

Ministério da Saúde

FIOCRUZ

Fundação Oswaldo Cruz

INSTITUTO OSWALDO CRUZ
Pós-Graduação em Biologia Parasitária

Caracterização bioquímica de peptidases e análise proteômica de
intestino e gônadas de *Anopheles aquasalis*

GEOVANE DIAS LOPES

Dissertação apresentada ao Instituto Oswaldo Cruz
como parte dos requisitos para obtenção do título
de Mestre em Ciências, área de concentração em
Genética e Bioquímica. A dissertação foi
desenvolvida no Laboratório de Biologia
Molecular e Doenças Endêmicas do Instituto
Oswaldo Cruz - Fiocruz

Orientador: Prof. Dr. José Batista de Jesus

RIO DE JANEIRO

2014

L864 Lopes, Geovane Dias

Caracterização bioquímica de peptidases e análise proteômica de intestino e gônadas de *Anopheles aquasalis* / Geovane Dias Lopes. – Rio de Janeiro:2014.

xiv,243f.; Il.; 30cm

Dissertação (Mestrado) – Instituto Oswaldo Cruz, Pós-Graduação em Biologia Parasitária, 2014.

Bibliografia: f. 52-67

1. *Anopheles aquasalis*. 2. Intestino. 3. Gônadas. Enzimografia. 4. Peptidases. 5. Enzimografia. 6. Tripsina. 7. Espectrometria de massas. 8. Proteoma I.Título

CDD 595.772

INSTITUTO OSWALDO CRUZ
Pós-Graduação em Biologia Parasitária

AUTOR: GEOVANE DIAS LOPES

**CARACTERIZAÇÃO BIOQUÍMICA DE PEPTIDASES E ANÁLISE
PROTEÔMICA DE INTESTINO E GÔNADAS DE *ANOPHELES AQUASALIS***

ORIENTADOR: Prof. Dr. José Batista de Jesus

Aprovada em: 31/03/2014

EXAMINADORES:

Prof. Dr. Jonas Perales - Presidente
Prof. Dr. Lucimar Ferreira Kneipp
Prof. Dr. André Luis Souza dos Santos
Prof. Dr. Reginaldo Peçanha Brazil
Prof. Dr. Fábio César Sousa Nogueira

Rio de Janeiro, abril de 2014

"We are a way for the *Cosmos* to know itself."
Carl Sagan

AGRADECIMENTOS

Aos meus pais, Gislene e Marco Aurélio, a base da minha vida;

Aos meus irmãos, Marcus Vinícius e Alexandre, pelo companheirismo;

A todos da minha família pelo apoio incondicional;

Ao meu orientador Dr. José Batista pelos ensinamentos, críticas e sugestões que contribuem para minha formação científica;

A minha co-orientadora Dra. Patrícia Cuervo pelo exemplo de profissional e pela dedicação sempre com muita paciência;

Ao André Veloso, pela ajuda em todas as etapas do trabalho, além dos conselhos e aos companheiros de grupo Camilinha e Léo, sempre disponíveis em auxiliar;

Aos companheiros de UFSJ pela colaboração;

A Dra. Constança Britto por me acolher em seu laboratório e poder contar sempre que preciso;

Aos amigos do Laboratório de Biologia Molecular e Doenças Endêmicas por todos os momentos de descontração;

Ao Dr. José Bento e Dra Denise Valle, do Laboratório de Fisiologia e Controle de Artrópodes Vetores (LAFICAVE), pelo fornecimento dos mosquitos utilizados para o desenvolvimento da tese;

Ao Dr. Paulo Carvalho pelo auxílio e ensinamentos na parte de análise de dados proteômicos;

Ao Dr. Gilberto Dumont pelo auxílio nas análises de espectrometria de massas;

Ao Michel Batista e a plataforma de espectrometria de massas do Instituto Carlos Chagas-Fiocruz pelo auxílio nas análises de espectrometria de massas;

Aos docentes do Programa de Pós-graduação em Biologia Parasitária pelos valiosos ensinamentos.

ÍNDICE

Lista de Figuras.....	ix
Lista de abreviaturas.....	x
1. INTRODUÇÃO.....	1
1.1 <i>Anopheles aquasalis</i>	1
1.1.1 Taxonomia.....	1
1.1.2 Distribuição geográfica.....	1
1.1.3 Transmissão de agentes etiológicos.....	3
1.1.4 Malária humana.....	3
1.2 Biologia e anatomia dos mosquitos.....	5
1.2.1 Biologia dos mosquitos.....	6
1.2.2 Anatomia do sistema digestivo e reprodutor dos mosquitos.....	6
1.3 Estudos proteômicos em mosquitos.....	9
1.4 Peptidases de mosquitos.....	12
2. OBJETIVOS.....	16
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	17
3.1 Insetos.....	17
3.2 Dissecção dos órgãos.....	17
3.3 Extração de proteínas.....	17
3.4 Enzimografia.....	18
3.4.1 Efeito da temperatura na atividade proteolítica de intestino de fêmeas.....	18
3.4.2 Ensaio de inibição de peptidases.....	18
3.5 Ensaio enzimático em solução.....	19
3.6 Espectrometria de massas.....	19
3.6.1 Extração de proteínas de intestino de fêmeas alimentadas com açúcar e análise por espectrometria de massas.....	19
3.6.2 Extração de proteínas de gônadas de fêmeas alimentadas com açúcar e análise por espectrometria de massas.....	20
3.6.3 Análise dos dados.....	22
4. RESULTADOS.....	24
4.1 Análise enzimográfica de intestino de fêmeas alimentadas com açúcar.....	24
4.1.1 Curso temporal das atividades proteolíticas de intestino de fêmeas.....	24
4.1.2 Influência do pH no perfil proteolítico de intestino de fêmeas.....	25
4.1.3 Efeito dos inibidores nas atividades enzimáticas de intestino de fêmeas.....	26
4.1.4 Efeito da temperatura sobre o perfil proteolítico de intestino de fêmeas.....	26
4.2 Análise enzimográfica de intestino de machos de <i>An. aquasalis</i>	27
4.2.1 Curso temporal das atividades proteolíticas de intestino de machos.....	27
4.2.2 Influência do pH no perfil proteolítico de intestino de machos.....	28
4.2.3 Efeito dos inibidores nas atividades enzimáticas de intestino de machos.....	29
4.3 Ensaio da atividade enzimática em solução de extratos de intestino de machos e fêmeas de <i>An. aquasalis</i> utilizando substrato fluorogênico Z-phe-arg-MCA.....	30

4.3.1 Efeito de inibidores na atividade proteolítica em intestino de fêmeas	30
4.3.2 Efeito do pH na atividade proteolítica em intestino de fêmeas	31
4.3.3 Comparação das atividades proteolíticas em intestino de machos e fêmeas.....	32
4.4 Análise proteômica do intestino de fêmeas de <i>An. aquasalis</i> alimentadas com açúcar.....	33
4.4.1 Identificação por LC-MS/MS das proteínas de intestino de fêmeas alimentadas com açúcar.....	33
4.4.2 Classificação funcional das proteínas de intestino de fêmeas alimentadas com açúcar.....	34
4.5 Análise proteômica de gônadas de fêmeas de <i>An. aquasalis</i> alimentadas com açúcar.....	35
4.5.1 Identificação por LC-MS/MS das proteínas de gônadas de fêmeas alimentadas com açúcar.....	36
4.5.2 Classificação funcional das proteínas de gônadas de fêmeas alimentadas com açúcar.....	37
5. DISCUSSÃO	39
6. CONCLUSÕES	50
7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	52
8. ANEXOS	68

Lista de Figuras

Figura 1. Distribuição de *An. aquasalis* nas Américas.

Figura 2. Mapa epidemiológico do Brasil mostrando o número de casos confirmados a cada 1000 habitantes em 2012.

Figura 3. Esquema ilustrativo do ciclo da malária.

Figura 4. Esquema ilustrativo da anatomia de um mosquito.

Figura 5. Curso temporal das atividades proteolíticas exibidas pelo intestino de fêmeas de *An. aquasalis* alimentadas com açúcar.

Figura 6. Influência do pH no perfil proteolítico de intestino de fêmeas de *An. aquasalis* alimentadas com açúcar.

Figura 7. Efeito dos inibidores de peptidases no perfil proteolítico de intestino de fêmeas de *An. aquasalis* alimentadas com açúcar.

Figura 8. Efeito da temperatura na atividade proteolítica de intestino de fêmeas de *An. aquasalis* alimentadas com açúcar.

Figura 9. Curso temporal das atividades proteolíticas exibidas pelo intestino de machos de *An. aquasalis*.

Figura 10. Influência do pH no perfil proteolítico de intestino de machos de *An. aquasalis*.

Figura 11. Efeito dos inibidores de peptidases no perfil proteolítico de intestino de machos de *An. aquasalis*.

Figura 12. Efeito de inibidores nas atividades de peptidases em intestinos de fêmeas de *An. aquasalis* na ausência (controle) ou presença de inibidores

Figura 13. Efeito do pH nas atividades de peptidases em intestinos de fêmeas de *An. aquasalis*.

Figura 14. Comparação da atividade proteolítica em intestinos de machos e fêmeas de *An. aquasalis* na ausência (controle) ou presença de 100 μ M do inibidor TLCK.

Figura 15. Classificação funcional das proteínas identificadas em intestino de fêmeas segundo o Gene Ontology.

Figura 16. Fluxograma para identificação de proteínas de gônadas de fêmeas de *An. aquasalis* alimentadas com açúcar.

Figura 17. Classificação funcional das proteínas identificadas em intestino de fêmeas segundo o Gene Ontology.

Lista de abreviaturas

- CDC** – Centers for Disease Control and Prevention (Centro de Controle e Prevenção de Doenças)
- CHAPS** - 3-[(3-cholamidopropil)dimetilamônio]-1-propanosulfonato
- DTT** – Ditioneitol
- E-64** - Trans-Epoxy succinyl-L-Leucylamido-(4-guanidino) Butane
- EDTA** - Ácido etilenodiaminotetracético
- ESI** – Electrospray ionization (ionização por electrospray)
- GO** – Gene Ontology (Ontologia gênica)
- LC-MS/MS** – Cromatografia líquida acoplada a espectrometria de massas em tandem
- MALDI** - Matrix-assisted laser desorption/ionization (Ionização e dessorção a laser assistida por matriz)
- MS** - Mass Spectrometry (espectrometria de massa)
- MS/MS** - Espectrometria de massa em tandem
- PBS** - Tampão fosfato de sódio salino
- pH** - Potencial Hidrogeniônico
- pI** - Ponto Isoelétrico
- PMSF** - Phenyl-methyl sulfonyl-fluoride
- PSM** - Peptide spectrum match
- RFU** - Relative fluorescence units (unidade de fluorescência relativa)
- SDS** - Sodium Dodecyl Sulfate (Dodecil sulfato de sódio)
- SDS-PAGE** - Sodium Dodecyl Sulfate Polyacrylamide Gel Electrophoresis (eletroforese em gel de poliacrilamida sódio-dodecil-sulfato)
- RNA_m** – RNA mensageiro
- TLCK** - Chloromethyl Ketone Hydrochloride
- TPCK** - N-p-Tosyl-L-phenylalanine Chloromethyl Ketone
- WHO** – World Health Organization (Organização Mundial da Saúde)

RESUMO**DISSERTAÇÃO DE MESTRADO****Geovane Dias Lopes**

O objetivo geral do presente trabalho foi caracterizar e identificar peptidases ativas presentes nos intestinos de machos e fêmeas de *Anopheles aquasalis* bem como identificar as proteínas expressas no intestino e gônadas de fêmeas dessa espécie. Para a caracterização proteolítica foram usadas distintas abordagens bioquímicas que permitiram reunir um grupo importante de informações sobre a expressão de enzimas proteolíticas nesta espécie de mosquito. Usando o substrato fluorogênico Z-Phe-Arg-AMC em solução e a técnica de enzimografia por SDS-PAGE co-polimerizado com gelatina foi possível observar um perfil proteolítico composto por serina peptidases do tipo tripsina no intestino de machos e fêmeas de *An. aquasalis*. Estas enzimas apresentam maior atividade proteolítica na faixa de pH alcalino e ampla estabilidade térmica, sendo ativas entre 25 °C – 80 °C, com maior atividade entre 37 °C – 50 °C. Diferenças qualitativas e quantitativas na expressão das peptidases também foram detectadas. Foi observado que o perfil proteolítico difere entre macho e fêmea, sugerindo com isso que a expressão de algumas dessas enzimas é sexo-específica. Para análise proteômica do intestino e gônadas de fêmeas alimentadas com açúcar usou-se uma abordagem “bottom-up” acoplada à análise bioinformática de dados para identificação das proteínas expressas. A análise do intestino foi feita através de um procedimento de digestão em solução sem pré-fracionamento das proteínas, ao passo que a análise das gônadas foi feita usando um protocolo de digestão em gel após fracionamento das proteínas por SDS-PAGE. Usando estas estratégias, um total de 137 e 995 proteínas foram identificadas no intestino e gônadas, respectivamente. As proteínas foram identificadas usando os programas ProLuCID e/ou PEAKS, e uma base de dados “customizada” incluindo todas as sequências de Culicídeos depositadas na base de dados UniProt (81,000 sequências, em outubro de 2013). As identificações foram posteriormente analisadas com relação ao enriquecimento de termos de ontologia gênica e

foram classificadas de acordo com seu processo biológico e função molecular, usando o módulo GeneOntology da plataforma PatternLab. A caracterização proteômica revelou para o intestino (i) a presença de várias serina peptidases do tipo tripsina, corroborando a expressão e atividade das enzimas observadas na enzimografia; (ii) a expressão de vários genes codificantes para quimiotripsina, embora a sua atividade não tenha sido detectada pela enzimografia; e para as gônadas (iii) proteínas associadas à vitelogênese; e (iv) a expressão massiva de proteínas implicadas na preparação do tecido para reprodução. Finalmente, até o presente, esta é a primeira caracterização abrangente da atividade proteolítica de machos e fêmeas de *An. aquasalis* bem como a primeira caracterização proteômica do intestino e gônadas de fêmeas desta espécie alimentadas com açúcar. Os resultados obtidos neste trabalho além de fornecerem informações sobre a localização tecidual de proteínas no mosquito e abrirem diversas vias de estudo da biologia e fisiologia deste vetor, contribuem também para a anotação funcional do genoma desta espécie, visto tratar-se de uma espécie com genoma ainda não concluído.

Palavras-chave: *Anopheles aquasalis*, intestino, gônadas, peptidases, enzimografia, tripsina, espectrometria de massas, proteoma.

ABSTRACT**DISSERTAÇÃO DE MESTRADO****Geovane Dias Lopes**

The aim of this study was to characterize and identify active peptidases from the midgut of males and females of *Anopheles aquasalis* and to identify protein expressed in the midgut and gonads of females of this species. The different biochemical approaches used for the proteolytic characterization allowed gathering a group of important information about the expression of proteolytic enzymes in this mosquito species. Using the fluorogenic substrate Z-Phe-Arg-AMC for in-solution enzymatic assays and by zymographic analyses (SDS-PAGE co-polymerized with gelatin) it was possible to observe a proteolytic profile composed of trypsin-like serine peptidases in the midgut of male and female *An. aquasalis*. These peptidases exhibit high proteolytic activity at a wide range of alkaline pH and thermal stability, being active between 25° C - 80° C, with more activity between 37° C - 50° C. Qualitative and quantitative differences in the expression of peptidases were also detected. It was observed that proteolytic profile differs between males and females, thereby suggesting that the expression of some of these enzymes is sex-specific. For proteomic analysis of the midgut and gonads of females fed on sugar it was used a "bottom-up" proteomic approach coupled with bioinformatics data analysis to identify tissue-specific expressed proteins. The midgut analysis was taken through an in-solution digestion procedure without pre-fractionation of the proteins, while the analysis of gonads was made using an in-gel digestion protocol after fractionation of proteins by SDS-PAGE. Using these strategies, a total of 137 and 995 proteins were identified in the midgut and gonads, respectively. Proteins were identified using the ProLuCID and/or PEAKS software, and a customized database including all Culicidae protein sequences deposited at the UniProt database (81,000 sequences, in October 2013). Protein identifications were further analyzed for the enrichment of gene ontology terms and were classified according to their biological process and molecular

function using the GeneOntology module of the PatternLab platform. The proteomic characterization of midgut revealed (i) the presence of various trypsin-like serine peptidases, confirming the expression and activity of these enzymes observed by zymography, (ii) the expression of several chymotrypsin coding genes, although its activity was not detected by zymography. Proteomics of gonads from female fed with sugar revealed (iii) the expression of proteins associated with vitellogenesis and (iv) the massive expression of proteins involved in tissue preparation for reproduction process. Finally, to the present, this is the first characterization of the proteolytic activity of males and females midguts of *An. aquasalis* well as the first proteomic characterization of the midgut and gonads of *An. aquasalis* females fed with sugar. The results obtained in this work in addition to providing information about the cellular localization of proteins in the mosquito, open several avenues of study of the biology and physiology of this vector, and also contribute to the functional annotation of the genome of this species with genome not yet completed.

Key words: *Anopheles aquasalis*, midgut, gonads, peptidases, zymography, trypsin, mass spectrometry, proteome.

1. INTRODUÇÃO

1.1 *Anopheles aquasalis*

1.1.1 Taxonomia

Os culicídeos, também designados mosquitos, são insetos pertencentes à ordem Diptera, Sub-ordem Nematocera. Os adultos se alimentam, principalmente, de néctar floral e as fêmeas além da ingestão de carboidratos necessitam das proteínas do sangue para o desenvolvimento e maturação de seus ovos (Consoli e Lourenço-de-Oliveira, 1994). O hábito hematofágico das fêmeas é responsável pela transmissão de agentes etiológicos de arboviroses, protozooses e helmintoses, o que faz com que a família Culicidae seja extensivamente estudada devido à sua importância médica.

