence_49	AAGATTATTTAAAAATGCTCTG	CGGGAAATGCTAGTGAATACCCCTGGTTCACCTGAAGTAC	187
Sequence_81	AAGATTATTTAAAAATGCTCTG	CGGGAAATGCTAGTGAATACCCCTGGTTCACCTGAAGTAC	187
Sequence_45	AAGATTATTTAAAAATGCTCTG	CGGGAAATGCTAGTGAATACCCCTGGTTCACCTGAAGTAC	187
Sequence_77	AAGATTATTTAAAAATGCTCTG	CGGGAAATGCTAGTGAATACCCCTGGTTCACCTGAAGTAC	187
Sequence_75	AAGATTATTTAAAAATGCTCTG	CGGGAAATGCTAGTGAATACCCCTGGTTCACCTGAAGTAC	187
Sequence_43	AAGATTATTTAAAAATGCTCTG	CGGGAAATGCTAGTGAATACCCCTGGTTCACCTGAAGTAC	187
Sequence_47	AAGATTATTTAAAAATGCTCTG	CGGGAAATGCTAGTGAATACCCCTGGTTCACCTGAAGTAC	187
Sequence_79	AAGATTATTTAAAAATGCTCTG	CGGGAAATGCTAGTGAATACCCCTGGTTCACCTGAAGTAC	187
Sequence_51	AAGATTATTTAAAAATGCTCTG	CGGGAAATGCTAGTGAATACCCCTGGTTCACCTGAAGTAC	187
Sequence_83	AAGATTATTTAAAAATGCTCTG	CGGGAAATGCTAGTGAATACCCCTGGTTCACCTGAAGTAC	187
Sequence_7	AAGATTATTTAAAAATGCTCTG	CGGGAAATGCTAGTGAATACCCCTGGTTCACCTGAAGTAC	187
Sequence_25	AAGATTATTTAAAAATGCTCTG	CGGGAAATGCTAGTGAATACCCCTGGTTCACCTGAAGTAC	187
Sequence_29	AAGATTATTTAAAAATGCTCTG	CGGGAAATGCTAGTGAATACCCCTGGTTCACCTGAAGTAC	187
Sequence_33	AAGATTATTTAAAAATGCTCTG	CGGGAAATGCTAGTGAATACCCCTGGTTCACCTGAAGTAC	187
Sequence_69	AAGATTATTTAAAAATGCTCTG	CGGGAAATGCTAGTGAATACCCCTGGTTCACCTGAAGTAC	187
Sequence_11	AAGATTATTTAAAAATGCTCTG	CGGGAAATGCTAGTGAATACCCCTGGTTCACCTGAAGTAC	187
Sequence_5	AAGATTATTTAAAAATGCTCTG	CGGGAAATGCTAGTGAATACCCCTGGTTCACCTGAAGTAC	187
Sequence_1	AAGATTATTTAAAAATGCTCTG	CGGGAAATGCTAGTGAATACCCCTGGTTCACCTGAAGTAC	187
Sequence_17	AAGATTATTTAAAAATGCTCTG	CGGGAAATGCTAGTGAATACCCCTGGTTCACCTGAAGTAC	917
Sequence_3	AAGATTATTTAAAAATGCTCTG	CGGGAAATGCTAGTGAATACCCCTGGTTCACCTGAAGTAC	187
Sequence_13	AAGATTATTTAAAAATGCTCTG	CGGGAAATGCTAGTGAATACCCCTGGTTCACCTGAAGTAC	187
Sequence_18	AAGATTATTTAAAAATGCTCTG	CGGGAAATGCTAGTGAATACCCCTGGTTCACCTGAAGTAC	1440
Cry8Hal	AGGATTATTTAAGAAATGCTCT	GAAAGTTACGATAATAAATATTTTGCAAATCCTGAAGTGT	187
	*	*****	*****
Sequence_71	TTGTTAGCGGACAAGATGCAG	CTAAGGCCGCAATTGATATAGTAGGTAATTA	247
Sequence_73	TTGTTAGCGGACAAGATGCAG	CTAAGGCCGCAATTGATATAGTAGGTAATTA	247
Sequence_21	TTGTTAGCGGACAAGATGCAG	CTAAGGCCGCAATTGATATAGTAGGTAATTA	247
Sequence_67	TTGTTAGCGGACAAGATGCAG	CTAAGGCCGCAATTGATATAGTAGGTAATTA	247
Sequence_61	TTGTTAGCGGACAAGATGCAG	CTAAGGCCGCAATTGATATAGTAGGTAATTA	247
Sequence_93	TTGTTAGCGGACAAGATGCAG	CTAAGGCCGCAATTGATATAGTAGGTAATTA	247
Sequence_59	TTGTTAGCGGACAAGATGCAG	CTAAGGCCGCAATTGATATAGTAGGTAATTA	247
Sequence_91	TTGTTAGCGGACAAGATGCAG	CTAAGGCCGCAATTGATATAGTAGGTAATTA	247
Sequence_39	TTGTTAGCGGACAAGATGCAG	CTAAGGCCGCAATTGATATAGTAGGTAATTA	247
Sequence_41	TTGTTAGCGGACAAGATGCAG	CTAAGGCCGCAATTGATATAGTAGGTAATTA	247
Sequence_49	TTGTTAGCGGACAAGATGCAG	CTAAGGCCGCAATTGATATAGTAGGTAATTA	247







FIGURA 16 (Continuação)

```
Sequence_1 TTAATCAAAAAATAGCAGAATATGCAAGGAATAAAGCGCTTTCGGAATTAGAAAGGATTAG 427
Sequence_17 TTAATCAAAAAATAGCAGAATATGCAAGGAATAAAGCGCTTTCGGAATTAGAAAGGATTAG 1157
Sequence_3 TAAATCAAAAAATAGCAGAATATGCAAGGAATAAAGCGCTTTCGGAATTAGAAAGGATTAG 427
Sequence_13 TAAATCAAAAAATAGCAGAATATGCAAGGAATAAAGCGCTTTCGGAATTAGAAAGGATTAG 427
Sequence_18 TAAATCAAAAAATAGCAAGAGACTGTAAGAAACAAAGCACTAGCGGATTTGGGCAATTTCAG 1680
Cry8Hal * ***** * ** * ** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *

Sequence_71 GTAATAATTACCAATTATATCTAACTGCGCTTGAAGAATGGGAAGAAAATCCATTTTCGAA 487
Sequence_73 GTAATAATTACCAATTATATCTAACTGCGCTTGAAGAATGGGAAGAAAATCCATTTTCGAA 487
Sequence_21 GTAATAATTACCAATTATATCTAACTGCGCTTGAAGAATGGGAAGAAAATCCATTTTCGA- 486
Sequence_67 GTAATAATTACCAATTATATCTAACTGCGCTTGAAGAATGGGAAGAAAATCCATTTTCGA- 486
Sequence_61 GTAATAATTACCAATTATATCTAACTGCGCTTGAAGAATGGGAAGAAAATCCATTTTCGA- 486
Sequence_93 GTAATAATTACCAATTATATCTAACTGCGCTTGAAGAATGGGAAGAAAATCCATTTTCGA- 486
Sequence_59 GTAATAATTACCAATTATATCTAACTGCGCTTGAAGAATGGGAAGAAAATCCATTTTCGA- 486
Sequence_91 GTAATAATTACCAATTATATCTAACTGCGCTTGAAGAATGGGAAGAAAATCCATTTTCGA- 486
Sequence_39 GTAATAATTACCAATTATATCTAACTGCGCTTGAAGAATGGGAAGAAAATCCATTTTCGAA 487
Sequence_41 GTAATAATTACCAATTATATCTAACTGCGCTTGAAGAATGGGAAGAAAATCCATTTTCGAA 487
Sequence_49 GTAATAATTACCAATTATATCTAACTGCGCTTGAAGAATGGGAAGAAAATCCAAATGGTT 487
Sequence_81 GTAATAATTACCAATTATATCTAACTGCGCTTGAAGAATGGGAAGAAAATCCAAATGGTT 487
Sequence_45 GTAATAATTACCAATTATATCTAACTGCGCTTGAAGAATGGGAAGAAAATCCAAATGGTT 487
Sequence_77 GTAATAATTACCAATTATATCTAACTGCGCTTGAAGAATGGGAAGAAAATCCAAATGGTT 487
Sequence_75 GTAATAATTACCAATTATATCTAACTGCGCTTGAAGAATGGGAAGAAAATCCAAATGGTT 487
Sequence_43 GTAATAATTACCAATTATATCTAACTGCGCTTGAAGAATGGGAAGAAAATCCAAATGGTT 487
Sequence_47 GTAATAATTACCAATTATATCTAACTGCGCTTGAAGAATGGGAAGAAAATCCATTTTCGAA 487
Sequence_79 GTAATAATTACCAATTATATCTAACTGCGCTTGAAGAATGGGAAGAAAATCCATTTTCGAA 487
Sequence_51 GTAATAATTACCAATTATATCTAACTGCGCTTGAAGAATGGGAAGAAAATCCATTTTCGAA 487
Sequence_83 GTAATAATTACCAATTATATCTAACTGCGCTTGAAGAATGGGAAGAAAATCCATTTTCGAA 487
Sequence_7 GTAATAATTACCAATTATATCTAACTGCGCTTGAAGAATGGGAAGAAAATCCAAATGGTT 486
Sequence_25 GTAATAATTACCAATTATATCTAACTGCGCTTGAAGAATGGGAAGAAAATCCAAATGGTT 486
Sequence_29 GTAATAATTACCAATTATATCTAACTGCGCTTGAAGAATGGGAAGAAAATCCAAATGGTT 486
Sequence_33 GTAATAATTACCAATTATATCTAACTGCGCTTGAAGAATGGGAAGAAAATCCAAATGGTT 486
Sequence_69 GTAATAATTACCAATTATATCTAACTGCGCTTGAAGAATGGGAAGAAAATCCAAATGGTT 486
Sequence_11 GTAATAATTACCAATTATATCTAACTGCGCTTGAAGAATGGGAAGAAAATCCAAATGGTT 486
Sequence_5 GTAATAATTACCAATTATATCTAACTGCGCTTGAAGAATGGGAAGAAAATCCAAATGGTT 486
Sequence_1 GTAATAATTACCAATTATATCTAACTGCGCTTGAAGAATGGGAAGAAAATCCAAATGGTT 486
Sequence_17 GTAATAATTACCAATTATATCTAACTGCGCTTGAAGAATGGGAAGAAAATCCAAATGGTT 1216
Sequence_3 GTAATAATTACCAATTATATCTAACTGCGCTTGAAGAATGGGAAGAAAATCCAAATGGTT 486
Sequence_13 GTAATAATTACCAATTATATCTAACTGCGCTTGAAGAATGGGAAGAAAATCCAAATGGTT 486
Sequence_18 GTAATAATTACCAATTATATCTAACTGCGCTTGAAGAATGGGAAGAAAATCCAAATGGTT 1739
Cry8Hal GTAGAGCCTTACGATCCATTTAAACGCATTTGAAGATTTGGCAAAAACCCTAATATCT 481
*** * * ** * ** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *

Sequence_71 GTCGAGGTTTTCGAAGTCGAGGTCCA---GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTGAA 543
Sequence_73 GTCGAGGTTTTCGAAGTCGAGGT-----GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTGAA 540
Sequence_21 --CGAGGTTTTCGA---CGAGGT-----GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTGAA 534
Sequence_67 --CGAGGTTTTCGA---CGAGGT-----GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTGAA 534
Sequence_61 --CGAGGTTTTCGA---CGAGGT-----GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTGAA 534
Sequence_93 --CGAGGTTTTCGA---CGAGGT-----GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTGAA 534
Sequence_59 --CGAGGTTTTCGA---CGAGGT-----GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTGAA 534
Sequence_91 --CGAGGTTTTCGA---CGAGGT-----GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTGAA 534
Sequence_39 GTCGAGGTTTTCGAAGTCGAGGTCCA---GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTGAA 543
Sequence_41 GTCGAGGTTTTCGAAGTCGAGGT-----GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTGAA 540
Sequence_49 CCCGG---TTTCGAAGTCGA---CAA---GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTGAA 537
Sequence_81 CCCGG---TTTCGAAGTCGA---CAA---GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTGAA 537
Sequence_45 CCCGG---TTTCGAAGTCGAGGTCCA---GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTGAA 540
Sequence_77 CCCGG---TTTCGAAGTCGAGGTCCA---GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTGAA 540
Sequence_75 CCCGG---TTTCGAAGTCGAG---GT---GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTGAA 537
Sequence_43 CCCGG---TTTCGAAGTCGAG---GT---GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTGAA 537
Sequence_47 GTCGAGGT---CCAATGGTTCCTCCGG---GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTGAA 540
Sequence_79 GTCGAGGT---CCAATGGTTCCTCCGG---GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTGAA 540
Sequence_51 GTCGAGGTAGTTTTAAATGGTTCCTCCGGCCAGCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTGAA 546
```

FIGURA 16 (Continuação)

Sequence_83	GTFCGAGGTAGTTTAAATGGTTCCCGGCCAGCCTTACGAGAT-GTGCAGAAATCGATTTGAA	546
Sequence_7	-TCAA-----GAAATGGTTCCCGG---GCCTTACGAGAT-GTGCAGAAATCGATTTGAA	534
Sequence_25	-TCAA-----GAAATGGTTCCCGG---GCCTTACGAGAT-GTGCAGAAATCGATTTGAA	534
Sequence_29	-TCAA-----GAAATGGTTCCCGG---GCCTTACGAGAT-GTGCAGAAATCGATTTGAA	534
Sequence_33	-TCAA-----GAAATGGTTCCCGG---GCCTTACGAGAT-GTGCAGAAATCGATTTGAA	534
Sequence_69	-TCAA-----GAAATGGTTCCCGG---GCCTTACGAGAT-GTGCAGAAATCGATTTGAA	534
Sequence_11	-TCAA-----GA-----GCCTTACGAGAT-GTGCAGAAATCGATTTGAA	522
Sequence_5	-TCAA-----GA-----GCCTTACGAGAT-GTGCAGAAATCGATTTGAA	522
Sequence_1	-TCAA-----GA-----GCCTTACGAGAT-GTGCAGAAATCGATTTGAA	522
Sequence_17	-TCAA-----GA-----GCCTTACGAGAT-GTGCAGAAATCGATTTGAA	1252
Sequence_3	-TCAA-----GA-----GCCTTACGAGAT-GTGCAGAAATCGATTTGAA	522
Sequence_13	-TCAA-----GA-----GCCTTACGAGAT-GTGCAGAAATCGATTTGAA	522
Sequence_18	-TCAA-----GA-----GCCTTACGAGAT-GTGCAGAAATCGATTTGAA	1775
Cry8Hal	TTTCG-----GAGTAAAGAGTTAGTAAAGAAGATTTTCA	516
	* * * * *	
Sequence_71	ATCCTGGATAGTTTATTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTACGAGTACAAATTTTGAAGT	602
Sequence_73	ATCCTGGATAGTTTATTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTACGAGTACAAATTTTGAAGT	599
Sequence_21	ATCCTGGATAGTTTATTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTACGAGTACAAATTTTGAAGT	593
Sequence_67	ATCCTGGATAGTTTATTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTACGAGTACAAATTTTGAAGT	593
Sequence_61	ATCCTGGATAGTTTATTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTACGAGTACAAATTTTGAAGT	593
Sequence_93	ATCCTGGATAGTTTATTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTACGAGTACAAATTTTGAAGT	593
Sequence_59	ATCCTGGATAGTTTATTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTACGAGTACAAATTTTGAAGT	593
Sequence_91	ATCCTGGATAGTTTATTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTACGAGTACAAATTTTGAAGT	593
Sequence_39	ATCCTGGATAGTTTATTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTACGAGTACAAATTTTGAAGT	602
Sequence_41	ATCCTGGATAGTTTATTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTACGAGTACAAATTTTGAAGT	599
Sequence_49	ATCCTGGATAGTTTATTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTACGAGTACAAATTTTGAAGT	596
Sequence_81	ATCCTGGATAGTTTATTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTACGAGTACAAATTTTGAAGT	596
Sequence_45	ATCCTGGATAGTTTATTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTACGAGTACAAATTTTGAAGT	599
Sequence_77	ATCCTGGATAGTTTATTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTACGAGTACAAATTTTGAAGT	599
Sequence_75	ATCCTGGATAGTTTATTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTACGAGTACAAATTTTGAAGT	596
Sequence_43	ATCCTGGATAGTTTATTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTACGAGTACAAATTTTGAAGT	596
Sequence_47	ATCCTGGATAGTTTATTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTACGAGTACAAATTTTGAAGT	599
Sequence_79	ATCCTGGATAGTTTATTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTACGAGTACAAATTTTGAAGT	599
Sequence_51	ATCCTGGATAGTTTATTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTACGAGTACAAATTTTGAAGT	605
Sequence_83	ATCCTGGATAGTTTATTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTACGAGTACAAATTTTGAAGT	605
Sequence_7	ATCCTGGATAGTTTATTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTACGAGTACAAATTTTGAAGT	593
Sequence_25	ATCCTGGATAGTTTATTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTACGAGTACAAATTTTGAAGT	593
Sequence_29	ATCCTGGATAGTTTATTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTACGAGTACAAATTTTGAAGT	593
Sequence_33	ATCCTGGATAGTTTATTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTACGAGTACAAATTTTGAAGT	593
Sequence_69	ATCCTGGATAGTTTATTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTACGAGTACAAATTTTGAAGT	593
Sequence_11	ATCCTGGATAGTTTATTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTACGAGTACAAATTTTGAAGT	581
Sequence_5	ATCCTGGATAGTTTATTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTACGAGTACAAATTTTGAAGT	581
Sequence_1	ATCCTGGATAGTTTATTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTACGAGTACAAATTTTGAAGT	581
Sequence_17	ATCCTGGATAGTTTATTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTACGAGTACAAATTTTGAAGT	1311
Sequence_3	ATCCTGGATAGTTTATTACGCAAT-ACATGCCATCTTTTCGAGTACAAATTTTGAAGT	581
Sequence_13	ATCCTGGATAGTTTATTACGCAAT-ACATGCCATCTTTTCGAGTACAAATTTTGAAGT	581
Sequence_18	ATCCTGGATAGTTTATTACGCAAT-ACATGCCATCTTTTCGAGTACAAATTTTGAAGT	1834
Cry8Hal	AACGGGAACATTCATT-ACGTACCGAAATGAGTTCTTTTGCCATAAGAGGATTTGAAAT	575
	* * * * *	
Sequence_71	ACCATTCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTATTAAAGGACGC	662
Sequence_73	ACCATTCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTATTAAAGGACGC	659
Sequence_21	ACCATTCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTATTAAAGGACGC	653
Sequence_67	ACCATTCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTATTAAAGGACGC	653
Sequence_61	ACCATTCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTATTAAAGGACGC	653
Sequence_93	ACCATTCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTATTAAAGGACGC	653
Sequence_59	ACCATTCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTATTAAAGGACGC	653
Sequence_91	ACCATTCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTATTAAAGGACGC	653
Sequence_39	ACCATTCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTATTAAAGGACGC	662
Sequence_41	ACCATTCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTATTAAAGGACGC	659
Sequence_49	ACCATTCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTATTAAAGGACGC	656

FIGURA 16 (Continuação)

```

Sequence_81 ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTACTGTTATTAAGGACGC 656
Sequence_45 ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTACTGTTATTAAGGACGC 659
Sequence_77 ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTACTGTTATTAAGGACGC 659
Sequence_75 ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTACTGTTATTAAGGACGC 656
Sequence_43 ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTACTGTTATTAAGGACGC 656
Sequence_47 ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTACTGTTATTAAGGACGC 659
Sequence_79 ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTACTGTTATTAAGGACGC 659
Sequence_51 ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTACTGTTATTAAGGACGC 665
Sequence_83 ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTACTGTTATTAAGGACGC 665
Sequence_7 ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTACTGTTATTAAGGACGC 653
Sequence_25 ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTACTGTTATTAAGGACGC 653
Sequence_29 ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTACTGTTATTAAGGACGC 653
Sequence_33 ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTACTGTTATTAAGGACGC 653
Sequence_69 ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTACTGTTATTAAGGACGC 653
Sequence_11 ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTACTGTTATTAAGGACGC 641
Sequence_5 ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTACTGTTATTAAGGACGC 641
Sequence_1 ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTACTGTTATTAAGGACGC 641
Sequence_17 ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTACTGTTATTAAGGACGC 1371
Sequence_3 ACCATTCCCTTACAGTATATACACAGGCAGCCAACCTTCATTACTGTTATTAAGGACGC 641
Sequence_13 ACCATTCCCTTACAGTATATACACAGGCAGCCAACCTTCATTACTGTTATTAAGGACGC 641
Sequence_18 ACCATTCCCTTACAGTATATACACAGGCAGCCAACCTTCATTACTGTTATTAAGGACGC 1894
Cry8Hal TCCTCTTTTAGCAACATATGCACAAGCTGCGAATTTACATTTATTTCTAATTAAGATAT 635
    ** * * * * **** ** ** ** * ***** * ** * **

Sequence_71 GTCAATTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 722
Sequence_73 GTCAATTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 719
Sequence_21 GTCAATTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 713
Sequence_67 GTCAATTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 713
Sequence_61 GTCAATTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 713
Sequence_93 GTCAATTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 713
Sequence_59 GTCAATTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 713
Sequence_91 GTCAATTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 713
Sequence_39 GTCAATTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 722
Sequence_41 GTCAATTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 719
Sequence_49 GTCAATTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 716
Sequence_81 GTCAATTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 716
Sequence_45 GTCAATTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 719
Sequence_77 GTCAATTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 719
Sequence_75 GTCAATTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 716
Sequence_43 GTCAATTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 716
Sequence_47 GTCAATTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 719
Sequence_79 GTCAATTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 719
Sequence_51 GTCAATTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 725
Sequence_83 GTCAATTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 725
Sequence_7 GTCAATTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 713
Sequence_25 GTCAATTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 713
Sequence_29 GTCAATTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 713
Sequence_33 GTCAATTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 713
Sequence_69 GTCAATTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 713
Sequence_11 GTCAATTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 701
Sequence_5 GTCAATTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 701
Sequence_1 GTCAATTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 701
Sequence_17 GTCAATTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 1431
Sequence_3 TTC AATTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCTACAACCACTATTAATAACTATTATGATCG 701
Sequence_13 TTC AATTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCTACAACCACTATTAATAACTATTATGATCG 701
Sequence_18 TTC AATTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCTACAACCACTATTAATAACTATTATGATCG 1954
Cry8Hal TC AATTTATGGAAAAG AATGGGGATATACTCAAGCCGATATGACTTATTTTATAGAGA 695
    ***** ** * ** * ** *

```

FIGURA 16 (Continuação)

Sequence_71	TCAAAATGAAACTTACTGCAGAAATATCTGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT	782
Sequence_73	TCAAAATGAAACTTACTGCAGAAATATCTGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT	779
Sequence_21	TCAAAATGAAACTTACTGCAGAAATATCTGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT	773
Sequence_67	TCAAAATGAAACTTACTGCAGAAATATCTGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT	773
Sequence_61	TCAAAATGAAACTTACTGCAGAAATATCTGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT	773
Sequence_93	TCAAAATGAAACTTACTGCAGAAATATCTGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT	773
Sequence_59	TCAAAATGAAACTTACTGCAGAAATATCTGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT	773
Sequence_91	TCAAAATGAAACTTACTGCAGAAATATCTGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT	773
Sequence_39	TCAAAATGAAACTTACTGCAGAAATATCTGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT	782
Sequence_41	TCAAAATGAAACTTACTGCAGAAATATCTGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT	779
Sequence_49	TCAAAATGAAACTTACTGCAGAAATATCTGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT	776
Sequence_81	TCAAAATGAAACTTACTGCAGAAATATCTGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT	776
Sequence_45	TCAAAATGAAACTTACTGCAGAAATATCTGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT	779
Sequence_77	TCAAAATGAAACTTACTGCAGAAATATCTGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT	779
Sequence_75	TCAAAATGAAACTTACTGCAGAAATATCTGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT	776
Sequence_43	TCAAAATGAAACTTACTGCAGAAATATCTGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT	776
Sequence_47	TCAAAATGAAACTTACTGCAGAAATATCTGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT	779
Sequence_79	TCAAAATGAAACTTACTGCAGAAATATCTGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT	779
Sequence_51	TCAAAATGAAACTTACTGCAGAAATATCTGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT	785
Sequence_83	TCAAAATGAAACTTACTGCAGAAATATCTGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT	785
Sequence_7	TCAAAATGAAACTTACTGCAGAAATATCTGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT	773
Sequence_25	TCAAAATGAAACTTACTGCAGAAATATCTGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT	773
Sequence_29	TCAAAATGAAACTTACTGCAGAAATATCTGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT	773
Sequence_33	TCAAAATGAAACTTACTGCAGAAATATCTGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT	773
Sequence_69	TCAAAATGAAACTTACTGCAGAAATATCTGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT	773
Sequence_11	TCAAAATGAAACTTACTGCAGAAATATCTGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT	761
Sequence_5	TCAAAATGAAACTTACTGCAGAAATATCTGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT	761
Sequence_1	TCAAAATGAAACTTACTGCAGAAATATCTGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT	761
Sequence_17	TCAAAATGAAACTTACTGCAGAAATATCTGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT	1491
Sequence_3	TCAAAATGAAACTTACTGCAGAAATATCTGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT	761
Sequence_13	TCAAAATGAAACTTACTGCAGAAATATCTGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT	761
Sequence_18	TCAAAATGAAACTTACTGCAGAAATATCTGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT	2014
Cry8Hal	ACAAGTAGAGTTTACGAAAGAAATACACCGAACACTGTATTAAATTTTATAATGATGGTTT	755
	*** * * **** *	
Sequence_71	AGCAAAATTTAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA	842
Sequence_73	AGCAAAATTTAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA	839
Sequence_21	AGCAAAATTTAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA	833
Sequence_67	AGCAAAATTTAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA	833
Sequence_61	AGCAAAATTTAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA	833
Sequence_93	AGCAAAATTTAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA	833
Sequence_59	AGCAAAATTTAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA	833
Sequence_91	AGCAAAATTTAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA	833
Sequence_39	AGCAAAATTTAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA	842
Sequence_41	AGCAAAATTTAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA	839
Sequence_49	AGCAAAATTTAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA	836
Sequence_81	AGCAAAATTTAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA	836
Sequence_45	AGCAAAATTTAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA	839
Sequence_77	AGCAAAATTTAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA	839
Sequence_75	AGCAAAATTTAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA	836
Sequence_43	AGCAAAATTTAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA	836
Sequence_47	AGCAAAATTTAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA	839
Sequence_79	AGCAAAATTTAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA	839
Sequence_51	AGCAAAATTTAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA	845
Sequence_83	AGCAAAATTTAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA	845
Sequence_7	AGCAAAATTTAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA	833
Sequence_25	AGCAAAATTTAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA	833
Sequence_29	AGCAAAATTTAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA	833
Sequence_33	AGCAAAATTTAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA	833
Sequence_69	AGCAAAATTTAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA	833
Sequence_11	AGCAAAATTTAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA	821
Sequence_5	AGCAAAATTTAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA	821