A família possui 3.536 espécies, classificadas em duas subfamílias. A subfamília Anophelinae é composta de três gêneros, enquanto Culicinae possui 109 gêneros (Harbach, 2013). As principais características que distingue os anofelinos são: (i) ovos apresentam flutuadores; (ii) larvas não apresentam sifão respiratório e ficam paralelas à lâmina d'água; (iii) fêmeas apresentam palpos do mesmo tamanho da probóscide, enquanto os machos apresentam palpos longos com os últimos segmentos clavados; (iv) margem posterior do escutelo arredondada (exceto no gênero Chagasia) e primeiro tergito abdominal sem escamas; (v) pousam com o corpo em ângulo reto em relação ao substrato, daí serem conhecidos popularmente no Brasil como mosquito prego (Consoli e Lourenço-de-Oliveira, 1994).

Os vetores da malária humana são insetos da subfamília Anophelinae do gênero *Anopheles*. O gênero *Anopheles* é formado por 467 espécies, divididas em 7 subgêneros: *Anopheles*, *Baimaia*, *Cellia*, *Kerteszia*, *Lophopodomyia*, *Nyssorhynchus* e *Stethomyia*. Destes, apenas 4 possuem espécies que transmitem os parasitos da malária humana (*Anopheles*, *Cellia*, *Kerteszia* and *Nyssorhynchus*) (Harbach, 2013).

1.1.2 Distribuição geográfica

A distribuição geográfica de *Anopheles (Nyssorhynchus) aquasalis*, Curry, 1932, está limitada às condições do criadouro, tal como maior salinidade da água que favorece o desenvolvimento das larvas. A ocorrência dessa espécie está restrita

às regiões litorâneas: no litoral Atlântico, ocorre da Costa Rica até São Paulo, enquanto no litoral Pacífico, da Costa Rica até Equador (Figura 1). Esse mosquito pode ser encontrado também em regiões interioranas (mais de 100 km do litoral - que apresentam solos ricos em cloreto - ou ainda em terrenos baixos alagados pelas marés, como ocorre em Belém (Deane *et al.*, 1948).



Figura 1. Distribuição de *An. aquasalis* nas Américas. Mapa mostrando a probabilidade de ocorrência desta espécie. Retirado de map (malária atlas project), site <http://www.map.ox.ac.uk/browse-resources/vector-occurrence/aquasalis/world/>.

Os pontos pretos indicam ocorrência da espécie, publicada em artigos. Foi utilizada a metodologia "*Boosted Regression Tree*". As regiões vermelhas indicam alta probabilidade da presença do mosquito, enquanto em regiões azuis é mais baixa.

1.1.3 Transmissão de agentes etiológicos

Apesar de 70 espécies de anofelinos possuírem a capacidade de transmitir os parasitos da malária humana, apenas 41 são consideradas importantes vetores (Sinka *et al.*, 2010). Fatores como abundância, maior longevidade, acentuada antropofilia, suscetibilidade à infecção e transmissão das espécies de *Plasmodium* (competência vetorial), favorecem sua capacidade vetorial (Takken e Lindsay, 2003).

No Brasil, espécies do subgênero *Nyssorhynchus* e *Kerteszia* apresentam importância na transmissão da malária (Consoli e Lourenço-de-Oliveira, 1994). O subgênero *Nyssorhynchus* constitui o grupo de anofelinos com maior número de vetores de malária na região neotropical. Destes, *Anopheles darlingi*, que apresenta comportamento endofílico, endofágico e antropofílico, é o principal vetor da malária no Brasil (Sinka *et al.*, 2010).

An. aquasalis além de vetor da malária é considerado vetor secundário da filariose bancroftiana no Brasil, uma vez que já foi encontrado infectado com larvas de *Wuchereria bancrofti* no estado do Pará (Consoli e Lourenço-de-Oliveira, 1994). Os adultos são oportunistas, alimentando-se de animais e humanos, dentro e fora do ambiente domiciliar. Porém, em geral, antes e após a alimentação encontram-se ao ar livre (Berti *et al.*, 1993; Flores-Mendoza, 1996 *et al.*; Xavier *et al.*, 1999).

1.1.4 Malária humana

A malária humana é causada por parasitos do filo Apicomplexa, Classe Aconoidasida, Ordem Haemosporida, gênero *Plasmodium*: *P. falciparum*, *P. vivax*, *P. malariae*, *P. ovale* e *P. Knowlesi* (Cox *et al.*, 2009). Os *P. falciparum* e *P. vivax* são os mais importantes na transmissão da malária atualmente. A infecção por *P. falciparum* é a que mais mata, predominando na África. Porém o *P. vivax* possui uma distribuição mais ampla, uma vez que é capaz de se desenvolver em altas altitudes e em climas mais frios (WHO, 2013). As infecções por esta espécie podem acarretar quadros graves e até mesmo letais (Oliveira-Ferreira *et al.*, 2010). Além

disso, as formas latentes no fígado designadas hipnozoítos (também presentes no ciclo de *P. ovale*) são responsáveis pelas recaídas da doença, meses, ou, mais raramente, anos após a infecção (White, 2011). Esta característica da infecção permite que, mesmo sem a presença do vetor, nos meses frios, o ciclo não seja interrompido (WHO, 2013).

Em 2012 foram aproximadamente 207 milhões de casos e estima-se que 627.000 mortes. Destas, 90% ocorreram na África Subsaariana, e 77% em crianças menores de 5 anos. Nas Américas foram 469.000 casos e 76% destes em 3 países: Brasil (52%) (Figura 2), Colômbia (13%) e Venezuela (1%) (WHO, 2013).

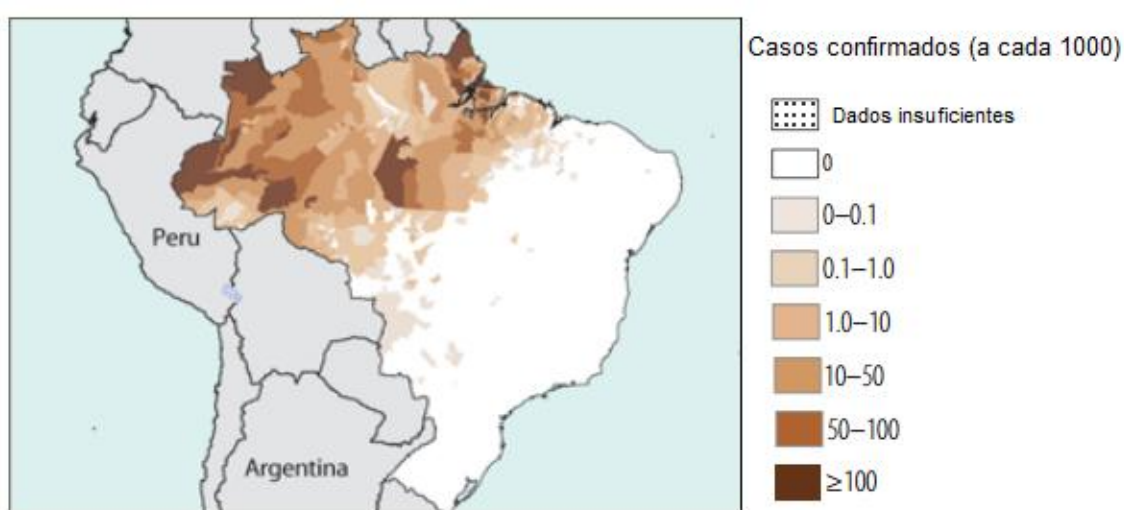


Figura 2. Mapa epidemiológico do Brasil mostrando o número de casos confirmados a cada 1000 habitantes em 2012. Retirado de WHO (2013).

No Brasil, 2% da população vivem em áreas de alto risco de transmissão e 18% em áreas de baixo risco. 85% dos casos devem-se à *P. vivax* enquanto os outros 15% são por *P. falciparum* (WHO, 2013).

Os plasmódios possuem um ciclo heteroxênico (Figura 3) e passam, obrigatoriamente, por um hospedeiro vertebrado e outro invertebrado. Enquanto a fase assexuada ocorre no hospedeiro vertebrado, a reprodução sexuada ocorre no hospedeiro invertebrado. Durante o repasto sanguíneo, o esporozoítos é inoculado na pele do hospedeiro vertebrado (1). As formas que chegam à circulação sanguínea migram para o fígado e invadem os hepatócitos (2). Nessas células, os esquizontes se multiplicam (3) e, por fim, rompem o hepatócito liberando os merozoítos na circulação sanguínea (4). Os merozoítos que invadem os eritrócitos se transformam em trofozoítos jovens (5), trofozoítos maduros e posteriormente em esquizontes.

Essa etapa é o ciclo assexuado em que o parasito se multiplica e provoca a ruptura da hemácia (6), responsável pela sintomatologia clínica da doença.

Após um período que, dependendo da espécie de *Plasmodium*, varia de 3 a 10 dias, alguns merozoítos se diferenciam em gametócitos (7). Essas são as formas ingeridas pela fêmea durante o repasto sanguíneo (8). No intestino do mosquito, os gametócitos formam gametas masculinos ou femininos, que, após a fecundação, produzem um zigoto (9). Essa etapa é a fase sexuada que ocorre no invertebrado. O zigoto se torna um oocineto (10), uma forma móvel, que após sua maturação passa pela matriz peritrófica e invade as células colunares intestinais. Quando alcança a lâmina basal se torna um oocisto (11). Cada oocisto, através de reprodução assexuada, gera milhares de esporozoítos (12) que são liberados na hemolinfa migram para as glândulas salivares.

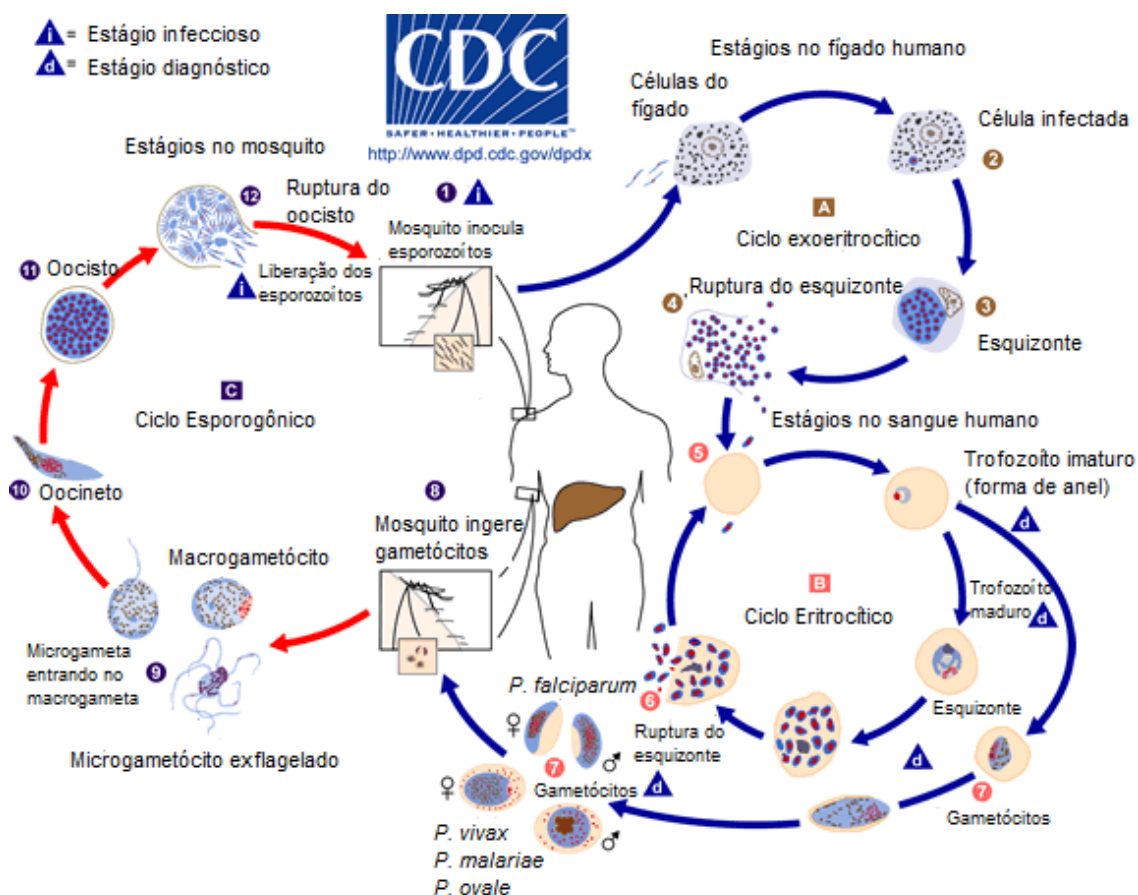


Figura 3. Esquema ilustrativo do ciclo da malária. Adaptado do CDC (<http://www.cdc.gov/malaria/about/biology/index.html>) acessado em 04 de janeiro de 2014.

1.2 Biologia e anatomia dos mosquitos

1.2.1 Biologia dos mosquitos

Os mosquitos são insetos holometábolos, os quais passam por quatro estágios biológicos: ovo, larva (quatro instares), pupa e adulto. Os três primeiros se desenvolvem em ambientes aquáticos. Em geral, as fêmeas depositam os ovos diretamente na superfície da água. A escolha do criadouro depende de fatores físicos, químicos biológicos, sendo que cada espécie apresenta uma especificidade. No caso de *An. aquasalis*, os criadouros são águas paradas, em geral salobras, bem expostas ao sol ou parcialmente sombreadas (Deane *et al.*, 1948). As larvas apresentam aparelho bucal do tipo mastigador-raspador e se alimentam de matéria orgânica. A respiração é realizada através do sifão respiratório, que é um tubo em que se abrem os espiráculos para respirar o oxigênio do ar. Porém, larvas de Anopheles apresentam um conjunto de placas esclerotizadas, designado aparato espiracular, e por isso ficam paralelas à superfície da água (Consoli e Lourenço-de-Oliveira, 1994). As pupas apresentam forma de vírgula e seu corpo é dividido em cefalotórax e abdome. Durante esse estágio, não se alimentam, e apresentam uma intensa divisão celular para formar os tecidos que compõem os adultos (Forattini, 2002).

Os adultos, em geral, se alimentam de açúcar, que é uma forma eficiente para obtenção e reserva de energia (Clements, 1992). Em fêmeas, o açúcar é essencial para suprir os gastos energéticos despendidos na busca por alimentação sanguínea e reservatórios de oviposição (Hunter *et al.*, 1977). Enquanto o repasto sanguíneo é utilizado como fonte de proteínas, as quais fornecem, a partir da digestão, aminoácidos utilizados na síntese de vitelogenina e desenvolvimento do ovo (Attardo *et al.*, 2005). Porém, algumas espécies realizam posturas de ovos mesmo sem ingestão de sangue, fenômeno conhecido como autogenia. Acredita-se que as reservas acumuladas durante os estágios larvais contribuiriam para a produção dos ovos, o que ocorre, por exemplo, em *Culex pipiens* (Clements, 1963).

1.2.2 Anatomia do sistema digestivo e reprodutor dos mosquitos

O corpo dos mosquitos é dividido em cabeça, tórax e abdome. Os órgãos dos sentidos (olhos, antenas e palpos) e os êmbolos para sucção do alimento (bombas cibarial e faríngea) estão localizados na cabeça; as pernas, asas e halteres estão no tórax; e os principais órgãos internos do sistema digestivo, o sistema reprodutor e excretor encontram-se no abdome (Consoli e Oliveira, 1994).

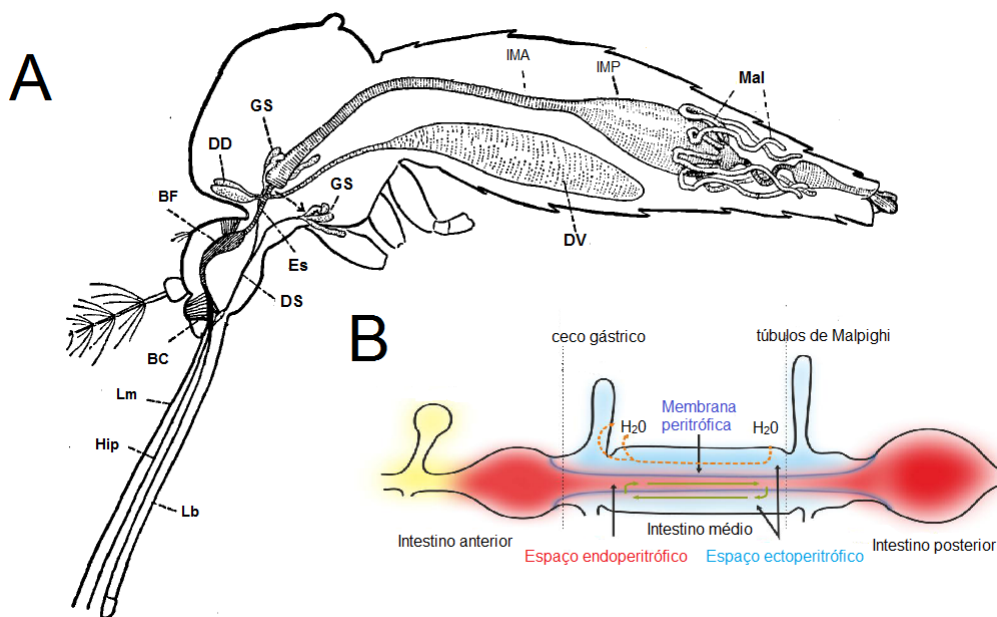


Figura 4. Esquema ilustrativo da anatomia de um mosquito. (A) Principais órgãos do sistema digestivo. BC: bomba cibarial; DD: divertículos dorsais; DV: divertículo ventral; DS: duto salivar; Mal: túbulos de Malpighi; GS: glândula salivar; Es: esôfago; IMA: intestino médio anterior; IMP: intestino médio posterior; BP: bomba farigeana; Hip: hipofaringe; Lb: lábio; Lm: labro. Adaptado de Snodgrass (1959). (B) Esquema ilustrativo do tubo digestivo. Destaque para os compartimentos formados pela membrana peritrófica e o contra fluxo de água que ocorre no espaço ectoperitrófico. Retirado de Tópicos avançados em Entomologia Molecular INCT Brasil (<http://www.inctem.biogmed.ufrj.br/biblioteca/arthrolivro-1/capitulo-5-digestao-em-insetos/view>).