FIGURA 16 (Continuação)

```

Sequence_1      AGCAAAATTTAAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGGTGCATATAACCAATTCGGTAGAGA 821
Sequence_17     AGCAAAATTTAAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGGTGCATATAACCAATTCGGTAGAGA 1551
Sequence_3      AGCAAAATTTAAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGGTGCATATAACCAATTCGGTAGAGA 821
Sequence_13     AGCAAAATTTAAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGGTGCATATAACCAATTCGGTAGAGA 821
Sequence_18     AGCAAAATTTAAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGGTGCATATAACCAATTCGGTAGAGA 2074
Cry8Hal        AAATCAATTTAAAAGGTTTCCGAATGCTAAGCAATGGATTGCATTTAATCGCTTCGGTAGAGA 815
*              *          *          *          *          *          *          *          *          *          *
Sequence_71     AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTCAAATTATGACACACGCACGTA 902
Sequence_73     AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTCAAATTATGACACACGCACGTA 899
Sequence_21     AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTCAAATTATGACACACGCACGTA 893
Sequence_67     AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTCAAATTATGACACACGCACGTA 893
Sequence_61     AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTCAAATTATGACACACGCACGTA 893
Sequence_93     AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTCAAATTATGACACACGCACGTA 893
Sequence_59     AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTCAAATTATGACACACGCACGTA 893
Sequence_91     AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTCAAATTATGACACACGCACGTA 893
Sequence_39     AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTCAAATTATGACACACGCACGTA 902
Sequence_41     AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTCAAATTATGACACACGCACGTA 899
Sequence_49     AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTCAAATTATGACACACGCACGTA 896
Sequence_81     AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTCAAATTATGACACACGCACGTA 896
Sequence_45     AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTCAAATTATGACACACGCACGTA 899
Sequence_77     AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTCAAATTATGACACACGCACGTA 899
Sequence_75     AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTCAAATTATGACACACGCACGTA 896
Sequence_43     AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTCAAATTATGACACACGCACGTA 896
Sequence_47     AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTCAAATTATGACACACGCACGTA 899
Sequence_79     AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTCAAATTATGACACACGCACGTA 899
Sequence_51     AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTCAAATTATGACACACGCACGTA 905
Sequence_83     AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTCAAATTATGACACACGCACGTA 905
Sequence_7      AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTCAAATTATGACACACGCACGTA 893
Sequence_25     AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTCAAATTATGACACACGCACGTA 893
Sequence_29     AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTCAAATTATGACACACGCACGTA 893
Sequence_33     AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTCAAATTATGACACACGCACGTA 893
Sequence_69     AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTCAAATTATGACACACGCACGTA 893
Sequence_11     AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTCAAATTATGACACACGCACGTA 881
Sequence_5      AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTCAAATTATGACACACGCACGTA 881
Sequence_17     AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTCAAATTATGACACACGCACGTA 1611
Sequence_3      AATGACACTGACGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTCAAATTATGACACACGCACGTA 881
Sequence_13     AATGACACTGACGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTCAAATTATGACACACGCACGTA 881
Sequence_18     AATGACACTGACGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTCAAATTATGACACACGCACGTA 2134
Cry8Hal        AATGACATTGACGGTACTGGATGATGTTGCATTATTCCTCAAATTATGATGTACGATGTA 875
***** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
Sequence_71     CCCAATGGAAACGAAAGCACAAC TAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 962
Sequence_73     CCCAATGGAAACGAAAGCACAAC TAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 959
Sequence_21     CCCAATGGAAACGAAAGCACAAC TAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 953
Sequence_67     CCCAATGGAAACGAAAGCACAAC TAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 953
Sequence_61     CCCAATAGAAACGAAAGCACAAC TAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 953
Sequence_93     CCCAATGGAAACGAAAGCACAAC TAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 953
Sequence_59     CCCAATGGAAACGAAAGCACAAC TAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 953
Sequence_91     CCCAATGGAAACGAAAGCACAAC TAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 953
Sequence_39     CCCAATGGAAACGAAAGCACAAC TAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 962
Sequence_41     CCCAATGGAAACGAAAGCACAAC TAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 959
Sequence_49     CCCAATGGAAACGAAAGCACAAC TAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 956
Sequence_81     CCCAATGGAAACGAAAGCACAAC TAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 956
Sequence_45     CCCAATGGAAACGAAAGCACAAC TAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 959
Sequence_77     CCCAATGGAAACGAAAGCACAAC TAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 959
Sequence_75     CCCAATGGAAACGAAAGCACAAC TAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 956
Sequence_43     CCCAATGGAAACGAAAGCACAAC TAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 956
Sequence_47     CCCAATGGAAACGAAAGCACAAC TAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 959
Sequence_79     CCCAATGGAAACGAAAGCACAAC TAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 959
Sequence_51     CCCAATGGAAACGAAAGCACAAC TAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 965
    
```

FIGURA 16 (Continuação)

Sequence\_83 CCCAATGGAAACGAAAGCACAACTAACAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 965  
 Sequence\_7 CCCAATGGAAACGAAAGCACAACTAACAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 953  
 Sequence\_25 CCCAATGGAAACGAAAGCACAACTAACAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 953  
 Sequence\_29 CCCAATGGAAACGAAAGCACAACTAACAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 953  
 Sequence\_33 CCCAATGGAAACGAAAGCACAACTAACAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 953  
 Sequence\_69 CCCAATGGAAACGAAAGCACAACTAACAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 953  
 Sequence\_11 CCCAATGGAAACGAAAGCACAACTAACAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 941  
 Sequence\_5 CCCAATGGAAACGAAAGCACAACTAACAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 941  
 Sequence\_1 CCCAATGGAAACGAAAGCACAACTAACAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 941  
 Sequence\_17 CCCAATGGAAACGAAAGCACAACTAACAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 1671  
 Sequence\_3 CCCAATGGAAACGAAAGCACAACTAACAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 941  
 Sequence\_13 CCCAATGGAAACGAAAGCACAACTAACAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 941  
 Sequence\_18 CCCAATGGAAACGAAAGCACAACTAACAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 2194  
 Cry8Hal CCTATAAAAACAACACAGAGCTAACGAGAACAATTATACCGATCCACTGGTTACAC 935  
 \*\*\* \*\* \*\*\*\* \* \*\* \* \*\*\*\*\* \*\* \* \* \*\*\*\*\* \*\*\*\*\* \*\*

Sequence\_71 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGTAT 1016  
 Sequence\_73 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGTAT 1013  
 Sequence\_21 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGTAT 1007  
 Sequence\_67 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGTAT 1007  
 Sequence\_61 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGTAT 1007  
 Sequence\_93 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGTAT 1007  
 Sequence\_59 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGTAT 1007  
 Sequence\_91 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGTAT 1007  
 Sequence\_39 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGTAT 1016  
 Sequence\_41 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGTAT 1013  
 Sequence\_49 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGTAT 1010  
 Sequence\_81 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGTAT 1010  
 Sequence\_45 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGTAT 1013  
 Sequence\_77 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGTAT 1013  
 Sequence\_75 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGTAT 1010  
 Sequence\_43 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGTAT 1010  
 Sequence\_47 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGTAT 1013  
 Sequence\_79 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGTAT 1013  
 Sequence\_51 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGTAT 1019  
 Sequence\_83 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGTAT 1019  
 Sequence\_7 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGTAT 1007  
 Sequence\_25 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGTAT 1007  
 Sequence\_29 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGTAT 1007  
 Sequence\_33 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGTAT 1007  
 Sequence\_69 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGTAT 1007  
 Sequence\_11 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGTAT 995  
 Sequence\_5 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGTAT 995  
 Sequence\_1 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGTAT 995  
 Sequence\_17 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGTAT 1725  
 Sequence\_3 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGTAT 995  
 Sequence\_13 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGTAT 995  
 Sequence\_18 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGTAT 2248  
 Cry8Hal GAAAACGGGTTCTAGTAGTACACCACCATGGTATAATTATGGATCTAGTTTCTCATATAT 995  
 \*\* \* \*\*\* \* \* \*\* \* \*\*\*\*\* \* \* \* \* \*\* \* \* \* \* \*\*

Sequence\_71 AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTAT 1076  
 Sequence\_73 AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTAT 1073  
 Sequence\_21 AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTAT 1067  
 Sequence\_67 AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTAT 1067  
 Sequence\_61 AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTAT 1067  
 Sequence\_93 AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTAT 1067  
 Sequence\_59 AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTAT 1067  
 Sequence\_91 AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTAT 1067  
 Sequence\_39 AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTAT 1076  
 Sequence\_41 AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTAT 1073  
 Sequence\_49 AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTAT 1070

FIGURA 16 (Continuação)

```

Sequence_81   AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1070
Sequence_45   AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1073
Sequence_77   AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1073
Sequence_75   AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1070
Sequence_43   AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1070
Sequence_47   AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1073
Sequence_79   AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1073
Sequence_51   AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1079
Sequence_83   AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1079
Sequence_7    AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1067
Sequence_25   AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1067
Sequence_29   AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1067
Sequence_33   AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1067
Sequence_69   AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1067
Sequence_11   AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1055
Sequence_5    AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1055
Sequence_1    AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1055
Sequence_17   AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1785
Sequence_3    AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1055
Sequence_13   AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1055
Sequence_18   AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 2308
Cry8Hal      AGAAAGTGTAGCGATTCCAGCCCTAGTCTGGTTAAGTGGTTAAGTCAGATTGAAATTTA 1055
          **** * **** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *

Sequence_71   TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT 1136
Sequence_73   TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT 1133
Sequence_21   TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT 1127
Sequence_67   TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT 1127
Sequence_61   TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT 1127
Sequence_93   TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT 1127
Sequence_59   TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT 1127
Sequence_91   TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT 1127
Sequence_39   TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT 1136
Sequence_41   TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT 1133
Sequence_49   TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT 1130
Sequence_81   TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT 1130
Sequence_45   TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT 1133
Sequence_77   TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT 1133
Sequence_75   TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT 1133
Sequence_43   TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT 1130
Sequence_47   TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT 1133
Sequence_79   TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT 1133
Sequence_51   TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT 1139
Sequence_83   TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT 1139
Sequence_7    TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT 1127
Sequence_25   TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT 1127
Sequence_29   TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT 1127
Sequence_33   TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT 1127
Sequence_69   TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT 1127
Sequence_11   TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT 1115
Sequence_5    TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT 1115
Sequence_1    TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT 1115
Sequence_17   TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT 1845
Sequence_3    TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT 1115
Sequence_13   TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT 1115
Sequence_18   TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT 2368
Cry8Hal      TTCGAAATCCGCAAGGGCTACACC---GCAAAGTCCGGATTATTGGGCAGGACATACAAT 1112
          * * **** ** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *

```



FIGURA 16 (Continuação)

```

Sequence_71      AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA 1196
Sequence_73      AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA 1193
Sequence_21      AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA 1187
Sequence_67      AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA 1187
Sequence_61      AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA 1187
Sequence_93      AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA 1187
Sequence_59      AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA 1187
Sequence_91      AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA 1187
Sequence_39      AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA 1196
Sequence_41      AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA 1193
Sequence_49      AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA 1190
Sequence_81      AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA 1190
Sequence_45      AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA 1193
Sequence_77      AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA 1193
Sequence_75      AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA 1190
Sequence_43      AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA 1190
Sequence_47      AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA 1193
Sequence_79      AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA 1193
Sequence_51      AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA 1199
Sequence_83      AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA 1199
Sequence_7       AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA 1187
Sequence_25      AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA 1187
Sequence_29      AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA 1187
Sequence_33      AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA 1187
Sequence_69      AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA 1187
Sequence_11      AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA 1175
Sequence_5       AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA 1175
Sequence_1       AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA 1175
Sequence_17      AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA 1905
Sequence_3       AAGCTATCATCGGATTTTTAGTGATAATATTATAAAAACAGATGTATGGAAC TAATCAAAA 1175
Sequence_13      AAGCTATCATCGGATTTTTAGTGATAATATTATAAAAACAGATGTATGGAAC TAATCAAAA 1175
Sequence_18      AAGCTATCATCGGATTTTTAGTGATAATATTATAAAAACAGATGTATGGAAC TAATCAAAA 2428
Cry8Hal         AACATATCACTATAGTGGAGATGATGGTCAAGCAGTACCTAATTTATGGAGATGAACGAA 1172
**  **  **          *  *  *          **  *  *  *  *  *  *  **  **

```

```

Sequence_71      TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAA 1256
Sequence_73      TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAA 1253
Sequence_21      TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAA 1247
Sequence_67      TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAA 1247
Sequence_61      TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAA 1247
Sequence_93      TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAA 1247
Sequence_59      TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAA 1247
Sequence_91      TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAA 1247
Sequence_39      TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAA 1256
Sequence_41      TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAA 1253
Sequence_49      TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAA 1250
Sequence_81      TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAA 1250
Sequence_45      TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAA 1253
Sequence_77      TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAA 1253
Sequence_75      TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAA 1250
Sequence_43      TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAA 1250
Sequence_47      TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAA 1253
Sequence_79      TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAA 1253
Sequence_51      TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAA 1259
Sequence_83      TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAA 1259
Sequence_7       TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAA 1247
Sequence_25      TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAA 1247
Sequence_29      TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAA 1247
Sequence_33      TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAA 1247
Sequence_69      TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAA 1247
Sequence_11      TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAA 1235
Sequence_5       TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAA 1235

```

FIGURA 16 (Continuação)

Sequence_1	TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAAA	1235
Sequence_17	TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAAA	1965
Sequence_3	TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAAA	1235
Sequence_13	TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAAA	1235
Sequence_18	TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAAA	2488
Cry8Hal	TCCGTAAATTGTAATCGTTATAAATTTGAGCAGGCTGACATTTATAGAGTTTCATCATC	1232
	** *	
Sequence_71	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGGAATGC	1315
Sequence_73	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGGAATGC	1312
Sequence_21	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGGAATGC	1306
Sequence_67	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGGAATGC	1306
Sequence_61	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGGAATGC	1306
Sequence_93	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGGAATGC	1306
Sequence_59	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGGAATGC	1306
Sequence_91	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGGAATGC	1306
Sequence_39	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGGAATGC	1315
Sequence_41	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGGAATGC	1312
Sequence_49	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGGAATGC	1309
Sequence_81	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGGAATGC	1309
Sequence_45	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGGAATGC	1312
Sequence_77	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGGAATGC	1312
Sequence_75	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGGAATGC	1309
Sequence_43	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGGAATGC	1309
Sequence_47	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGGAATGC	1312
Sequence_79	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGGAATGC	1312
Sequence_51	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGGAATGC	1318
Sequence_83	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGGAATGC	1318
Sequence_7	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGGAATGC	1306
Sequence_25	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGGAATGC	1306
Sequence_29	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGGAATGC	1306
Sequence_33	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGGAATGC	1306
Sequence_69	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGGAATGC	1306
Sequence_11	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGGAATGC	1294
Sequence_5	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGGAATGC	1294
Sequence_1	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGGAATGC	1294
Sequence_17	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGGAATGC	2024
Sequence_3	AGATGCGGTGCTCCCTTGATATTGTT-TTTCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGGAATGC	1294
Sequence_13	AGATGCGGTGCTCCCTTGATATTGTT-TTTCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGGAATGC	1294
Sequence_18	AGATGCGGTGCTCCCTTGATATTGTT-TTTCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGGAATGC	2547
Cry8Hal	TGTTGCTTCAAGTACAACCTAGTGGTAAATTAATTAACACTAAGGCTATATTTGATGG	1292
	* *	
Sequence_71	CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA	1373
Sequence_73	CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA	1370
Sequence_21	CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA	1364
Sequence_67	CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA	1364
Sequence_61	CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA	1364
Sequence_93	CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA	1364
Sequence_59	CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA	1364
Sequence_91	CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA	1364
Sequence_39	CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA	1373
Sequence_41	CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA	1370
Sequence_49	CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA	1367
Sequence_81	CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA	1367
Sequence_45	CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA	1370
Sequence_77	CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA	1370
Sequence_75	CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA	1367
Sequence_43	CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA	1367
Sequence_47	CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA	1370
Sequence_79	CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA	1370
Sequence_51	CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA	1376

FIGURA 16 (Continuação)

Sequence_83	CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA	1376
Sequence_7	CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA	1364
Sequence_25	CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA	1364
Sequence_29	CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA	1364
Sequence_33	CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA	1364
Sequence_69	CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA	1364
Sequence_11	CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA	1352
Sequence_5	CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA	1352
Sequence_1	CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA	1352
Sequence_17	CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA	2082
Sequence_3	CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA	1352
Sequence_13	CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA	1352
Sequence_18	CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA	2605
Cry8Hal	CATAAGTACAA-----ACAATGGACTAGTGAGTTACATGATGAAAATTTATCGAACTT	1346
	** **** *	
Sequence_71	TAATCCAGTTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC	1429
Sequence_73	TAATCCAGTTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC	1426
Sequence_21	TAATCCAGTTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC	1420
Sequence_67	TAATCCAGTTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC	1420
Sequence_61	TAATCCAGTTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC	1420
Sequence_93	TAATCCAGTTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC	1420
Sequence_59	TAATCCAGTTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC	1420
Sequence_91	TAATCCAGTTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC	1420
Sequence_39	TAATCCAGTTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC	1429
Sequence_41	TAATCCAGTTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC	1426
Sequence_49	TAATCCAGTTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC	1423
Sequence_81	TAATCCAGTTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC	1423
Sequence_45	TAATCCAGTTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC	1426
Sequence_77	TAATCCAGTTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC	1426
Sequence_75	TAATCCAGTTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC	1423
Sequence_43	TAATCCAGTTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC	1423
Sequence_47	TAATCCAGTTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC	1426
Sequence_79	TAATCCAGTTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC	1426
Sequence_51	TAATCCAGTTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC	1432
Sequence_83	TAATCCAGTTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC	1432
Sequence_7	TAATCCAGTTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC	1420
Sequence_25	TAATCCAGTTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC	1420
Sequence_29	TAATCCAGTTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC	1420
Sequence_33	TAATCCAGTTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC	1420
Sequence_69	TAATCCAGTTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC	1420
Sequence_11	TAATCCAGTTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC	1408
Sequence_5	TAATCCAGTTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC	1408
Sequence_1	TAATCCAGTTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC	1408
Sequence_17	TAATCCAGTTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC	2138
Sequence_3	TAATCCGGTTTTCCAAAGATATTATAGCGGGGACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC	1408
Sequence_13	TAATCCGGTTTTCCAAAGATATTATAGCGGGGACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC	1408
Sequence_18	TAATCCGGTTTTCCAAAGATATTATAGCGGGGACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC	2661
Cry8Hal	TTTTAATGAACTAAAAGATACAAATTACAGAGCTACCTGTTCCAGATATCCAGTCCCTCCTAC	1406
	* *	
Sequence_71	CTCCAGAAACTTCAGATCAACCAAATTTATGAGTCATATAGCCATAGATTATGTCATATCA	1489
Sequence_73	CTCCAGAAACTTCAGATCAACCAAATTTATGAGTCATATAGCCATAGATTATGTCATATCA	1486
Sequence_21	CTCCAGAAACTTCAGATCAACCAAATTTATGAGTCATATAGCCATAGATTATGTCATATCA	1480
Sequence_67	CTCCAGAAACTTCAGATCAACCAAATTTATGAGTCATATAGCCATAGATTATGTCATATCA	1480
Sequence_61	CTCCAGAAACTTCAGATCAACCAAATTTATGAGTCATATAGCCATAGATTATGTCATATCA	1480
Sequence_93	CTCCAGAAACTTCAGATCAACCAAATTTATGAGTCATATAGCCATAGATTATGTCATATCA	1480
Sequence_59	CTCCAGAAACTTCAGATCAACCAAATTTATGAGTCATATAGCCATAGATTATGTCATATCA	1480
Sequence_91	CTCCAGAAACTTCAGATCAACCAAATTTATGAGTCATATAGCCATAGATTATGTCATATCA	1480
Sequence_39	CTCCAGAAACTTCAGATCAACCAAATTTATGAGTCATATAGCCATAGATTATGTCATATCA	1489
Sequence_41	CTCCAGAAACTTCAGATCAACCAAATTTATGAGTCATATAGCCATAGATTATGTCATATCA	1486
Sequence_49	CTCCAGAAACTTCAGATCAACCAAATTTATGAGTCATATAGCCATAGATTATGTCATATCA	1483



FIGURA 16 (Continuação)

```

Sequence_71 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1607
Sequence_73 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1604
Sequence_21 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1598
Sequence_67 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1598
Sequence_61 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1598
Sequence_93 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1598
Sequence_59 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1598
Sequence_91 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1598
Sequence_39 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1607
Sequence_41 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1604
Sequence_49 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1601
Sequence_81 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1601
Sequence_45 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1604
Sequence_77 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1604
Sequence_75 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1601
Sequence_43 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1601
Sequence_47 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1604
Sequence_79 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1604
Sequence_51 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1610
Sequence_83 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1610
Sequence_7 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1598
Sequence_25 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1598
Sequence_29 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1598
Sequence_33 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1598
Sequence_69 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1598
Sequence_11 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1586
Sequence_5 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1586
Sequence_1 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1586
Sequence_17 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 2316
Sequence_3 TCGGAGTCCGATCTTATAAATGCAGTTCATTTCAGATAAAAATTAAGTCCAGATTCGGGTCGT 1586
Sequence_13 TCGGAGTCCGATCTTATAAATGCAGTTCATTTCAGATAAAAATTAAGTCCAGATTCGGGTCGT 1586
Sequence_18 TCGGAGTCCGATCTTATAAATGCAGTTCATTTCAGATAAAAATTAAGTCCAGATTCGGGTCGT 2839
Cry8Hal1 TACTAGTTTAACTCAAACAATTCAGATACATTCGACTCAATTAAGTCCAGATTCGGGTCGT 1583
*   ***   *   *   ***   *   ****  **   ***   *****   *   **
    
```

```

Sequence_71 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1663
Sequence_73 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1660
Sequence_21 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1654
Sequence_67 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1654
Sequence_61 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1654
Sequence_93 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1654
Sequence_59 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1654
Sequence_91 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1654
Sequence_39 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1663
Sequence_41 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1660
Sequence_49 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1657
Sequence_81 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1657
Sequence_45 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1660
Sequence_77 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1660
Sequence_75 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1657
Sequence_43 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1657
Sequence_47 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1660
Sequence_79 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1660
Sequence_51 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1666
Sequence_83 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1666
Sequence_7 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1654
Sequence_25 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1654
Sequence_29 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1654
Sequence_33 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1654
Sequence_69 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1654
Sequence_11 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1642
Sequence_5 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1642
    
```

FIGURA 16 (Continuação)

Sequence_1	TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTCCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG	1642
Sequence_17	TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTCCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG	2372
Sequence_3	AAAGGTTTCTGATTTGGCTCCCTCTATAACAGGAGGGCCAAATAATACCGTTGTATCGGG	1646
Sequence_13	AAAGGTTTCTGATTTGGCTCCCTCTATAACAGGAGGGCCAAATAATACCGTTGTATCGGG	1646
Sequence_18	AAAGGTTTCTGATTTGGCTCCCTCTATAACAGGAGGGCCAAATAATACCGTTGTATCGGG	2899
Cry8Hal	TAAAGCAAATAGTGTATTCTTATGT-----TACTGTTGAAAAGGG	1625
	** * * * *	** * *
Sequence_71	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCGTAGGAACCTTATTTCT	1718
Sequence_73	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCGTAGGAACCTTATTTCT	1715
Sequence_21	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCGTAGGAACCTTATTTCT	1709
Sequence_67	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCGTAGGAACCTTATTTCT	1709
Sequence_61	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCGTAGGAACCTTATTTCT	1709
Sequence_93	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCGTAGGAACCTTATTTCT	1709
Sequence_59	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCGTAGGAACCTTATTTCT	1709
Sequence_91	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCGTAGGAACCTTATTTCT	1709
Sequence_39	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCGTAGGAACCTTATTTCT	1718
Sequence_41	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCGTAGGAACCTTATTTCT	1715
Sequence_49	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCGTAGGAACCTTATTTCT	1712
Sequence_81	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCGTAGGAACCTTATTTCT	1712
Sequence_45	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCGTAGGAACCTTATTTCT	1715
Sequence_77	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCGTAGGAACCTTATTTCT	1715
Sequence_75	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCGTAGGAACCTTATTTCT	1712
Sequence_43	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCGTAGGAACCTTATTTCT	1712
Sequence_47	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCGTAGGAACCTTATTTCT	1715
Sequence_79	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCGTAGGAACCTTATTTCT	1715
Sequence_51	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCGTAGGAACCTTATTTCT	1721
Sequence_83	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCGTAGGAACCTTATTTCT	1721
Sequence_7	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCGTAGGAACCTTATTTCT	1709
Sequence_25	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCGTAGGAACCTTATTTCT	1709
Sequence_29	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCGTAGGAACCTTATTTCT	1709
Sequence_33	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCGTAGGAACCTTATTTCT	1709
Sequence_69	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCGTAGGAACCTTATTTCT	1709
Sequence_11	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCGTAGGAACCTTATTTCT	1697
Sequence_5	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCGTAGGAACCTTATTTCT	1697
Sequence_1	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCGTAGGAACCTTATTTCT	1697
Sequence_17	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCGTAGGAACCTTATTTCT	2427
Sequence_3	TCCTGGATTTACAGGGGGGGGATAATAAAAGTAATAAGAAATGGAGTAATATATACACA	1706
Sequence_13	TCCTGGATTTACAGGGGGGGGATAATAAAAGTAATAAGAAATGGAGTAATATATACACA	1706
Sequence_18	TCCTGGATTTACAGGGGGGGGATAATAAAAGTAATAAGAAATGGAGTAATATATACACA	2959
Cry8Hal	AAAGGCTTTACAGGTGGAGATTTAGTGAAATTCCTCC---ACTGGATTCATGTCTACAGG	1682
	** **** * ** * ** *	** * *
Sequence_71	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1778
Sequence_73	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1775
Sequence_21	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1769
Sequence_67	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1769
Sequence_61	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1769
Sequence_93	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1769
Sequence_59	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1769
Sequence_91	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1769
Sequence_39	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1778
Sequence_41	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1775
Sequence_49	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1772
Sequence_81	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1772
Sequence_45	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1775
Sequence_77	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1775
Sequence_75	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1772
Sequence_43	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1772
Sequence_47	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1775
Sequence_79	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1775
Sequence_51	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1781

FIGURA 16 (Continuação)

Sequence_83	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1781
Sequence_7	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1769
Sequence_25	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1769
Sequence_29	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1769
Sequence_33	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1769
Sequence_69	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1769
Sequence_11	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1757
Sequence_5	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1757
Sequence_1	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1757
Sequence_17	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	2487
Sequence_3	TATGCG---TGTTAAAATTTTCAGACATTAACAAAGAATATAGTATGAGGATTCGGTATGC	1763
Sequence_13	TATGCG---TGTTAAAATTTTCAGACATTAACAAAGAATATAGTATGAGGATTCGGTATGC	1763
Sequence_18	TATGCG---TGTTAAAATTTTCAGACATTAACAAAGAATATAGTATGAGGATTCGGTATGC	3016
Cry8Hal	AATACAGTTTAAATTTAAGA TAGAAGAAAGAAAGCGTTATCGTATCCGTAATACGATATGC	1742
	* * * * * * * * * * * * * * * *	
Sequence_71	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTTCAGAT	1826
Sequence_73	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTTCAGAT	1823
Sequence_21	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTTCAGAT	1817
Sequence_67	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTTCAGAT	1817
Sequence_61	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTTCAGAT	1817
Sequence_93	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTTCAGAT	1817
Sequence_59	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTTCAGAT	1817
Sequence_91	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTTCAGAT	1817
Sequence_39	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTTCAGAT	1826
Sequence_41	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTTCAGAT	1823
Sequence_49	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTTCAGAT	1820
Sequence_81	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTTCAGAT	1820
Sequence_45	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTTCAGAT	1823
Sequence_77	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTTCAGAT	1823
Sequence_75	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTTCAGAT	1820
Sequence_43	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTTCAGAT	1820
Sequence_47	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTTCAGAT	1823
Sequence_79	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTTCAGAT	1823
Sequence_51	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTTCAGAT	1829
Sequence_83	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTTCAGAT	1829
Sequence_7	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTTCAGAT	1817
Sequence_25	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTTCAGAT	1817
Sequence_29	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTTCAGAT	1817
Sequence_33	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTTCAGAT	1817
Sequence_69	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTTCAGAT	1817
Sequence_11	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTTCAGAT	1805
Sequence_5	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTTCAGAT	1805
Sequence_1	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTTCAGAT	1805
Sequence_17	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTTCAGAT	2535
Sequence_3	TTCCGCTAATAATACTGAATTTTATATAAAATCCTTCGAAGAAAACGTTAAATCTCAGC	1823
Sequence_13	TTCCGCTAATAATACTGAATTTTATATAAAATCCTTCGAAGAAAACGTTAAATCTCAGC	1823
Sequence_18	TTCCGCTAATAATACTGAATTTTATATAAAATCCTTCGAAGAAAACGTTAAATCTCAGC	3076
Cry8Hal	CGCTGATGTTAATGCT--ACTCTATCTGCACCTGGATTA--ATGATGCATTTATTACAT	1799
	* * * * * * * * * * * * * * * *	
Sequence_71	GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC	1886
Sequence_73	GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC	1883
Sequence_21	GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC	1877
Sequence_67	GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC	1877
Sequence_61	GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC	1877
Sequence_93	GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC	1877
Sequence_59	GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC	1877
Sequence_91	GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC	1877
Sequence_39	GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC	1886
Sequence_41	GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC	1883
Sequence_49	GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC	1880