1.2.2.1 Sistema digestivo dos mosquitos

O tubo digestivo é dividido em três regiões distintas: intestino anterior, intestino médio e intestino posterior (Figura 4B). O intestino médio é o único de origem endodérmica e secreta uma membrana quitino protéica, conhecida como membrana peritrófica. Os demais são de origem exodérmica e revestidos por uma cutícula de quitina. A presença da membrana peritrófica separa o conteúdo luminal em dois compartimentos denominados espaço endoperitrófico (dentro da membrana) e o espaço ectoperitrófico (fora da membrana). Nas larvas, a secreção da membrana peritrófica é realizada somente pelas células da cárdia, sendo classificada como do tipo II. A membrana do tipo II forma um compartimento bem definido que reveste toda extensão do trato digestivo, o que proporciona a

compartimentalização da digestão. Em fêmeas adultas há formação da membrana peritrófica do tipo I, que ocorre apenas após o repasto sanguíneo. Essa é sintetizada por células ao longo de todo intestino médio, o que proporciona proteção mecânica, química e contra patógenos (Lehane, 1997; Tellam *et al.*, 1999; Terra *et al.*, 2001).

O intestino anterior é responsável pela ingestão, condução e armazenamento dos alimentos. É composto pelo canal da probóscide, a cavidade oral, local onde as glândulas salivares secretam seu conteúdo, faringe, esôfago, divertículos. As bombas cibarial e a faringiana são responsáveis pela ingestão do alimento (Consoli e Lourenço-de-Oliveira, 1994). Os mosquitos possuem três divertículos, dois dorso-laterais e um ventral. O divertículo ventral, designado papo, é o local de armazenamento dos alimentos ricos em açúcares. A principal responsável pela separação dos alimentos ingeridos pelas fêmeas é a cárdia, também designada válvula de estomodel. Durante o repasto sanguíneo encontra-se aberta e o sangue é armazenado no intestino médio, enquanto na ingestão de néctar, permanece fechada (Stoffolano *et al.*, 2013). A digestão dos açúcares inicia-se no divertículo ventral pela ação de carboidrases produzidas nas glândulas salivares (Marinotti *et al.*, 1990; Marinotti *et al.*, 1996). Posteriormente, os açúcares são, paulatinamente, transferidos para o intestino médio onde a digestão é finalizada principalmente na porção anterior, onde foram detectadas α -glicosidases ligadas às membranas (Billingsley e Hecker, 1991).

O intestino médio é responsável pela produção e secreção de enzimas digestivas, além da absorção de água e nutrientes provenientes da digestão. O intestino médio pode ser dividido em: região anterior, que apresenta um formato tubular e é designada como intestino médio-anterior; região posterior, que é extremamente elástica e apresenta formato de saco, denominado intestino médio posterior. O principal tipo de célula que compõem o epitélio do intestino médio é a célula colunar. Essa é caracterizada pela presença de microvilosidades na região da membrana apical e está intimamente relacionada às funções desempenhadas pelo intestino médio (Terra e Ferreira, 1994). Outros tipos celulares encontrados são as células regenerativas, que estão agrupadas na base do epitélio, além de células que ainda não possuem função conhecida, mas acredita-se que estão relacionadas com funções endócrinas (Ribeiro *et al.*, 1990).

A região posterior do intestino é responsável pela excreção dos produtos provenientes do intestino médio e dos túbulos de Malpighi, estes estão inseridos no piloro. Além do piloro, essa região é dividida em íleo e reto. A cutícula presente

nessa região é mais fina que do intestino anterior, sendo permeável à água e alguns íons (Terra e Ferreira, 1994).

1.2.2.1 Sistema reprodutor dos mosquitos

O sistema reprodutor das fêmeas é composto por dois ovários ligados por ovidutos laterais a um oviduto comum que se abre na vagina. Os ovários estão localizados dorsolateralmente ao trato digestivo. Os ovaríolos são a unidade funcional dos ovários, onde os ovos serão produzidos. Em Anophelinae, o número dessas estruturas pode ultrapassar 500. Os anofelinos possuem apenas uma espermateca, estrutura quitinizada onde os espermatozoides serão estocados. A espermateca possui uma abertura na porção dorsal da vagina, por dutos finos. Posterior à abertura da espermateca, o duto de uma glândula acessória abre-se na vagina (Clements, 1963; Consoli e Lourenço-de-Oliveira, 1994).

Enquanto o masculino é formado por um par de testículos alongados que comunicam-se com um ducto deferente musculoso por um vaso eferente. As vesículas seminais estão intimamente ligadas ao vaso deferente e acompanhadas por um par de glândulas acessórias (Consoli e Lourenço-de-Oliveira, 1994). O espermatozoide é estocado nas vesículas seminais até a cópula, quando as glândulas acessórias, que provavelmente possuem uma função prostática, fornecem ao espermatozoide um meio líquido para que ele possa ser passado para o trato reprodutivo das fêmeas (Snodgrass, 1959).

1.3 Estudos proteômicos em mosquitos

A palavra “Proteoma” é a junção dos termos proteína e genoma. Foi criada por Marc Wilkins em 1994 (Wilkins *et al.*, 1995) para caracterizar as proteínas codificadas por um determinado genoma. Os diversos métodos da abordagem proteômica permitem identificar e quantificar as proteínas, bem como suas modificações pós-traducionais, expressão diferencial e as interações com as demais proteínas de todo organismo, tecidos ou células específicas.

A sequência genômica não é suficiente para descrever a estrutura e função das proteínas. A análise do RNAm também não pode prever o momento da tradução da proteína, além disso, nem sempre a alteração na transcrição de um determinado gene reflete o nível de tradução. Um trabalho sobre resposta imune inata em *Ae. aegypti* mostra que deve existir diversos níveis de regulação após a transcrição de um gene de defensina, por isso, apesar dos altos níveis de RNAm, a

tradução pode não acontecer na mesma proporção (Bartholomay *et al.*, 2004). Outro fator essencial para a atividade das proteínas são as modificações pós-traducionais. Estas podem determinar sua localização celular, sua interação com outras proteínas e ainda promover a ativação ou inativação de uma determinada função biológica.

A espectrometria de massas é a principal técnica utilizada na proteômica para identificação dos componentes proteicos de uma amostra. O surgimento, no final da década de 80, de técnicas de ionização suave, MALDI (*Matrix-assisted laser desorption/ionization*) e ESI (*Electrospray Ionization*), permitiu a análise de peptídeos e proteínas. Com o desenvolvimento dos métodos experimentais, da instrumentação (Hu *et al.*, 2005; Hebert *et al.*, 2013) e das abordagens para análise dos dados, é possível identificar milhares de proteínas presentes em uma amostra biológica. A proteômica *shotgun* consiste em uma técnica *bottom-up* em que as proteínas são digeridas proteoliticamente em peptídeos, antes da análise de massas (Chait, 2006). Resumidamente, a amostra biológica com as proteínas, pode ser opcionalmente fracionada (eletroforese ou cromatografia), e depois digerida pela tripsina em peptídeos. Os peptídeos são ionizados e os íons separados de acordo com a razão massa/carga (m/z) no analisador, onde são obtidos perfis de espectros de massa (MS1). Em seguida, esses íons podem ser selecionados e submetidos à fragmentação para a obtenção dos espectros de massa em tandem (MS2). O resultado é a relação m/z de cada peptídeo ionizado e seus fragmentos. Os dados são organizados sob a forma de um espectro de massas, que é um gráfico em que os valores de m/z estão no eixo X e sua abundância relativa no eixo Y. As sequências dos peptídeos são utilizadas para identificar as proteínas correspondentes.

Dois principais abordagens são utilizadas para a identificação *bottom-up*: na primeira abordagem, designada PSM (*peptide spectrum match*), os espectros de massas experimentais são comparados com espectros teóricos gerados a partir de uma base de dados (sequências genômicas, dados de transcriptoma, ou sequências de proteínas conhecidas) para realizar a identificação. Essa é a abordagem mais utilizada e considerada o padrão ouro, mas, como depende de banco de dados, apresenta limitação à variações como polimorfismos, mutações ou erros de anotação. Alguns programas que utilizam essa abordagem são o ProLuCID, SEQUEST, Mascot e X! Tandem (Junqueira e Carvalho, 2012); a outra consiste na interpretação dos espectros, sendo conhecida como “de novo sequencing” (Yates, 1998). O objetivo dos algoritmos que utilizam essa abordagem é obter a sequência

peptídica mais apropriada, porém, podem existir várias sequências que explicam o espectro, o que torna difícil definir qual seria a certa. Essa abordagem é utilizada principalmente para organismos que não possuem genoma sequenciado. Os programas que a utilizam são pNovo, PepNovo e PEAKS (Junqueira e Carvalho, 2012). Posteriormente às duas abordagens, uma análise estatística deve ser realizada para garantir a confiabilidade das identificações.

Devido à enorme quantidade de dados de sequências genômicas, a anotação automática é utilizada, porém, isso resulta em diferentes tipos de erros que podem ser resolvidos através da combinação de anotação manual e evidência experimental. A proteômica também pode ser utilizada para auxiliar na anotação gênica. Por exemplo, análises proteômicas de glândulas salivares de *An. gambiae*, quando confrontada com todo o genoma, incluindo segmentos que não tem transcrição associada (íntrons e regiões intergênicas, por exemplo), permitiu identificar um novo gene e validar vários transcritos só previstos pelo genoma, além de alguns erros de anotação (Kalume *et al.*, 2005). Adicionalmente, dados de espectrometria de massas de alta resolução foram utilizados para compreender melhor a estruturas dos genes de *An. gambiae* (Chaerkady *et al.*, 2011). Assim, foi possível identificar novos genes, validar a existência de outros já descritos, corrigir a anotação de alguns, além de confirmar e identificar novos sítios de splicing.

Outro fator relevante para o aumento em trabalhos na área é a disponibilidade de sequência genômicas. Os estudos proteômicos em mosquitos têm aumentado significativamente estimulados pelo sequenciamento dos genomas das principais espécies vetoras (Holt *et al.*, 2002; Nene *et al.*, 2007; Arensburger *et al.*, 2010). *An. gambiae stricto sensu* foi o primeiro mosquito com genoma completamente sequenciado (Holt *et al.*, 2002) devido à sua importância na transmissão da malária. Em seguida, o genoma de outro díptero, *Drosophila melanogaster* foi utilizado para comparação. Além do tamanho do genoma (em *An. gambiae* é duas vezes maior), foram observadas diferenças em diversas famílias gênicas que estariam relacionadas aos aspectos da biologia desses insetos, que em Anopheles possivelmente estariam associadas ao hábito hematofágico e exposição ao Plasmodium (Zdobnov *et al.*, 2002). O sequenciamento do genoma de *Aedes aegypti* (Nene *et al.*, 2007) permitiu o início da discussão do papel adaptativo, dinâmico e a diversificação dos genes entre culicídeos (Waterhouse *et al.*, 2008). Com a sequência genômica de *Culex quinquefasciatus* foi possível a comparação da diversidade genômica dos mosquitos e a análise das principais diferenças

apresentadas. Foi observado, por exemplo, uma expansão no número de genes ligados à imunidade, funções oxidoredutoras e enzimas digestivas em *Cx. quinquefasciatus*, o que pode refletir especificidades dos aspectos do seu ciclo de vida (Arensburger *et al.*, 2010). Um projeto para sequenciamento de outros 16 anofelinos está em andamento (Neafsey *et al.*, 2013) e o genoma de *An. darlingi* foi recentemente finalizado (Marinotti *et al.*, 2013). Em relação à hematofagia, genes de tripsinas, que têm sua expressão aumentada após o repasto sanguíneo, pertencem às subfamílias que passaram por vários eventos de expansão em mosquitos. Esse padrão de expressão e evolutivo sugere que a expansão dessa família está relacionada com a ingestão de sangue pelas fêmeas (Wu *et al.*, 2009).

1.4 Peptidases de mosquitos

As peptidases são enzimas que hidrolisam ligações peptídicas. Necessárias para a sobrevivência de todos os seres vivos, é um grupo de enzimas extremamente importante em biologia, biotecnologia e pesquisa médica (Barrett *et al.*, 2004). As exopeptidases clivam as ligações peptídicas na região amino ou carboxi terminal. Quando cliva um único resíduo na região N terminal são denominadas aminopeptidases. Quando um dipeptídeo ou tripeptídeo é clivado são designadas como dipeptidil-peptidases ou tripeptidil-peptidases, respectivamente. Enzimas que clivam na região C terminal, liberando um único aminoácido, ou um dipeptídeo, são classificadas como carboxipeptidases e peptidil-dipeptidases, respectivamente. Algumas exopeptidases são específicas para dipeptídeos (dipeptidases) e existem ainda as omega peptidases que clivam ligações isopeptídicas (Barrett *et al.*, 2004). Enquanto as endopeptidases clivam ligações internas, sendo que a especificidade é determinada, principalmente, pelos resíduos de aminoácidos presente no sítio ativo que serão responsáveis pela catálise. Assim, as peptidases são classificados em uma das classes seguintes: asparagina, aspártico, cisteína, ácido glutâmico, metalo, serina, treonina e peptidases desconhecidos (Rawlings *et al.*, 2012). O banco de dados MEROPS organiza todas as informações essenciais e organiza de forma hierárquica a classificação das peptidases e seus inibidores (<http://merops.sanger.ac.uk/index.shtml>).

Serina peptidases é o grupo mais abundante, sendo encontrada em todos os táxons de organismos vivos, bem como em vírus (Hedstrom *et al.*, 2002). O nome deve-se ao resíduo nucleofílico Ser que pertence ao sítio catalítico, e faz parte da tríade catalítica com resíduos de Asp, His. A maioria das serina peptidases pertence

à família S1 do clã PA. Enquanto peptidases S1B possuem funções intracelulares, peptidases S1A atuam principalmente no espaço extracelular onde desempenham diferentes funções (Di Cera, 2009). A subfamília S1A é de longe a maior família de serina peptidase, tanto pelo número de proteínas que foram seqüenciadas e a diversidade de atividades (Page e Di Cera, 2008). Essa subfamília inclui as tripsinas, quimotripsinas, elastases e algumas serina collagenases. Além do sítio catalítico formado por His-Asp-Ser, apresentam a mesma estrutura tridimensional básica formada por 6 folhas β antiparalelas formando dois beta barris, além do sítio catalítico, de reconhecimento do substrato e domínios de ativação do zimógeno (Blow, 1997). Porém apresentam um conjunto distinto de componentes acessórios que são determinantes na especificidade do substrato (Hedstrom *et al.*, 2002). Tripsinas clivam proteínas preferencialmente no lado carboxílico de aminoácidos básicos como arginina e lisina, já as quimotripsinas preferem aminoácidos aromáticos como fenilalanina, tirosina e triptofano.

Em mosquitos, serina peptidases podem agir como mediadores nas repostas imunes participando da coagulação da hemolinfa, síntese de melanina e de peptídeos antimicrobianos (Gorman e Paskewitz, 2001). A maioria das serina peptidases regulada após a infecção parasitária pertencem à categoria de domínio CLIP. No genoma de *An. gambiae* são 41 das 305 serina peptidases (Christophides *et al.*, 2002; Zdobnov *et al.*, 2002). Peptidases CLIP são importantes na melanização (Volz *et al.*, 2006; Sriwichai *et al.*, 2008), uma vez que possuem um papel pivotal na ativação da profenoloxidase (proPO), o que culminará na formação das cápsulas de melanina que englobam o Plasmodium (Paskewitz *et al.*, 1988). Em outro mosquito, *Armigeres subalbatus*, foi observado a encapsulação de bactérias (Hillyer *et al.*, 2003) e nematódeos (Shiao *et al.*, 2001).

No processo digestivo das proteínas sanguíneas em mosquitos, serina peptidases, principalmente as tripsinas (Muller *et al.*, 1993; Noriega e Wells, 1999) e minoritariamente as quimiotripsinas (Jiang *et al.*, 1997; Vizioli *et al.*, 2001) são responsáveis pela digestão inicial. A maior participação das tripsinas pode estar relacionada com a natureza da dieta, que possui maior frequência de lisina e arginina do que fenilalanina, tirosina e triptofano (White *et al.*, 1992). Em relação à atividade das endopeptidases, esta parece não ser uniforme em todo intestino dos mosquitos. Em *Anopheles stephensi* foi mostrado que as tripsinas estão restritas espacialmente à região posterior do intestino médio, local onde o sangue está estocado (Billingsley e Hecker, 1991). Em *An. gambiae*, dois genes (Antryp1 e

Antryp2) são induzidos após o repasto sanguíneo (Muller *et al.*, 1995). Em *Ae. aegypti*, a digestão pode ser dividida em duas fases: a fase inicial, 1-3 horas depois do repasto sanguíneo, e a fase tardia 8-36 horas depois do repasto (Felix *et al.*, 1991). O RNAm da tripsina AaET, da fase inicial, está presente no intestino das fêmeas mesmo antes da ingestão do alimento, mas sua tradução só ocorre após a ingestão do sangue. As tripsinas tardias são transcricionalmente induzidas após 6-8 horas depois da alimentação e a tradução alcança concentrações máximas após 24-36 horas. As endopeptidases atravessam a membrana peritrófica e no espaço endoperitrófico digerem as proteínas. Na medida que as oligoproteínas são clivadas e diminuem de tamanho, se difundem para o espaço ectoperitrófico. Existe um fluxo com sentido contrário ao fluxo alimentar no espaço ectoperitrófico, o que propicia uma reciclagem das peptidases digestivas solúveis (Terra e Ferreira, 1994). A digestão intermediária é realizada por exopeptidases, principalmente as aminopeptidases e carboxipeptidases presentes, geralmente, na parede do intestino médio (Noriega *et al.*, 2002).

As peptidases também são importantes na reprodução dos mosquitos, três serina peptidases são expressas no trato reprodutivo feminino (duas especificamente no átrio e uma predominantemente na espermateca). Os três genes (AGAP005194, AGAP005195 e AGAP005196) podem desempenhar funções importante no processamento dos produtos passados do macho para a fêmea durante a cópula, ou ainda, em outros processos importantes na fertilidade das fêmeas (Mancini *et al.*, 2011).