FIGURA 16 (Continuação)

Sequence_81	GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACCTTTTAAAGTTGCAGATGC	1880
Sequence_45	GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACCTTTTAAAGTTGCAGATGC	1883
Sequence_77	GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACCTTTTAAAGTTGCAGATGC	1883
Sequence_75	GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACCTTTTAAAGTTGCAGATGC	1880
Sequence_43	GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACCTTTTAAAGTTGCAGATGC	1880
Sequence_47	GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACCTTTTAAAGTTGCAGATGC	1883
Sequence_79	GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACCTTTTAAAGTTGCAGATGC	1883
Sequence_51	GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACCTTTTAAAGTTGCAGATGC	1889
Sequence_83	GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACCTTTTAAAGTTGCAGATGC	1889
Sequence_7	GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACCTTTTAAAGTTGCAGATGC	1877
Sequence_25	GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACCTTTTAAAGTTGCAGATGC	1877
Sequence_29	GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACCTTTTAAAGTTGCAGATGC	1877
Sequence_33	GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACCTTTTAAAGTTGCAGATGC	1877
Sequence_69	GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACCTTTTAAAGTTGCAGATGC	1877
Sequence_11	GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACCTTTTAAAGTTGCAGATGC	1865
Sequence_5	GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACCTTTTAAAGTTGCAGATGC	1865
Sequence_1	GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACCTTTTAAAGTTGCAGATGC	1865
Sequence_17	GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACCTTTTAAAGTTGCAGATGC	2595
Sequence_3	TCAAAAAACTATGAATAGAGGTGAAGCTTTAACATATAATAAATTTAATTATGC-GACTT	1882
Sequence_13	TCAAAAAACTATGAATAGAGGTGAAGCTTTAACATATAATAAATTTAATTATGC-GACTT	1882
Sequence_18	TCAAAAAACTATGAATAGAGGTGAAGCTTTAACATATAATAAATTTAATTATGC-GACTT	3135
Cry8Hal	TAAATCGCAATGTCTCAAGCACACCATTGAAGTATAACGATTTCCAATATGCAAGG	1859
	* * * * *	
Sequence_71	TATCACAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTGCAGTTAAA--CATAATTTAG	1942
Sequence_73	TATCACAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTGCAGTTAAA--CATAATTTAG	1939
Sequence_21	TATCACAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTAGCAGTGAAA--CATAATGTAG	1933
Sequence_67	TATCACAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTAGCAGTGAAA--CATAATTTAG	1933
Sequence_61	TATCACAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTGCAGTTAAA--CATAATGTAG	1933
Sequence_93	TATCACAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTGCAGTTAAA--CATAATTTAG	1933
Sequence_59	TATCACAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTGCAGTTAAA--CATAATGTAG	1933
Sequence_91	TATCACAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTGCAGTTAAA--CATAATTTAG	1933
Sequence_39	TATCACAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTGCAGTTAAA--CATAATGTAG	1942
Sequence_41	TATCACAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTGCAGTTAAA--CATAATGTAG	1939
Sequence_49	TATCACAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTGCAGTTAAA--CATAATGTAG	1936
Sequence_81	TATCACAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTGCAGTTAAA--CATAATTTAG	1936
Sequence_45	TATCACAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTGCAGTTAAA--CATAATGTAG	1939
Sequence_77	TATCACAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTGCAGTTAAA--CATAATTTAG	1939
Sequence_75	TATCACAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTGCAGTTAAA--CATAATTTAG	1936
Sequence_43	TATCACAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTGCAGTTAAA--CATAATGTAG	1936
Sequence_47	TATCACAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTGCAGTTAAA--CATAATGTAG	1939
Sequence_79	TATCACAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTGCAGTTAAA--CATAATTTAG	1939
Sequence_51	TATCACAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTGCAGTTAAA--CATAATGTAG	1945
Sequence_83	TATCACAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTGCAGTTAAA--CATAATTTAG	1945
Sequence_7	TATCACAACATTAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTAGCATTGAAA--CATAATTTAG	1933
Sequence_25	TATCACAACATTAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTAGCATTGAAA--CATAATGTAG	1933
Sequence_29	TATCACAACATTAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTAGCAGTGAAA--CATAATGTAG	1933
Sequence_33	TATCACAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTAGCAGTGAAA--CATAATGTAG	1933
Sequence_69	TATCACAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTAGCAGTGAAA--CATAATTTAG	1933
Sequence_11	TATCACAACATTAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTAGCATTGAAA--CATAATTTAG	1921
Sequence_5	TATCACAACATTAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTAGCATTGAAA--CATAATTTAG	1921
Sequence_1	TATCACAACATTAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTAGCATTGAAA--CATAATTTAG	1921
Sequence_17	TATCACAACATTAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTAGCATTGAAA--CATAATTTAG	2651
Sequence_3	TGCCCC-TATTAATTTACGACAACCGAACCTTTTCATTACTCTAGGGGCTATATTTGAA	1941
Sequence_13	TGCCCC-TATTAATTTACGACAACCGAACCTTTTCATTACTCTAGGGGCTATATTTGAA	1941
Sequence_18	TGCCCC-TATTAATTTACGACAACCGAACCTTTTCATTACTCTAGGGGCTATATTTGAA	3194
Cry8Hal	TGACAAAACAGTGCATTTA-----TACAATCCTCGTTTTCTTTA-----TATTTAGAAA	1909
	* * * * *	



FIGURA 16 (Continuação)

```

Sequence_71      GTGAAGACCCCTAATTC AACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 2002
Sequence_73      GTGAAGACCCCTAATTC AACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1999
Sequence_21      GTGAAGACCCCTAATTC AACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1993
Sequence_67      GTGAAGACCCCTAATTC AACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1993
Sequence_61      GTGAAGACCCCTAATTC AACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1993
Sequence_93      GTGAAGACCCCTAATTC AACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1993
Sequence_59      GTGAAGACCCCTAATTC AACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1993
Sequence_91      GTGAAGACCCCTAATTC AACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1993
Sequence_39      GTGAAGACCCCTAATTC AACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 2002
Sequence_41      GTGAAGACCCCTAATTC AACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1999
Sequence_49      GTGAAGACCCCTAATTC AACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1996
Sequence_81      GTGAAGACCCCTAATTC AACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1996
Sequence_45      GTGAAGACCCCTAATTC AACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1999
Sequence_77      GTGAAGACCCCTAATTC AACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1999
Sequence_75      GTGAAGACCCCTAATTC AACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1996
Sequence_43      GTGAAGACCCCTAATTC AACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1996
Sequence_47      GTGAAGACCCCTAATTC AACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1999
Sequence_79      GTGAAGACCCCTAATTC AACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1999
Sequence_51      GTGAAGACCCCTAATTC AACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 2005
Sequence_83      GTGAAGACCCCTAATTC AACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 2005
Sequence_7       GTGAAGACCCCTAATTC AACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1993
Sequence_25      GTGAAGACCCCTAATTC AACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1993
Sequence_29      GTGAAGACCCCTAATTC AACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1993
Sequence_33      GTGAAGACCCCTAATTC AACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1993
Sequence_69      GTGAAGACCCCTAATTC AACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1993
Sequence_11      GTGAAGACCCCTAATTC AACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1981
Sequence_5       GTGAAGACCCCTAATTC AACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1981
Sequence_1       GTGAAGACCCCTAATTC AACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1981
Sequence_17      GTGAAGACCCCTAATTC AACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 2711
Sequence_3       GCGGAAGACTTTC TTGGAATTGA-----AGCTTATATAGACCGAATCGAATTTATCC 1993
Sequence_13      GCGGAAGACTTTC TTGGAATTGA-----AGCTTATATAGACCGAATCGAATTTATCC 1993
Sequence_18      GCGGAAGACTTTC TTGGAATTGA-----AGCTTATATAGACCGAATCGAATTTATCC 3246
Cry8Ha1         ATTCAGATCAATCCGGGAAAAGT-----ATTTATATAGATCGAATTCATCC 1960
                *      *      *      *** * ** ***** **

```

```

Sequence_71      CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA----- 2028
Sequence_73      CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA----- 2025
Sequence_21      CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAATAA----- 2022
Sequence_67      CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAATAA----- 2022
Sequence_61      CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA----- 2019
Sequence_93      CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA----- 2019
Sequence_59      CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA----- 2019
Sequence_91      CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA----- 2019
Sequence_39      CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA----- 2028
Sequence_41      CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA----- 2025
Sequence_49      CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA----- 2022
Sequence_81      CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA----- 2022
Sequence_45      CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA----- 2025
Sequence_77      CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA----- 2025
Sequence_75      CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA----- 2022
Sequence_43      CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA----- 2022
Sequence_47      CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA----- 2025
Sequence_79      CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA----- 2025
Sequence_51      CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA----- 2031
Sequence_83      CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA----- 2031
Sequence_7       CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAATAA----- 2022
Sequence_25      CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAATAA----- 2022
Sequence_29      CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAATAA----- 2022
Sequence_33      CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAATAA----- 2022
Sequence_69      CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAATAA----- 2022
Sequence_11      CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAATAA----- 2010
Sequence_5       CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAACAAGATTTAGAAGCAGCGAAGAAAGCAGTGAATG 2041

```

## FIGURA 16 (Continuação)

```
Sequence_1      CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAACAAGATTTAGAAGCAGCGAAGAAAGCAGTGAATG 2041
Sequence_17    CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAACAAGATTTAGAAGCAGCGAAGAAAGCAGTGAATG 2771
Sequence_3     CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAACAAGATTTAGAAGCAGCGAAGAAAGCAGTGAATG 2053
Sequence_13   CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAATAA----- 2022
Sequence_18   CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAACAAGATTTAGAAGCAGCGAAGAAAGCAGTGAATG 3306
Cry8Hal      CAGTAGATGAGACCTATGAAGCAGAACAAGAT----- 1992
***** **
```





FIGURA 17 (Continuação)

Sequence_41	GTTTAGGGGTCCCATTGTTGGGCCGATAGTGAGTCTTTATACTCAACTTATTGATATTC	307
Sequence_49	GTTTAGGGGTCCCATTGTTGGGCCGATAGTGAGTCTTTATACTCAACTTATTGATATTC	307
Sequence_81	GTTTAGGGGTCCCATTGTTGGGCCGATAGTGAGTCTTTATACTCAACTTATTGATATTC	307
Sequence_45	GTTTAGGGGTCCCATTGTTGGGCCGATAGTGAGTCTTTATACTCAACTTATTGATATTC	307
Sequence_77	GTTTAGGGGTCCCATTGTTGGGCCGATAGTGAGTCTTTATACTCAACTTATTGATATTC	307
Sequence_75	GTTTAGGGGTCCCATTGTTGGGCCGATAGTGAGTCTTTATACTCAACTTATTGATATTC	307
Sequence_43	GTTTAGGGGTCCCATTGTTGGGCCGATAGTGAGTCTTTATACTCAACTTATTGATATTC	307
Sequence_47	GTTTAGGGGTCCCATTGTTGGGCCGATAGTGAGTCTTTATACTCAACTTATTGATATTC	307
Sequence_79	GTTTAGGGGTCCCATTGTTGGGCCGATAGTGAGTCTTTATACTCAACTTATTGATATTC	307
Sequence_51	GTTTAGGGGTCCCATTGTTGGGCCGATAGTGAGTCTTTATACTCAACTTATTGATATTC	307
Sequence_83	GTTTAGGGGTCCCATTGTTGGGCCGATAGTGAGTCTTTATACTCAACTTATTGATATTC	307
Sequence_7	GTTTAGGGGTCCCATTGTTGGGCCGATAGTGAGTCTTTATACTCAACTTATTGATATTC	307
Sequence_25	GTTTAGGGGTCCCATTGTTGGGCCGATAGTGAGTCTTTATACTCAACTTATTGATATTC	307
Sequence_29	GTTTAGGGGTCCCATTGTTGGGCCGATAGTGAGTCTTTATACTCAACTTATTGATATTC	307
Sequence_33	GTTTAGGGGTCCCATTGTTGGGCCGATAGTGAGTCTTTATACTCAACTTATTGATATTC	307
Sequence_69	GTTTAGGGGTCCCATTGTTGGGCCGATAGTGAGTCTTTATACTCAACTTATTGATATTC	307
Sequence_11	GTTTAGGGGTCCCATTGTTGGGCCGATAGTGAGTCTTTATACTCAACTTATTGATATTC	307
Sequence_1	GTTTAGGGGTCCCATTGTTGGGCCGATAGTGAGTCTTTATACTCAACTTATTGATATTC	307
Sequence_17	GTTTAGGGGTCCCATTGTTGGGCCGATAGTGAGTCTTTATACTCAACTTATTGATATTC	1037
Sequence_3	GTTTAGGGGTCCCATTGTTGGGCCGATAGTGAGTCTTTATACTCAACTTATTGATATTC	307
Sequence_13	GTTTAGGGGTCCCATTGTTGGGCCGATAGTGAGTCTTTATACTCAACTTATTGATATTC	307
Sequence_18	GTTTAGGGGTCCCATTGTTGGGCCGATAGTGAGTCTTTATACTCAACTTATTGATATTC	1560
Cry8Kal	GGTTAGGACTTCCATTGCTGGGGAACAGGGATGGCTTTAATTTCTAGGTCTAT	304
	* * * * *	
Sequence_71	TGTGGCCTTCAGGGGAAAAGAGTCAATGGGAAATTTTTATGGAACAAGTAGAAGAACTCA	367
Sequence_73	TGTGGCCTTCAGGGGAAAAGAGTCAATGGGAAATTTTTATGGAACAAGTAGAAGAACTCA	367
Sequence_21	TGTGGCCTTCAGGGGAAAAGAGTCAATGGGAAATTTTTATGGAACAAGTAGAAGAACTCA	367
Sequence_67	TGTGGCCTTCAGGGGAAAAGAGTCAATGGGAAATTTTTATGGAACAAGTAGAAGAACTCA	367
Sequence_61	TGTGGCCTTCAGGGGAAAAGAGTCAATGGGAAATTTTTATGGAACAAGTAGAAGAACTCA	367
Sequence_93	TGTGGCCTTCAGGGGAAAAGAGTCAATGGGAAATTTTTATGGAACAAGTAGAAGAACTCA	367
Sequence_59	TGTGGCCTTCAGGGGAAAAGAGTCAATGGGAAATTTTTATGGAACAAGTAGAAGAACTCA	367
Sequence_91	TGTGGCCTTCAGGGGAAAAGAGTCAATGGGAAATTTTTATGGAACAAGTAGAAGAACTCA	367
Sequence_39	TGTGGCCTTCAGGGGAAAAGAGTCAATGGGAAATTTTTATGGAACAAGTAGAAGAACTCA	367
Sequence_41	TGTGGCCTTCAGGGGAAAAGAGTCAATGGGAAATTTTTATGGAACAAGTAGAAGAACTCA	367
Sequence_49	TGTGGCCTTCAGGGGAAAAGAGTCAATGGGAAATTTTTATGGAACAAGTAGAAGAACTCA	367
Sequence_81	TGTGGCCTTCAGGGGAAAAGAGTCAATGGGAAATTTTTATGGAACAAGTAGAAGAACTCA	367
Sequence_45	TGTGGCCTTCAGGGGAAAAGAGTCAATGGGAAATTTTTATGGAACAAGTAGAAGAACTCA	367
Sequence_77	TGTGGCCTTCAGGGGAAAAGAGTCAATGGGAAATTTTTATGGAACAAGTAGAAGAACTCA	367
Sequence_75	TGTGGCCTTCAGGGGAAAAGAGTCAATGGGAAATTTTTATGGAACAAGTAGAAGAACTCA	367
Sequence_43	TGTGGCCTTCAGGGGAAAAGAGTCAATGGGAAATTTTTATGGAACAAGTAGAAGAACTCA	367
Sequence_47	TGTGGCCTTCAGGGGAAAAGAGTCAATGGGAAATTTTTATGGAACAAGTAGAAGAACTCA	367
Sequence_79	TGTGGCCTTCAGGGGAAAAGAGTCAATGGGAAATTTTTATGGAACAAGTAGAAGAACTCA	367
Sequence_51	TGTGGCCTTCAGGGGAAAAGAGTCAATGGGAAATTTTTATGGAACAAGTAGAAGAACTCA	367
Sequence_83	TGTGGCCTTCAGGGGAAAAGAGTCAATGGGAAATTTTTATGGAACAAGTAGAAGAACTCA	367
Sequence_7	TGTGGCCTTCAGGGGAAAAGAGTCAATGGGAAATTTTTATGGAACAAGTAGAAGAACTCA	367
Sequence_25	TGTGGCCTTCAGGGGAAAAGAGTCAATGGGAAATTTTTATGGAACAAGTAGAAGAACTCA	367
Sequence_29	TGTGGCCTTCAGGGGAAAAGAGTCAATGGGAAATTTTTATGGAACAAGTAGAAGAACTCA	367
Sequence_33	TGTGGCCTTCAGGGGAAAAGAGTCAATGGGAAATTTTTATGGAACAAGTAGAAGAACTCA	367
Sequence_69	TGTGGCCTTCAGGGGAAAAGAGTCAATGGGAAATTTTTATGGAACAAGTAGAAGAACTCA	367
Sequence_11	TGTGGCCTTCAGGGGAAAAGAGTCAATGGGAAATTTTTATGGAACAAGTAGAAGAACTCA	367
Sequence_1	TGTGGCCTTCAGGGGAAAAGAGTCAATGGGAAATTTTTATGGAACAAGTAGAAGAACTCA	367
Sequence_17	TGTGGCCTTCAGGGGAAAAGAGTCAATGGGAAATTTTTATGGAACAAGTAGAAGAACTCA	1097
Sequence_3	TGTGGCCTTCAGGGGAAAAGAGTCAATGGGAAATTTTTATGGAACAAGTAGAAGAACTCA	367
Sequence_13	TGTGGCCTTCAGGGGAAAAGAGTCAATGGGAAATTTTTATGGAACAAGTAGAAGAACTCA	367
Sequence_18	TGTGGCCTTCAGGGGAAAAGAGTCAATGGGAAATTTTTATGGAACAAGTAGAAGAACTCA	1620
Cry8Kal	TATGGCCAACA---TCAGGAAACCCGTGGGCTGAACATAATGATATTGGTAGAAGAACTCA	361
	* * * * *	



FIGURA 17 (Continuação)

Sequence_3	GTAATAATTACCAATTATATCTAAGTTCGCGCTTGAAGAATGGAAAGAAAATCCAAATGGT-	486
Sequence_13	GTAATAATTACCAATTATATCTAAGTTCGCGCTTGAAGAATGGAAAGAAAATCCAAATGGT-	486
Sequence_18	GTAATAATTACCAATTATATCTAAGTTCGCGCTTGAAGAATGGAAAGAAAATCCAAATGGT-	1739
Cry8Ka1	GTAGAGCCTTACGATCCTATTTAAACGCATTTGAAGATTGGCAAAAAACCCCTAATATCT	481
	*** *	
Sequence_71	GTCGAGGTTTTCGAAGTCGAGGTCCA---GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA	543
Sequence_73	GTCGAGGTTTTCGAAGTCGAGGT-----GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA	540
Sequence_21	--CGAGGTTTTCGA---CGAGGT-----GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA	534
Sequence_67	--CGAGGTTTTCGA---CGAGGT-----GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA	534
Sequence_61	--CGAGGTTTTCGA---CGAGGT-----GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA	534
Sequence_93	--CGAGGTTTTCGA---CGAGGT-----GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA	534
Sequence_59	--CGAGGTTTTCGA---CGAGGT-----GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA	534
Sequence_91	--CGAGGTTTTCGA---CGAGGT-----GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA	534
Sequence_39	GTCGAGGTTTTCGAAGTCGAGGTCCA---GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA	543
Sequence_41	GTCGAGGTTTTCGAAGTCGAGGT-----GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA	540
Sequence_49	CCCGG---TTTCGAAGTCGA---CAA---GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA	537
Sequence_81	CCCGG---TTTCGAAGTCGA---CAA---GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA	537
Sequence_45	CCCGG---TTTCGAAGTCGAGGTCCA---GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA	540
Sequence_77	CCCGG---TTTCGAAGTCGAGGTCCA---GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA	540
Sequence_75	CCCGG---TTTCGAAGTCGAG---GT---GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA	537
Sequence_43	CCCGG---TTTCGAAGTCGAG---GT---GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA	537
Sequence_47	GTCGAGGT---CCAAATGGTCCCGG---GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA	540
Sequence_79	GTCGAGGT---CCAAATGGTCCCGG---GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA	540
Sequence_51	GTCGAGGTAGTTTAAATGGTTCCTCCGGCCAGCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA	546
Sequence_83	GTCGAGGTAGTTTAAATGGTTCCTCCGGCCAGCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA	546
Sequence_7	-TCAA-----GAAATGGTCCCGG---GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA	534
Sequence_25	-TCAA-----GAAATGGTCCCGG---GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA	534
Sequence_29	-TCAA-----GAAATGGTCCCGG---GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA	534
Sequence_33	-TCAA-----GAAATGGTCCCGG---GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA	534
Sequence_69	-TCAA-----GAAATGGTCCCGG---GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA	534
Sequence_11	-TCAA-----GA-----GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA	522
Sequence_1	-TCAA-----GA-----GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA	522
Sequence_17	-TCAA-----GA-----GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA	1252
Sequence_3	-TCAA-----GA-----GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA	522
Sequence_13	-TCAA-----GA-----GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA	522
Sequence_18	-TCAA-----GA-----GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA	1775
Cry8Ka1	TTTCG-----GAGTAAAGAGTTAGTAAAAGAAAGATTTTCA	516
	* *	
Sequence_71	ATCCTGGATAGTTTATTTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTAGAGTGACAAATTTTGAAGT	602
Sequence_73	ATCCTGGATAGTTTATTTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTAGAGTGACAAATTTTGAAGT	599
Sequence_21	ATCCTGGATAGTTTATTTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTAGAGTGACAAATTTTGAAGT	593
Sequence_67	ATCCTGGATAGTTTATTTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTAGAGTGACAAATTTTGAAGT	593
Sequence_61	ATCCTGGATAGTTTATTTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTAGAGTGACAAATTTTGAAGT	593
Sequence_93	ATCCTGGATAGTTTATTTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTAGAGTGACAAATTTTGAAGT	593
Sequence_59	ATCCTGGATAGTTTATTTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTAGAGTGACAAATTTTGAAGT	593
Sequence_91	ATCCTGGATAGTTTATTTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTAGAGTGACAAATTTTGAAGT	593
Sequence_39	ATCCTGGATAGTTTATTTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTAGAGTGACAAATTTTGAAGT	602
Sequence_41	ATCCTGGATAGTTTATTTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTAGAGTGACAAATTTTGAAGT	599
Sequence_49	ATCCTGGATAGTTTATTTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTAGAGTGACAAATTTTGAAGT	596
Sequence_81	ATCCTGGATAGTTTATTTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTAGAGTGACAAATTTTGAAGT	596
Sequence_45	ATCCTGGATAGTTTATTTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTAGAGTGACAAATTTTGAAGT	599
Sequence_77	ATCCTGGATAGTTTATTTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTAGAGTGACAAATTTTGAAGT	599
Sequence_75	ATCCTGGATAGTTTATTTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTAGAGTGACAAATTTTGAAGT	596
Sequence_43	ATCCTGGATAGTTTATTTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTAGAGTGACAAATTTTGAAGT	596
Sequence_47	ATCCTGGATAGTTTATTTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTAGAGTGACAAATTTTGAAGT	599
Sequence_79	ATCCTGGATAGTTTATTTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTAGAGTGACAAATTTTGAAGT	599
Sequence_51	ATCCTGGATAGTTTATTTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTAGAGTGACAAATTTTGAAGT	605
Sequence_83	ATCCTGGATAGTTTATTTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTAGAGTGACAAATTTTGAAGT	605
Sequence_7	ATCCTGGATAGTTTATTTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTAGAGTGACAAATTTTGAAGT	593
Sequence_25	ATCCTGGATAGTTTATTTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTAGAGTGACAAATTTTGAAGT	593

FIGURA 17 (Continuação)

```

Sequence_29      ATCCTGGATAGTTTATTTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTAGAGTGACAAATTTTGAAGT 593
Sequence_33      ATCCTGGATAGTTTATTTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTAGAGTGACAAATTTTGAAGT 593
Sequence_69      ATCCTGGATAGTTTATTTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTAGAGTGACAAATTTTGAAGT 593
Sequence_11      ATCCTGGATAGTTTATTTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTAGAGTGACAAATTTTGAAGT 581
Sequence_1       ATCCTGGATAGTTTATTTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTAGAGTGACAAATTTTGAAGT 581
Sequence_17      ATCCTGGATAGTTTATTTACGCAAT-ATATGCCATCTTTTAGAGTGACAAATTTTGAAGT 1311
Sequence_3       ATCCTGGATAGTTTATTTACGCAAT-ACATGCCATCTTTTCGAGTGACAAATTTTGAAGT 581
Sequence_13      ATCCTGGATAGTTTATTTACGCAAT-ACATGCCATCTTTTCGAGTGACAAATTTTGAAGT 581
Sequence_18      ATCCTGGATAGTTTATTTACGCAAT-ACATGCCATCTTTTCGAGTGACAAATTTTGAAGT 1834
Cry8Kal         AACGCGAACATTCATT-ACGTACCGAAATGAGTTCTTTTGCCATAGAGGATTTGAAAT 575
* * * * *      * * * * *      * * * * *      * * * * *      * * * * *      * * * * *
Sequence_71      ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTTATTAAGGACGC 662
Sequence_73      ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTTATTAAGGACGC 659
Sequence_21      ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTTATTAAGGACGC 653
Sequence_67      ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTTATTAAGGACGC 653
Sequence_61      ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTTATTAAGGACGC 653
Sequence_93      ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTTATTAAGGACGC 653
Sequence_59      ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTTATTAAGGACGC 653
Sequence_91      ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTTATTAAGGACGC 653
Sequence_39      ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTTATTAAGGACGC 662
Sequence_41      ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTTATTAAGGACGC 659
Sequence_49      ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTTATTAAGGACGC 656
Sequence_81      ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTTATTAAGGACGC 656
Sequence_45      ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTTATTAAGGACGC 659
Sequence_77      ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTTATTAAGGACGC 659
Sequence_75      ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTTATTAAGGACGC 656
Sequence_43      ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTTATTAAGGACGC 656
Sequence_47      ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTTATTAAGGACGC 659
Sequence_79      ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTTATTAAGGACGC 659
Sequence_51      ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTTATTAAGGACGC 665
Sequence_83      ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTTATTAAGGACGC 665
Sequence_7       ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTTATTAAGGACGC 653
Sequence_25      ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTTATTAAGGACGC 653
Sequence_29      ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTTATTAAGGACGC 653
Sequence_33      ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTTATTAAGGACGC 653
Sequence_69      ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTTATTAAGGACGC 653
Sequence_11      ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTTATTAAGGACGC 641
Sequence_1       ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTTATTAAGGACGC 641
Sequence_17      ACCATTCCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTTATTAAGGACGC 1371
Sequence_3       ACCATTCCCTTACAGTATATACACAGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTTATTAAGGACGC 641
Sequence_13      ACCATTCCCTTACAGTATATACACAGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTTATTAAGGACGC 641
Sequence_18      ACCATTCCCTTACAGTATATACACAGGCAGCCAACCTTCATTTACTGTTATTAAGGACGC 1894
Cry8Kal         TCCTCTTTTAGCAACATATGCACAAGCTGCGAATTTACATTTATTTCTAATTAAGATAT 635
* * * * *      * * * * *      * * * * *      * * * * *      * * * * *      * * * * *
Sequence_71      GTCAATTTTGGAGAAGAAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 722
Sequence_73      GTCAATTTTGGAGAAGAAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 719
Sequence_21      GTCAATTTTGGAGAAGAAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 713
Sequence_67      GTCAATTTTGGAGAAGAAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 713
Sequence_61      GTCAATTTTGGAGAAGAAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACGTGGTGGATCG 713
Sequence_93      GTCAATTTTGGAGAAGAAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACGTGGTGGATCG 713
Sequence_59      GTCAATTTTGGAGAAGAAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 713
Sequence_91      GTCAATTTTGGAGAAGAAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 713
Sequence_39      GTCAATTTTGGAGAAGAAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 722
Sequence_41      GTCAATTTTGGAGAAGAAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 719
Sequence_49      GTCAATTTTGGAGAAGAAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 716
Sequence_81      GTCAATTTTGGAGAAGAAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 716
Sequence_45      GTCAATTTTGGAGAAGAAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 719
Sequence_77      GTCAATTTTGGAGAAGAAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 719
Sequence_75      GTCAATTTTGGAGAAGAAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 716
Sequence_43      GTCAATTTTGGAGAAGAAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 716
    
```



FIGURA 17 (Continuação)

Sequence\_47 GTCAATTTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 719  
Sequence\_79 GTCAATTTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 719  
Sequence\_51 GTCAATTTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 725  
Sequence\_83 GTCAATTTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 725  
Sequence\_7 GTCAATTTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 713  
Sequence\_25 GTCAATTTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 713  
Sequence\_29 GTCAATTTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 713  
Sequence\_33 GTCAATTTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 713  
Sequence\_69 GTCAATTTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 713  
Sequence\_11 GTCAATTTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 701  
Sequence\_1 GTCAATTTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 701  
Sequence\_17 GTCAATTTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 701  
Sequence\_3 TTCAATTTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCTACAACCCTACTATTAATAACTATTATGATCG 1431  
Sequence\_13 TTCAATTTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCTACAACCCTACTATTAATAACTATTATGATCG 701  
Sequence\_18 TTCAATTTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCTACAACCCTACTATTAATAACTATTATGATCG 1954  
Cry8Kal TCAATTTTATGAAAAGAATGGGGATATACTCAAGCCGATATTGACTTATTTTATAGAGA 695  
\*\*\*\*\* \*\*

Sequence\_71 TCAAAATGAAACTTACTGCAGAATATTTCTGATCAGTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 782  
Sequence\_73 TCAAAATGAAACTTACTGCAGAATATTTCTGATCAGTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 779  
Sequence\_21 TCAAAATGAAACTTACTGCAGAATATTTCTGATCAGTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 773  
Sequence\_67 TCAAAATGAAACTTACTGCAGAATATTTCTGATCAGTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 773  
Sequence\_61 TCAAAATGAAACTTACTGCAGAATATTTCTGATCAGTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 773  
Sequence\_93 TCAAAATGAAACTTACTGCAGAATATTTCTGATCAGTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 773  
Sequence\_59 TCAAAATGAAACTTACTGCAGAATATTTCTGATCAGTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 773  
Sequence\_91 TCAAAATGAAACTTACTGCAGAATATTTCTGATCAGTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 773  
Sequence\_39 TCAAAATGAAACTTACTGCAGAATATTTCTGATCAGTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 782  
Sequence\_41 TCAAAATGAAACTTACTGCAGAATATTTCTGATCAGTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 779  
Sequence\_49 TCAAAATGAAACTTACTGCAGAATATTTCTGATCAGTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 776  
Sequence\_81 TCAAAATGAAACTTACTGCAGAATATTTCTGATCAGTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 776  
Sequence\_45 TCAAAATGAAACTTACTGCAGAATATTTCTGATCAGTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 779  
Sequence\_77 TCAAAATGAAACTTACTGCAGAATATTTCTGATCAGTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 779  
Sequence\_75 TCAAAATGAAACTTACTGCAGAATATTTCTGATCAGTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 776  
Sequence\_43 TCAAAATGAAACTTACTGCAGAATATTTCTGATCAGTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 776  
Sequence\_47 TCAAAATGAAACTTACTGCAGAATATTTCTGATCAGTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 779  
Sequence\_79 TCAAAATGAAACTTACTGCAGAATATTTCTGATCAGTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 779  
Sequence\_51 TCAAAATGAAACTTACTGCAGAATATTTCTGATCAGTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 785  
Sequence\_83 TCAAAATGAAACTTACTGCAGAATATTTCTGATCAGTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 785  
Sequence\_7 TCAAAATGAAACTTACTGCAGAATATTTCTGATCAGTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 773  
Sequence\_25 TCAAAATGAAACTTACTGCAGAATATTTCTGATCAGTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 773  
Sequence\_29 TCAAAATGAAACTTACTGCAGAATATTTCTGATCAGTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 773  
Sequence\_33 TCAAAATGAAACTTACTGCAGAATATTTCTGATCAGTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 773  
Sequence\_69 TCAAAATGAAACTTACTGCAGAATATTTCTGATCAGTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 773  
Sequence\_11 TCAAAATGAAACTTACTGCAGAATATTTCTGATCAGTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 761  
Sequence\_1 TCAAAATGAAACTTACTGCAGAATATTTCTGATCAGTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 761  
Sequence\_17 TCAAAATGAAACTTACTGCAGAATATTTCTGATCAGTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 1491  
Sequence\_3 TCAAAATGAAACTTACTGCAGAATATTTCTGATCAGTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 761  
Sequence\_13 TCAAAATGAAACTTACTGCAGAATATTTCTGATCAGTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 761  
Sequence\_18 TCAAAATGAAACTTACTGCAGAATATTTCTGATCAGTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 2014  
Cry8Kal ACAAGTAGAGTTTACGAAAGAATACCCGACACTGTATTAATAATTTATAATGATGGTTT 755  
\*\*\* \* \* \*\*\*\* \*\*\*\*\* \*\*

Sequence\_71 AGCAAAATTAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA 842  
Sequence\_73 AGCAAAATTAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA 839  
Sequence\_21 AGCAAAATTAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA 833  
Sequence\_67 AGCAAAATTAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA 833  
Sequence\_61 AGCAAAATTAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA 833  
Sequence\_93 AGCAAAATTAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA 833  
Sequence\_59 AGCAAAATTAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA 833  
Sequence\_91 AGCAAAATTAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA 833  
Sequence\_39 AGCAAAATTAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA 842  
Sequence\_41 AGCAAAATTAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA 839



FIGURA 17 (Continuação)

Sequence\_71 CCCAATGGA AACCGAAAGCACA ACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 962  
 Sequence\_73 CCCAATGGA AACCGAAAGCACA ACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 959  
 Sequence\_21 CCCAATGGA AACCGAAAGCACA ACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 953  
 Sequence\_67 CCCAATGGA AACCGAAAGCACA ACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 953  
 Sequence\_61 CCCAATGGA AACCGAAAGCACA ACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 953  
 Sequence\_93 CCCAATGGA AACCGAAAGCACA ACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 953  
 Sequence\_59 CCCAATGGA AACCGAAAGCACA ACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 953  
 Sequence\_91 CCCAATGGA AACCGAAAGCACA ACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 953  
 Sequence\_39 CCCAATGGA AACCGAAAGCACA ACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 962  
 Sequence\_41 CCCAATGGA AACCGAAAGCACA ACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 959  
 Sequence\_49 CCCAATGGA AACCGAAAGCACA ACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 956  
 Sequence\_81 CCCAATGGA AACCGAAAGCACA ACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 956  
 Sequence\_45 CCCAATGGA AACCGAAAGCACA ACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 959  
 Sequence\_77 CCCAATGGA AACCGAAAGCACA ACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 959  
 Sequence\_75 CCCAATGGA AACCGAAAGCACA ACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 956  
 Sequence\_43 CCCAATGGA AACCGAAAGCACA ACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 956  
 Sequence\_47 CCCAATGGA AACCGAAAGCACA ACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 959  
 Sequence\_79 CCCAATGGA AACCGAAAGCACA ACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 959  
 Sequence\_51 CCCAATGGA AACCGAAAGCACA ACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 965  
 Sequence\_83 CCCAATGGA AACCGAAAGCACA ACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 965  
 Sequence\_7 CCCAATGGA AACCGAAAGCACA ACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 953  
 Sequence\_25 CCCAATGGA AACCGAAAGCACA ACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 953  
 Sequence\_29 CCCAATGGA AACCGAAAGCACA ACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 953  
 Sequence\_33 CCCAATGGA AACCGAAAGCACA ACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 953  
 Sequence\_69 CCCAATGGA AACCGAAAGCACA ACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 953  
 Sequence\_11 CCCAATGGA AACCGAAAGCACA ACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 941  
 Sequence\_1 CCCAATGGA AACCGAAAGCACA ACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 941  
 Sequence\_17 CCCAATGGA AACCGAAAGCACA ACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 1671  
 Sequence\_3 CCCAATGGA AACCGAAAGCACA ACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 941  
 Sequence\_13 CCCAATGGA AACCGAAAGCACA ACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 941  
 Sequence\_18 CCCAATGGA AACCGAAAGCACA ACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 2194  
 Cry8Ka1 CCTATAAAAACAAC TACAGACTAACGAGAACAATTATACCGATCCACTTGGTTACAC 935  
 \*\*\* \*\* \*\*\*\*\* \* \*\* \* \*\*\*\*\* \*\* \* \* \*\*\*\*\* \*\*\*\*\* \*\*

Sequence\_71 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTCCGGAGTGAT 1016  
 Sequence\_73 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTCCGGAGTGAT 1013  
 Sequence\_21 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTCCGGAGTGAT 1007  
 Sequence\_67 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTCCGGAGTGAT 1007  
 Sequence\_61 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTCCGGAGTGAT 1007  
 Sequence\_93 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTCCGGAGTGAT 1007  
 Sequence\_59 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTCCGGAGTGAT 1007  
 Sequence\_91 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTCCGGAGTGAT 1007  
 Sequence\_39 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTCCGGAGTGAT 1016  
 Sequence\_41 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTCCGGAGTGAT 1013  
 Sequence\_49 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTCCGGAGTGAT 1010  
 Sequence\_81 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTCCGGAGTGAT 1010  
 Sequence\_45 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTCCGGAGTGAT 1013  
 Sequence\_77 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTCCGGAGTGAT 1013  
 Sequence\_75 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTCCGGAGTGAT 1010  
 Sequence\_43 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTCCGGAGTGAT 1010  
 Sequence\_47 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTCCGGAGTGAT 1013  
 Sequence\_79 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTCCGGAGTGAT 1013  
 Sequence\_51 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTCCGGAGTGAT 1019  
 Sequence\_83 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTCCGGAGTGAT 1019  
 Sequence\_7 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTCCGGAGTGAT 1007  
 Sequence\_25 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTCCGGAGTGAT 1007  
 Sequence\_29 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTCCGGAGTGAT 1007  
 Sequence\_33 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTCCGGAGTGAT 1007  
 Sequence\_69 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTCCGGAGTGAT 1007  
 Sequence\_11 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTCCGGAGTGAT 995  
 Sequence\_1 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTCCGGAGTGAT 995  
 Sequence\_17 AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTCCGGAGTGAT 1725

FIGURA 17 (Continuação)

Sequence_3	AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTCCGGAGTGAT	995
Sequence_13	AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTCCGGAGTGAT	995
Sequence_18	AAACGTGTCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTCCGGAGTGAT	2248
Cry8Ka1	GAAAACGGGTTCTAGTAGTACACCACCATGGTATAATATGGATCTAGTTTCTCATATAT	995
	* * * * *	
Sequence_71	AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA	1076
Sequence_73	AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA	1073
Sequence_21	AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA	1067
Sequence_67	AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA	1067
Sequence_61	AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA	1067
Sequence_93	AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA	1067
Sequence_59	AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA	1067
Sequence_91	AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA	1067
Sequence_39	AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA	1076
Sequence_41	AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA	1073
Sequence_49	AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA	1070
Sequence_81	AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA	1070
Sequence_45	AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA	1073
Sequence_77	AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA	1073
Sequence_75	AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA	1070
Sequence_43	AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA	1070
Sequence_47	AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA	1073
Sequence_79	AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA	1073
Sequence_51	AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA	1079
Sequence_83	AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA	1079
Sequence_7	AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA	1067
Sequence_25	AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA	1067
Sequence_29	AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA	1067
Sequence_33	AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA	1067
Sequence_69	AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA	1067
Sequence_11	AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA	1055
Sequence_1	AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA	1055
Sequence_17	AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA	1785
Sequence_3	AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA	1055
Sequence_13	AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGTATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA	1055
Sequence_18	AGAAAGTGTAGCGATTCCAGCCCTAGTCTGGTTAAGTGGTTAAGTCAGATTGAAATTA	2308
Cry8Ka1	AGAAAGTGTAGCGATTCCAGCCCTAGTCTGGTTAAGTGGTTAAGTCAGATTGAAATTA	1055
	*****	
Sequence_71	TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1136
Sequence_73	TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1133
Sequence_21	TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1127
Sequence_67	TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1127
Sequence_61	TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1127
Sequence_93	TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1127
Sequence_59	TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1127
Sequence_91	TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1127
Sequence_39	TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1136
Sequence_41	TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1133
Sequence_49	TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1130
Sequence_81	TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1130
Sequence_45	TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1133
Sequence_77	TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1133
Sequence_75	TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1130
Sequence_43	TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1130
Sequence_47	TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1133
Sequence_79	TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1133
Sequence_51	TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1139
Sequence_83	TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1139
Sequence_7	TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1127
Sequence_25	TACACAATCAAGAAGCATTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1127

FIGURA 17 (Continuação)

Sequence_29	TACACAATCAAGAAGCATTTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAA	1127
Sequence_33	TACACAATCAAGAAGCATTTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAA	1127
Sequence_69	TACACAATCAAGAAGCATTTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAA	1127
Sequence_11	TACACAATCAAGAAGCATTTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAA	1115
Sequence_1	TACACAATCAAGAAGCATTTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAA	1115
Sequence_17	TACACAATCAAGAAGCATTTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAA	1845
Sequence_3	TACACAATCAAGAAGCATTTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAA	1115
Sequence_13	TACACAATCAAGAAGCATTTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAA	1115
Sequence_18	TACACAATCAAGAAGCATTTCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAA	2368
Cry8Ka1	TTCGAAATCCGCAAGGGCTACACC---GCAAAGTGCGGATTTATGGGCAGGCATCAAA	1112
	* *	
Sequence_71	AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA	1196
Sequence_73	AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA	1193
Sequence_21	AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA	1187
Sequence_67	AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA	1187
Sequence_61	AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA	1187
Sequence_93	AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA	1187
Sequence_59	AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA	1187
Sequence_91	AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA	1187
Sequence_39	AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA	1196
Sequence_41	AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA	1193
Sequence_49	AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA	1190
Sequence_81	AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA	1190
Sequence_45	AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA	1193
Sequence_77	AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA	1193
Sequence_75	AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA	1190
Sequence_43	AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA	1190
Sequence_47	AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA	1193
Sequence_79	AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA	1193
Sequence_51	AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA	1199
Sequence_83	AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA	1199
Sequence_7	AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA	1187
Sequence_25	AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA	1187
Sequence_29	AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA	1187
Sequence_33	AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA	1187
Sequence_69	AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA	1187
Sequence_11	AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA	1175
Sequence_1	AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA	1175
Sequence_17	AAGCTACCATCGTGTTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAAC TAATCAAAA	1905
Sequence_3	AAGCTATCATCGGATTTT TAGTGATAATAATTA TAAAACAGATGTATGGAAC TAATCAAAA	1175
Sequence_13	AAGCTATCATCGGATTTT TAGTGATAATAATTA TAAAACAGATGTATGGAAC TAATCAAAA	1175
Sequence_18	AAGCTATCATCGGATTTT TAGTGATAATAATTA TAAAACAGATGTATGGAAC TAATCAAAA	2428
Cry8Ka1	AACATATCACTATAGTGAGATGATGGTCAAGCAGTACCTAATTTATGGAGATAGAACGAA	1172
	** ** *	
Sequence_71	TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAA	1256
Sequence_73	TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAA	1253
Sequence_21	TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAA	1247
Sequence_67	TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAA	1247
Sequence_61	TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAA	1247
Sequence_93	TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAA	1247
Sequence_59	TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAA	1247
Sequence_91	TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAA	1247
Sequence_39	TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAA	1256
Sequence_41	TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAA	1253
Sequence_49	TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAA	1250
Sequence_81	TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAA	1250
Sequence_45	TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAA	1253
Sequence_77	TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAA	1253
Sequence_75	TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAA	1250
Sequence_43	TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAA	1250

FIGURA 17 (Continuação)

Sequence_47	TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAAA	1253
Sequence_79	TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAAA	1253
Sequence_51	TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAAA	1259
Sequence_83	TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAAA	1259
Sequence_7	TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAAA	1247
Sequence_25	TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAAA	1247
Sequence_29	TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAAA	1247
Sequence_33	TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAAA	1247
Sequence_69	TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAAA	1247
Sequence_11	TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAAA	1235
Sequence_1	TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAAA	1235
Sequence_17	TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAAA	1965
Sequence_3	TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAAA	1235
Sequence_13	TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAAA	1235
Sequence_18	TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAAA	2488
Cry8Ka1	TCCTGTAATTTGTAATTCGTTATAATTTTGAGCAGGCTGCATTTTATAGATTTTCATCATC	1232
	** *	
Sequence_71	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATATTTTTTGGAAATGC	1315
Sequence_73	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATATTTTTTGGAAATGC	1312
Sequence_21	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATATTTTTTGGAAATGC	1306
Sequence_67	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATATTTTTTGGAAATGC	1306
Sequence_61	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATATTTTTTGGAAATGC	1306
Sequence_93	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATATTTTTTGGAAATGC	1306
Sequence_59	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATATTTTTTGGAAATGC	1306
Sequence_91	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATATTTTTTGGAAATGC	1306
Sequence_39	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATATTTTTTGGAAATGC	1315
Sequence_41	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATATTTTTTGGAAATGC	1312
Sequence_49	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATATTTTTTGGAAATGC	1309
Sequence_81	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATATTTTTTGGAAATGC	1309
Sequence_45	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATATTTTTTGGAAATGC	1312
Sequence_77	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATATTTTTTGGAAATGC	1312
Sequence_75	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATATTTTTTGGAAATGC	1309
Sequence_43	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATATTTTTTGGAAATGC	1309
Sequence_47	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATATTTTTTGGAAATGC	1312
Sequence_79	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATATTTTTTGGAAATGC	1312
Sequence_51	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATATTTTTTGGAAATGC	1318
Sequence_83	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATATTTTTTGGAAATGC	1318
Sequence_7	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATATTTTTTGGAAATGC	1306
Sequence_25	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATATTTTTTGGAAATGC	1306
Sequence_29	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATATTTTTTGGAAATGC	1306
Sequence_33	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATATTTTTTGGAAATGC	1306
Sequence_69	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATATTTTTTGGAAATGC	1306
Sequence_11	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATATTTTTTGGAAATGC	1294
Sequence_1	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATATTTTTTGGAAATGC	1294
Sequence_17	GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCCTGGTTATACGTATATATATTTTTTGGAAATGC	2024
Sequence_3	AGATGCGGTGCTCCTTGATATTGTT-TTTCCTGGTTATACGTATATATATTTTTTGGAAATGC	1294
Sequence_13	AGATGCGGTGCTCCTTGATATTGTT-TTTCCTGGTTATACGTATATATATTTTTTGGAAATGC	1294
Sequence_18	AGATGCGGTGCTCCTTGATATTGTT-TTTCCTGGTTATACGTATATATATTTTTTGGAAATGC	2547
Cry8Ka1	TGTTGCTTCAAGTACAACCTAGTGGTGTAAATTATTAACCTAACGCTATATTTTGATGG	1292
	* *	
Sequence_71	CAGAAGTCGAGTTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA	1373
Sequence_73	CAGAAGTCGAGTTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA	1370
Sequence_21	CAGAAGTCGAGTTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA	1364
Sequence_67	CAGAAGTCGAGTTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA	1364
Sequence_61	CAGAAGTCGAGTTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA	1364
Sequence_93	CAGAAGTCGAGTTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA	1364
Sequence_59	CAGAAGTCGAGTTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA	1364
Sequence_91	CAGAAGTCGAGTTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA	1364
Sequence_39	CAGAAGTCGAGTTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA	1373
Sequence_41	CAGAAGTCGAGTTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA	1370

FIGURA 17 (Continuação)

```

Sequence_49 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1367
Sequence_81 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1367
Sequence_45 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1370
Sequence_77 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1370
Sequence_75 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1367
Sequence_43 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1367
Sequence_47 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1370
Sequence_79 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1370
Sequence_51 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1376
Sequence_83 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1376
Sequence_7 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1364
Sequence_25 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1364
Sequence_29 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1364
Sequence_33 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1364
Sequence_69 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1364
Sequence_11 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1352
Sequence_1 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1352
Sequence_17 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 2082
Sequence_3 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1352
Sequence_13 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1352
Sequence_18 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 2605
Cry8Ka1 CATAAGTACAA-----ACAATGGACTAGTGAGTTACATGTATGAAAAATATCGAACTT 1346
** **** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *

Sequence_71 TAATCCAGTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1429
Sequence_73 TAATCCAGTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1426
Sequence_21 TAATCCAGTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1420
Sequence_67 TAATCCAGTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1420
Sequence_61 TAATCCAGTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1420
Sequence_93 TAATCCAGTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1420
Sequence_59 TAATCCAGTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1420
Sequence_91 TAATCCAGTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1420
Sequence_39 TAATCCAGTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1429
Sequence_41 TAATCCAGTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1426
Sequence_49 TAATCCAGTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1423
Sequence_81 TAATCCAGTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1423
Sequence_45 TAATCCAGTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1426
Sequence_77 TAATCCAGTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1426
Sequence_75 TAATCCAGTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1423
Sequence_43 TAATCCAGTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1423
Sequence_47 TAATCCAGTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1426
Sequence_79 TAATCCAGTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1426
Sequence_51 TAATCCAGTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1432
Sequence_83 TAATCCAGTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1432
Sequence_7 TAATCCAGTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1420
Sequence_25 TAATCCAGTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1420
Sequence_29 TAATCCAGTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1420
Sequence_33 TAATCCAGTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1420
Sequence_69 TAATCCAGTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1420
Sequence_11 TAATCCAGTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1408
Sequence_1 TAATCCAGTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1408
Sequence_17 TAATCCAGTTTCCAAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 2138
Sequence_3 TAATCCGGTTTCCAAAGATATTATAGCGGGGACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1408
Sequence_13 TAATCCGGTTTCCAAAGATATTATAGCGGGGACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1408
Sequence_18 TAATCCGGTTTCCAAAGATATTATAGCGGGGACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 2661
Cry8Ka1 TTTTAATGAAGTAAAGATACAATTACAGAGCTACCTGTTTCAGATATCCAGTCTCCTAC 1406
* * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
    
```





FIGURA 17 (Continuação)

Sequence\_3 CAAGTATTCGCCGACGGG--TTCAACTACCGGATTAGTACCTGTATTTTCTGGACACA 1526  
Sequence\_13 CAAGTATTCGCCGACGGG--TTCAACTACCGGATTAGTACCTGTATTTTCTGGACACA 1526  
Sequence\_18 CAAGTATTCGCCGACGGG--TTCAACTACCGGATTAGTACCTGTATTTTCTGGACACA 2779  
Cry8Ka1 -GAGTACTCTTCGGGCGACATTAATTTTGGGACTAATCCAGTACTGGGTTGGACGCA 1523  
\*\*\*\* \*\* \* \*\* \* \* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \*

Sequence\_71 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1607  
Sequence\_73 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1604  
Sequence\_21 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1598  
Sequence\_67 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1598  
Sequence\_61 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1598  
Sequence\_93 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1598  
Sequence\_59 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1598  
Sequence\_91 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1598  
Sequence\_39 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1607  
Sequence\_41 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1604  
Sequence\_49 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1601  
Sequence\_81 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1601  
Sequence\_45 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1604  
Sequence\_77 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1604  
Sequence\_75 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1601  
Sequence\_43 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1601  
Sequence\_47 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1604  
Sequence\_79 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1604  
Sequence\_51 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1610  
Sequence\_83 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1610  
Sequence\_7 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1598  
Sequence\_25 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1598  
Sequence\_29 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1598  
Sequence\_33 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1598  
Sequence\_69 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1598  
Sequence\_11 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1586  
Sequence\_1 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1586  
Sequence\_17 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 2316  
Sequence\_3 TCGGAGTCCCGATCTTATAAATGCAGTTCATTTCAGATAAAAATTAAGTCCAGATTCGGT 1586  
Sequence\_13 TCGGAGTCCCGATCTTATAAATGCAGTTCATTTCAGATAAAAATTAAGTCCAGATTCGGT 1586  
Sequence\_18 TACTAGTTAACTCAAACAATCAGATACATTTCTGACTCAATTAAGTCCAGATTCGGT 2839  
Cry8Ka1 \* \*\* \* \*\* \* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \*

Sequence\_71 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT---AAAAGGACCAGGACATACAG 1663  
Sequence\_73 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT---AAAAGGACCAGGACATACAG 1660  
Sequence\_21 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT---AAAAGGACCAGGACATACAG 1654  
Sequence\_67 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT---AAAAGGACCAGGACATACAG 1654  
Sequence\_61 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT---AAAAGGACCAGGACATACAG 1654  
Sequence\_93 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT---AAAAGGACCAGGACATACAG 1654  
Sequence\_59 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT---AAAAGGACCAGGACATACAG 1654  
Sequence\_91 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT---AAAAGGACCAGGACATACAG 1654  
Sequence\_39 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT---AAAAGGACCAGGACATACAG 1663  
Sequence\_41 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT---AAAAGGACCAGGACATACAG 1660  
Sequence\_49 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT---AAAAGGACCAGGACATACAG 1657  
Sequence\_81 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT---AAAAGGACCAGGACATACAG 1657  
Sequence\_45 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT---AAAAGGACCAGGACATACAG 1660  
Sequence\_77 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT---AAAAGGACCAGGACATACAG 1660  
Sequence\_75 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT---AAAAGGACCAGGACATACAG 1657  
Sequence\_43 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT---AAAAGGACCAGGACATACAG 1657  
Sequence\_47 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT---AAAAGGACCAGGACATACAG 1660  
Sequence\_79 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT---AAAAGGACCAGGACATACAG 1660  
Sequence\_51 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT---AAAAGGACCAGGACATACAG 1666  
Sequence\_83 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT---AAAAGGACCAGGACATACAG 1666  
Sequence\_7 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT---AAAAGGACCAGGACATACAG 1654  
Sequence\_25 TAAATGTTGGGATAAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT---AAAAGGACCAGGACATACAG 1654

FIGURA 17 (Continuação)

Sequence_29	TAAATGTTGGGATAATTTACCGTTTGTCCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG	1654
Sequence_33	TAAATGTTGGGATAATTTACCGTTTGTCCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG	1654
Sequence_69	TAAATGTTGGGATAATTTACCGTTTGTCCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG	1654
Sequence_11	TAAATGTTGGGATAATTTACCGTTTGTCCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG	1642
Sequence_1	TAAATGTTGGGATAATTTACCGTTTGTCCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG	1642
Sequence_17	TAAATGTTGGGATAATTTACCGTTTGTCCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG	2372
Sequence_3	AAAGGTTTCGATTTGGCTCCCTCTATAACAGGAGGGCCAAATAATACCGTTGTATCGGG	1646
Sequence_13	AAAGGTTTCGATTTGGCTCCCTCTATAACAGGAGGGCCAAATAATACCGTTGTATCGGG	1646
Sequence_18	AAAGGTTTCGATTTGGCTCCCTCTATAACAGGAGGGCCAAATAATACCGTTGTATCGGG	2899
Cry8Ka1	TAAAGCAAATAGTGTAGTTCCTTATGT-----TACTGTTGAAAAGGG	1625
	** * * * *	
Sequence_71	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT	1718
Sequence_73	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT	1715
Sequence_21	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT	1709
Sequence_67	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT	1709
Sequence_61	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT	1709
Sequence_93	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT	1709
Sequence_59	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT	1709
Sequence_91	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT	1709
Sequence_39	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT	1718
Sequence_41	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT	1715
Sequence_49	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT	1712
Sequence_81	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT	1712
Sequence_45	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT	1715
Sequence_77	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT	1715
Sequence_75	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT	1712
Sequence_43	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT	1712
Sequence_47	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT	1715
Sequence_79	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT	1715
Sequence_51	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT	1721
Sequence_83	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT	1721
Sequence_7	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT	1709
Sequence_25	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT	1709
Sequence_29	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT	1709
Sequence_33	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT	1709
Sequence_69	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT	1709
Sequence_11	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT	1697
Sequence_1	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT	1697
Sequence_17	GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT	2427
Sequence_3	TCCTGGATTTACAGGGGGGGGATAATAAAAAGTAATAAGAAATGGAGTAATTAATATCACA	1706
Sequence_13	TCCTGGATTTACAGGGGGGGGATAATAAAAAGTAATAAGAAATGGAGTAATTAATATCACA	2959
Sequence_18	TCCTGGATTTACAGGGGGGGGATAATAAAAAGTAATAAGAAATGGAGTAATTAATATCACA	1682
Cry8Ka1	AAACAGCCTTTACAGGTGGAGATTTAGTGAATTCCTCC---ACTGGATTCATGTCTACAGG	
	** **** * * * * *	
Sequence_71	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1778
Sequence_73	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1775
Sequence_21	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1769
Sequence_67	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1769
Sequence_61	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1769
Sequence_93	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1769
Sequence_59	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1769
Sequence_91	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1769
Sequence_39	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1778
Sequence_41	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1775
Sequence_49	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1772
Sequence_81	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1772
Sequence_45	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1775
Sequence_77	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1775
Sequence_75	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1772
Sequence_43	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1772