O genoma de *Ae. aegypti* possui 369 genes de serina peptidases dos quais 66 são putativos (Venâncio *et al.*, 2009). No intestino médio, 14 genes de serina peptidases são expressos, porém apenas 5 destas proteínas são bem caracterizadas (Brackney *et al.*, 2010). Isto mostra que a diversidade da família está relacionada com atuação dessas enzimas em distintas vias fisiológicas, em diferentes tecidos. Por apresentarem um ciclo de vida holometábolo, é lógico supor que muitas serina peptidases são fundamentais para outros estágios evolutivos. Já foi demonstrado que a expressão dessas peptidases em culicídeos é sexo-, estágio- e órgão-específica. (Mesquita-Rodrigues *et al.*, 2011; Borges-Veloso *et al.*, 2012; Saboia-Vahia *et al.*, 2013). Por isso, diferentes isoformas de tripsinas são expressas nas distintas espécies e em cada estágio do ciclo de vida. Estudos que contemplem essas questões são necessários para entender a expressão de tripsinas nos distintos estágios e tecidos dos insetos, bem como, as variações quantitativas e/ou

qualitativas desta expressão. Por apresentarem papel fundamental em diversos processos fisiológicos, essas enzimas são importantes alvos para o desenvolvimento de estratégias de controle de insetos vetores.

O presente trabalho visa analisar comparativamente (por enzimografia) o perfil proteolítico dos intestinos de machos e fêmeas de *An. aquasalis*, bem como identificar por espectrometria de massas as proteínas expressas no intestino e gônadas de fêmeas alimentadas com açúcar (3-5 dias). Assim, o racional deste trabalho assenta-se na hipótese de que a aplicação de enzimografia, permitiria, a partir de análise comparativa, a detecção de alterações no perfil de expressão de peptidases nos dois sexos. A associação desta técnica com a LC-MS/MS garante a identificação das peptidases diferencialmente expressas e permite fazer ou propor associações funcionais sexo e/ou tecido-específicas.

2. OBJETIVOS

O objetivo geral deste projeto foi identificar e caracterizar o perfil de peptidases ativas em intestino de adultos machos e fêmeas de *An. aquasalis*, bem como identificar, por espectrometria de massas, as proteínas de intestino e gônadas de fêmeas. Para atingir tal objetivo foram propostos os seguintes objetivos específicos:

- Caracterizar as peptidases expressas no intestino de adultos machos e fêmeas usando enzimografia unidimensional;
- Realizar ensaios enzimáticos utilizando substrato fluorogênico para a caracterização e quantificação das peptidases presentes no intestino de machos e fêmeas;
- Identificar, por espectrometria de massas, as proteínas expressas do intestino e nas gônadas de fêmeas;

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Insetos

Todos os experimentos foram realizados com adultos de *An. aquasalis* obtidos em colônias no Laboratório de Fisiologia e Controle de Artrópodes Vetores do Instituto Oswaldo Cruz (FIOCRUZ), situado no Instituto de Biologia do Exército (IBEx) no Rio de Janeiro. Os adultos de *An. aquasalis* eram mantidos em gaiolas na presença de solução de sacarose a 10% “*ad libitum*”. Essas gaiolas eram colocadas no interior de uma câmara de crescimento tipo BOD a 28°C, com umidade relativa em $75 \pm 5\%$ e fotoperíodo de 12 horas claro:12 horas escuro.

3.2 Dissecção dos órgãos

Para a obtenção dos órgãos isolados (intestino e gônadas), os mosquitos foram imobilizados no freezer e transferidos para uma placa de petri no gelo. A dissecção foi realizada em estereomicroscópio com estiletes entomológicos em solução de PBS (tampão fosfato de sódio 10 mM, NaCl 0,15 M, pH 7.4). O tubo digestivo (intestino anterior, médio e posterior), órgãos anexos (divertículos, túbulos de Malphigi) e órgãos reprodutores eram obtidos fixando o terceiro segmento abdominal com o estilete e puxando o tórax na direção oposta. Os órgãos de interesse, intestino médio e as gônadas, eram removidos e lavados na solução de PBS, e por fim, colocadas no tampão de lise (Galán *et al.*, 1992) [100 mM Tris-HCl pH 8,0, 150 mM NaCl, 10% Glicerol, 0,6% Triton X-100].

3.3 Extração de proteínas

Para a realização dos ensaios enzimográficos e com substrato fluorogênico, foram extraídos 20 intestinos e lisados utilizando um homogeneizador mecânico em 200 µl de tampão de lise (Galán *et al.*, 1992) [100 mM Tris-HCl pH 8,0, 150 mM NaCl, 10% Glicerol, 0,6% Triton X-100], o homogenato foi centrifugado à 14.000 x g por 15 min a 4 °C para remover o material insolúvel e o sobrenadante era colocado em eppendorffs devidamente etiquetados. Em seguida, as proteínas foram quantificadas usando o *Qubit*®. Os homogeneizados foram mantidos à -20°C até o uso.

3.4 Enzimografia

Os extratos protéicos foram diluídos em tampão de amostra (125 mM Tris-HCl, pH 6,8; 4% SDS; 20% glicerol e 0,002% azul de bromofenol) e submetidos à separação por eletroforese, a 4 °C e 110 V constantes, em géis de poliacrilamida com dodecil sulfato de sódio (SDS-PAGE) 10% co-polimerizados com 0,1% de gelatina de porco (Lockwood *et al.*, 1987). Foram aplicados 5 µg de proteína por poço em cada gel. Após a eletroforese os géis foram lavados duas vezes por 30 min a 4° C em tampão de acetato de sódio 0,1 M contendo 2,5% Triton X-100 (pH 3,5 e 5,5) ou em tampão de Tris-HCl 0,1 M contendo 2,5% Triton X-100 (pH 7,5 e 10,0) para remoção do SDS e renaturação das peptidases. Posteriormente, os géis eram incubados em tampão de reação acetato de sódio 0,1 M (pH 3,5 e 5,5), ou em tampão Tris-HCl 0,1 M (pH 7,5 e 10,0) com intuito de observar as atividades proteolíticas. As bandas de atividade proteolítica, resultantes da degradação do substrato foram visualizadas após a coloração dos géis com Coomassie [0,25% azul de Coomassie R-250, 40% metanol e 10% de ácido acético] e posterior descoloração com solução de ácido acético 10%. A massa molecular das peptidases foi calculado por comparação com peso molecular comercial (PageRuler®).

Todos os resultados são derivados de pelo menos cinco experimentos independentes realizados em triplicata (cinco replicatas biológicas e três replicatas experimentais). As imagens dos géis foram obtidas utilizando um densitômetro GS-800™ (Bio-Rad).

3.4.1 Efeito da temperatura na atividade proteolítica de intestino de fêmeas

Os géis de intestino de fêmeas foram incubados por duas horas no tampão de reação Tris-HCl pH 7,5, nas temperaturas de 10 °C, 25 °C, 37 °C, 50 °C, 65 °C e 85 °C. O tampão foi calibrado previamente para cada temperatura de ensaio antes da incubação dos géis e a temperatura constantemente monitorada utilizando um termômetro a álcool etílico.

3.4.2 Ensaios de inibição de peptidases

Os extratos protéicos foram pré-incubados por 30 minutos à 4°C, antes de serem aplicados no gel, com um dos seguintes inibidores de peptidases: 10 µM E-64, um inibidor irreversível de cisteína-peptidases; 1 mM PMSF, inibidor irreversível de serino-peptidases; 100 µM TLCK, inibidor irreversível de serina peptidases do tipo tripsina; 100 µM TPCK , inibidor irreversível de serina peptidases do tipo

quimiotripsina; 10 μ M pepstatina-A, um inibidor reversível de aspártico-peptidases e 10 mM 1,10-fenantrolina um inibidor de metalo-peptidases.

Soluções estoque dos inibidores de peptidases: 1,10-fenantrolina (200 mM) e pepstatina A (1 mg/ml) foram preparadas em etanol, enquanto que “Trans-epoxysuccinyl L-leucylamido-(4-guanidino) butano” (E-64, 10 μ M) foi solubilizado em água; fluoreto de fenil-metil-sufonil (“Phenyl-methyl sulfonyl-fluoride”, PMSF, 250 mM) em isopropanol; N α -Tosil-L-lisina clorometil hidrocloreto cetona (“N- α -Tosyl-L-lysine chloromethyl ketone hydrochloride”, TLCK, 100 mM) e N-p-Tosyl-L-fenilalanina clorometil cetona (“N-p-Tosyl-L-phenylalanine chloromethyl ketone”, TPCK, 100 mM) em metanol. Todas as soluções foram armazenadas a -20°C.

3.5 Ensaios enzimáticos em solução

A determinação fluorimétrica da atividade de peptidases nas preparações dos homogeneizados foi realizada com a utilização de substrato cumarínico: carbobenzoxicarbonil-Phe-Arg-7-amino-4-metilcoumarina (Z-FR-MCA-Sigma) na concentração de 100 μ M em tampão de reação acetato de sódio 0,1 M (pH 3,5 e 5,5), ou em tampão Tris-HCl 0,1 M (pH 7,5 e 10,0). Metil coumarina é liberada quando o substrato é hidrolisado e desta forma pode-se detectá-la através de sua fluorescência medida com excitação a 380 nm e emissão a 460 nm (Alves *et al.*, 1996). A detecção dos produtos de hidrólise foi realizada em um espectrofluorímetro (SpectraMax Gemini xps, Molecular Devices, CA, USA) termoestabilizado a 37°C. Foram aplicados 1 μ g de proteína por poço. O substrato foi preparado na concentração estoque de 3 mM em 100% de dimetilsulfóxido (DMSO) e antes de cada ensaio o substrato era diluído em água mili-Q a fim de ficar em uma concentração de 100 μ M. Em alguns ensaios foram utilizados os seguintes inibidores: 10 μ M E-64, 1 mM PMSF, 100 μ M TLCK; 100 μ M TPCK. Os dados foram plotados em gráficos de tempo em relação a unidade de fluorescência relativa (RFU).

3.6 Espectrometria de massas

3.6.1 Extração de proteínas de intestino de fêmeas alimentadas com açúcar e análise por espectrometria de massas

Foram obtidos 50 intestinos médio de fêmeas de 3-5 dias alimentadas com açúcar, estes foram lisados utilizando um homogeneizador mecânico em 100 μ L de

[2M Tiouréia, 7M Ureia, 4% CHAPS e 65 mM DTT] e coquetel de inibidores de peptidases. Para remover o material insolúvel, as amostras foram centrifugadas à 10.000 x g por 15 minutos à 4°C. Posteriormente, as amostras foram precipitadas com metanol:clorofórmio 3:1. As proteínas foram ressuspensas em tampão [Hepes 0,5M, Uréia 7 M] e a quantidade de proteínas dosadas no Qubit.

As proteínas foram digeridas seguindo protocolos previamente estabelecidos (Cuervo *et al*, 2009) com algumas modificações. Resumidamente, a digestão trípica ocorreu em solução. Proteínas foram reduzidas em 65 mM de DTT por 30 minutos à 56 °C e então alquiladas com 200 mM de iodoacetamida à 25 °C no escuro por 30 minutos. A tripsina (200 ng) foi adicionada e incubada overnight à 37 °C. Os peptídeos foram purificados e concentrados usando uma coluna empacotada *in-house* com resina POROS oligo R3 de fase reversa (Applied Biosystems). Os peptídeos foram finalmente eluídos com uma solução de ácido fórmico 0.1% / acetronitrila 50 %. Foram feitos 3 pools de 50 intestinos e de cada um 3 replicatas experimentais.

Para cada amostra, 4 µL de peptídeos dessalinizados foram aplicados ao sistema EASY II-nano LC (Thermo Fisher Scientific) acoplado à um espectrômetro an ESI-LTQ-Orbitrap Velos (Thermo Fisher Scientific). Os peptídeos foram eluídos através de uma coluna (150 µm × 2 cm) empacotada *in-house* com resina C-18 ReproSil 3 µm (Dr. Maisch) por 180 minutos. Em seguida, foram analisados no LTQ Orbitrap Velos (Thermo Scientific) com os seguintes parâmetros: análises durante 180 minutos; resolução do Orbitrap e variação m/z: scan à 60000 de resolução (janela m/z: 350-2000); para cada espectro, os 10 íons mais intensos foram submetidos à fragmentação induzida por colisão, CID, (sinal mínimo necessário 10000; intervalo de isolamento de 2,5; energia de colisão normalizada de 50; tempo de ativação de 10; estado de carga padrão 2) e posterior aquisição dos MS2; lista de exclusão dinâmica: quantidade de repetição 1; duração da repetição 30 s; tamanho da lista de exclusão 500; duração da exclusão 20. Os dados RAW foram visualizados no Xcalibur v.2.1 (Thermo Scientific).

3.6.2 Extração de proteínas de gônadas de fêmeas alimentadas com açúcar e análise por espectrometria de massas

Foram retirados o sistema reprodutor de 50 fêmeas e lisados utilizando um homogeneizador mecânico em 100 µL de [2M Tiouréia, 7M ureia, 4% CHAPS e 65 mM DTT] e coquetel de inibidores de peptidase. Para remover o material insolúvel,

as amostras foram centrifugadas à 10.000 x g por 15 minutos à 4 °C. Posteriormente, as amostras foram precipitadas com metanol:clorofórmio 3:1. As proteínas foram ressuspensas em tampão de amostra e a quantidade de proteínas dosadas no Qubit.

10 µg de proteínas foram submetidas à separação por eletroforese, a 4 °C e 110 V constantes, em géis de poliacrilamida com dodecil sulfato de sódio (SDS-PAGE) 12%. Posteriormente, o gel foi corado com azul de Coomassie e fotodocumentadas usando um densitômetro GS-800™ (Bio-Rad). As proteínas foram digeridas seguindo protocolos previamente estabelecidos (Cuervo *et al*, 2009) com algumas modificações. Resumidamente, o gel foi separado em 28 pedaços de mesmo tamanho e cada pedaço foi descorado três vezes em 400 µL de 50% de acetonitrila/ 25mM NH₄HCO₃ pH 8,0 por 15 minutos. Proteínas foram reduzidas em 65 mM de DTT por 30 minutos à 56°C e então alquiladas com 200 mM de iodoacetamida à 25 °C no escuro por 30 minutos. Posteriormente, os pedaços de gel foram lavados com 100 mM NH₄HCO₃ por 10 minutos, e em seguida foi adicionada acetonitrila por 5 minutos. A tripsina (200 ng) foi adicionada e incubada overnight à 37 °C. Os peptídeos foram purificados e concentrados usando uma coluna empacotada *in-house* com resina POROS oligo R3 de fase reversa (Applied Biosystems). Os peptídeos foram finalmente eluídos com uma solução de ácido fórmico 0.1% / acetonitrila 50 %.

Para cada amostra, 10 µL de peptídeos dessalinizados foram aplicados a uma coluna (75 µm X 15 cm) empacotada com 3 µm, 200A ReproSil-Pur C18-Qrix (Dr. Maisch, Germany). A cromatografia foi realizada em um EASY-nLC 1000 (Thermo Scientific, USA): a fase móvel A consistiu de 0,1% de ácido fórmico em água, enquanto a fase B móvel 0,1% de ácido fórmico em acetonitrilo e as condições de gradiente foram: 5 a 40% em B durante 120 min. Em seguida, os peptídeos foram analisados no LTQ Orbitrap XL (Thermo Scientific, USA) com os seguintes parâmetros: análises de cada banda durante 125 minutos; resolução do Orbitrap e variação m/z: scan prévio a 15000 e segundo scan a 60000 de resolução (janela m/z - 350-1650); para cada espectro, os 10 íons mais intensos foram submetidos à fragmentação induzida por colisão, CID, (sinal mínimo necessário 10000; intervalo de isolamento de 2; energia de colisão normalizada de 35; tempo de ativação de 30; estado de carga padrão: 2) e posterior aquisição dos MS2; lista de exclusão dinâmica: quantidade de repetição 1; duração da repetição 30 s; tamanho da lista de

exclusão 500; duração da exclusão 90; intervalo da massa de exclusão ± 5.0 ppm. Os dados RAW foram visualizados no Xcalibur v.2.1 (Thermo Scientific).

3.6.3 Análise dos dados

Os dados em formato (.RAW) foram exportados para o formato dos programas utilizados (.MS2). A identificação dos peptídeos com base nos espectros MS/MS foi realizada por duas abordagens distintas: *de novo sequencing* e *peptide spectrum match* – PSM. Para fazer do *de novo sequencing* foi utilizado o PEAKS (<http://www.bioinfor.com/peaks/features/denovo.html>) e posteriormente o PepExplorer (<http://proteomics.fiocruz.br/software/pepexplorer/>) para validação dos dados; para PSM, foi utilizado o ProLuCID (<http://fields.scripps.edu/prolucid/index.html>) e posteriormente o SePro (<http://pcarvalho.com/patternlab/downloads/windows/seproq/>) para validação dos dados. A identificação utilizou o banco de dados de Culicídeos no UNIPROT que foi baixado em outubro de 2013, e continha aproximadamente 81000 sequencias.

A identificação dos peptídeos do intestino de fêmeas de *An. aquasalis* foi realizada por PSM usando o motor de busca ProLuCID, de acordo com os seguintes parâmetros: um “missed cleavage” permitido, carbamidometilação de cisteína como modificação fixa e oxidação da metionina como modificação variável; tolerância de massa de 50 ppm e 500 ppm para precursor e íons fragmentos, respectivamente. A validação das sequências peptídicas identificadas com o ProLuCID foi realizada usando o Search Engine Processor (SEPro). Os parâmetros da ferramenta de busca (ProLuCID), Delta Mass e DeltaCN, foram utilizados para gerar um “score” Bayesiano, usado para ranquear os peptídeos identificados. Para a identificação de peptídeos, foi aceito um FDR (false-discovery rate) de 1% que é calculado com as sequências “decoy” (criadas pela inversão das sequências da base de dados customizada). Os resultados foram pós-processados para aceitar apenas PSM com menos de 10 ppm e proteínas com pelo menos duas evidências independentes da sua identificação, por exemplo, a identificação de um peptídeo com diferentes estados de carga, uma versão modificada e não modificada da mesmo peptídeo, ou dois peptídeos diferentes da mesma proteína.