FIGURA 17 (Continuação)

Sequence_47	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1775
Sequence_79	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1775
Sequence_51	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1781
Sequence_83	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1781
Sequence_7	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1769
Sequence_25	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1769
Sequence_29	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1769
Sequence_33	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1769
Sequence_69	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1769
Sequence_11	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1757
Sequence_1	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	1757
Sequence_17	AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC	2487
Sequence_3	TATGCG---TGTTAAATTTTCAGACATTAACAAGAATATAGTATGAGGATTCGGTATGC	1763
Sequence_13	TATGCG---TGTTAAATTTTCAGACATTAACAAGAATATAGTATGAGGATTCGGTATGC	1763
Sequence_18	TATGCG---TGTTAAATTTTCAGACATTAACAAGAATATAGTATGAGGATTCGGTATGC	3016
Cry8Ka1	AATACAGTTTAAATTTAAGATAGAAGAAAGCGTTCATCGTATCCGTATACCATATGC	1742
	* * * * *	
Sequence_71	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT	1826
Sequence_73	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT	1823
Sequence_21	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT	1817
Sequence_67	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT	1817
Sequence_61	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT	1817
Sequence_93	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT	1817
Sequence_59	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT	1817
Sequence_91	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT	1817
Sequence_39	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT	1826
Sequence_41	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT	1823
Sequence_49	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT	1820
Sequence_81	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT	1820
Sequence_45	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT	1823
Sequence_77	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT	1823
Sequence_75	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT	1820
Sequence_43	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT	1820
Sequence_47	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT	1823
Sequence_79	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT	1823
Sequence_51	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT	1829
Sequence_83	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT	1829
Sequence_7	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT	1817
Sequence_25	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT	1817
Sequence_29	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT	1817
Sequence_33	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT	1817
Sequence_69	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT	1817
Sequence_11	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT	1805
Sequence_1	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT	1805
Sequence_17	TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT	2535
Sequence_3	TTCCGCTAATAATACTGAATTTTATATAAATCCTTCTGAAGAAAACGTTAAATCTCAGC	1823
Sequence_13	TTCCGCTAATAATACTGAATTTTATATAAATCCTTCTGAAGAAAACGTTAAATCTCAGC	1823
Sequence_18	TTCCGCTAATAATACTGAATTTTATATAAATCCTTCTGAAGAAAACGTTAAATCTCAGC	3076
Cry8Ka1	CGCTGATGTTAATGCT--ACTCTATCTGCACCTGGATTAA-ATGATGCATTTTAAACAT	1799
	* * * * *	
Sequence_71	GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGCATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC	1886
Sequence_73	GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGCATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC	1883
Sequence_21	GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGCATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC	1877
Sequence_67	GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGCATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC	1877
Sequence_61	GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGCATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC	1877
Sequence_93	GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGCATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC	1877
Sequence_59	GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGCATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC	1877
Sequence_91	GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGCATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC	1877
Sequence_39	GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGCATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC	1886
Sequence_41	GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGCATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC	1883

FIGURA 17 (Continuação)

```

Sequence_49  GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC 1880
Sequence_81  GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC 1880
Sequence_45  GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC 1883
Sequence_77  GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC 1883
Sequence_75  GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC 1880
Sequence_43  GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC 1880
Sequence_47  GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC 1883
Sequence_79  GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC 1883
Sequence_51  GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC 1889
Sequence_83  GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC 1889
Sequence_7   GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC 1877
Sequence_25  GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC 1877
Sequence_29  GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC 1877
Sequence_33  GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC 1877
Sequence_69  GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC 1877
Sequence_11  GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC 1865
Sequence_1   GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC 1865
Sequence_17  GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC 2595
Sequence_3   TCAAAAACTATGAATAGAGGTGAAGCTTTAACATATAATAAATTTAATTATGC-GACTT 1882
Sequence_13  TCAAAAACTATGAATAGAGGTGAAGCTTTAACATATAATAAATTTAATTATGC-GACTT 1882
Sequence_18  TCAAAAACTATGAATAGAGGTGAAGCTTTAACATATAATAAATTTAATTATGC-GACTT 3135
Cry8Ka1     TAAATCGACAATGTCTCAAGACACACCATTGAAGTATAACGATTTCCAATATGCAAGC 1859
          *   * * * *   * *   * * * *   * *   *   * * * *   *
Sequence_71  TATCACAACAGTTAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTGCAGTTAAA--CATAATTTAG 1942
Sequence_73  TATCACAACAGTTAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTGCAGTTAAA--CATAATTTAG 1939
Sequence_21  TATCACAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTAGCAGTGAAA--CATAATGTAG 1933
Sequence_67  TATCACAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTAGCAGTGAAA--CATAATTTAG 1933
Sequence_61  TATCACAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTGCAGTTAAA--CATAATGTAG 1933
Sequence_93  TATCACAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTGCAGTTAAA--CATAATTTAG 1933
Sequence_59  TATCACAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTGCAGTTAAA--CATAATGTAG 1933
Sequence_91  TATCACAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTGCAGTTAAA--CATAATTTAG 1933
Sequence_39  TATCACAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTGCAGTTAAA--CATAATGTAG 1942
Sequence_41  TATCACAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTGCAGTTAAA--CATAATGTAG 1939
Sequence_49  TATCACAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTGCAGTTAAA--CATAATGTAG 1936
Sequence_81  TATCACAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTGCAGTTAAA--CATAATTTAG 1936
Sequence_45  TATCACAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTGCAGTTAAA--CATAATGTAG 1939
Sequence_77  TATCACAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTGCAGTTAAA--CATAATTTAG 1939
Sequence_75  TATCACAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTGCAGTTAAA--CATAATTTAG 1936
Sequence_43  TATCACAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTGCAGTTAAA--CATAATGTAG 1936
Sequence_47  TATCACAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTGCAGTTAAA--CATAATGTAG 1939
Sequence_79  TATCACAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTGCAGTTAAA--CATAATTTAG 1939
Sequence_51  TATCACAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTGCAGTTAAA--CATAATGTAG 1945
Sequence_83  TATCACAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTGCAGTTAAA--CATAATTTAG 1945
Sequence_7   TATCACAACATTAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTGCAGTTAAA--CATAATTTAG 1933
Sequence_25  TATCACAACATTAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTGCAGTTAAA--CATAATGTAG 1933
Sequence_29  TATCACAACATTAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTGCAGTTAAA--CATAATGTAG 1933
Sequence_33  TATCACAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTGCAGTTAAA--CATAATGTAG 1933
Sequence_69  TATCACAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTGCAGTTAAA--CATAATTTAG 1933
Sequence_11  TATCACAACATTAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTGCAGTTAAA--CATAATTTAG 1921
Sequence_1   TATCACAACATTAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTGCAGTTAAA--CATAATTTAG 1921
Sequence_17  TATCACAACATTAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTGCAGTTAAA--CATAATTTAG 2651
Sequence_3   TGCCCC--TATTAATTTACGACAACCGAACCTTTCATTACTCTAGGGGCTATATTTGAA 1941
Sequence_13  TGCCCC--TATTAATTTACGACAACCGAACCTTTCATTACTCTAGGGGCTATATTTGAA 1941
Sequence_18  TGCCCC--TATTAATTTACGACAACCGAACCTTTCATTACTCTAGGGGCTATATTTGAA 3194
Cry8Ka1     TGACAAAACAGTGCATTTA-----TACAATCCTCGTTTTTCTTTA-----TATTTAGAAA 1909
          *   *   * *   * * * * *   *   *   * * *   * *   *
    
```

FIGURA 17 (Continuação)

Sequence_71	GTGAAGACCCTAATTCAACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC	2002
Sequence_73	GTGAAGACCCTAATTCAACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC	1999
Sequence_21	GTGAAGACCCTAATTCAACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC	1993
Sequence_67	GTGAAGACCCTAATTCAACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC	1993
Sequence_61	GTGAAGACCCTAATTCAACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC	1993
Sequence_93	GTGAAGACCCTAATTCAACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC	1993
Sequence_59	GTGAAGACCCTAATTCAACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC	1993
Sequence_91	GTGAAGACCCTAATTCAACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC	1993
Sequence_39	GTGAAGACCCTAATTCAACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC	2002
Sequence_41	GTGAAGACCCTAATTCAACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC	1999
Sequence_49	GTGAAGACCCTAATTCAACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC	1996
Sequence_81	GTGAAGACCCTAATTCAACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC	1996
Sequence_45	GTGAAGACCCTAATTCAACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC	1999
Sequence_77	GTGAAGACCCTAATTCAACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC	1999
Sequence_75	GTGAAGACCCTAATTCAACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC	1999
Sequence_43	GTGAAGACCCTAATTCAACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC	1996
Sequence_47	GTGAAGACCCTAATTCAACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC	1999
Sequence_79	GTGAAGACCCTAATTCAACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC	1999
Sequence_51	GTGAAGACCCTAATTCAACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC	2005
Sequence_83	GTGAAGACCCTAATTCAACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC	2005
Sequence_7	GTGAAGACCCTAATTCAACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC	1993
Sequence_25	GTGAAGACCCTAATTCAACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC	1993
Sequence_29	GTGAAGACCCTAATTCAACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC	1993
Sequence_33	GTGAAGACCCTAATTCAACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC	1993
Sequence_69	GTGAAGACCCTAATTCAACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC	1993
Sequence_11	GTGAAGACCCTAATTCAACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC	1981
Sequence_1	GTGAAGACCCTAATTCAACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC	1981
Sequence_17	GTGAAGACCCTAATTCAACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC	2711
Sequence_3	GCGGAAGACTTTC TTGGAATTGA-----AGCTTATATAGACCGAATCGAATTCATCC	1993
Sequence_13	GCGGAAGACTTTC TTGGAATTGA-----AGCTTATATAGACCGAATCGAATTCATCC	1993
Sequence_18	GCGGAAGACTTTC TTGGAATTGA-----AGCTTATATAGACCGAATCGAATTCATCC	3246
Cry8Ka1	ATTCAGATCAATCCGGGAAAAGT-----ATTTATATAGATCGAATTCATCC	1960
	* * * * * *** * ** ***** **	
Sequence_71	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA-----	2028
Sequence_73	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA-----	2025
Sequence_21	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAAATAA-----	2022
Sequence_67	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAAATAA-----	2022
Sequence_61	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA-----	2019
Sequence_93	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA-----	2019
Sequence_59	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA-----	2019
Sequence_91	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA-----	2019
Sequence_39	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA-----	2028
Sequence_41	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA-----	2025
Sequence_49	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA-----	2022
Sequence_81	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA-----	2022
Sequence_45	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA-----	2025
Sequence_77	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA-----	2025
Sequence_75	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA-----	2022
Sequence_43	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA-----	2022
Sequence_47	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA-----	2025
Sequence_79	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA-----	2025
Sequence_51	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA-----	2031
Sequence_83	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA-----	2031
Sequence_7	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAAATAA-----	2022
Sequence_25	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAAATAA-----	2022
Sequence_29	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAAATAA-----	2022
Sequence_33	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAAATAA-----	2022
Sequence_69	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAAATAA-----	2022
Sequence_11	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAAATAA-----	2010
Sequence_1	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAAACAGATTTAGAACGAGCGAAGAAAGCAGTGAATG	2041
Sequence_17	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAAACAGATTTAGAACGAGCGAAGAAAGCAGTGAATG	2771

53/75

## FIGURA 17 (Continuação)

```
Sequence_3      CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAACAAGATTTAGAAGCAGCGAAGAAAGCAGTGAATG 2053
Sequence_13     CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAATAA----- 2022
Sequence_18     CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAACAAGATTTAGAAGCAGCGAAGAAAGCAGTGAATG 3306
Cry8Ka1        CAGTAGATGAGACCTATGAAGCAGAACAAGT----- 1992
*****          *****  ***
```









Sequence\_11 TTAATCAAAAAATAGCAGAATATGCAAGGAATAAAGCGCTTTCGGGAATTAGAAGGATTAG 427  
Sequence\_1 TTAATCAAAAAATAGCAGAATATGCAAGGAATAAAGCGCTTTCGGGAATTAGAAGGATTAG 427  
Sequence\_17 TTAATCAAAAAATAGCAGAATATGCAAGGAATAAAGCGCTTTCGGGAATTAGAAGGATTAG 1157  
Sequence\_3 TAAATCAAAAAATAGCAGAATATGCAAGGAATAAAGCGCTTTCGGGAATTAGAAGGATTAG 427  
Sequence\_13 TAAATCAAAAAATAGCAGAATATGCAAGGAATAAAGCGCTTTCGGGAATTAGAAGGATTAG 427  
Sequence\_18 TAAATCAAAAAATAGCAGAATATGCAAGGAATAAAGCGCTTTCGGGAATTAGAAGGATTAG 1680  
Cry8Ka1 TAAATCAAAAAATAGAGAGACTGTAAGAAACAAAGCACTAGCGGATTTGGCAATTCAG 421  
\* \*\*\*\*\* \*\* \*\* \*\* \* \*\* \* \* \*\* \* \* \*\* \* \* \*\* \*

Sequence\_71 GTAATAATTACCAATTATATCTAAGTTCGCGCTTGAAGAAATGGGAGAAAATCCATTTTCGAA 487  
Sequence\_73 GTAATAATTACCAATTATATCTAAGTTCGCGCTTGAAGAAATGGGAGAAAATCCATTTTCGAA 487  
Sequence\_21 GTAATAATTACCAATTATATCTAAGTTCGCGCTTGAAGAAATGGGAGAAAATCCATTTTCGA- 486  
Sequence\_67 GTAATAATTACCAATTATATCTAAGTTCGCGCTTGAAGAAATGGGAGAAAATCCATTTTCGA- 486  
Sequence\_61 GTAATAATTACCAATTATATCTAAGTTCGCGCTTGAAGAAATGGGAGAAAATCCATTTTCGA- 486  
Sequence\_93 GTAATAATTACCAATTATATCTAAGTTCGCGCTTGAAGAAATGGGAGAAAATCCATTTTCGA- 486  
Sequence\_59 GTAATAATTACCAATTATATCTAAGTTCGCGCTTGAAGAAATGGGAGAAAATCCATTTTCGA- 486  
Sequence\_91 GTAATAATTACCAATTATATCTAAGTTCGCGCTTGAAGAAATGGGAGAAAATCCATTTTCGA- 486  
Sequence\_39 GTAATAATTACCAATTATATCTAAGTTCGCGCTTGAAGAAATGGGAGAAAATCCATTTTCGAA 487  
Sequence\_41 GTAATAATTACCAATTATATCTAAGTTCGCGCTTGAAGAAATGGGAGAAAATCCATTTTCGAA 487  
Sequence\_49 GTAATAATTACCAATTATATCTAAGTTCGCGCTTGAAGAAATGGGAGAAAATCCAAATGGTT 487  
Sequence\_81 GTAATAATTACCAATTATATCTAAGTTCGCGCTTGAAGAAATGGGAGAAAATCCAAATGGTT 487  
Sequence\_45 GTAATAATTACCAATTATATCTAAGTTCGCGCTTGAAGAAATGGGAGAAAATCCAAATGGTT 487  
Sequence\_77 GTAATAATTACCAATTATATCTAAGTTCGCGCTTGAAGAAATGGGAGAAAATCCAAATGGTT 487  
Sequence\_75 GTAATAATTACCAATTATATCTAAGTTCGCGCTTGAAGAAATGGGAGAAAATCCAAATGGTT 487  
Sequence\_43 GTAATAATTACCAATTATATCTAAGTTCGCGCTTGAAGAAATGGGAGAAAATCCAAATGGTT 487  
Sequence\_47 GTAATAATTACCAATTATATCTAAGTTCGCGCTTGAAGAAATGGGAGAAAATCCATTTTCGAA 487  
Sequence\_79 GTAATAATTACCAATTATATCTAAGTTCGCGCTTGAAGAAATGGGAGAAAATCCATTTTCGAA 487  
Sequence\_51 GTAATAATTACCAATTATATCTAAGTTCGCGCTTGAAGAAATGGGAGAAAATCCATTTTCGAA 487  
Sequence\_83 GTAATAATTACCAATTATATCTAAGTTCGCGCTTGAAGAAATGGGAGAAAATCCATTTTCGAA 487  
Sequence\_7 GTAATAATTACCAATTATATCTAAGTTCGCGCTTGAAGAAATGGGAGAAAATCCAAATGGTT- 486  
Sequence\_25 GTAATAATTACCAATTATATCTAAGTTCGCGCTTGAAGAAATGGGAGAAAATCCAAATGGTT- 486  
Sequence\_29 GTAATAATTACCAATTATATCTAAGTTCGCGCTTGAAGAAATGGGAGAAAATCCAAATGGTT- 486  
Sequence\_33 GTAATAATTACCAATTATATCTAAGTTCGCGCTTGAAGAAATGGGAGAAAATCCAAATGGTT- 486  
Sequence\_69 GTAATAATTACCAATTATATCTAAGTTCGCGCTTGAAGAAATGGGAGAAAATCCAAATGGTT- 486  
Sequence\_11 GTAATAATTACCAATTATATCTAAGTTCGCGCTTGAAGAAATGGGAGAAAATCCAAATGGTT- 486  
Sequence\_17 GTAATAATTACCAATTATATCTAAGTTCGCGCTTGAAGAAATGGGAGAAAATCCAAATGGTT- 1216  
Sequence\_3 GTAATAATTACCAATTATATCTAAGTTCGCGCTTGAAGAAATGGGAGAAAATCCAAATGGTT- 486  
Sequence\_13 GTAATAATTACCAATTATATCTAAGTTCGCGCTTGAAGAAATGGGAGAAAATCCAAATGGTT- 486  
Sequence\_18 GTAATAATTACCAATTATATCTAAGTTCGCGCTTGAAGAAATGGGAGAAAATCCAAATGGTT- 1739  
GTAGAGCCTTACGATCCTATTTAAGCATTTTGAAGATTTGGCAAAAACCCATAATATCT 481  
\*\*\* \*

Sequence\_71 GTCGAGGTTTTTCGAAGTCGAGGTCCA---GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA 543  
Sequence\_73 GTCGAGGTTTTTCGAAGTCGAGGT-----GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA 540  
Sequence\_21 --CGAGGTTTTTCGA---CGAGGT-----GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA 534  
Sequence\_67 --CGAGGTTTTTCGA---CGAGGT-----GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA 534  
Sequence\_61 --CGAGGTTTTTCGA---CGAGGT-----GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA 534  
Sequence\_93 --CGAGGTTTTTCGA---CGAGGT-----GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA 534  
Sequence\_59 --CGAGGTTTTTCGA---CGAGGT-----GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA 534  
Sequence\_91 --CGAGGTTTTTCGA---CGAGGT-----GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA 534  
Sequence\_39 GTCGAGGTTTTTCGAAGTCGAGGTCCA---GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA 543  
Sequence\_41 GTCGAGGTTTTTCGAAGTCGAGGT-----GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA 540  
Sequence\_49 CCCGG---TTTCGAAGTCGA---CAA---GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA 537  
Sequence\_81 CCCGG---TTTCGAAGTCGA---CAA---GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA 537  
Sequence\_45 CCCGG---TTTCGAAGTCGAGGTCCA---GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA 540  
Sequence\_77 CCCGG---TTTCGAAGTCGAGGTCCA---GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA 540  
Sequence\_75 CCCGG---TTTCGAAGTCGAG---GT---GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA 537  
Sequence\_43 CCCGG---TTTCGAAGTCGAG---GT---GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA 537  
Sequence\_47 GTCGAGGT---CCAAATGGTTCCCGG---GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA 540  
Sequence\_79 GTCGAGGT---CCAAATGGTTCCCGG---GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA 540  
Sequence\_51 GTCGAGGTAGTTTTAAATGGTTCCCGGCCAGCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA 546  
Sequence\_83 GTCGAGGTAGTTTTAAATGGTTCCCGGCCAGCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA 546  
Sequence\_7 -TCAA-----GAAATGGTTCCCGG---GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA 534  
Sequence\_25 -TCAA-----GAAATGGTTCCCGG---GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA 534  
Sequence\_29 -TCAA-----GAAATGGTTCCCGG---GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA 534  
Sequence\_33 -TCAA-----GAAATGGTTCCCGG---GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA 534  
Sequence\_69 -TCAA-----GAAATGGTTCCCGG---GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA 534  
Sequence\_11 -TCAA-----GA-----GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA 522  
Sequence\_1 -TCAA-----GA-----GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA 522  
Sequence\_17 -TCAA-----GA-----GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA 1252  
Sequence\_3 -TCAA-----GA-----GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA 522

FIGURA 18 (Continuação)

Sequence\_13 -TCAA-----GA-----GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA 522  
Sequence\_18 -TCAA-----GA-----GCCTTACGAGAT-GTGCGAAATCGATTTGAA 1775  
Cry8Ka1 TTCG-----GAGTAAAGAGTTAGTAAAAGAAAGATTTTCA 516



Sequence\_91 GTCAATTTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 713  
Sequence\_39 GTCAATTTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 722  
Sequence\_41 GTCAATTTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 719  
Sequence\_49 GTCAATTTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 716  
Sequence\_81 GTCAATTTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 716  
Sequence\_45 GTCAATTTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 719  
Sequence\_77 GTCAATTTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 719  
Sequence\_75 GTCAATTTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 716  
Sequence\_43 GTCAATTTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 716  
Sequence\_47 GTCAATTTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 719  
Sequence\_79 GTCAATTTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 719  
Sequence\_51 GTCAATTTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 725  
Sequence\_83 GTCAATTTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 725  
Sequence\_7 GTCAATTTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 713  
Sequence\_25 GTCAATTTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 713  
Sequence\_29 GTCAATTTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 713  
Sequence\_33 GTCAATTTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 713  
Sequence\_69 GTCAATTTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 713  
Sequence\_11 GTCAATTTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 701  
Sequence\_1 GTCAATTTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 701  
Sequence\_17 GTCAATTTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCAACAACACTACTATTAATAACTATTATGATCG 1431  
Sequence\_3 TTC AATTTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCTACAACCACTACTATTAATAACTATTATGATCG 701  
Sequence\_13 TTC AATTTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCTACAACCACTACTATTAATAACTATTATGATCG 701  
Sequence\_18 TTC AATTTTTGGAGAAGAATGGGGATGGTCTACAACCACTACTATTAATAACTATTATGATCG 1954  
Cry8Ka1 TTC AATTTTTGAAAAGAATGGGGATATACTCAAGCCGATATTGACTTATTTTATAGAGA 695  
\*\*\*\*\* \* \* \* \* \*

Sequence\_71 TCAAATGAAACTTACTGCAGAATATTCGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 782  
Sequence\_73 TCAAATGAAACTTACTGCAGAATATTCGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 779  
Sequence\_21 TCAAATGAAACTTACTGCAGAATATTCGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 773  
Sequence\_67 TCAAATGAAACTTACTGCAGAATATTCGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 773  
Sequence\_61 TCAAATGAAACTTACTGCAGAATATTCGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 773  
Sequence\_93 TCAAATGAAACTTACTGCAGAATATTCGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 773  
Sequence\_59 TCAAATGAAACTTACTGCAGAATATTCGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 773  
Sequence\_91 TCAAATGAAACTTACTGCAGAATATTCGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 773  
Sequence\_39 TCAAATGAAACTTACTGCAGAATATTCGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 782  
Sequence\_41 TCAAATGAAACTTACTGCAGAATATTCGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 779  
Sequence\_49 TCAAATGAAACTTACTGCAGAATATTCGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 776  
Sequence\_81 TCAAATGAAACTTACTGCAGAATATTCGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 776  
Sequence\_45 TCAAATGAAACTTACTGCAGAATATTCGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 779  
Sequence\_77 TCAAATGAAACTTACTGCAGAATATTCGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 779  
Sequence\_75 TCAAATGAAACTTACTGCAGAATATTCGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 776  
Sequence\_43 TCAAATGAAACTTACTGCAGAATATTCGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 776  
Sequence\_47 TCAAATGAAACTTACTGCAGAATATTCGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 779  
Sequence\_79 TCAAATGAAACTTACTGCAGAATATTCGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 779  
Sequence\_51 TCAAATGAAACTTACTGCAGAATATTCGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 785  
Sequence\_83 TCAAATGAAACTTACTGCAGAATATTCGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 785  
Sequence\_7 TCAAATGAAACTTACTGCAGAATATTCGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 773  
Sequence\_25 TCAAATGAAACTTACTGCAGAATATTCGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 773  
Sequence\_29 TCAAATGAAACTTACTGCAGAATATTCGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 773  
Sequence\_33 TCAAATGAAACTTACTGCAGAATATTCGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 773  
Sequence\_69 TCAAATGAAACTTACTGCAGAATATTCGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 773  
Sequence\_11 TCAAATGAAACTTACTGCAGAATATTCGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 761  
Sequence\_1 TCAAATGAAACTTACTGCAGAATATTCGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 761  
Sequence\_17 TCAAATGAAACTTACTGCAGAATATTCGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 1491  
Sequence\_3 TCAAATGAAACTTACTGCAGAATATTCGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 761  
Sequence\_13 TCAAATGAAACTTACTGCAGAATATTCGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 761  
Sequence\_18 TCAAATGAAACTTACTGCAGAATATTCGATCACTGTGTAAGTGGTATGAAACTGGTTT 2014  
Cry8Ka1 ACAAGTAGAGTTTACGAAAGAATACCCGAACTGATTAATTTATATGATGGTTT 755  
\* \* \* \* \*

Sequence\_71 AGCAAAATFAAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATCCGTAGAGA 842  
Sequence\_73 AGCAAAATFAAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATCCGTAGAGA 839  
Sequence\_21 AGCAAAATFAAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATCCGTAGAGA 833  
Sequence\_67 AGCAAAATFAAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATCCGTAGAGA 833  
Sequence\_61 AGCAAAATFAAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATCCGTAGAGA 833  
Sequence\_93 AGCAAAATFAAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATCCGTAGAGA 833  
Sequence\_59 AGCAAAATFAAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATCCGTAGAGA 833  
Sequence\_91 AGCAAAATFAAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATCCGTAGAGA 833  
Sequence\_39 AGCAAAATFAAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATCCGTAGAGA 842  
Sequence\_41 AGCAAAATFAAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATCCGTAGAGA 839  
Sequence\_49 AGCAAAATFAAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATCCGTAGAGA 836  
Sequence\_81 AGCAAAATFAAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATCCGTAGAGA 836

FIGURA 18 (Continuação)