Peptídeos não identificados por PSM foram submetidos a uma análise por seqüenciamento *de novo* usando o programa PEAKS, de acordo com os parâmetros: carbamidometilação de cisteína como modificação fixa e oxidação da metionina como modificação variável; tolerância de massa de 10 ppm e 0,5 Da para

precursor e íons fragmentos, respectivamente. Os peptídeos identificados por sequenciamento *de novo* foram inseridos no PepExplorer para buscar na base de dados de Culicídeos por sequências similares.

As proteínas identificadas foram classificadas por ontologia segundo as categorias do Gene Ontology (GO). As categorias do GO analisadas foram: (1) Processo biológico e (2) Função Molecular. Para cada categoria, há uma estrutura de sub-categorias mais específicas. As proteínas foram categorizadas pelo Gene Ontology Explorer – GOEx, que é um módulo do PatternLab for Proteomics (<http://pcarvalho.com/patternlab/>).

4. RESULTADOS

4.1 Análise enzimográfica de intestino de fêmeas alimentadas com açúcar

4.1.1 Curso temporal das atividades proteolíticas de intestino de fêmeas

Para verificar a influência do tempo de reação sobre as atividades proteolíticas de intestino de fêmeas de *An. aquasalis*, os géis foram incubados por 30 min, 2, 4 e 6 h em tampão de reação Tris-HCl 100 mM pH 7,5 a 37 °C (Figura 5). A intensidade das atividades proteolíticas aumentou progressivamente até 6 h. Em 2 h de reação, foi observado um perfil proteolítico composto de 7 bandas principais variando entre 17 e 225 kDa. A partir de 4 h, a atividade enzimática intensa levou a uma sobreposição das bandas não sendo possível resolver o perfil. Com isso, o tempo de reação enzimática em 2 h foi escolhido para os ensaios subsequentes.

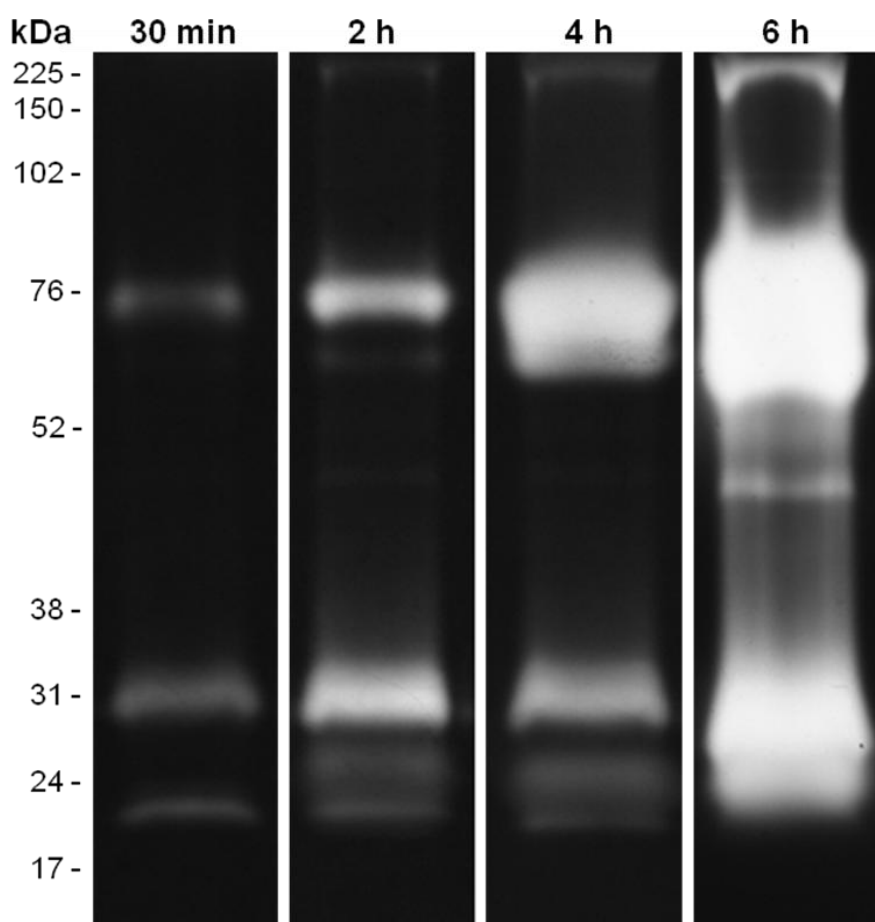


Figura 5. Curso temporal das atividades proteolíticas exibidas pelo intestino de fêmeas de *An. aquasalis* alimentadas com açúcar. As proteínas foram resolvidas em SDS-PAGE 10% co-polimerizado com 0,1% de gelatina. As atividades proteolíticas foram avaliadas após a incubação dos géis a 37 °C em tampão Tris-HCl 100 mM, pH 7,5. Os números à esquerda indicam as massas moleculares aparentes das peptidases, expressas em kDa.

4.1.2 Influência do pH no perfil proteolítico de intestino de fêmeas

Para determinar a influência exercida pelo pH sobre as atividades proteolíticas, os géis foram incubados por 2 h em tampões de reação de pH 3,5; 5,5; 7,5 e 10. As atividades enzimáticas foram detectadas em todos os pH testados, aumentando progressivamente até pH 10 (Figura 6). Em pH 3,5 e 5,5, várias bandas de atividade proteolítica não foram observadas e as que apareceram foram menos intensas quando comparadas com as bandas obtidas em pH 7,5 e 10. Em pH 10, a intensa atividade dos halos proteolíticos dificultou a visualização do perfil observado em pH 7,5. Dessa forma, o perfil proteolítico foi melhor resolvido em pH 7,5, no qual visualiza-se bandas migrando entre 17 e 225 kDa.

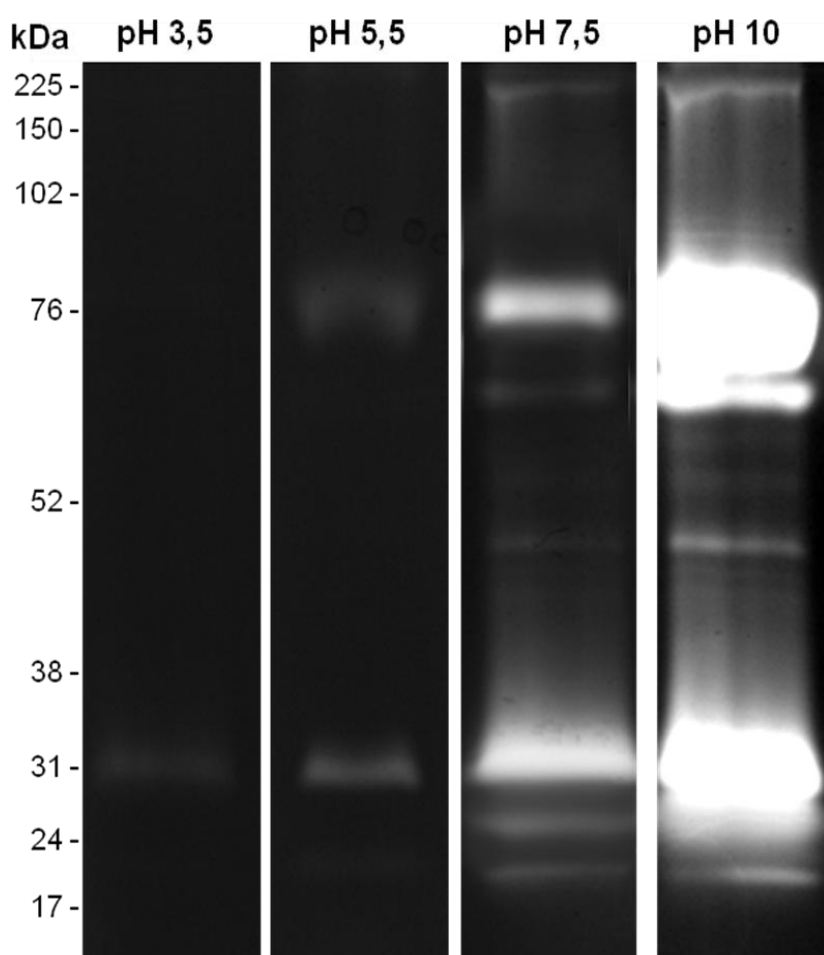


Figura 6. Influência do pH no perfil proteolítico de intestino de fêmeas de *An. aquasalis* alimentadas com açúcar. As proteínas foram resolvidas em SDS-PAGE 10% copolimerizado com 0,1% de gelatina. As atividades enzimáticas foram avaliadas após a incubação dos géis a 37 °C por 2 horas em tampão acetato de sódio 100 mM, pH 3,5; 5,5 ou em tampão Tris-HCl 100 mM pH 7,5 e 10. Os números à esquerda indicam as massas moleculares aparentes das peptidases, expressas em kDa.

4.1.3 Efeito dos inibidores nas atividades enzimáticas de intestino de fêmeas

O perfil enzimático exibido pelo intestino de fêmeas foi fortemente inibido por 1 mM de PMSF e 100 μ M de TLCK em géis incubados por 2 h em tampão de reação Tris-HCl 100 mM, pH 7,5. No entanto, as atividades proteolíticas não foram afetadas por 100 μ M de TPCK (Figura 7). Além disso, as atividades também não foram inibidas por 10 μ M de E-64, 10 μ M de pepstatina A, e 10 mM de 1,10-fenantrolina (dados não apresentados). Esses resultados demonstram que serina peptidases do tipo tripsina são responsáveis pela atividade observada.

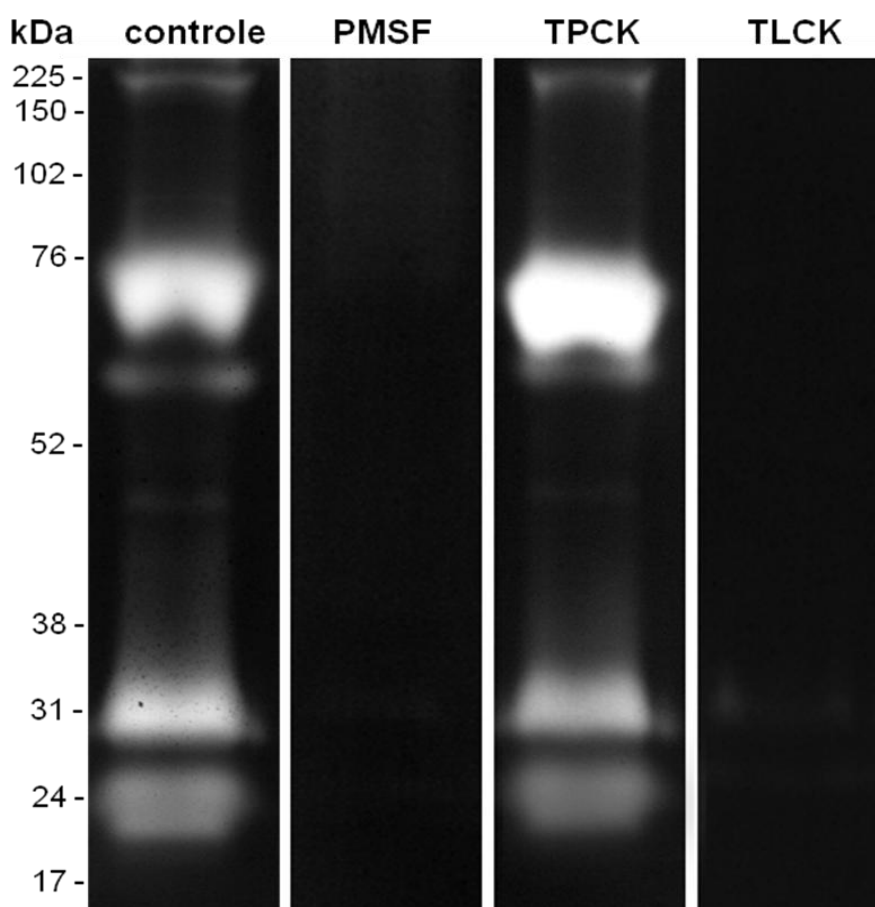


Figura 7. Efeito dos inibidores de peptidases no perfil proteolítico de intestino de fêmeas de *An. aquasalis* alimentadas com açúcar. As amostras foram pré-incubadas por 30 min na presença de cada um dos seguintes inibidores: 1 mM PMSF; 100 μ M TLCK; 100 μ M TPCK. Em seguida, as atividades proteolíticas foram detectadas após incubação dos géis por 2 h a 37 °C em tampão Tris-HCl 100 mM, pH 7,5. O controle foi processado nas mesmas condições na ausência de inibidores. Os números à esquerda indicam as massas moleculares aparentes das peptidases, expressas em kDa.

4.1.4 Efeito da temperatura sobre o perfil proteolítico de intestino de fêmeas

A sensibilidade térmica das atividades enzimáticas de intestino de fêmeas foi avaliada nas temperaturas de 10, 25, 37, 50, 65 e 80 °C em géis incubados por 2 h em tampão de reação Tris-HCl 100 mM pH 7,5 (Figura 8). À temperatura de 10 e 25 °C, observou-se baixa atividade enzimática quando comparada a temperatura de 37 °C. À 50 °C a atividade foi fortemente aumentada, decaindo a partir de 65 °C.

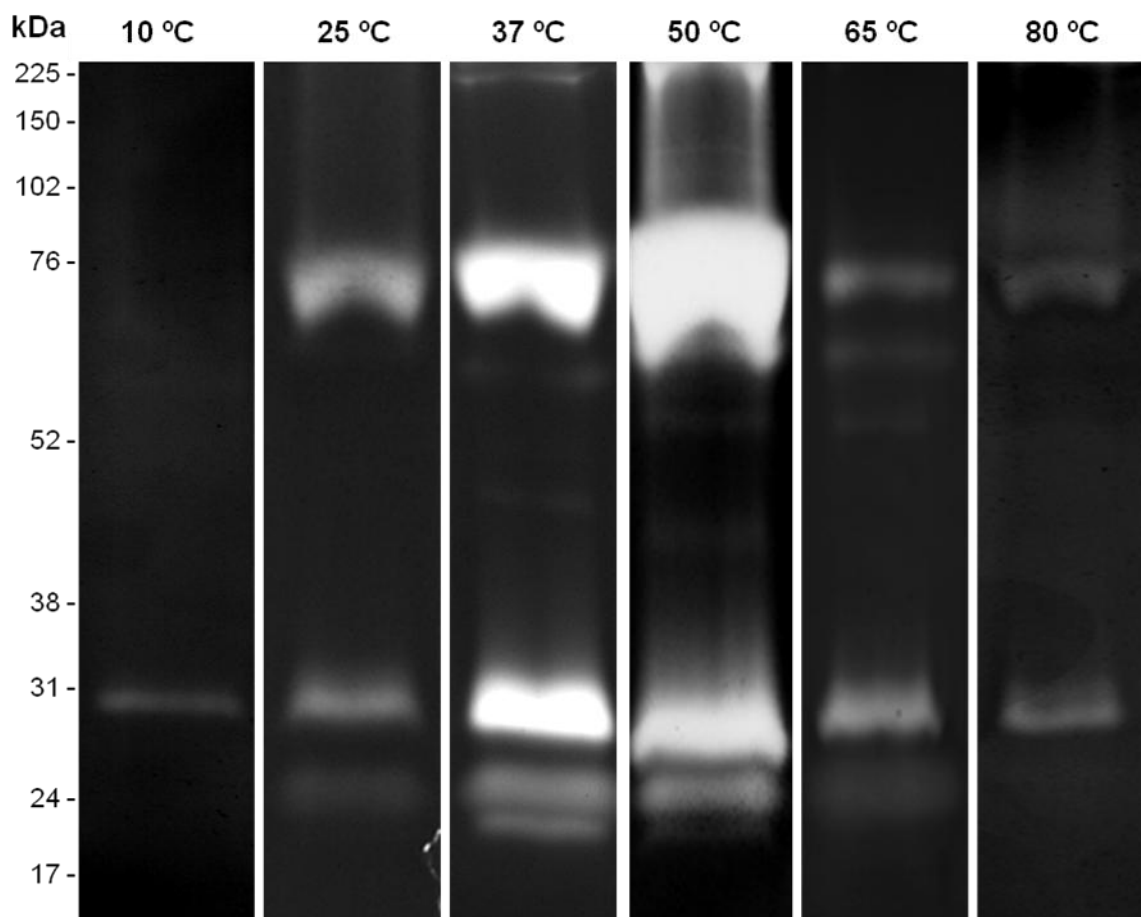


Figura 8. Efeito da temperatura na atividade proteolítica de intestino de fêmeas de *An. aquasalis* alimentadas com açúcar. As proteínas foram resolvidas em SDS-PAGE 10% co-polimerizado com 0,1% de gelatina. As atividades enzimáticas foram detectadas após incubação dos géis por 2 h à 10, 25, 37, 50, 65 e 80 °C em tampão Tris-HCl 100 mM, pH 7,5. Os números à esquerda indicam as massas moleculares aproximadas das peptidases, expressas em kDa.

4.2 Análise enzimográfica de intestino de machos de *An. aquasalis*

4.2.1 Curso temporal das atividades proteolíticas de intestino de machos

Para verificar a influência do tempo de reação sobre as atividades proteolíticas de intestino de machos de *An. aquasalis*, os géis foram incubados por 2, 6, 12 e 16 horas em tampão de reação Tris-HCl 100 mM, pH 7,5 a 37 °C (Figura 9). A intensidade das atividades proteolíticas aumentou progressivamente até 16 h.

Em 12 h de reação, foi observado um perfil proteolítico composto de pelo menos 9 bandas principais variando entre 17 e 225 kDa. Em 16 h, a intensa atividade enzimática levou a uma sobreposição das bandas não sendo possível resolver o perfil. Com isso, o tempo de reação enzimática em 12 h foi escolhido para os ensaios subseqüentes.

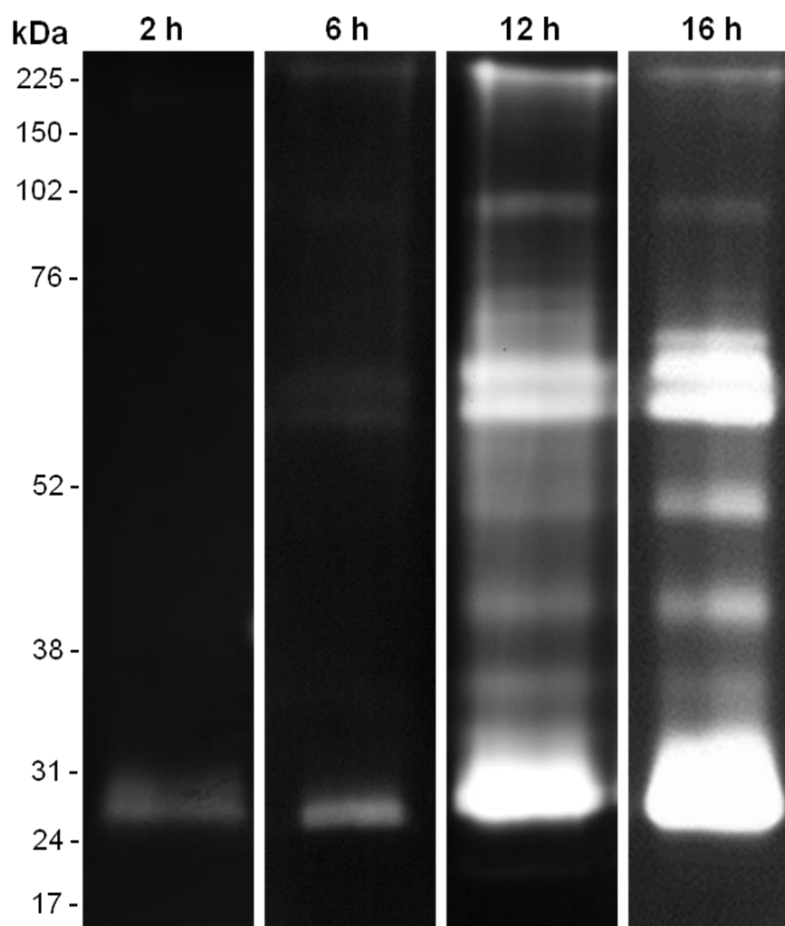


Figura 9. Curso temporal das atividades proteolíticas exibidas pelo intestino de machos de *An. aquasalis*. As proteínas foram resolvidas em SDS-PAGE 10% co-polimerizado com 0,1% de gelatina. As atividades proteolíticas foram avaliadas após a incubação dos géis a 37 °C em tampão Tris-HCl 100 mM, pH 7,5. Os números à esquerda indicam as massas moleculares aparentes das peptidases, expressas em kDa.

4.2.2 Influência do pH no perfil proteolítico de intestino de machos

Para determinar a influência exercida pelo pH sobre as atividades proteolíticas, os géis foram incubados por 12 horas em tampões de reação de pH 3,5; 5,5; 7,5 e 10. As atividades enzimáticas foram detectadas em todos os pH testados, aumentando progressivamente até pH 10 (Figura 10). Em pH 3,5 e 5,5, várias bandas de atividade proteolítica não foram observadas e as que apareceram foram menos intensas quando comparadas com as bandas obtidas em pH 7,5 e 10.

Em pH 10, a intensa atividade dos halos proteolíticos dificultou a visualização do perfil observado em pH 7.5. Dessa forma, o perfil proteolítico foi melhor resolvido em pH 7.5, no qual visualiza-se bandas migrando entre 17 e 225 kDa.

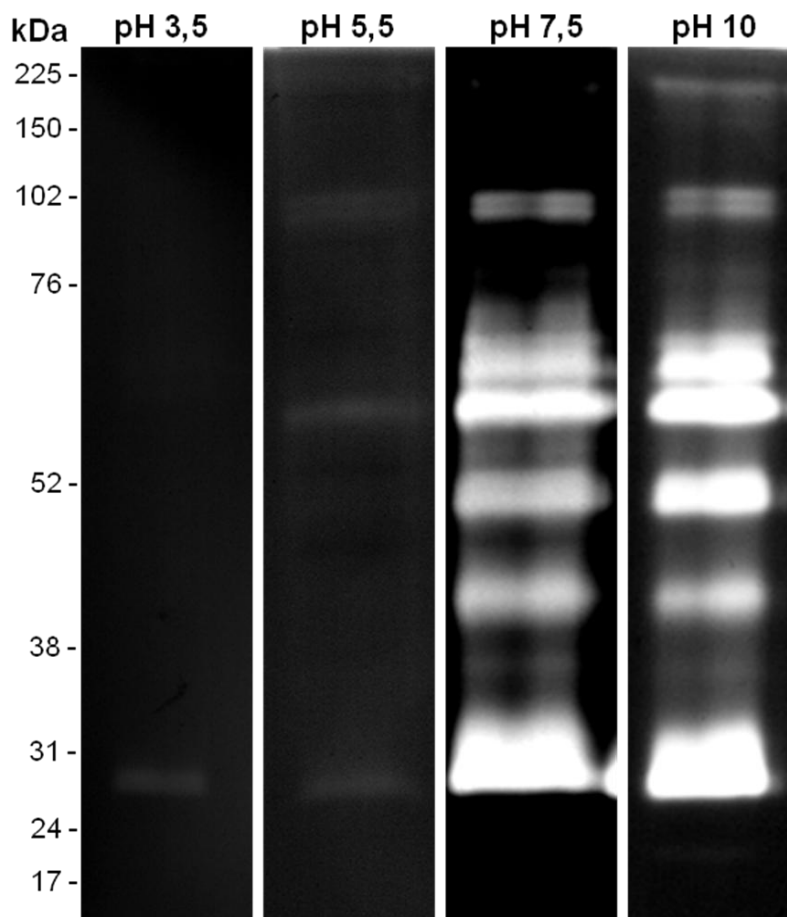


Figura 10. Influência do pH no perfil proteolítico de intestino de machos de *An. aquasalis*. As proteínas foram resolvidas em SDS-PAGE 10% co-polimerizado com 0,1% de gelatina. As atividades enzimáticas foram avaliadas após a incubação dos géis a 37 °C por 12 horas em tampão acetato de sódio pH 3,5; 5,5 e em tampão Tris-HCl 7,5 e 10. Os números à esquerda indicam as massas moleculares aparentes das peptidases, expressas em kDa.

4.2.3 Efeito dos inibidores nas atividades enzimáticas de intestino de machos

O perfil enzimático exibido pelo intestino de machos foi fortemente inibido por 1 mM de PMSF e 100 µM de TLCK em géis incubados por 12 h em tampão de reação Tris-HCl 100 mM, pH 7,5. No entanto, as atividades proteolíticas não foram afetadas por 100 µM de TPCK (Figura 11). Além disso, as atividades também não foram inibidas por 10 µM de E-64, 10 µM de pepstatina A, e 10 mM de 1,10-fenantrolina (dados não apresentados). Esses resultados demonstram que serina peptidases do tipo tripsina são responsáveis pela atividade observada.

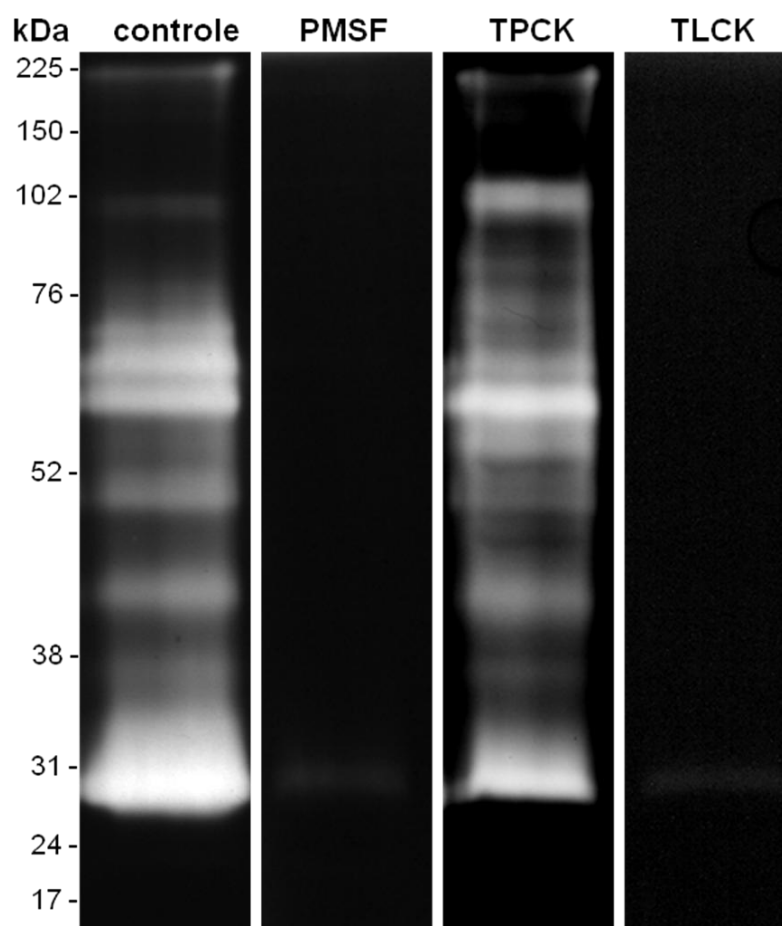


Figura 11. Efeito dos inibidores de peptidases no perfil proteolítico de intestino de machos de *An. aquasalis*. As amostras foram pré-incubadas por 30 min na presença de cada um dos seguintes inibidores: 1 mM PMSF; 100 μ M TLCK; 100 μ M TPCK. Em seguida, as atividades proteolíticas foram detectadas após incubação dos géis por 2 h a 37 °C em tampão Tris-HCl 100 mM, pH 7,5. O controle foi processado nas mesmas condições na ausência de inibidores. Os números à esquerda indicam as massas moleculares aparentes das peptidases, expressas em kDa.

4.3 Ensaio da atividade enzimática em solução de extratos de intestino de machos e fêmeas de *An. aquasalis* utilizando substrato fluorogênico Z-phe-arg-MCA

4.3.1 Efeito de inibidores na atividade proteolítica em intestino de fêmeas

A atividade enzimática de intestino de fêmeas foi analisada utilizando o substrato fluorogênico Z-phe-arg-MCA (Figura 12). A amostra foi incubada em tampão Tris-HCl 100 mM, pH 7,5 contendo 100 μ M do substrato, na ausência (controle) ou presença dos inibidores: 1 mM de PMSF, 100 μ M de TLCK, 100 μ M de TPCK, ou 10 μ M de E-64. Foi possível verificar que tanto o PMSF quanto o TLCK inibem a atividade das peptidases presentes no intestino.

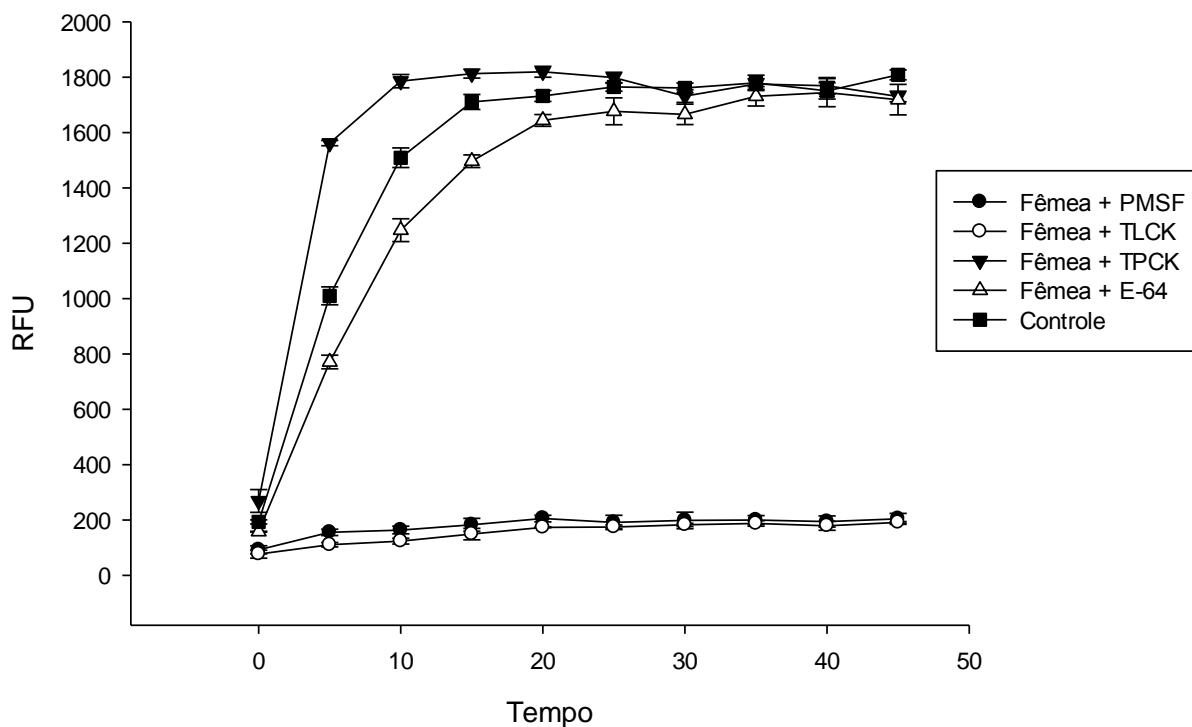


Figura 12. Efeito de inibidores nas atividades de peptidases em intestinos de fêmeas de *An. aquasalis* na ausência (controle) ou presença de inibidores (1 mM PMSF, 100 μ M TLCK, 100 μ M TPCK, 10 μ M E-64). Os ensaios foram realizados a 37 °C em solução contendo o substrato fluorogênico Z-phe-arg-MCA 100 μ M. A atividade foi acompanhada até 45 min. RFU: unidades de fluorescência relativa.

4.3.2 Efeito do pH na atividade proteolítica em intestino de fêmeas

A atividade proteolítica de intestino de fêmeas foi analisada utilizando o substrato fluorogênico Z-phe-arg-MCA (Figura 13). A amostra foi incubada em tampão acetato de sódio 100 mM (pH 3,5 e 5,5) e Tris-HCl 100 mM (pH 7,5 e 10), contendo 100 μ M do substrato. A maior atividade proteolítica observada foi a pH 7,5 e 10. Nestes pH a cinética de de hidrólise do substrato atingiu o platô em 15 min de reação, estabilizando a partir daí até o tempo de 45 min de reação. Em pH 3,5 a atividade foi fortemente reduzida.

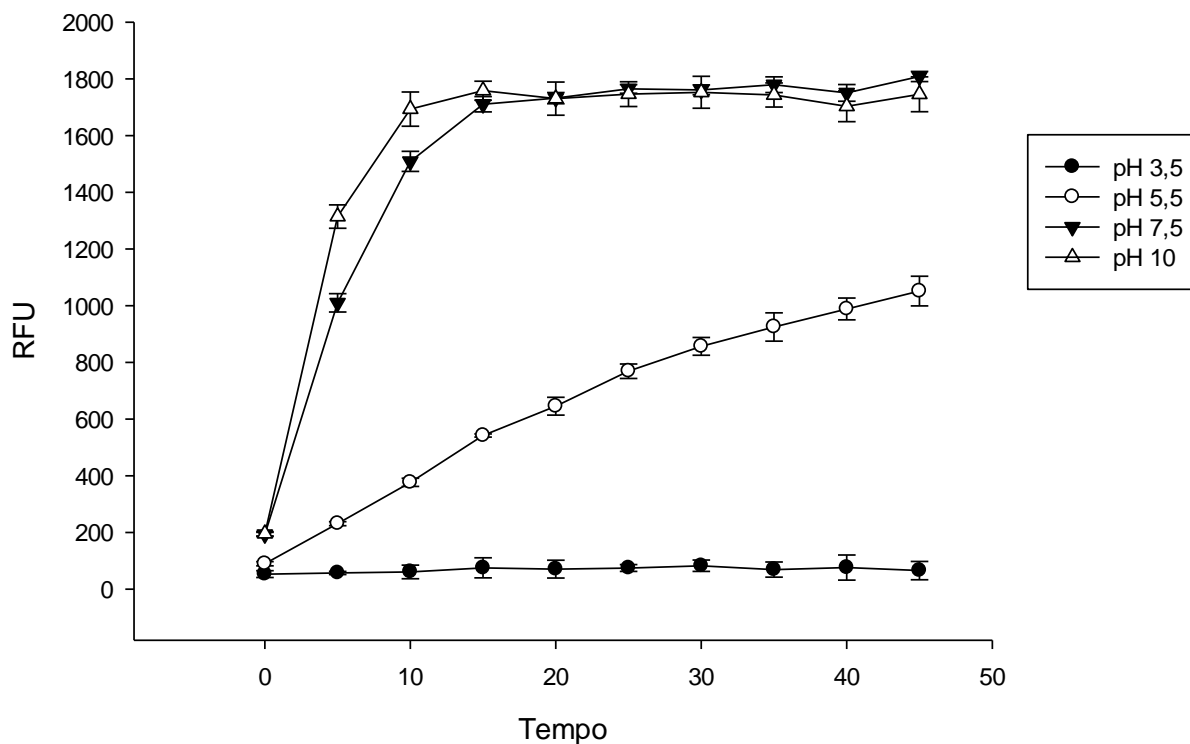


Figura 13. Efeito do pH nas atividades de peptidases em intestinos de fêmeas de *An. aquasalis*. Os ensaios foram realizados a 37 °C em tampão acetato de sódio 100 mM (pH 3,5 e 5,5) ou tampão Tris-HCl 100 mM (pH 7,5 e 10) contendo o substrato fluorogênico Z-phe-arg-MCA 100 µM. A atividade foi acompanhada até 45 min. RFU: unidades de fluorescência relativa.