Sequence\_45 AGCAAAATFAAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATCCGTAGAGA 839  
Sequence\_77 AGCAAAATFAAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATCCGTAGAGA 839  
Sequence\_75 AGCAAAATFAAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATCCGTAGAGA 836  
Sequence\_43 AGCAAAATFAAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATCCGTAGAGA 836  
Sequence\_47 AGCAAAATFAAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATCCGTAGAGA 839

```
Sequence_79      AGCAAAATTTAAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA 839
Sequence_51      AGCAAAATTTAAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA 845
Sequence_83      AGCAAAATTTAAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA 845
Sequence_7       AGCAAAATTTAAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA 833
Sequence_25      AGCAAAATTTAAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA 833
Sequence_29      AGCAAAATTTAAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA 833
Sequence_33      AGCAAAATTTAAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA 833
Sequence_69      AGCAAAATTTAAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA 833
Sequence_11      AGCAAAATTTAAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA 821
Sequence_1       AGCAAAATTTAAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA 821
Sequence_17      AGCAAAATTTAAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTTGACTATAACCAATTCGGTAGAGA 1551
Sequence_3       AGCAAAATTTAAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTCGACTATAACCAATTCGGTAGAGA 821
Sequence_13      AGCAAAATTTAAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTCGACTATAACCAATTCGGTAGAGA 821
Sequence_18      AGCAAAATTTAAAAGGCACGAGCGCTAAACAATGGGTCGACTATAACCAATTCGGTAGAGA 2074
Cry8Ka1         AAATCAATTTAAAAGGTTCCGAATGCTAAGCAATGGATTGCATTTAATCGCTTCGGTAGAGA 815
                *          *****  ***  *****  *****  *  *  *  *  *  *  *  *****
```

```
Sequence_71      AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTAAATTTATGACACACGCACGTA 902
Sequence_73      AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTAAATTTATGACACACGCACGTA 899
Sequence_21      AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTAAATTTATGACACACGCACGTA 893
Sequence_67      AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTAAATTTATGACACACGCACGTA 893
Sequence_61      AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTAAATTTATGACACAATAACGTA 893
Sequence_93      AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTAAATTTATGACACAATAACGTA 893
Sequence_59      AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTAAATTTATGACACAATAACGTA 893
Sequence_91      AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTAAATTTATGACACAATAACGTA 893
Sequence_39      AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTAAATTTATGACACACGCACGTA 902
Sequence_41      AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTAAATTTATGACACACGCACGTA 899
Sequence_49      AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTAAATTTATGACACACGCACGTA 896
Sequence_81      AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTAAATTTATGACACACGCACGTA 896
Sequence_45      AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTAAATTTATGACACACGCACGTA 899
Sequence_77      AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTAAATTTATGACACACGCACGTA 899
Sequence_75      AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTAAATTTATGACACACGCACGTA 896
Sequence_43      AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTAAATTTATGACACACGCACGTA 896
Sequence_47      AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTAAATTTATGACACACGCACGTA 899
Sequence_79      AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTAAATTTATGACACACGCACGTA 899
Sequence_51      AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTAAATTTATGACACACGCACGTA 905
Sequence_83      AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTAAATTTATGACACACGCACGTA 905
Sequence_7       AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTAAATTTATGACACACGCACGTA 893
Sequence_25      AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTAAATTTATGACACACGCACGTA 893
Sequence_29      AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTAAATTTATGACACACGCACGTA 893
Sequence_33      AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTAAATTTATGACACACGCACGTA 893
Sequence_69      AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTAAATTTATGACACACGCACGTA 893
Sequence_11      AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTAAATTTATGACACACGCACGTA 881
Sequence_1       AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTAAATTTATGACACACGCACGTA 881
Sequence_17      AATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTAAATTTATGACACACGCACGTA 1611
Sequence_3       AATGACACTGACGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTAAATTTATGACACACGCACGTA 881
Sequence_13      AATGACACTGACGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTAAATTTATGACACACGCACGTA 881
Sequence_18      AATGACACTGACGGTTTTAGATGTTGTTGCATTATTCCTAAATTTATGACACACGCACGTA 2134
Cry8Ka1         AATGACATTTGACGGTACTGGATGTAGTTGCATTATTCCTGAACTATGATGTACGTATGTA 875
                ***** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
```

```
Sequence_71      CCCAATGGAACGAAAGCACAACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 962
Sequence_73      CCCAATGGAACGAAAGCACAACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 959
Sequence_21      CCCAATGGAACGAAAGCACAACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 953
Sequence_67      CCCAATGGAACGAAAGCACAACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 953
Sequence_61      CCCAATGGAACGAAAGCACAACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 953
Sequence_93      CCCAATGGAACGAAAGCACAACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 953
Sequence_59      CCCAATGGAACGAAAGCACAACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 953
Sequence_91      CCCAATGGAACGAAAGCACAACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 953
Sequence_39      CCCAATGGAACGAAAGCACAACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 962
Sequence_41      CCCAATGGAACGAAAGCACAACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 959
Sequence_49      CCCAATGGAACGAAAGCACAACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 956
Sequence_81      CCCAATGGAACGAAAGCACAACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 956
Sequence_45      CCCAATGGAACGAAAGCACAACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 959
Sequence_77      CCCAATGGAACGAAAGCACAACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 959
Sequence_75      CCCAATGGAACGAAAGCACAACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 956
Sequence_43      CCCAATGGAACGAAAGCACAACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 956
Sequence_47      CCCAATGGAACGAAAGCACAACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 959
Sequence_79      CCCAATGGAACGAAAGCACAACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 959
Sequence_51      CCCAATGGAACGAAAGCACAACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 965
```

FIGURA 18 (Continuação)

```
Sequence_83      CCCAATGGAACGAAAGCACAACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 965
Sequence_7       CCCAATGGAACGAAAGCACAACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 953
Sequence_25      CCCAATGGAACGAAAGCACAACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 953
Sequence_29      CCCAATGGAACGAAAGCACAACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 953
Sequence_33      CCCAATGGAACGAAAGCACAACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 953
Sequence_69      CCCAATGGAACGAAAGCACAACTAACAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 953
```

Sequence\_11 CCCAATGGAACGAAAGCACAACCTAACAAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 941  
 Sequence\_1 CCCAATGGAACGAAAGCACAACCTAACAAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 941  
 Sequence\_17 CCCAATGGAACGAAAGCACAACCTAACAAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 1671  
 Sequence\_3 CCCAATGGAACGAAAGCACAACCTAACAAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 941  
 Sequence\_13 CCCAATGGAACGAAAGCACAACCTAACAAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 941  
 Sequence\_18 CCCAATGGAACGAAAGCACAACCTAACAAAGGGAAGTATATACAGATCCACTGGGCGCGGT 2194  
 Cry8Ka1 CCCTATAAAAACAACCTACAGAGCTAACGAGAACAATTTATACCGATCCACTTGGTTACAC 935  
 \*\*\* \*\* \*\*\*\*\* \* \*\* \* \*\*\*\*\* \*\* \* \* \*\*\*\*\* \*\*\*\*\* \*\*

Sequence\_71 AAACGTGCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGAT 1016  
 Sequence\_73 AAACGTGCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGAT 1013  
 Sequence\_21 AAACGTGCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGAT 1007  
 Sequence\_67 AAACGTGCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGAT 1007  
 Sequence\_61 AAACGTGCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGAT 1007  
 Sequence\_93 AAACGTGCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGAT 1007  
 Sequence\_59 AAACGTGCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGAT 1007  
 Sequence\_91 AAACGTGCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGAT 1007  
 Sequence\_39 AAACGTGCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGAT 1016  
 Sequence\_41 AAACGTGCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGAT 1013  
 Sequence\_49 AAACGTGCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGAT 1010  
 Sequence\_81 AAACGTGCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGAT 1010  
 Sequence\_45 AAACGTGCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGAT 1013  
 Sequence\_77 AAACGTGCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGAT 1013  
 Sequence\_75 AAACGTGCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGAT 1010  
 Sequence\_43 AAACGTGCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGAT 1010  
 Sequence\_47 AAACGTGCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGAT 1013  
 Sequence\_79 AAACGTGCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGAT 1013  
 Sequence\_51 AAACGTGCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGAT 1019  
 Sequence\_83 AAACGTGCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGAT 1019  
 Sequence\_7 AAACGTGCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGAT 1007  
 Sequence\_25 AAACGTGCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGAT 1007  
 Sequence\_29 AAACGTGCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGAT 1007  
 Sequence\_33 AAACGTGCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGAT 1007  
 Sequence\_69 AAACGTGCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGAT 1007  
 Sequence\_11 AAACGTGCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGAT 995  
 Sequence\_1 AAACGTGCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGAT 995  
 Sequence\_17 AAACGTGCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGAT 1725  
 Sequence\_3 AAACGTGCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGAT 995  
 Sequence\_13 AAACGTGCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGAT 995  
 Sequence\_18 AAACGTGCTTCAATTGGT-----TCCTGGTATGACAAAGCACCTTCTTTTCGGAGTGAT 2248  
 Cry8Ka1 GAAAACGGGTTCTAGTAGTACACCACCATGGTATAATTATGGATCTAGTTTCTCATATAT 995  
 \*\* \* \*\*\* \* \* \*\* \* \*\*\*\*\* \* \* \* \* \*\* \*\*\*\*\* \*\*

Sequence\_71 AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1076  
 Sequence\_73 AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1073  
 Sequence\_21 AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1067  
 Sequence\_67 AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1067  
 Sequence\_61 AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1067  
 Sequence\_93 AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1067  
 Sequence\_59 AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1067  
 Sequence\_91 AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1067  
 Sequence\_39 AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1076  
 Sequence\_41 AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1073  
 Sequence\_49 AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1070  
 Sequence\_81 AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1070  
 Sequence\_45 AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1073  
 Sequence\_77 AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1073  
 Sequence\_75 AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1070  
 Sequence\_43 AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1070  
 Sequence\_47 AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1073  
 Sequence\_79 AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1073  
 Sequence\_51 AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1079  
 Sequence\_83 AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1079  
 Sequence\_7 AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1067  
 Sequence\_25 AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1067  
 Sequence\_29 AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1067  
 Sequence\_33 AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1067  
 Sequence\_69 AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1067  
 Sequence\_11 AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1055  
 Sequence\_1 AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1055

FIGURA 18 (Continuação)

Sequence\_17 AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1785  
 Sequence\_3 AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1055  
 Sequence\_13 AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 1055  
 Sequence\_18 AGAATCATCCGTTATTCGACCACCCCATGATTTGATTATATAACGGGACTCACAGTGTA 2308  
 Cry8Ka1 AGAAAGTGTAGCGATTCCAGCCCTAGTCTGGTTAAGTGGTTAAGTCAGATTGAAATTTA 1055  
 \*\*\*\* \* \*\*\*\*\* \* \* \*\* \* \* \*\* \* \* \*\* \* \* \*\* \* \* \*\* \* \* \*\* \* \* \*\*

Sequence_71	TACACAATCAAGAAGCATTTCCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1136
Sequence_73	TACACAATCAAGAAGCATTTCCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1133
Sequence_21	TACACAATCAAGAAGCATTTCCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1127
Sequence_67	TACACAATCAAGAAGCATTTCCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1127
Sequence_61	TACACAATCAAGAAGCATTTCCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1127
Sequence_93	TACACAATCAAGAAGCATTTCCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1127
Sequence_59	TACACAATCAAGAAGCATTTCCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1127
Sequence_91	TACACAATCAAGAAGCATTTCCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1127
Sequence_39	TACACAATCAAGAAGCATTTCCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1136
Sequence_41	TACACAATCAAGAAGCATTTCCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1133
Sequence_49	TACACAATCAAGAAGCATTTCCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1130
Sequence_81	TACACAATCAAGAAGCATTTCCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1130
Sequence_45	TACACAATCAAGAAGCATTTCCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1133
Sequence_77	TACACAATCAAGAAGCATTTCCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1133
Sequence_75	TACACAATCAAGAAGCATTTCCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1130
Sequence_43	TACACAATCAAGAAGCATTTCCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1130
Sequence_47	TACACAATCAAGAAGCATTTCCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1133
Sequence_79	TACACAATCAAGAAGCATTTCCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1133
Sequence_51	TACACAATCAAGAAGCATTTCCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1139
Sequence_83	TACACAATCAAGAAGCATTTCCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1139
Sequence_7	TACACAATCAAGAAGCATTTCCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1127
Sequence_25	TACACAATCAAGAAGCATTTCCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1127
Sequence_29	TACACAATCAAGAAGCATTTCCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1127
Sequence_33	TACACAATCAAGAAGCATTTCCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1127
Sequence_69	TACACAATCAAGAAGCATTTCCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1127
Sequence_11	TACACAATCAAGAAGCATTTCCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1115
Sequence_1	TACACAATCAAGAAGCATTTCCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1115
Sequence_17	TACACAATCAAGAAGCATTTCCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1845
Sequence_3	TACACAATCAAGAAGCATTTCCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1115
Sequence_13	TACACAATCAAGAAGCATTTCCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	1115
Sequence_18	TACACAATCAAGAAGCATTTCCTCCGCTCGCTATATAAGACATTGGGCTGGTCATCAAAT	2368
Cry8Kal	TTCGAAATCCGCAAGGGCTACACC---GCAAAGTGC GGATTATTGGGCAGGACATACAAT	1112
	* * * * *	

Sequence_71	AAGCTACCATCGTGTGTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAACTAATCAAAT	1196
Sequence_73	AAGCTACCATCGTGTGTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAACTAATCAAAT	1193
Sequence_21	AAGCTACCATCGTGTGTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAACTAATCAAAT	1187
Sequence_67	AAGCTACCATCGTGTGTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAACTAATCAAAT	1187
Sequence_61	AAGCTACCATCGTGTGTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAACTAATCAAAT	1187
Sequence_93	AAGCTACCATCGTGTGTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAACTAATCAAAT	1187
Sequence_59	AAGCTACCATCGTGTGTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAACTAATCAAAT	1187
Sequence_91	AAGCTACCATCGTGTGTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAACTAATCAAAT	1187
Sequence_39	AAGCTACCATCGTGTGTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAACTAATCAAAT	1196
Sequence_41	AAGCTACCATCGTGTGTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAACTAATCAAAT	1193
Sequence_49	AAGCTACCATCGTGTGTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAACTAATCAAAT	1190
Sequence_81	AAGCTACCATCGTGTGTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAACTAATCAAAT	1190
Sequence_45	AAGCTACCATCGTGTGTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAACTAATCAAAT	1193
Sequence_77	AAGCTACCATCGTGTGTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAACTAATCAAAT	1193
Sequence_75	AAGCTACCATCGTGTGTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAACTAATCAAAT	1190
Sequence_43	AAGCTACCATCGTGTGTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAACTAATCAAAT	1190
Sequence_47	AAGCTACCATCGTGTGTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAACTAATCAAAT	1193
Sequence_79	AAGCTACCATCGTGTGTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAACTAATCAAAT	1193
Sequence_51	AAGCTACCATCGTGTGTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAACTAATCAAAT	1199
Sequence_83	AAGCTACCATCGTGTGTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAACTAATCAAAT	1199
Sequence_7	AAGCTACCATCGTGTGTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAACTAATCAAAT	1187
Sequence_25	AAGCTACCATCGTGTGTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAACTAATCAAAT	1187
Sequence_29	AAGCTACCATCGTGTGTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAACTAATCAAAT	1187
Sequence_33	AAGCTACCATCGTGTGTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAACTAATCAAAT	1187
Sequence_69	AAGCTACCATCGTGTGTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAACTAATCAAAT	1187
Sequence_11	AAGCTACCATCGTGTGTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAACTAATCAAAT	1175
Sequence_1	AAGCTACCATCGTGTGTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAACTAATCAAAT	1175
Sequence_17	AAGCTACCATCGTGTGTCAGTAGGGGTAGTAATCTTCAACAAATGTATGGAACTAATCAAAT	1905
Sequence_3	AAGCTATCATCGGATTTTTAGTGATAAATATTAAAACAGATGTATGGAACTAATCAAAT	1175
Sequence_13	AAGCTATCATCGGATTTTTAGTGATAAATATTAAAACAGATGTATGGAACTAATCAAAT	1175
Sequence_18	AAGCTATCATCGGATTTTTAGTGATAAATATTAAAACAGATGTATGGAACTAATCAAAT	2428
Cry8Kal	AAATATCACTATAGTGGAGATGATGGTCAAGCAGTACCTAATTTATGGAGATAGAACGAA	1172
	** * * *	

FIGURA 18 (Continuação)

Sequence_71	TCTACACAGCACTAGTACCTTTTGATTTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAAA	1256
Sequence_73	TCTACACAGCACTAGTACCTTTTGATTTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAAA	1253
Sequence_21	TCTACACAGCACTAGTACCTTTTGATTTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAAA	1247
Sequence_67	TCTACACAGCACTAGTACCTTTTGATTTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAAA	1247
Sequence_61	TCTACACAGCACTAGTACCTTTTGATTTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAAA	1247
Sequence_93	TCTACACAGCACTAGTACCTTTTGATTTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAAA	1247
Sequence_59	TCTACACAGCACTAGTACCTTTTGATTTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAAA	1247
Sequence_91	TCTACACAGCACTAGTACCTTTTGATTTTTACGAATTATGATATTTACAAGACTCTATCAAA	1247

Sequence\_39 TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTTACAAGACTCTATCAAA 1256  
Sequence\_41 TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTTACAAGACTCTATCAAA 1253  
Sequence\_49 TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTTACAAGACTCTATCAAA 1250  
Sequence\_81 TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTTACAAGACTCTATCAAA 1250  
Sequence\_45 TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTTACAAGACTCTATCAAA 1253  
Sequence\_77 TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTTACAAGACTCTATCAAA 1253  
Sequence\_75 TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTTACAAGACTCTATCAAA 1250  
Sequence\_43 TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTTACAAGACTCTATCAAA 1250  
Sequence\_47 TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTTACAAGACTCTATCAAA 1253  
Sequence\_79 TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTTACAAGACTCTATCAAA 1253  
Sequence\_51 TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTTACAAGACTCTATCAAA 1259  
Sequence\_83 TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTTACAAGACTCTATCAAA 1259  
Sequence\_7 TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTTACAAGACTCTATCAAA 1247  
Sequence\_25 TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTTACAAGACTCTATCAAA 1247  
Sequence\_29 TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTTACAAGACTCTATCAAA 1247  
Sequence\_33 TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTTACAAGACTCTATCAAA 1247  
Sequence\_69 TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTTACAAGACTCTATCAAA 1247  
Sequence\_11 TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTTACAAGACTCTATCAAA 1235  
Sequence\_1 TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTTACAAGACTCTATCAAA 1235  
Sequence\_17 TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTTACAAGACTCTATCAAA 1235  
Sequence\_3 TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTTACAAGACTCTATCAAA 1235  
Sequence\_13 TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTTACAAGACTCTATCAAA 1235  
Sequence\_18 TCTACACAGCACTAGTACCTTTGATTTTACGAATTATGATATTTTACAAGACTCTATCAAA 2488  
Cry8Ka1 TCTGTAATTTGTAATCGTTTATAAATTTGAGCAGGCTGACATTTTACAGACTCTATCAATC 1232  
\* \* \* \* \*

Sequence\_71 GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGAAATGC 1315  
Sequence\_73 GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGAAATGC 1312  
Sequence\_21 GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGAAATGC 1306  
Sequence\_67 GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGAAATGC 1306  
Sequence\_61 GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGAAATGC 1306  
Sequence\_93 GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGAAATGC 1306  
Sequence\_59 GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGAAATGC 1306  
Sequence\_91 GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGAAATGC 1306  
Sequence\_39 GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGAAATGC 1315  
Sequence\_41 GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGAAATGC 1312  
Sequence\_49 GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGAAATGC 1309  
Sequence\_81 GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGAAATGC 1309  
Sequence\_45 GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGAAATGC 1312  
Sequence\_77 GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGAAATGC 1312  
Sequence\_75 GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGAAATGC 1309  
Sequence\_43 GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGAAATGC 1309  
Sequence\_47 GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGAAATGC 1312  
Sequence\_79 GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGAAATGC 1312  
Sequence\_51 GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGAAATGC 1318  
Sequence\_83 GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGAAATGC 1318  
Sequence\_7 GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGAAATGC 1306  
Sequence\_25 GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGAAATGC 1306  
Sequence\_29 GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGAAATGC 1306  
Sequence\_33 GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGAAATGC 1306  
Sequence\_69 GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGAAATGC 1306  
Sequence\_11 GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGAAATGC 1294  
Sequence\_1 GGATGCAGTACTCCTTGATATTGTT-TACCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGAAATGC 1294  
Sequence\_17 AGATGCCGTGCTCCTTGATATTGTT-TTCCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGAAATGC 2024  
Sequence\_3 AGATGCCGTGCTCCTTGATATTGTT-TTCCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGAAATGC 1294  
Sequence\_13 AGATGCCGTGCTCCTTGATATTGTT-TTCCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGAAATGC 1294  
Sequence\_18 AGATGCCGTGCTCCTTGATATTGTT-TTCCTGGTTATACGTATATATTTTTTGGAAATGC 2547  
Cry8Ka1 TGTTCCTTCAAGTACAACACTAGTGGTGTAAATTTAATTAATACTAAGGCTATATTTGATGG 1292  
\* \* \* \* \*

Sequence\_71 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1373  
Sequence\_73 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1370  
Sequence\_21 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1364  
Sequence\_67 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1364  
Sequence\_61 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1364  
Sequence\_93 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1364  
Sequence\_59 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1364  
Sequence\_91 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1364

FIGURA 18 (Continuação)

Sequence\_39 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1373  
Sequence\_41 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1370  
Sequence\_49 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1367  
Sequence\_81 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1367  
Sequence\_45 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1370  
Sequence\_77 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1370  
Sequence\_75 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1367  
Sequence\_43 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1367  
Sequence\_47 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1370



Sequence\_79 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1370  
 Sequence\_51 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1376  
 Sequence\_83 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1376  
 Sequence\_7 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1364  
 Sequence\_25 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1364  
 Sequence\_29 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1364  
 Sequence\_33 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1364  
 Sequence\_69 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1364  
 Sequence\_11 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1352  
 Sequence\_1 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1352  
 Sequence\_17 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 2082  
 Sequence\_3 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1352  
 Sequence\_13 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 1352  
 Sequence\_18 CAGAAGTCGAGTTTTTCATGGTAAACCAATTGAATA-ATACCAGAAAGAC-GTTAAAGTA 2605  
 Cry8Ka1 CATAAGTACAA-----ACAATGGACTAGTGAGTTACATGTATGAAAAATATCGAACTT 1346  
 \*\* \*\*\*\* \* \* \* \* \* \*\* \*\* \* \* \* \*

Sequence\_71 TAATCCAGTTTCCAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1429  
 Sequence\_73 TAATCCAGTTTCCAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1426  
 Sequence\_21 TAATCCAGTTTCCAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1420  
 Sequence\_67 TAATCCAGTTTCCAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1420  
 Sequence\_61 TAATCCAGTTTCCAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1420  
 Sequence\_93 TAATCCAGTTTCCAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1420  
 Sequence\_59 TAATCCAGTTTCCAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1420  
 Sequence\_91 TAATCCAGTTTCCAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1420  
 Sequence\_39 TAATCCAGTTTCCAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1429  
 Sequence\_41 TAATCCAGTTTCCAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1426  
 Sequence\_49 TAATCCAGTTTCCAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1423  
 Sequence\_81 TAATCCAGTTTCCAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1423  
 Sequence\_45 TAATCCAGTTTCCAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1426  
 Sequence\_77 TAATCCAGTTTCCAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1426  
 Sequence\_75 TAATCCAGTTTCCAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1423  
 Sequence\_43 TAATCCAGTTTCCAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1423  
 Sequence\_47 TAATCCAGTTTCCAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1426  
 Sequence\_79 TAATCCAGTTTCCAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1426  
 Sequence\_51 TAATCCAGTTTCCAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1432  
 Sequence\_83 TAATCCAGTTTCCAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1432  
 Sequence\_7 TAATCCAGTTTCCAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1420  
 Sequence\_25 TAATCCAGTTTCCAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1420  
 Sequence\_29 TAATCCAGTTTCCAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1420  
 Sequence\_33 TAATCCAGTTTCCAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1420  
 Sequence\_69 TAATCCAGTTTCCAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1420  
 Sequence\_11 TAATCCAGTTTCCAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1408  
 Sequence\_1 TAATCCAGTTTCCAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1408  
 Sequence\_17 TAATCCAGTTTCCAAGATATTATAGCGAGTACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 2138  
 Sequence\_3 TAATCCGGTTTCCAAGATATTATAGCGGGGACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1408  
 Sequence\_13 TAATCCGGTTTCCAAGATATTATAGCGGGGACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 1408  
 Sequence\_18 TAATCCGGTTTCCAAGATATTATAGCGGGGACAAGAGATTCGGAATTAGAAT----TAC 2661  
 Cry8Ka1 TTTTAAATGAACTAAAGATACAATTACAGAGCTACCTGTTTCAGATATCCAGTCCCTAC 1406  
 \* \* \* \* \* \*\*\*\*\* \*\* \* \* \* \* \* \*\* \*

Sequence\_71 CTCCAGAACTTCAGATCAACCAAAATTATGAGTCATATAGCCATAGATTATGTCATATCA 1489  
 Sequence\_73 CTCCAGAACTTCAGATCAACCAAAATTATGAGTCATATAGCCATAGATTATGTCATATCA 1486  
 Sequence\_21 CTCCAGAACTTCAGATCAACCAAAATTATGAGTCATATAGCCATAGATTATGTCATATCA 1480  
 Sequence\_67 CTCCAGAACTTCAGATCAACCAAAATTATGAGTCATATAGCCATAGATTATGTCATATCA 1480  
 Sequence\_61 CTCCAGAACTTCAGATCAACCAAAATTATGAGTCATATAGCCATAGATTATGTCATATCA 1480  
 Sequence\_93 CTCCAGAACTTCAGATCAACCAAAATTATGAGTCATATAGCCATAGATTATGTCATATCA 1480  
 Sequence\_59 CTCCAGAACTTCAGATCAACCAAAATTATGAGTCATATAGCCATAGATTATGTCATATCA 1480  
 Sequence\_91 CTCCAGAACTTCAGATCAACCAAAATTATGAGTCATATAGCCATAGATTATGTCATATCA 1480  
 Sequence\_39 CTCCAGAACTTCAGATCAACCAAAATTATGAGTCATATAGCCATAGATTATGTCATATCA 1489  
 Sequence\_41 CTCCAGAACTTCAGATCAACCAAAATTATGAGTCATATAGCCATAGATTATGTCATATCA 1486  
 Sequence\_49 CTCCAGAACTTCAGATCAACCAAAATTATGAGTCATATAGCCATAGATTATGTCATATCA 1483  
 Sequence\_81 CTCCAGAACTTCAGATCAACCAAAATTATGAGTCATATAGCCATAGATTATGTCATATCA 1483  
 Sequence\_45 CTCCAGAACTTCAGATCAACCAAAATTATGAGTCATATAGCCATAGATTATGTCATATCA 1486  
 Sequence\_77 CTCCAGAACTTCAGATCAACCAAAATTATGAGTCATATAGCCATAGATTATGTCATATCA 1486  
 Sequence\_75 CTCCAGAACTTCAGATCAACCAAAATTATGAGTCATATAGCCATAGATTATGTCATATCA 1483  
 Sequence\_43 CTCCAGAACTTCAGATCAACCAAAATTATGAGTCATATAGCCATAGATTATGTCATATCA 1483

FIGURA 18 (Continuação)

Sequence\_47 CTCCAGAACTTCAGATCAACCAAAATTATGAGTCATATAGCCATAGATTATGTCATATCA 1486  
 Sequence\_79 CTCCAGAACTTCAGATCAACCAAAATTATGAGTCATATAGCCATAGATTATGTCATATCA 1486  
 Sequence\_51 CTCCAGAACTTCAGATCAACCAAAATTATGAGTCATATAGCCATAGATTATGTCATATCA 1492  
 Sequence\_83 CTCCAGAACTTCAGATCAACCAAAATTATGAGTCATATAGCCATAGATTATGTCATATCA 1492  
 Sequence\_7 CTCCAGAACTTCAGATCAACCAAAATTATGAGTCATATAGCCATAGATTATGTCATATCA 1480  
 Sequence\_25 CTCCAGAACTTCAGATCAACCAAAATTATGAGTCATATAGCCATAGATTATGTCATATCA 1480  
 Sequence\_29 CTCCAGAACTTCAGATCAACCAAAATTATGAGTCATATAGCCATAGATTATGTCATATCA 1480  
 Sequence\_33 CTCCAGAACTTCAGATCAACCAAAATTATGAGTCATATAGCCATAGATTATGTCATATCA 1480  
 Sequence\_69 CTCCAGAACTTCAGATCAACCAAAATTATGAGTCATATAGCCATAGATTATGTCATATCA 1480  
 Sequence\_11 CTCCAGAACTTCAGATCAACCAAAATTATGAGTCATATAGCCATAGATTATGTCATATCA 1486