4.3.3 Comparação das atividades proteolíticas em intestino de machos e fêmeas

A atividade de intestino de machos e fêmeas foi analisada utilizando o substrato fluorogênico Z-phe-arg-MCA (Figura 14). A amostra foi incubada em tampão Tris-HCl 100 mM pH 7,5, contendo 100 µM do substrato, na ausência ou presença de 100 µM do inibidor TLCK. A atividade no intestino de fêmeas foi cerca de 10 vezes maior do que a atividade observada no intestino de machos. A atividade de fêmeas atingiu o platô em 15 min de reação, mantendo-se estável até 45 min, ao passo que a atividade de machos foi constante durante os 45 min de reação. As atividades proteolíticas de intestinos de machos e fêmeas foram fortemente inibidas quando os extratos protéicos foram incubados com 100 µM de TLCK.

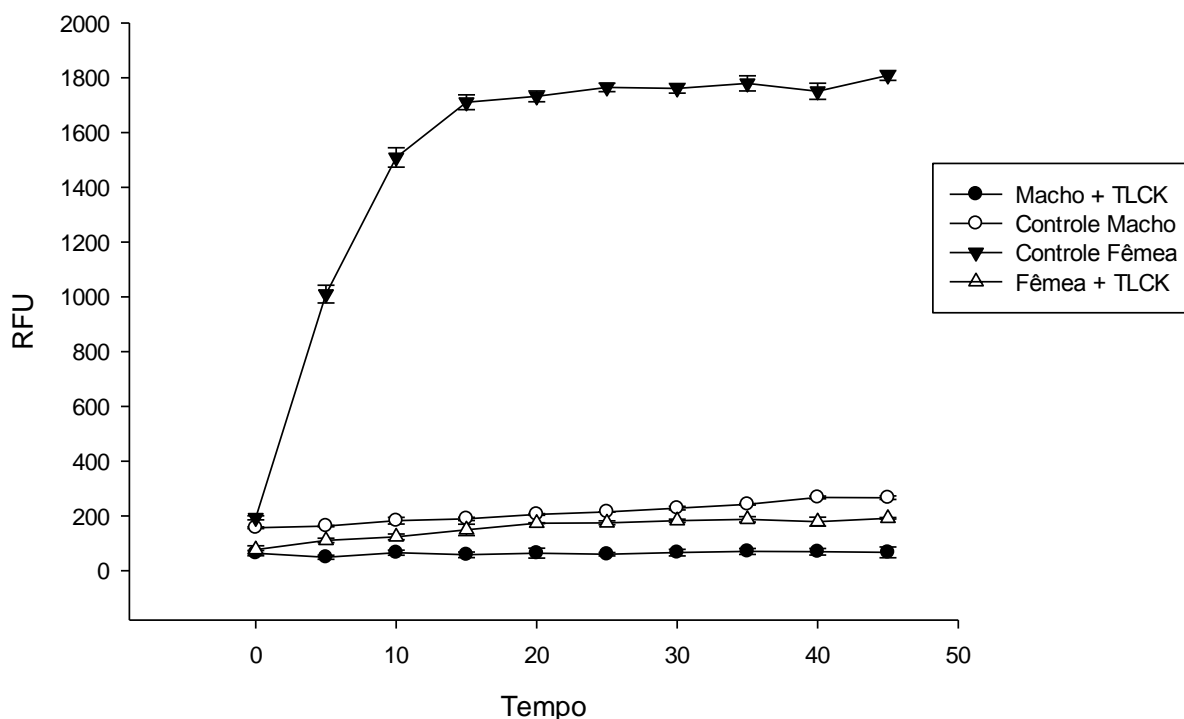


Figura 14. Comparação da atividade proteolítica em intestinos de machos e fêmeas de *An. aquasalis* na ausência (controle) ou presença de 100 μ M do inibidor TLCK. Os ensaios foram realizados a 37 °C em tampão Tris-HCl 100 mM pH 7,5 contendo o substrato fluorogênico Z-phe-arg-MCA 100 μ M. A atividade foi acompanhada até 45 min. RFU: unidades de fluorescência relativa.

4.4 Análise proteômica do intestino de fêmeas de *An. aquasalis* alimentadas com açúcar

4.4.1 Identificação por LC-MS/MS das proteínas de intestino de fêmeas alimentadas com açúcar

A identificação dos peptídeos do intestino de fêmeas de *An. aquasalis* foi realizada por PSM usando o ProLuCID, de acordo com os parâmetros descritos na metodologia. Com as ferramentas acima, foram analisadas 34,079 sequências, a partir das quais foram identificados 308 peptídeos correspondentes à 368 proteínas, as quais, utilizando o princípio da máxima parcimônia, resultaram em 129 proteínas validadas (Tabela 1). Dentre as proteínas validadas, cinco proteínas (5/129, ~4%) correspondem a serina peptidases do tipo tripsina, identificadas com diferentes peptídeos e correspondendo a diferentes genes codificantes. Além disso, duas proteínas (2/129, 1,5%) foram identificadas como quimiotripsina (Tabela 1). Destaca-se também a identificação uma peritrofina, proteína associada com tripsina em

vesículas secretórias. Das 129 proteínas identificadas, 20 (15%) correspondem a proteínas “não caracterizadas”.

Peptídeos não identificados por PSM no PEAKS, foram submetidos a uma análise por seqüenciamento *de novo* utilizando o mesmo programa, de acordo com os parâmetros descritos na metodologia. Os peptídeos identificados por sequenciamento *de novo* (3280 seqüências) foram inseridos no PepExplorer para buscar na base de dados de Culicídeos por seqüências similares. Esta análise resultou em 18 proteínas identificadas, das quais, 10 também foram identificadas por PSM no ProLuCID (Tabela 2). Dentre as proteínas identificadas pelas duas abordagens (ProLuCID e PepExplorer), duas (2/10), correspondem a serina peptidases do tipo tripsina (Tabela 2).

4.4.2 Classificação funcional das proteínas de intestino de fêmeas alimentadas com açúcar

As proteínas identificadas foram classificadas de acordo com seu processo biológico e função molecular segundo os termos de ontologia gênica depositados para cada proteína na base de dados UniProt. Foi utilizado o módulo Gene Ontology Explorer (GOEx) para essas análises. Das 129 proteínas identificadas cerca 82 proteínas possuem processo biológico conhecido (Figura 15 A) enquanto 91 têm função molecular designada (Figura 15 B). Quanto ao processo biológico, as proteínas mais abundantes foram aquelas envolvidas em processos metabólicos primários (48%), seguidas por aquelas envolvidas em processos biosintéticos(28%). Com respeito à função molecular, as proteínas mais abundantes foram aquelas que têm uma função de ligação (28%), atividade estrutural (19%), de hidrolase (18%), de transporte (13%) e de oxidoredução (11%), entre outros. Das 129 proteínas identificadas, 47 (36%) não têm um processo biológico ainda designado, e 38 (~30%) não têm uma função molecular ainda definida.

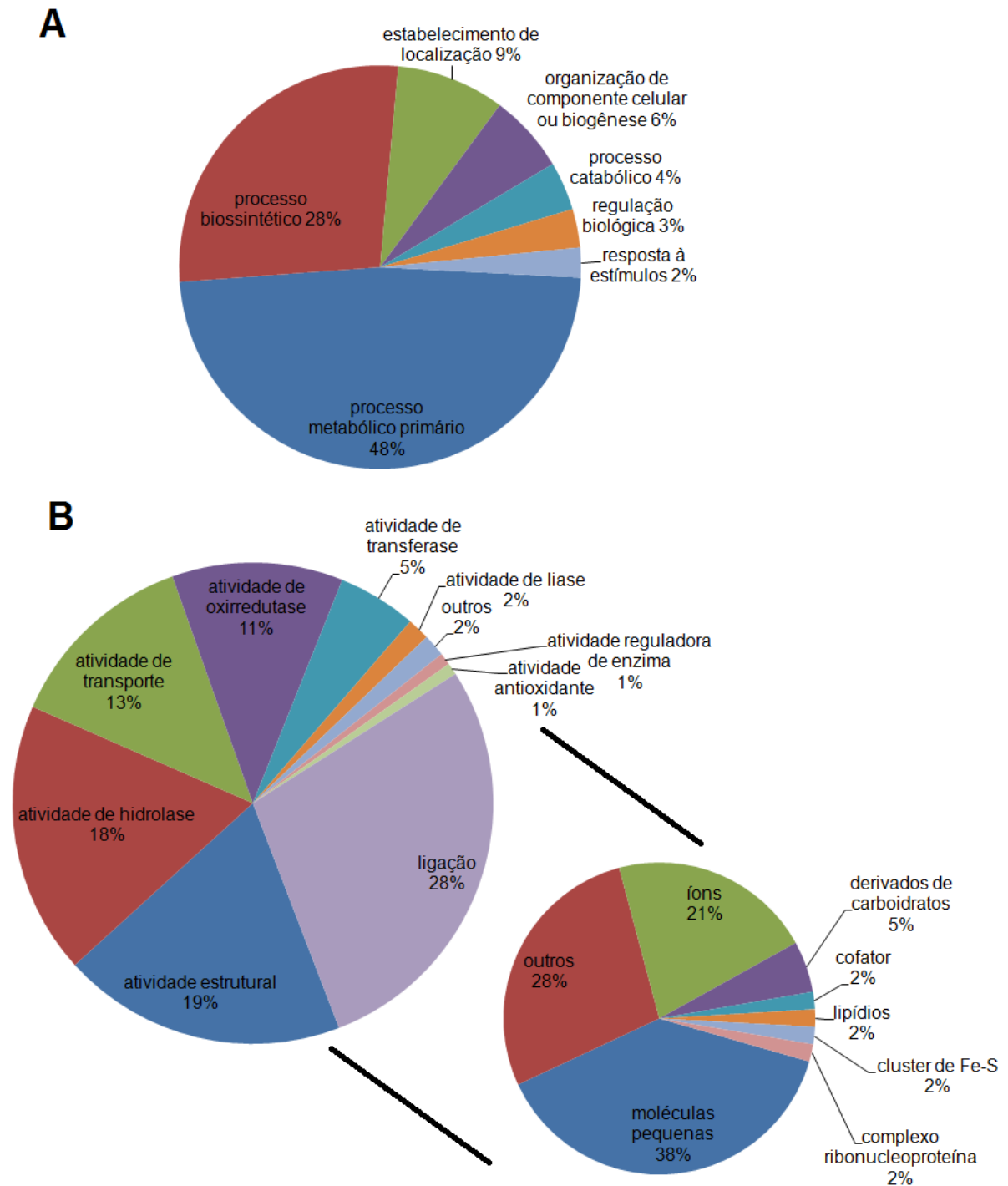


Figura 15. Classificação funcional das proteínas identificadas em intestino de fêmeas segundo o Gene Ontology. (A) Processo Biológico (B) Função Molecular. A categoria de ligação foi subdividida.

4.5 Análise proteômica de gônadas de fêmeas de *An. aquasalis* alimentadas com açúcar

4.5.1 Identificação por LC-MS/MS das proteínas de gônadas de fêmeas alimentadas com açúcar

Para análise das proteínas de gônadas de fêmeas alimentadas com açúcar, o extrato de proteínas obtido de 50 gonadas procesadas como descrito anteriormente foi separado por SDS-PAGE 12% e corado com Coomassie R-250. Foram observadas proteínas com peso molecular entre ~17 – 225 kDa. Após a coloração o gel foi dividido em 28 seções as quais foram processadas para análise por espectrometria de massas segundo o fluxograma na Figura 16.

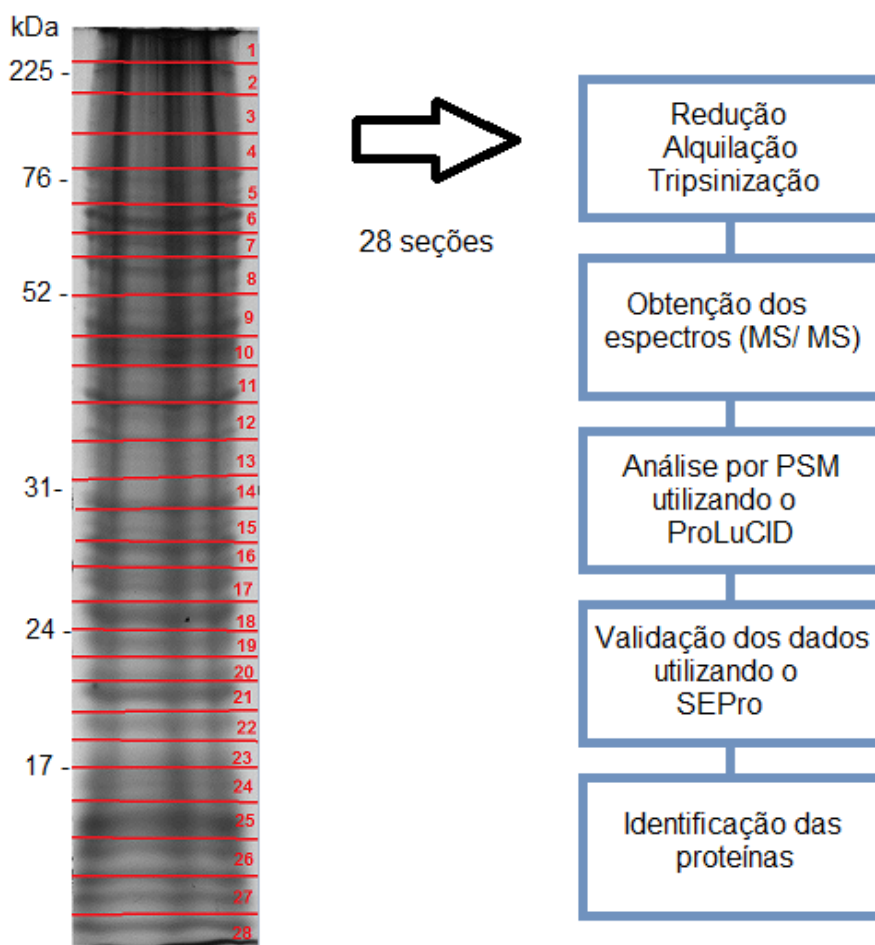


Figura 16. Fluxograma para identificação de proteínas de gônadas de fêmeas de *An. aquasalis* alimentadas com açúcar. As proteínas foram separadas por SDS-PAGE 12% e reveladas por coloração com azul de Coomassie R-250. As proteínas foram processadas para espectrometria de massas e analisadas seguindo o fluxograma descrito.

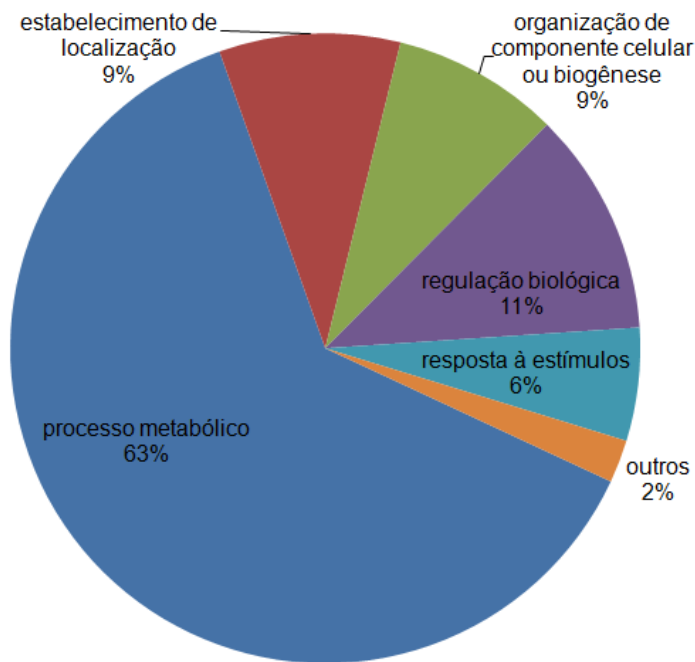
A identificação dos peptídeos das gônadas de fêmeas de *An. aquasalis* foi realizada por PSM usando o ProLuCID e os mesmos parâmetros de busca e filtragem de dados usados para a análise de proteínas do intestino. Dessa forma, foram analisadas 76,235 sequencias, a partir das quais foram identificados 3.377 peptídeos correspondentes à 2.191 proteínas, as quais, utilizando o princípio da máxima parcimônia, resultaram em 995 proteínas validadas (Tabela 3). Dentre as

995 proteínas validadas, foi identificada uma serina peptidase do tipo tripsina, duas proteínas LSD de estocagem de lipídeos, três vitelogeninas, um receptor de vitelogenina, uma transferrina e uma ferritina, todas envolvidas em vitelogênese. Além disso, destaca-se também a identificação de 6 proteínas relacionadas com desenvolvimento embrionário (Tabela 3). Das 995 proteínas identificadas, 347 (35%) correspondem a proteínas com função desconhecida.

4.5.2 Classificação funcional das proteínas de gônadas de fêmeas alimentadas com açúcar

As proteínas identificadas foram classificadas de acordo com seu processo biológico e função molecular segundo os termos de ontologia gênica depositados para cada proteína na base de dados UniProt. Foi utilizado o módulo Gene Ontology Explorer (GOEx) para essas análises. Das 995 proteínas identificadas 498 proteínas possuem processo biológico conhecido (Figura 17 A) enquanto 698 têm função molecular designada (Figura 17 B). Quanto ao processo biológico, as proteínas mais abundantes foram aquelas envolvidas em processos metabólicos primários (63%), seguidas por aquelas envolvidas em processos de regulação (11%). Com respeito à função molecular, as proteínas mais abundantes foram aquelas que têm uma função de ligação (48%), atividade de hidrolase (18%), de transferase (8%) e de oxidoredução (8%), entre outros. Das 995 proteínas identificadas, 497 (50%) não têm um processo biológico ainda designado, e 297 (~30%) não têm uma função molecular ainda definida.