Sequence\_1 CTCCAGAACTTCAGATCAACCAAATATAGATCATATAGCCATAGATTATGTCATATCA 1468  
 Sequence\_17 CTCCAGAACTTCAGATCAACCAAATATAGATCATATAGCCATAGATTATGTCATATCA 2198  
 Sequence\_3 CTCCAGAACTTCAGATCAACCAAATATAGATCATATAGCCATAGATTATGTCATATCA 1468  
 Sequence\_13 CTCCAGAACTTCAGATCAACCAAATATAGATCATATAGCCATAGATTATGTCATATCA 1468  
 Sequence\_18 CTCCAGAACTTCAGATCAACCAAATATAGATCATATAGCCATAGATTATGTCATATCA 2721  
 Cry8Kal CTACGGGA-TGCTGAACAGTACAGTCATCGGCTATCCTAT-GTTTCTAATGCTCCAACA 1464  
 \*\* \*

Sequence\_71 CAAGTATCCCGCGACGGG--TAACACTACCGGATTAGTACCTGTATTTCTTGGACACA 1547  
 Sequence\_73 CAAGTATCCCGCGACGGG--TAACACTACCGGATTAGTACCTGTATTTCTTGGACACA 1544  
 Sequence\_21 CAAGTATCCCGCGACGGG--TAACACTACCGGATTAGTACCTGTATTTCTTGGACACA 1538  
 Sequence\_67 CAAGTATCCCGCGACGGG--TAACACTACCGGATTAGTACCTGTATTTCTTGGACACA 1538  
 Sequence\_61 CAAGTATCCCGCGACGGG--TAACACTACCGGATTAGTACCTGTATTTCTTGGACACA 1538  
 Sequence\_93 CAAGTATCCCGCGACGGG--TAACACTACCGGATTAGTACCTGTATTTCTTGGACACA 1538  
 Sequence\_59 CAAGTATCCCGCGACGGG--TAACACTACCGGATTAGTACCTGTATTTCTTGGACACA 1538  
 Sequence\_91 CAAGTATCCCGCGACGGG--TAACACTACCGGATTAGTACCTGTATTTCTTGGACACA 1538  
 Sequence\_39 CAAGTATCCCGCGACGGG--TAACACTACCGGATTAGTACCTGTATTTCTTGGACACA 1547  
 Sequence\_41 CAAGTATCCCGCGACGGG--TAACACTACCGGATTAGTACCTGTATTTCTTGGACACA 1544  
 Sequence\_49 CAAGTATCCCGCGACGGG--TAACACTACCGGATTAGTACCTGTATTTCTTGGACACA 1541  
 Sequence\_81 CAAGTATCCCGCGACGGG--TAACACTACCGGATTAGTACCTGTATTTCTTGGACACA 1541  
 Sequence\_45 CAAGTATCCCGCGACGGG--TAACACTACCGGATTAGTACCTGTATTTCTTGGACACA 1544  
 Sequence\_77 CAAGTATCCCGCGACGGG--TAACACTACCGGATTAGTACCTGTATTTCTTGGACACA 1544  
 Sequence\_75 CAAGTATCCCGCGACGGG--TAACACTACCGGATTAGTACCTGTATTTCTTGGACACA 1541  
 Sequence\_43 CAAGTATCCCGCGACGGG--TAACACTACCGGATTAGTACCTGTATTTCTTGGACACA 1541  
 Sequence\_47 CAAGTATCCCGCGACGGG--TAACACTACCGGATTAGTACCTGTATTTCTTGGACACA 1544  
 Sequence\_79 CAAGTATCCCGCGACGGG--TAACACTACCGGATTAGTACCTGTATTTCTTGGACACA 1544  
 Sequence\_51 CAAGTATCCCGCGACGGG--TAACACTACCGGATTAGTACCTGTATTTCTTGGACACA 1550  
 Sequence\_83 CAAGTATCCCGCGACGGG--TAACACTACCGGATTAGTACCTGTATTTCTTGGACACA 1550  
 Sequence\_7 CAAGTATCCCGCGACGGG--TAACACTACCGGATTAGTACCTGTATTTCTTGGACACA 1538  
 Sequence\_25 CAAGTATCCCGCGACGGG--TAACACTACCGGATTAGTACCTGTATTTCTTGGACACA 1538  
 Sequence\_29 CAAGTATCCCGCGACGGG--TAACACTACCGGATTAGTACCTGTATTTCTTGGACACA 1538  
 Sequence\_33 CAAGTATCCCGCGACGGG--TAACACTACCGGATTAGTACCTGTATTTCTTGGACACA 1538  
 Sequence\_69 CAAGTATCCCGCGACGGG--TAACACTACCGGATTAGTACCTGTATTTCTTGGACACA 1538  
 Sequence\_11 CAAGTATCCCGCGACGGG--TAACACTACCGGATTAGTACCTGTATTTCTTGGACACA 1526  
 Sequence\_1 CAAGTATCCCGCGACGGG--TAACACTACCGGATTAGTACCTGTATTTCTTGGACACA 1526  
 Sequence\_17 CAAGTATCCCGCGACGGG--TAACACTACCGGATTAGTACCTGTATTTCTTGGACACA 2256  
 Sequence\_3 CAAGTATCCCGCGACGGG--TTCAACTACCGGATTAGTACCTGTATTTCTTGGACACA 1526  
 Sequence\_13 CAAGTATCCCGCGACGGG--TTCAACTACCGGATTAGTACCTGTATTTCTTGGACACA 1526  
 Sequence\_18 CAAGTATCCCGCGACGGG--TTCAACTACCGGATTAGTACCTGTATTTCTTGGACACA 2779  
 Cry8Kal -GAGTACTCTTCGGGCGGACATTTAATTTGGGACTAATCCAGTACTGGGTTGGACGCA 1523  
 \*\*\*\* \*

Sequence\_71 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1607  
 Sequence\_73 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1604  
 Sequence\_21 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1598  
 Sequence\_67 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1598  
 Sequence\_61 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1598  
 Sequence\_93 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1598  
 Sequence\_59 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1598  
 Sequence\_91 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1598  
 Sequence\_39 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1607  
 Sequence\_41 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1604  
 Sequence\_49 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1601  
 Sequence\_81 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1601  
 Sequence\_45 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1604  
 Sequence\_77 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1604  
 Sequence\_75 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1601  
 Sequence\_43 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1601  
 Sequence\_47 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1604  
 Sequence\_79 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1604  
 Sequence\_51 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1610  
 Sequence\_83 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1610  
 Sequence\_7 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1598  
 Sequence\_25 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1598  
 Sequence\_29 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1598  
 Sequence\_33 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1598

FIGURA 18 (Continuação)

Sequence\_69 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1598  
 Sequence\_11 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1586  
 Sequence\_1 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 1586  
 Sequence\_17 TCGAAGTGCAGATTTAAACAATACAATATATTCAGATAAAAATCACTCAAATTCGGGCCGT 2316  
 Sequence\_3 TCGGAGTGCAGATTTATAAATGCAGTTCATTTCAGATAAAAATTAAGTTCAGATTCGGTTCGT 1586  
 Sequence\_13 TCGGAGTGCAGATTTATAAATGCAGTTCATTTCAGATAAAAATTAAGTTCAGATTCGGTTCGT 1586  
 Sequence\_18 TCGGAGTGCAGATTTATAAATGCAGTTCATTTCAGATAAAAATTAAGTTCAGATTCGGTTCGT 2839  
 Cry8Kal TACTAGTTTAACTCAAAACATCAGATACATTCCTGACTCAATTAAGTTCAGATTCGGTTCGT 1583  
 \*

Sequence\_71 TAAATGTTGGGATAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1663

Sequence\_73 TAAATGTTGGGATAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1660  
Sequence\_21 TAAATGTTGGGATAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1654  
Sequence\_67 TAAATGTTGGGATAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1654  
Sequence\_61 TAAATGTTGGGATAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1654  
Sequence\_93 TAAATGTTGGGATAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1654  
Sequence\_59 TAAATGTTGGGATAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1654  
Sequence\_91 TAAATGTTGGGATAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1654  
Sequence\_39 TAAATGTTGGGATAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1663  
Sequence\_41 TAAATGTTGGGATAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1660  
Sequence\_49 TAAATGTTGGGATAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1657  
Sequence\_81 TAAATGTTGGGATAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1657  
Sequence\_45 TAAATGTTGGGATAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1660  
Sequence\_77 TAAATGTTGGGATAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1660  
Sequence\_75 TAAATGTTGGGATAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1657  
Sequence\_43 TAAATGTTGGGATAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1657  
Sequence\_47 TAAATGTTGGGATAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1660  
Sequence\_79 TAAATGTTGGGATAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1660  
Sequence\_51 TAAATGTTGGGATAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1666  
Sequence\_83 TAAATGTTGGGATAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1666  
Sequence\_7 TAAATGTTGGGATAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1654  
Sequence\_25 TAAATGTTGGGATAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1654  
Sequence\_29 TAAATGTTGGGATAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1654  
Sequence\_33 TAAATGTTGGGATAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1654  
Sequence\_69 TAAATGTTGGGATAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1654  
Sequence\_11 TAAATGTTGGGATAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1642  
Sequence\_1 TAAATGTTGGGATAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 1642  
Sequence\_17 TAAATGTTGGGATAATTTACCGTTTGTTCAGTGGT----AAAAGGACCAGGACATACAG 2372  
Sequence\_3 AAAGTTCCTGATTTGGCTCCCTCATAACAGGAGGGCCAAATAATACCGTTGTATCGGG 1646  
Sequence\_13 AAAGTTCCTGATTTGGCTCCCTCATAACAGGAGGGCCAAATAATACCGTTGTATCGGG 1646  
Sequence\_18 AAAGTTCCTGATTTGGCTCCCTCATAACAGGAGGGCCAAATAATACCGTTGTATCGGG 2899  
Cry8Kal TAAAGCAAATAGTGTAGTCTATGT-----TACTGTTGAAAGGG 1625  
\*\* \* \* \* \* \*\* \* \*

Sequence\_71 GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT 1718  
Sequence\_73 GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT 1715  
Sequence\_21 GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT 1709  
Sequence\_67 GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT 1709  
Sequence\_61 GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT 1709  
Sequence\_93 GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT 1709  
Sequence\_59 GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT 1709  
Sequence\_91 GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT 1718  
Sequence\_39 GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT 1718  
Sequence\_41 GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT 1712  
Sequence\_49 GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT 1712  
Sequence\_81 GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT 1715  
Sequence\_45 GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT 1712  
Sequence\_77 GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT 1712  
Sequence\_75 GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT 1712  
Sequence\_43 GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT 1715  
Sequence\_47 GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT 1715  
Sequence\_79 GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT 1715  
Sequence\_51 GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT 1721  
Sequence\_83 GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT 1721  
Sequence\_7 GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT 1709  
Sequence\_25 GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT 1709  
Sequence\_29 GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT 1709  
Sequence\_33 GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT 1709  
Sequence\_69 GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT 1709  
Sequence\_11 GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT 1697  
Sequence\_1 GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT 1697  
Sequence\_17 GAGGGGATTTATTACAGT----ATAATAGAAGTACTG-GTTCCTGTAGGAACCTTATTTCT 2427  
Sequence\_3 TCCTGGATTTACAGGGGGGGGATAATAAAGTAATAAGAAATGGAGTAATATATACACA 1706  
Sequence\_13 TCCTGGATTTACAGGGGGGGGATAATAAAGTAATAAGAAATGGAGTAATATATACACA 1706  
Sequence\_18 TCCTGGATTTACAGGGGGGGGATAATAAAGTAATAAGAAATGGAGTAATATATACACA 2959  
Cry8Kal AACAGGCTTTACAGGTGGAGATTAGTAAATTTCTCC---ACTGGATTCATGTCTACAGG 1682  
\*\* \*\*\*\*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*

FIGURA 18 (Continuação)

Sequence\_71 AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC 1778  
Sequence\_73 AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC 1775  
Sequence\_21 AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC 1769  
Sequence\_67 AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC 1769  
Sequence\_61 AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC 1769  
Sequence\_93 AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC 1769  
Sequence\_59 AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC 1769  
Sequence\_91 AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC 1769  
Sequence\_39 AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC 1778  
Sequence\_41 AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC 1775  
Sequence\_49 AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC 1772

Sequence\_81 AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC 1772  
 Sequence\_45 AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC 1775  
 Sequence\_77 AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC 1775  
 Sequence\_75 AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC 1772  
 Sequence\_43 AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC 1772  
 Sequence\_47 AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC 1775  
 Sequence\_79 AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC 1775  
 Sequence\_51 AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC 1781  
 Sequence\_83 AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC 1781  
 Sequence\_7 AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC 1769  
 Sequence\_25 AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC 1769  
 Sequence\_29 AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC 1769  
 Sequence\_33 AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC 1769  
 Sequence\_69 AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC 1769  
 Sequence\_11 AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC 1757  
 Sequence\_1 AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC 1757  
 Sequence\_17 AGCTCGATATGGCCTAGCATTAGAAAAAGCAGGGAAATATCGTGTAAAGACTGAGATATGC 2487  
 Sequence\_3 TATGCG---TGTAAAATTTTCAGACATTAACAAGAATATAGTATGAGGATTCGGTATGC 1763  
 Sequence\_13 TATGCG---TGTAAAATTTTCAGACATTAACAAGAATATAGTATGAGGATTCGGTATGC 1763  
 Sequence\_18 TATGCG---TGTAAAATTTTCAGACATTAACAAGAATATAGTATGAGGATTCGGTATGC 3016  
 Cry8Kal AATACAGTTTAATTTAAAGATAGAGAAGAAAGCGTTATCCTATCCGTATACGATATGC 1742  
 \* \* \* \* \*

Sequence\_71 TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT 1826  
 Sequence\_73 TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT 1823  
 Sequence\_21 TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT 1817  
 Sequence\_67 TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT 1817  
 Sequence\_61 TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT 1817  
 Sequence\_93 TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT 1817  
 Sequence\_59 TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT 1817  
 Sequence\_91 TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT 1817  
 Sequence\_39 TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT 1826  
 Sequence\_41 TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT 1823  
 Sequence\_49 TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT 1820  
 Sequence\_81 TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT 1820  
 Sequence\_45 TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT 1823  
 Sequence\_77 TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT 1823  
 Sequence\_75 TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT 1820  
 Sequence\_43 TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT 1820  
 Sequence\_47 TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT 1823  
 Sequence\_79 TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT 1823  
 Sequence\_51 TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT 1829  
 Sequence\_83 TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT 1829  
 Sequence\_7 TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT 1817  
 Sequence\_25 TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT 1817  
 Sequence\_29 TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT 1817  
 Sequence\_33 TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT 1817  
 Sequence\_69 TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT 1817  
 Sequence\_11 TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT 1805  
 Sequence\_1 TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT 1805  
 Sequence\_17 TACTGATGCAGATATTGTATTGCATGTAAAC-----GATGCTCAGATTCAGAT 2535  
 Sequence\_3 TTCCGCTAATAAATACTGAATTTTATATAAATCCTTCTGAAGAAAACGTTAAATCTCACGC 1823  
 Sequence\_13 TTCCGCTAATAAATACTGAATTTTATATAAATCCTTCTGAAGAAAACGTTAAATCTCACGC 1823  
 Sequence\_18 TTCCGCTAATAAATACTGAATTTTATATAAATCCTTCTGAAGAAAACGTTAAATCTCACGC 3076  
 Cry8Kal CGCTGATGTTAATGCT--ACTCTATCTGCACCTGGATTAA-ATGATGCATTTTAAACAT 1799  
 \* \* \* \* \*

Sequence\_71 GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC 1886  
 Sequence\_73 GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC 1883  
 Sequence\_21 GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC 1877  
 Sequence\_67 GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC 1877  
 Sequence\_61 GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC 1877  
 Sequence\_93 GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC 1877  
 Sequence\_59 GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC 1877

FIGURA 18 (Continuação)

Sequence\_91 GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC 1877  
 Sequence\_39 GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC 1886  
 Sequence\_41 GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC 1883  
 Sequence\_49 GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC 1880  
 Sequence\_81 GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC 1880  
 Sequence\_45 GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC 1883  
 Sequence\_77 GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC 1883  
 Sequence\_75 GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC 1880  
 Sequence\_43 GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC 1880  
 Sequence\_47 GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC 1883  
 Sequence\_79 GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC 1883  
 Sequence\_51 GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC 1889  
 Sequence\_83 GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACTTTTAAAGTTGCAGATGC 1889

Sequence\_7 GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACCTTTTAAAGTTGCAGATGC 1877  
 Sequence\_25 GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACCTTTTAAAGTTGCAGATGC 1877  
 Sequence\_29 GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACCTTTTAAAGTTGCAGATGC 1877  
 Sequence\_33 GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACCTTTTAAAGTTGCAGATGC 1877  
 Sequence\_69 GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACCTTTTAAAGTTGCAGATGC 1877  
 Sequence\_11 GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACCTTTTAAAGTTGCAGATGC 1865  
 Sequence\_1 GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACCTTTTAAAGTTGCAGATGC 1865  
 Sequence\_17 GCCAAAAACAATGAACCCAGGTGAGGATCTGACATCTAAAACCTTTTAAAGTTGCAGATGC 2595  
 Sequence\_3 TCAAAAAACAATGAATAGAGGTGAAGCTTTAACATATAATAAATTTAATTATGC-GACTT 1882  
 Sequence\_13 TCAAAAAACAATGAATAGAGGTGAAGCTTTAACATATAATAAATTTAATTATGC-GACTT 1882  
 Sequence\_18 TCAAAAAACAATGAATAGAGGTGAAGCTTTAACATATAATAAATTTAATTATGC-GACTT 3135  
 Cry8Ka1 TAAATCGACAATGTCTCAAGACACACCATTGAAGTATAACGATTTCCAATATGCAGAAGC 1859  
 \* \*\* \*\*\* \*\* \* \* \* \*\* \*\* \* \*\*\* \*\*

Sequence\_71 TATCACAAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTCAGTTAAA--CATAATTTAG 1942  
 Sequence\_73 TATCACAAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTCAGTTAAA--CATAATTTAG 1939  
 Sequence\_21 TATCACAAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTAGCAGTGAAA--CATAATGTAG 1933  
 Sequence\_67 TATCACAAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTAGCAGTGAAA--CATAATTTAG 1933  
 Sequence\_61 TATCACAAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTCAGTTAAA--CATAATGTAG 1933  
 Sequence\_93 TATCACAAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTCAGTTAAA--CATAATTTAG 1933  
 Sequence\_59 TATCACAAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTCAGTTAAA--CATAATGTAG 1933  
 Sequence\_91 TATCACAAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTCAGTTAAA--CATAATTTAG 1933  
 Sequence\_39 TATCACAAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTCAGTTAAA--CATAATGTAG 1942  
 Sequence\_41 TATCACAAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTCAGTTAAA--CATAATGTAG 1939  
 Sequence\_49 TATCACAAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTCAGTTAAA--CATAATGTAG 1936  
 Sequence\_81 TATCACAAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTCAGTTAAA--CATAATTTAG 1936  
 Sequence\_45 TATCACAAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTCAGTTAAA--CATAATGTAG 1939  
 Sequence\_77 TATCACAAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTCAGTTAAA--CATAATTTAG 1939  
 Sequence\_75 TATCACAAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTCAGTTAAA--CATAATTTAG 1936  
 Sequence\_43 TATCACAAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTCAGTTAAA--CATAATGTAG 1936  
 Sequence\_47 TATCACAAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTCAGTTAAA--CATAATGTAG 1939  
 Sequence\_79 TATCACAAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTCAGTTAAA--CATAATTTAG 1939  
 Sequence\_51 TATCACAAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTCAGTTAAA--CATAATGTAG 1945  
 Sequence\_83 TATCACAAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTTCAGTTAAA--CATAATTTAG 1945  
 Sequence\_7 TATCACAAACATTAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTAGCATTGAAA--CATAATTTAG 1933  
 Sequence\_25 TATCACAAACATTAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTAGCATTGAAA--CATAATGTAG 1933  
 Sequence\_29 TATCACAAACATTAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTAGCAGTGAAA--CATAATGTAG 1933  
 Sequence\_33 TATCACAAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTAGCAGTGAAA--CATAATGTAG 1933  
 Sequence\_69 TATCACAAACAGTAAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTAGCAGTGAAA--CATAATTTAG 1933  
 Sequence\_11 TATCACAAACATTAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTAGCATTGAAA--CATAATTTAG 1921  
 Sequence\_1 TATCACAAACATTAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTAGCATTGAAA--CATAATTTAG 1921  
 Sequence\_17 TATCACAAACATTAATTTA--GCAACAGATAGTTCGGTAGCATTGAAA--CATAATTTAG 2651  
 Sequence\_3 TGCCCC-TATTAATTTACGACAACCGAACCTTTCATTACTCTAGGGGCTATATTTGAA 1941  
 Sequence\_13 TGCCCC-TATTAATTTACGACAACCGAACCTTTCATTACTCTAGGGGCTATATTTGAA 1941  
 Sequence\_18 TGCCCC-TATTAATTTACGACAACCGAACCTTTCATTACTCTAGGGGCTATATTTGAA 3194  
 Cry8Ka1 TGAAAAACAGTGCATTTA-----TACAATCCTCGTTTTCCTTA-----TATTTAGAAA 1909  
 \* \* \*\* \* \*\*\*\*\* \* \* \* \* \* \*\* \*

Sequence\_71 GTGAAGACCCTAATTCACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 2002  
 Sequence\_73 GTGAAGACCCTAATTCACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1999  
 Sequence\_21 GTGAAGACCCTAATTCACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1993  
 Sequence\_67 GTGAAGACCCTAATTCACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1993  
 Sequence\_61 GTGAAGACCCTAATTCACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1993  
 Sequence\_93 GTGAAGACCCTAATTCACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1993  
 Sequence\_59 GTGAAGACCCTAATTCACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1993  
 Sequence\_91 GTGAAGACCCTAATTCACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1993  
 Sequence\_39 GTGAAGACCCTAATTCACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 2002  
 Sequence\_41 GTGAAGACCCTAATTCACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1999  
 Sequence\_49 GTGAAGACCCTAATTCACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1996  
 Sequence\_81 GTGAAGACCCTAATTCACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1996  
 Sequence\_45 GTGAAGACCCTAATTCACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1999  
 Sequence\_77 GTGAAGACCCTAATTCACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1999  
 Sequence\_75 GTGAAGACCCTAATTCACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1996

FIGURA 18 (Continuação)

Sequence\_43 GTGAAGACCCTAATTCACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1996  
 Sequence\_47 GTGAAGACCCTAATTCACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1999  
 Sequence\_79 GTGAAGACCCTAATTCACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1999  
 Sequence\_51 GTGAAGACCCTAATTCACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 2005  
 Sequence\_83 GTGAAGACCCTAATTCACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 2005  
 Sequence\_7 GTGAAGACCCTAATTCACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1993  
 Sequence\_25 GTGAAGACCCTAATTCACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1993  
 Sequence\_29 GTGAAGACCCTAATTCACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1993  
 Sequence\_33 GTGAAGACCCTAATTCACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1993  
 Sequence\_69 GTGAAGACCCTAATTCACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1993  
 Sequence\_11 GTGAAGACCCTAATTCACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1981  
 Sequence\_1 GTGAAGACCCTAATTCACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 1981  
 Sequence\_17 GTGAAGACCCTAATTCACATTATCTGGTATAGTTTACGTTGACCGAATCGAATTCATCC 2711  
 Sequence\_3 GCGGAAGACTTCTTGGAAATGA-----AGCTTATATAGACCGAATCGAATTTATCC 1993

Sequence_13	GCGGAAGACTTTCTTGGAAATTGA-----AGCTTATATAGACCGAATCGAATTTATCC	1993
Sequence_18	GCGGAAGACTTTCTTGGAAATTGA-----AGCTTATATAGACCGAATCGAATTTATCC	3246
Cry8Ka1	ATTCAGATCAATCCGGGAAAAGT-----ATTTATATAGATCGAATCGAATTCATCC	1960
	* * * * *	
Sequence_71	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA-----	2028
Sequence_73	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA-----	2025
Sequence_21	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAAATAA-----	2022
Sequence_67	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAAATAA-----	2022
Sequence_61	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA-----	2019
Sequence_93	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA-----	2019
Sequence_59	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA-----	2019
Sequence_91	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA-----	2019
Sequence_39	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA-----	2028
Sequence_41	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA-----	2025
Sequence_49	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA-----	2022
Sequence_81	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA-----	2022
Sequence_45	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA-----	2025
Sequence_77	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA-----	2025
Sequence_75	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA-----	2022
Sequence_43	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA-----	2022
Sequence_47	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA-----	2025
Sequence_79	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA-----	2025
Sequence_51	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA-----	2031
Sequence_83	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAA-----	2031
Sequence_7	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAAATAA-----	2022
Sequence_25	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAAATAA-----	2022
Sequence_29	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAAATAA-----	2022
Sequence_33	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAAATAA-----	2022
Sequence_69	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAAATAA-----	2022
Sequence_11	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAAATAA-----	2010
Sequence_1	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAAACAAGATTTAGAAGCAGCGAAGAAAGCAGTGAATG	2041
Sequence_17	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAAACAAGATTTAGAAGCAGCGAAGAAAGCAGTGAATG	2771
Sequence_3	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAAACAAGATTTAGAAGCAGCGAAGAAAGCAGTGAATG	2053
Sequence_13	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAAATAA-----	2022
Sequence_18	CAGTAGATGAGACATATGAAGCGGAAACAAGATTTAGAAGCAGCGAAGAAAGCAGTGAATG	3306
Cry8Ka1	CAGTAGATGAGACCTATGAAGCAGAAACAAGAT-----	1992
	***** **	

FIGURA 19

Cry8Ba1	MSPNNQNEYEIIDATPSTSVSNDNSRYPFANEPTNALQNM DYKDY LKMSAGNVSEY PGSP	60
50c_b	MSPNNQNEYEIIDATPSTSVSNDNSRYPFANEPTNALQNM DYKDY LKMSAGNVSEY PGSP	60
Cry8Bb1	MSPNNQNEYEIIDATPSTSVSNDNSRYPFANEPTNALQNM DYKDY LKMSAGNVSEY PGSP	60
Cry8Bc1	MSPNNQNEYEIIDATPSTSVSNDNSRYPFANEPTNALQNM DYKDY LKMSAGNVSEY PGSP	60
Cry8Aa1	MSPNNQNEYEIIDATPSTSVSNDNSRYPFANEPTDALQNM NYKDY LKMSGGENPELFGNP	60
Cry8AB001.1	MSPNNQNEYEIIDATPSTSVSNDNSRYPFANEPTNALQNM NYKDY LRMSEGYDSEYSGSP	60
Cry8Da1	MSPNNQNEYEILDASSSTSVSDNSVRYP LANDQT T TLQNM NYKDY LRMSEGENPELFGNP	60
Cry8Da3	MSPNNQNEYEILDASSSTSVSDNSVRYP LANDQT T TLQNM NYKDY LRMSEGENPELFGNP	60
Cry8Da2	MSPNNQNEYEILDASSSTSVSDNSVRYP LANDQT T TLQNM NYKDY LRMSEGENPELFGNP	60
Cry8Ca1	MSPNNQNEYEIIDALSPTSVDNSIRYP LANDQT N TLQNM NYKDY LKMTTESTNAELSRNF	60
Cry8Ca2	MSPNNQNEYEIIDALSPTSVDNSIRYP LANDQT N TLQNM NYKDY LKMTTESTNAELSRNF	60
Cry8Ka1	MSPNNLNEYEIIDATPSTSVSNDSTRYPANEPTNALQNM NYKDY LRMSEGYDNKYFANP	60

\*\*\*\*\* \*\* ..\*\*\*\* : \* \*\* \* : \* :\*\*\*\*\*:\*\*\*\*\*: \* : . \*

Cry8Ba1 EVFLSEQDAVKAADIVGKLLTGLGVPFVGPVIVSLYTLIDILWPSKQKSQWEIFMEQVE 120  
 50c\_b EVFLSEQDAVKAADIVGKLLTGLGVPFVGPVIVSLYTLIDILWPSKQKSQWEIFMEQVE 120  
 Cry8Bb1 EVLVSGQDAAKAIDIVGKLLSGLGVPFVGPVIVSLYTLIDILWPSGKKSQWEIFMEQVE 120  
 Cry8Bc1 EVLVSGQDAAKAIDIVGKLLSGLGVPFVGPVIVSLYTLIDILWPSGKKSQWEIFMEQVE 120  
 Cry8Aa1 ETFISS-STIQTGIGIVGRILGALGVPFASQIASFYSFIVGQLWPSKSVDIWGEIMERVE 119  
 Cry8AB001.1 GALVSGKQAIKVGIDIVGNILGKLGVPFASQIVSFYNFILDQLWPSNSVSVWEQIMTLVE 120  
 Cry8Da1 ETFISSS-TVQTGIGIVGQVLGALGVPFAGQIASFYSFIVGQLWPSSTVSVWEMIMKQVE 119  
 Cry8Da3 ETFISSS-TVQTGIGIVGQVLGALGVPFAGQIASFYSFIVGQLWPSSTVSVWEMIMKQVE 119  
 Cry8Da2 ETFISSS-TVQTGIGIVGQVLGALGVPFAGQIASFYSFIVGQLWPSSTVSVWEMIMKQVE 119  
 Cry8Ca1 GTFISAQDAVGTGIDIVSTIISGLGIPVLGEVFSILGSLIGLLWPSNNENVWQIFMNRVE 120  
 Cry8Ca2 GTFISAQDAVGTGIDIVSTIISGLGIPVLGEVFSILGSLIGLLWPSNNENVWQIFMNRVE 120  
 Cry8Ka1 EVFAAPG-GITTGITIVTKLLGWLGLPFAGETGMALNFIILGLLWPTSG-NPWAELMLIVE 118  
 : : . \* \*\* : : \* : \* . : : \* : \* : \* : \* : \*

Cry8Ba1 ELINQKIAEYARNKALSELEGLGNNYQLYLTALEEWKENPNNGSRALRDVRNRFEILDLSLF 180  
 50c\_b ELINQKIAEYARNKALSELEGLGNNYQLYLTALEEWKENPNNGSRALRDVRNRFEILDLSLF 180  
 Cry8Bb1 ELINQKIAEYARNKALSELEGLGNNYQLYLTALEEWKENPNNGSRALRDVRNRFEILDLSLF 180  
 Cry8Bc1 ELINQKIAEYARNKALSELEGLGNNYQLYLTALEEWKENPNNGSRALRDVRNRFEILDLSLF 180  
 Cry8Aa1 ELVDQKIEKYVKDKALAEKLGALDGYVQSSLEDWLENRNDARTSRVSNQFIALDLNF 179  
 Cry8AB001.1 ELVDQKITTEYARNKALAEKLGALDGYVQSSLEAWLENRNDTRARSVVSNOFIALDELDF 180  
 Cry8Da1 DLIDQKITDSVRKTALAGLQGLDGLDGVYQKSLKNWLENRNDTRARSVVVTQYIALELDF 179  
 Cry8Da3 DLIDQKITDSVRKTALAGLQGLDGLDGVYQKSLKNWLENRNDTRARSVVVTQYIALELDF 179  
 Cry8Da2 DLIDQKITDSVRKTALAGLQGLDGLDGVYQKSLKNWLENRNDTRARSVVVTQYIALELDF 179  
 Cry8Ca1 ELIDQKILDSVRSRAIADLANSRIAYEYYQNALEDWRKNPHSTRSAALVKERFGNAEAIL 180  
 Cry8Ca2 ELIDQKILDSVRSRAIADLANSRIAYEYYQNALEDWRKNPHSTRSAALVKERFGNAEAIL 180  
 Cry8Ka1 ELINQKIEETVRNKALADLGNAGRALSRYLNAFEDWQKNPNIFRSKELVKERFSNAEHS 178  
 : \* : \* \* . . . \* : \* . \* : : \* : \* : \* : \* : \*

Cry8Ba1 TQYMPSFRVTNFEVPPFLTVYTMAANLHLLLLLRDASIFGEEWGLSTSTINNYNRQMKLTA 240  
 50c\_b TQYMPSFRVTNFEVPPFLTVYTMAANLHLLLLLRDASIFGEEWGLSTSTINNYNRQMKLTA 240  
 Cry8Bb1 TQYMPSFRVTNFEVPPFLTVYAMAANLHLLLLLRDASIFGEEWGSTTTINNYDRQMKLTA 240  
 Cry8Bc1 TQYMPSFRVTNFEVPPFLTVYQAANLHLLLLLRDASIFGEEWGSTTTINNYDRQMKLTA 240  
 Cry8Aa1 VSSIPSAVSGCHEVLLAVYAQAVNLHLLLLLRDASIFGEEWGFTPGEISRFYNRQVQLTA 239  
 Cry8AB001.1 VSAIPSAVSGQEVPLLSVYAQAANLHLLLLLRDASIFGEEWGFTSSEISTYYNRQVQLTS 240  
 Cry8Da1 VAKIPSAISGQEVPLLSVYAQAANLHLLLLLRDASIFGAEWGFTPGEISTFYDRQVTRTA 239  
 Cry8Da3 VAKIPSAISGQEVPLLSVYAQAANLHLLLLLRDASIFGAEWGFTPGEISTFYDRQVTRTA 239  
 Cry8Da2 VAKIPSAISGQEVPLLSVYAQAANLHLLLLLRDASIFGAEWGFTPGEISTFYDRQVTRTA 239  
 Cry8Ca1 RTNMGFSQTNYETPLLPYQAASLHLLVMRDVQIYGKEWGYPNQNDIDLFYKEQVSYTA 240  
 Cry8Ca2 RTNMGFSQTNYETPLLPYQAASLHLLVMRDVQIYGKEWGYPNQNDIDLFYKEQVSYTA 240  
 Cry8Ka1 RTEMSSFAIRGFELPLLATYAQAANLHLLFLIKDIQIYGKEWGYTQADIDLFYREQVEFTK 238  
 : \* . \* : \* : \* : \* : \* : \* : \* : \* : \* : \* : \*





FIGURA 19 (Continuação)

```

Cry8Ba1      ELPPETSG---QPNYESYSHRLGHITFIYSS-----STSTYVPVFSWTHRSADLTNTVK 518
50c_b        ELPPETSG---QPNYESYSHRLGHITFIYSS-----STSTYVPVFSWTHRSADLTNTVK 518
Cry8Bb1      ELPPETSD---QPNYESYSHRLCHITSIPATG-----NTTGLVPVFSWTHRSADLNNTIY 519
Cry8Bc1      ELPPETSD---QPNYESYSHRLCHITSIPATG-----STTGLVPVFSWTHRSADLINAHVH 519
Cry8Aa1      EIPLDRT---VPVAESYSHRLSHITSHSFSKNGSAYY--GSFPVFWVWHTSADLNNTIY 522
Cry8AB001.1  EIPVDRT---VPINEGYSHRLSYVTALFFQKLIINTFYRNGTLPVFWVWTHRSADLTNTIY 525
Cry8Da1      EIPPENE-----PLSRGYSHRLSHITSYSFSKNASSPARYGNLVPFAWTHRSADVNTVY 525
Cry8Da3      EIPPENE-----PLSRGYSHRLSHITSYSFSKNASSPARYGNLVPFAWTHRSADVNTVY 525
Cry8Da2      EIPPENE-----PLSRGYSHRLSHITSYSFSKNASSPARYGNLVPFAWTHRSADVNTVY 525
Cry8Ca1      ELTYEN-----YQSYSHRVSYIT--SFEIKSTGGTVLGVVPIFGWTHSSASRNNFIY 509
Cry8Ca2      ELTYEN-----YQSYSHRVSYIT--SFEIKSTGGTVLGVVPIFGWTHSSASRNNFIY 509
Cry8Ka1      ELFVQISSPPTYGDAEQYSHRLSYVSNAPTEYSSGGHLILGLIPVLGWHTHTSLTQTNQIH 518
*.: :      . ****: :::      .*: ** * * :

Cry8Ba1      SGEITQIPGGKSSTIGRNTY-----IIKGRG-YTGGDLVALTDTRIG-----SCEFQM 564
50c_b        SGEITQIPGGKSSTIGRNTY-----IIKGRG-YTGGDLVALTDTRIG-----SCEFQM 564
Cry8Bb1      SDKITQIPAVKCDNLPFVFP-----VVKGPG-HTGGDLLQYNRSTGSGVGLFLFVYGL 571
Cry8Bc1      SDKITQIPVVKVSDLAPSITG-GPNNTVVSQPG-FTGGGIKIVIRN---GVIISHMRVK 573
Cry8Aa1      SDKITQIPAVKGDML-----YLGGSVVQPG-FTGGDILKRTNPSIL---GTFAVTV 570
Cry8AB001.1  PDVITQIPVVKAYELGSSILPDSPPSPTIVPGPG-FTGGDIIQLLANTKG---IANMNF 580
Cry8Da1      SDKITQIPVVKAHTLVSGTT-----VIKPG-FTGGNLLKRTSSGP---LAYTSVSV 573
Cry8Da3      SDKITQIPVVKAHTLVSGTT-----VIKPG-FTGGNLLKRTSSGP---LAYTSVSV 573
Cry8Da2      SDKITQIPVVKAHTLVSGTT-----VIKPG-FTGGNLLKRTSSGP---LAYTSVSV 573
Cry8Ca1      ATKISQIPINKASRTSGGAV-----WNFQEGLYNGGPMKLSGSGSQ--VINLRVATD 560
Cry8Ca2      ATKISQIPINKASRTSGGAV-----WNFQEGLYNGGPMKLSGSGSQ--VINLRVATD 560
Cry8Ka1      SDSITQIPAVKANSVSSYVT-----VEKGTG-FTGGDLVKESTGEMS---TGIQFNL 566
. *:* * *      * ..* * :

Cry8Ba1      IFPESQRFIRIRIRYASNETSYISLYGLN---QSGTLKFNQTYSNKNENDLTYNDFKYIE 620
50c_b        IFPESQRFIRIRIRYASNETSYISLYGLN---QSGTLKFNQTYSNKNENDLTYNDFKYIE 620
Cry8Bb1      ALEKAGYRVRRLRYATDADI VLHVN-----DAQIQMPKTMN--PGEDLTSKTFKAVD 621
Cry8Bc1      ISDINKEYSMRIRIRYASANNTEFYINPSE---ENVKSHAQKTMN--RGEALTYNKNFYAT 627
Cry8Aa1      NGSLSQRYRIRIRYASTTDFEFTLYLGD---TIE--KNRFNKTMNDNGASLTETFKFAS 624
Cry8AB001.1  IQDINKEYIMRIRIRYASANPEFNIAVGT---SGERVSTSAQKTMNPGDILTFNKNFYAT 636
Cry8Da1      KSPLSQRYRIRIRYASTTNLRLFVTISG----TRIYSINVNKTMMKGDLLTFNTFDLAT 628
Cry8Da3      KSPLSQRYRIRIRYASTTNLRLFVTISG----TRIYSINVNKTMMKGDLLTFNTFDLAT 628
Cry8Da2      KSPLSQRYRIRIRYASTTNLRLFVTISG----TRIYSINVNKTMMKGDLLTFNTFDLAT 628
Cry8Ca1      AKGASQRYRIRIRYASDRAGKFTISSRSPENPATYSASIAYTNTMSTNASLTYSTFAYAE 620
Cry8Ca2      AKGASQRYRIRIRYASDRAGKFTISSRSPENPATYSASIAYTNTMSTNASLTYSTFAYAE 620
Cry8Ka1      KIEERKRYRIRIRYAADVNATLSALGLN-----DAFINIKSTMSQDTPLKYNDFQYAE 619
.: *:* * :      :      * . . *

Cry8Ba1      YPRVISVNASSNIQRLSIG----IQNTNLFILDRIEFIPVDETYEAEQDLEAAKKAVNA 676
50c_b        YPRVISVNASSNIQRLSIG----IQNTNLFILDRIEFIPVDETYEAEQDLEAAKKAVNA 676
Cry8Bb1      AITTLNLATDSSLALKHNLGDPNSTLSGIVYVDRIEFIPVDETYEAEQDLEAAKKAVNA 681
Cry8Bc1      LPPIKFTTTEPFITLGAIF--EAEDFLGIEAYIDRIEFIPVDETYEAEQDLEAAKKAVNA 685
Cry8Aa1      FITDFQFRETQDKILLS---MGDFSS--GOEVYIDRIEFIPVDETYEAEQDLEAAKKAVNA 680
Cry8AB001.1  FPP-IFNSTKISIMLTAR-LAAFASTLLETYIDRIEFIPVDETYEAEQDLEAAKKAVNA 694
Cry8Da1      IG--TAFTFSNYSDSLTVG--ADSFASGGEVYVDFKELIPVNATFEAEEDLDVAKKAVNG 683
Cry8Da3      IG--TAFTFSNYSDSLTVG--ADSFASGGEVYVDFKELIPVNATFEAEEDLDVAKKAVNG 684
Cry8Da2      IG--TAFTFSNYSDSLTVG--ADSFASGGEVYVDFKELIPVNATFEAEEDLDVAKKAVNG 684
Cry8Ca1      SGP-INLGISGSSRTFDIS--ITKEAGANLYIDRIEFIPVNTLFEAEEDLDVAKKAVNG 677
Cry8Ca2      SGP-INLGISGSSRTFDIS--ITKEAGANLYIDRIEFIPVNTLFEAEEDLDVAKKAVNG 677
Cry8Ka1      ADKTVHLYNPRFSLYLENS-----DQSGKSIYIDRIEFIPVDETYEAEQDLE----- 666
*:*:*:***: :*** **:
```

FIGURA 19 (Continuação)

Cry8Ba1	LFTNTKDGLQPGVTDYEVNQAANLVECLSDDLYPNEKRLLF DAVREAKRLSEARNLLQDP	736
50c_b	LFTNTKDGLQPGVTDYEVNQAANLVECLSDDLYPNEKRLLF DAVREAKRLSEARNLLQDP	736
Cry8Bb1	LFTNTKDGLRPGVTDYEVNQAANLVECLSDDLYPNEKRLLF DAVREAKRLSEARNLLQDP	741
Cry8Bc1	LFTNTKDGLRPGVTDYEVNQAANLVECLSDDLYPNEKRLLF DAVREAKRLSEARNLLQDP	745
Cry8Aa1	LFTNTKDGLRPGVTDYEVNQAANLVECLSDDLYPNEKRLLF DAVREAKRLSGARNLLQDP	740
Cry8AB001.1	LFTNTKDGLRPGVTDYEVNQAANLV-----	719
Cry8Da1	-----NLVECLSDELYPNEKRMLWDVAVKEAKRLVQARNLLQDT	721
Cry8Da3	LFTSKKDALQTSVTDYQVNQAANLVECLSDELYPNEKRMLWDVAVKEAKRLVQARNLLQDT	744
Cry8Da2	LFTSKKDALQTSVTDYQVNQAANLVECLSDELYPNEKRMLWDVAVKEAKRLVQARNLLQDT	744
Cry8Ca1	LFTNEKDALQTSVTDYQVNQAANLIECLSDELYPNEKRMLWDVAVKEAKRLVQARNLLQDT	737
Cry8Ca2	LFTNEKDALQTSVTDYQVNQAANLIECLSDELYPNEKRMLWDVAVKEAKRLVQARNLLQDT	737
Cry8Ka1	-----	
Cry8Ba1	DFQEINGENGWTASTGIEVIEGDVAVFKGRYLRLPGAREIDTETYPTYLYQKVEEGVLKPY	796
50c_b	DFQEINGENGWTASTGIEVIEGDVAVFKGRYLRLPGAREIDTETYPTYLYQKVEEGVLKPY	796
Cry8Bb1	DFQEINGENGWTASTGIEVIEGDALFKGRYLRLPGAREIDTETYPTYLYQKVEEGVLKPY	801
Cry8Bc1	DFQEINGENGWTASTGIEVIEGDALFKGRYLRLPGAREIDTETYPTYLYQKVEEGVLKPY	805
Cry8Aa1	DFQEINGENGWAASTGIEVIEGDVAVFKGRYLRLPGAREIDTETYPTYLYQKVEEGVLKPY	800
Cry8AB001.1	-----	
Cry8Da1	GFNRINGENGWTGSTGIEVAEGDVLFKDRSLRLTSAREIDTETYPTYLYQQIDESLLKPY	781
Cry8Da3	GFNRINGENGWTGSTGIEVAEGDVLFKDRSLRLTSAREIDTETYPTYLYQQIDESLLKPY	804
Cry8Da2	GFNRINGENGWTGSTGIEVAEGDVLFKDRSLRLTSAREIDTETYPTYLYQQIDESLLKPY	804
Cry8Ca1	GFNRINGENGWTGSTGIEVVEGDVLFKDRSLRLTSAREIDTETYPTYLYQQIDESLLKPY	797
Cry8Ca2	GFNRINGENGWTGSTGIEVVEGDVLFKDRSLRLTNAREIDTETYPTYLYQQIDESLLKPY	797
Cry8Ka1	-----	
Cry8Ba1	TRYRLRGFVGSQGLEIYTIIRHQTNRIVKNVPD DLLPDVPPVNDGRINRCSEQKYVNSR	856
50c_b	TRYRLRGFVGSQGLEIYTIIRHQTNRIVKNVPD DLLPDVPPVNDGRINRCSEQKYVNSR	856
Cry8Bb1	TRYRLRGFVGSQGLEIFTIRHQTNRIVKNVPD DLLPDVSPVNSDGSINRCSEQKYVNSR	861
Cry8Bc1	TRYRLRGFVGSQGLEIFTIRHQTNRIVKNVPD DLLPDVSPVNSDGSINRCSEQKYVNSR	865
Cry8Aa1	TRYRLRGFVGSQGLEIYTIIRHQTNRIVKNVPD DLLPDVSPVNSDGSINRCSEQKYVNSR	860
Cry8AB001.1	-----	
Cry8Da1	TRYKLGFIGSSQDLEIKLIRHRANQIVKNVPD NLLPDVLPVNSCGGIDRCSEQQYVDAN	841
Cry8Da3	TRYKLGFIGSSQDLEIKLIRHRANQIVKNVPD NLLPDVLPVNSCGGIDRCSEQQYVDAN	864
Cry8Da2	TRYKLGFIGSSQDLEIKLIRHRANQIVKNVPD NLLPDVLPVNSCGGIDRCSEQQYVDAN	864
Cry8Ca1	TRYKLGFIGSSQDLEIKLIRHRANQIVKNVPD NLLPDVLPVNSCGGVDRCSSEQYVDAN	857
Cry8Ca2	TRYKLGFIGSSQDLEIKLIRHRANQIVKNVPD NLLPDVLPVNSCGGVDRCSSEQYVDAN	857
Cry8Ka1	-----	
Cry8Ba1	LEVENR-----SGEAHEFSIPIDTGEIDYNE NAGIWWGFKITDPEGYATLGNLELVEEG	910
50c_b	LEVENR-----SGEAHEFSIPIDTGEIDYNE NAGIWWGFKITDPEGYATLGNLELVEEG	910
Cry8Bb1	LEVENR-----SGEAHEFSIPIDTGEIDYNE NAGIWWGFKITDPEGYATLGNLELVEEG	915
Cry8Bc1	LEVENR-----SGEAHEFSIPIDTGEIDYNE NAGIWWGFKITDPEGYATLGNLELVEEG	919
Cry8Aa1	LEGENR-----SGDAHEFSLPIDIGELDYNE NAGIWWGFKITDPEGYATLGNLELVEEG	914
Cry8AB001.1	-----	
Cry8Da1	LALENNGENGNMSSDSHAFSFDHIDTGEIDL NENTGIWVVKIPTTNGYATLGNLELVEEG	901
Cry8Da3	LALENNGENGNMSSDSHAFSFDHIDTGEIDL NENTGIWVVKIPTTNGYATLGNLELVEEG	924
Cry8Da2	LALENNGENGNMSSDSHAFSFDHIDTGEIDL NENTGIWVVKIPTTNGYATLGNLELVEEG	924
Cry8Ca1	LALENNGENGNMSSDSHAFSFDHIDTGEIDL NENTGIWVVKIPTTNGNATLGNLEFVEEG	917
Cry8Ca2	LALENNGENGNMSSDSHAFSFDHIDTGEIDL NENTGIWVVKIPTTNGNATLGNLEFVEEG	917
Cry8Ka1	-----	

FIGURA 19 (Continuação)

Cry8Ba1	PLSGDALERLQKEEQWQKIOMTRRREETDRRYMASKQAVDRLYADYDQQLNPNVEITDL	970
50c_b	PLSGDALERLQKEEQWQKIOMTRRREETDRRYMASKQAVDRLYADYDQQLNPNVEITDL	970
Cry8Bb1	PLSGDALERLQREEEQWQKIOMTRRREETDRRYMASKQAVDRLYADYDQQLNPNVEITDL	975
Cry8Bc1	PLSGDALERLQREEEQWQKIOMTRRREETDRRYMASKQAVDRLYADYDQQLNPNVEITDL	979
Cry8Aa1	PLSGDALERLQREEEQWQKIOMTRRREETDRRYMASKQAVDRLYADYDQQLNPNVEITDL	974
Cry8AB001.1	-----	
Cry8Da1	PLSGETLERAQQQEQQWQDKMARKRGASEKAYAAKQAIIDRLFADYDQQLNSGVEMSDM	961
Cry8Da3	PLSGETLERAQQQEQQWQDKMARKRGASEKAYAAKQAIIDRLFADYDQQLNSGVEMSDM	984
Cry8Da2	PLSGETLERAQQQEQQWQDKMARKRGASEKAYAAKQAIIDRLFADYDQQLNSGVEMSDM	984
Cry8Ca1	PLSGETLEWAQQQEQQWQDKMARKRAASEKTYAAKQAIIDRLFADYDQQLNSGVEMSDL	977
Cry8Ca2	PLSGETLEWAQQQEQQWQDKMARKRAASEKTYAAKQAIIDRLFADYDQQLNSGVEMSDL	977
Cry8Ka1	-----	
Cry8Ba1	TAAQDLIQSIPYVYNEMFPEIPGMNYTKFTELTDRLQQAAGLYDQRNAIPNGDYRNELSN	1030
50c_b	TAAQDLIQSIPYVYNEMFPEIPGMNYTKFTELTDRLQQAAGLYDQRNAIPNGDYRNELSN	1030
Cry8Bb1	TAAQDLIQSIPYVYNEMFPEIPGMNYTKFTELTDRLQQAWSLYDQRNAIPNGDFRNGLSN	1035
Cry8Bc1	TAAQDLIQSIPYVYNEMFPEIPGMNYTKFTELTDRLQQAWSLYDQRNAIPNGDFRNGLSN	1039
Cry8Aa1	TAAQDLIQSIPYVYNEMFPEIPGMNYTKFTELTDRLQQAANLYDQRNAIPNGDFRNGLSN	1034
Cry8AB001.1	-----	
Cry8Da1	LAAQNLVQSIPIVYNDALPEIPGMNYTSFTELTNRLQQAANLYDLRNAIPNGDFRNGLSD	1021
Cry8Da3	LAAQNLVQSIPIVYNDALPEIPGMNYTSFTELTNRLQQAANLYDLRNAIPNGDFRNGLSD	1044
Cry8Da2	LAAQNLVQSIPIVYNDALPEIPGMNYTSFTELTNRLQQAANLYDLRNAIPNGDFRNGLSD	1044
Cry8Ca1	LAAQNLVQSIPIVYNDALPEIPGMNYTSFTELTNRLQQAANLYDLQNAIPNGDFRNGLSN	1037
Cry8Ca2	LAAQNLVQSIPIVYNDALPEIPGMNYTSFTELTNRLQQAANLYDLQNAIPNGDFRNGLSN	1037
Cry8Ka1	-----	
Cry8Ba1	WNNTSGVNVQQINHTSVLVI PNWNEQVSQKFTVQPNQRYVLRVTARKEGVGNGYVSI RDG	1090
50c_b	WNNTSGVNVQQINHTSVLVI PNWNEQVSQKFTVQPNQRYVLRVTARKEGVGNGYVSI RDG	1090
Cry8Bb1	WNATPGVEVQQINHTSVLVI PNWDEQVSQQFTVQPNQRYVLRVTARKEGVGNGYVSI RDG	1095
Cry8Bc1	WNATPGVEVQQINHTSVLVI PNWDEQVSQQFTVQPNQRYVLRVTARKEGVGNGYVSI RDG	1099
Cry8Aa1	WNATPGVEVQQINHTSVLVI PNWDEQVSQQFTVQPNQRYVLRVTARKEGVGNGYVSI RDG	1094
Cry8AB001.1	-----	
Cry8Da1	WNATSDVNVQQLSDTSVLVI PNWNSQVSQQFTVQPNRYVLRVTARKEGVGDGYVI IRDG	1081
Cry8Da3	WNATSDVNVQQLSDTSVLVI PNWNSQVSQQFTVQPNRYVLRVTARKEGVGDGYVI IRDG	1104
Cry8Da2	WNATSDVNVQQLSDTSVLVI PNWNSQVSQQFTVQPNRYVLRVTARKEGVGDGYVI IRDG	1104
Cry8Ca1	WNATSDVNVQQLSDTSVLVI PNWNSQVSQQFTVQPNRYVLRVTARKEGVGDGYVI IRDG	1097
Cry8Ca2	WNATSDVNVQQLSDTSVLVI PNWNSQVSQQFTVQPNRYVLRVTARKEGVGDGYVI IRDG	1097
Cry8Ka1	-----	
Cry8Ba1	GNQSETLTFASASYDTNGMYDTQASNTNGYNTNSVYMIKPAISR-----	1134
50c_b	GNQSETLTFASASYDTNGMYDTQASNTNGYNTNSVYMIKPAISR-----	1134
Cry8Bb1	GNQTELTTFASASYDTNGMYNTQVSNNTNGYNTNNA YNTQASSTNGYNANNMYNTQASNTN	1155
Cry8Bc1	GNQTELTTFASASYDTNGMYNTQVSNNTNGYNTNNA YNTQASSTNGYNANNMYNTQASNTN	1159
Cry8Aa1	GNQSETLTFASASYDTNGVYNDQTGYIT-----	1122
Cry8AB001.1	-----	
Cry8Da1	ANQTELTTFNICDDDTGVLSDQTSYIT-----	1109
Cry8Da3	ANQTELTTFNICDDDTGVLSDQTSYIT-----	1132
Cry8Da2	ANQTELTTFNICDDDTGVLSDQTSYIT-----	1132
Cry8Ca1	ANQTELTTFNICDDDTGVLSTQTSYIT-----	1125
Cry8Ca2	ANQTELTTFNICDDDTGVLSTQTSYIT-----	1125
Cry8Ka1	-----	

75/75

FIGURA 19 (Continuação)

```
Cry8Ba1 -----KTVDISSVYNQMWIEISETEGTFYIESVELIVDVE 1169
50c_b_ -----KTVDISSVYNQMWIEISETEGTFYIESVELIVDVE 1169
Cry8Bb1 GYNTNSVYNDQTGYITKTVTFIPYTDQMWIEMSETEGTFYIESVELIVDVE 1206
Cry8Bc1 GYNTNSVYNDQTGYITKTVTFIPYTDQMWIEMSETEGTFYIESVELIVDVE 1210
Cry8Aa1 -----KTVTFIPYTDQMWIEISETEGTFYIESVELIVDVE 1157
Cry8AB001.1 -----
Cry8Da1 -----KTVEFTPSTEQVWIDMSETEGVFNIESVELVLEEE 1144
Cry8Da3 -----KTVEFTPSTEQVWIDMSETEGVFNIESVELVLEEE 1167
Cry8Da2 -----KTVEFTPSTEQVWIDMSETEGVFNIESVELVLEEE 1167
Cry8Ca1 -----KTVEFTPSTEQVWIDMSETEGVFNIESVELVLEEE 1160
Cry8Ca2 -----KTVEFTPSTEQVWIDMSETEGVFNIESVELVLEEE 1160
Cry8Ka1 -----
```