A



B

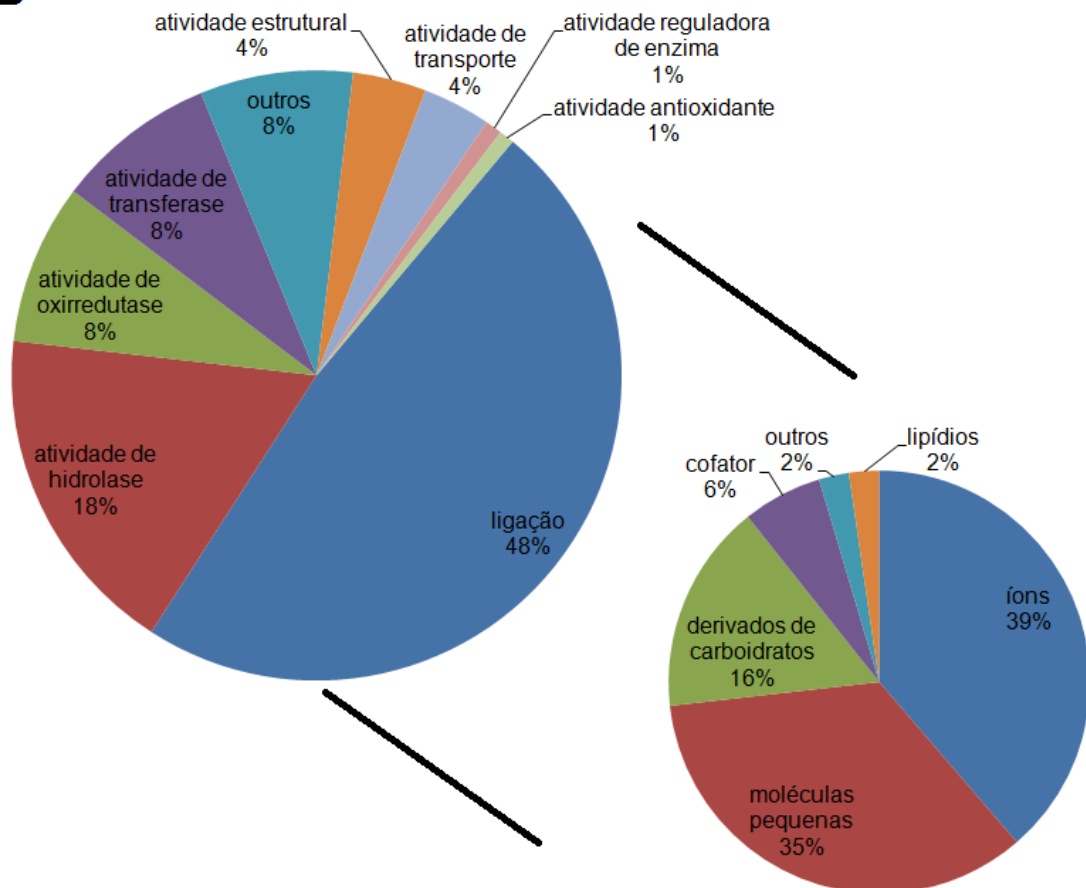


Figura 17. Classificação funcional das proteínas identificadas em intestino de fêmeas segundo o Gene Ontology. (A) Processo Biológico (B) Função Molecular. A categoria de ligação foi subdividida.

5. DISCUSSÃO

O estudo de serina peptidases em *An. aquasalis* é escasso, apenas trabalhos com a identificação de duas tripsinas induzidas pelo repasto sanguíneo (*AnaqTryp-1* e *AnaqTryp-2*) (Caroci *et al.*, 2003) e duas quimiotripsinas (*Anachy1* e *Anachy2*), detectadas apenas 24 horas após a ingestão de sangue (de Almeida *et al.*, 2003), têm sido reportados. Assim, o presente trabalho consiste na primeira descrição abrangente do perfil das atividades proteolíticas em intestino de machos e fêmeas de *An. aquasalis* alimentados com açúcar, com intuito de realizar uma análise comparativa da expressão de peptidases em intestino nos dois sexos. Também é aqui apresentada a primeira análise de proteínas do intestino e gônadas de fêmeas de *An. aquasalis*.

As atividades proteolíticas observadas na enzimografia de intestino de machos e fêmeas releveram diferenças quantitativas e qualitativas. O perfil proteolítico de fêmeas e machos apresenta distinto número de bandas proteolíticas, entre as quais algumas são compartilhadas, sugerindo que algumas serina peptidases do tipo tripsina exercem as mesmas funções no gênero, ao passo que outras cumprem funções específicas para cada sexo. É importante destacar que o perfil proteolítico de machos é apenas observado após 12 h de reação ao passo que o da fêmea é observado com 2h de reação. Esta marcada diferença pode estar associada à abundância de peptidases expressas no gênero, sugerindo que o macho expressa um número menor de cópias dessas enzimas em comum. As análises comparativas de atividades em solução usando substrato fluorogênico confirmaram essas observações. Uma outra possibilidade, é que essa expressão quantitativa diferencial pode indicar que algumas peptidases envolvidas no processamento de proteínas do sangue sejam expressas constitutivamente de forma basal nas fêmeas, e como os machos não fazem repasto sanguíneo, não expressariam tais enzimas.

Em fêmeas de *An. gambiae* o gene da tripsina 1 (*Antryp1*), mesmo antes do repasto sanguíneo, apresenta grandes quantidades de RNAm e quantidades menores, mas consideráveis, dessa enzima. Tal enzima está estocada em vesículas de secreção nas células do epitélio intestinal (Muller *et al.*, 1993; Muller *et al.*, 1995). Essas vesículas são liberadas no lúmen do intestino médio em resposta à distensão do intestino quando alimentos são ingeridos, independente da sua composição.

Os produtos da degradação das proteínas do sangue (possivelmente peptídeos ou aminoácidos livres) atuam como sinal para tradução dos RNAm da tripsina I e transcrição de outras enzimas importantes na digestão do sangue (Lemos *et al.*, 1996). Diferente dos anofelinos, os culicíneos apresentam poucas vesículas secretoras (Hecker *et al.*, 1977) e por isso, após o estímulo, ocorre intensa atividade do retículo endoplasmático rugoso devido a tradução dos RNAm que codificam as proteínas da membrana peritrófica e das enzimas digestivas. Dessa maneira, a atividade de peptidases no intestino é mantida sempre alta, o que propiciaria uma redução no peso corporal rapidamente após o repasto sanguíneo, deixando espaço para as próximas ingestões de sangue e, principalmente, deixando a fêmea mais ágil para voar e procurar criadouro para a oviposição (Horler e Briegel, 1995).

As massas moleculares de tripsinas e quimiotripsinas, presentes na digestão, variam de 20 à 35 kDa (Terra e Ferreira, 1994). Por tal motivo, conseguem ultrapassar os poros da membrana peritrófica e participar da digestão inicial no espaço endoperitrófico. Porém, é importante ressaltar que a membrana peritrófica de larvas de *Ae. aegypti* e *An. gambiae* é permeável a moléculas de até 148 kDa (Edwards e Jacobs-Lorena, 2000). Nos resultados de enzimografia foram observadas tripsinas com peso molecular maior que 35 kDa (entre 17-225 kDa), parecido ao observado em trabalhos de *Lutzomyia longipalpis* (33-102 kDa) (Fazito do Vale *et al.*, 2007), *Ae. aegypti* (20-250 kDa) (Mesquita-Rodrigues *et al.*, 2011) e *Cx. quinquefasciatus* (11-130 kDa) (Borges-Veloso *et al.*, 2012) e *Ae. albopictus* (30-200 kDa) (Saboia-Vahia *et al.*, 2013). Nesta dissertação, com relação ao alto peso molecular das peptidases observadas na enzimografia, é importante destacar que durante a preparação da amostra, as proteínas não são completamente desnaturadas nem reduzidas. Por essa razão, não se pode descartar que agregados de proteínas ou peptidases ligadas a fragmentos de membranas sejam retidos no topo do gel, prejudicando a migração das enzimas. Esses possíveis fatores poderiam contribuir para a observação de bandas de atividades nessas faixas mais altas dando a ilusão de uma massa molecular mais elevada (Nauen *et al.*, 2001; Mesquita-Rodrigues *et al.*, 2011, Motta *et al.*, 2012).

A caracterização enzimática demonstrou que todas as atividades proteolíticas detectadas no intestino de machos e fêmeas são serina peptidases do tipo tripsina, uma vez que foram inibidas por PMSF, um inibidor de serina peptidases em geral e por TLCK, um inibidor específico de tripsinas. Em relação às tripsinas expressas em intestinos, em *An. gambiae* foram descritos sete genes em um *cluster* no

cromossomo 3R que codificam cinco proteínas funcionais (Muller, 1995). Destas, foi verificado que as tripsinas 1 e 2 são induzidas pelo repasto sanguíneo, enquanto as tripsinas 3, 4 e 7 são expressas constitutivamente, sendo que a 3 e 7 são reprimidas após o repasto (Muller *et al.*, 1993; Muller *et al.*, 1995). Foi identificado um motivo de 12 nucleotídeos presente em todos os promotores desses genes, designado elemento regulatório de tripsinas (PTRE, putative trypsin regulatory element). No entanto, existem diferenças na região reguladora entre os genes expressos inicialmente após a digestão do sangue e os que são expressos posteriormente. Essas diferenças conferem especificidade frente a complexos nucleares distintos, e por isso, os genes são expressos em diferentes condições (Giannoni *et al.*, 2001). Em anofelinos neotropicais (*An. aquasalis*, *An. darlingi* e *An. albitalis*) foi verificada a presença de duas tripsinas induzidas pela alimentação sanguínea (Caroci *et al.*, 2003). Em *Ae. aegypti*, o gene da “early trypsin” é transcrito antes do repasto sanguíneo, mas sua tradução depende da ingestão do sangue (Noriega *et al.*, 1996). A digestão de soluções salinas ou açúcar não é capaz de estimular a tradução desse gene, porém apenas a ingestão de aminoácidos é estímulo suficiente. Foi demonstrado que esses aminoácidos são capazes de induzir uma via de ativação de duas quinases da via TOR (target of rapamycin): p70S6 kinase (S6K) e a 4E-Binding Protein (4E-BP), culminando na tradução do gene (Brandon *et al.*, 2008).

Os ensaios de efeito de pH do meio de reação enzimática mostraram que a atividade proteolítica é mínima em pH ácido (entre pH 3,5 e 5,5) e alta em pH alcalino (entre pH 7,5 e 10). Esses resultados são condizentes com o pH do lúmen intestinal, uma vez que este é alcalino e pode modular diretamente a atividade enzimática (Terra e Ferreira, 1994). No caso do intestino médio anterior de larvas de *Ae. aegypti*, é reportado que apresenta pH na faixa de 9,5-11 e o médio posterior próximo de 7 (Terra e Ferreira, 1994). A manutenção do pH é atribuída à presença de bombas de prótons no epitélio intestinal (Filippova *et al.*, 1998) e a alta concentração de íons bicarbonato/carbonato devido à anidrase carbônica (Corena *et al.*, 2002; Corena *et al.*, 2004). Em adultos, foi observado que o pH do intestino médio posterior de *Ae. aegypti* varia de 8,5-9,5 e em *An. gambiae* de 8,0–9,5. De fato, esta é a região onde o sangue é estocado até sua digestão, e onde ocorre a síntese e secreção da membrana peritrófica e das enzimas digestivas e, posteriormente, a absorção dos produtos da digestão (Okuda *et al.*, 2005; Corena *et al.*, 2005).

Nos ensaios do efeito da temperatura sobre o perfil proteolítico das fêmeas, as serina peptidases do tipo tripsinas apresentaram atividade em um amplo espectro de temperatura, sendo ativas de 10 a 50 °C, decaindo a partir daí. De fato, têm sido reportado resultados similares para serinopeptidases de larvas de *Ae. aegypti* (Mesquita- Rodrigues et al., 2011), do díptero *Oestrus ovis*, (Angulo-Valadez et al., 2007), para quimiotripsinas e tripsina de larvas do coleóptero *Tenebrio molitor* (Tsybina et al., 2005; Elpidina et al., 2005). Contudo, foi observado nesta dissertação que as enzimas apresentaram baixa atividade a baixas temperaturas. No caso de *Oestrus ovis* foi observada diminuição na atividade proteolítica em temperaturas mais baixas (30 °C, 20 °C e 10 °C), com o qual foi sugerido que se isto ocorre *in vivo*, a parcial inativação dessas enzimas poderia afetar a degradação do alimento em estágios larvais, o que ajudaria a compreender as baixas taxas de desenvolvimento característica de meses mais frios em climas temperados.

Além das tripsinas que apresentam papel principal na digestão do sangue, as quimiotripsinas também participam deste processo. Em *An. darlingi* e *An. aquasalis* foram descritos dois genes de quimiotripsina relacionados com a digestão de sangue; em *An. aquasalis* a atividade dessas enzimas é observada 24 h após a ingestão de sangue (de Almeida et al., 2003). Em *An. gambiae*, são 3 genes descritos: *Anchym1* e *Anchym2* têm sua transcrição regulada positivamente após alimentação sanguínea (Vizioli et al., 2001), enquanto os níveis de RNAm de *AgChyL* decai entre 12 e 24 h depois da ingestão do sangue e após 48 h é abundante novamente (Shen et al., 2000). Em *Ae. aegypti*, um gene de uma quimiotripsina específica de fêmeas é transcrito após 24 h da metamorfose. Porém a tradução desse gene só ocorre após o repasto sanguíneo, e depois volta a níveis basais (Jiang et al., 1997). Nesta dissertação, nos ensaios de enzimografia e utilizando substrato fluorogênico não foi detectada atividade de quimiotripsina. Contudo, foram identificadas por espectrometria de massas duas quimiotripsinas, *O97097* (quimiotripsina 1) e *T1DNW7* (quimiotripsina 1 putativa), expressas no intestino de fêmeas alimentadas com açúcar. Uma possível explicação para a carência de atividade proteolítica de quimiotripsinas nos ensaios enzimográficos e em solução, pode estar relacionada à expressão de zimogênios dessas enzimas no intestino, isto é, expressão de quimiotripsinas não ativas na condição de alimentação com açúcar. Os zimógenos de quimiotripsinas de *An. gambiae*, *Anchym1* e *Anchym2*, necessitam de ativação trípica para tornarem-se ativas. Porém, *in vitro*, sua exposição prolongada a tripsina pode degradá-las e, por isso, durante o processo de

digestão de sangue, as quimiotripsinas parecem ser degradadas e persistem apenas na forma de zimógenos (Vizioli *et al.*, 2001). Tal mecanismo é diferente das tripsinas (*Antryp1* e *Antryp2*) que são detectadas em 12 h após a ingestão e continuam na sua forma ativada (Muller *et al.*, 1995; Vizioli *et al.*, 2001).

Outras peptidases que também participam do processo de digestão em mosquitos, são as exopeptidases. Em *Ae. aegypti*, foi detectada atividade de aminopeptidase, carboxipeptidase A e carboxipeptidase B, induzidas pela ingestão sanguínea, com picos de atividades entre 20 e 24 h após a ingestão sanguínea (Noriega *et al.*, 2002). Em *An. darlingi* foram observados dois picos de atividade de aminopeptidases, em 36 h e 48 h após o repasto sanguíneo (Okuda *et al.*, 2005), enquanto em *An. stephensi*, as atividades foram detectadas após 30 h (Billingsley *et al.*, 1990). Nesta dissertação, entre as peptidases identificadas no intestino de fêmeas, duas corresponderam a aminopeptidases, aminopeptidase putativa da família M17 (*T1DJI6*) e aminopeptidase putativa (*T1E752*), e uma a carboxipeptidase (*T1DJW1*).

Além da identificação de peptidases por espectrometria de massas, uma peritrofina (um dos componentes da membrana peritrófica) também foi identificada no intestino médio de fêmeas alimentadas com açúcar. Tal identificação sugere que mesmo antes da alimentação sanguínea, as fêmeas já estão preparadas para a digestão do sangue. A proteína peritrofina 1 de *An. gambiae* (*Ag-Aper1*) apresenta um peptídeo sinal para secreção, seguido de dois domínios de quitina separados por um pequeno peptídeo (Devenport *et al.*, 2004). Nesta dissertação, foi identificado a peritrofina1 putativa de *An. aquasalis* (*T1E8R4*). Análise desta sequência utilizando o InterProScan mostrou que esta proteína apresenta o mesmo padrão de domínios da peritrofina *Ag-Aper1*. A expressão de *Ag-Aper1* se inicia apenas um dia após a eclosão do mosquito adulto (Shen e Jacobs-Lorena, 1998), e as proteínas produzidas são armazenadas em vesículas secretoras apicais antes da alimentação sanguínea. Após ingestão do alimento, essas vesículas são secretadas no lúmen do intestino (Devenport *et al.*, 2004). Foi observado que as vesículas secretoras que contém essas proteínas são as mesmas onde estão estocadas as tripsinas (*Antryp1*), o que indica uma via comum de secreção dessas proteínas envolvidas na digestão. A tripsina é armazenada como pró-enzima e logo que ocorre a secreção a enzima é ativada (Devenport *et al.*, 2004). *In vitro* foi observada a auto-ativação da proteína recombinante *Antryp1* (Muller *et al.*, 1995), o que sugere que este processo

pode ocorrer no lúmen do intestino, sendo responsável pela ativação dessas enzimas.

Além da importância no processamento de nutrientes, as peptidases expressas no intestino de Culicídeos também exercem um importante papel na interação com patógenos. No caso da infecção pelo *Plasmodium*, o primeiro obstáculo para a colonização do vetor é justamente o ambiente do intestino médio. A ação de peptidases e fatores imunes é responsável pela diminuição da carga parasitária no intestino. Em anofelinos, diversos trabalhos têm mostrado que peptidases digestivas secretadas após o repasto sanguíneo podem destruir os oocinetos (Gass e Yeates, 1979; Yeates e Steiger, 1981). Também tem sido mostrado que o início precoce da degradação da hemoglobina e a atividade mais elevada de aminopeptidase na cepa refratária Pb3-9 de *An. stephensi* são fatores importantes para a limitação do desenvolvimento do parasito no vetor (Feldmann *et al.* 1990). Contudo, estes resultados parecem ser contraditórios pois foi reportado que cepas de *An. stephensi* e *An. dirus*, suscetíveis e refratárias ao *P. yoelii nigeriensis*, não apresentaram diferenças significativas nas atividades proteolíticas no intestino médio (Jahan *et al.*, 1999; Somboon *et al.*, 2002). A intensidade da atividade de peptidases digestivas em *An. albimanus*, *An. freeborni* e *An. gambiae* também não possui correlação com a suscetibilidade de cada uma dessas espécies à infecção com *P. falciparum*; inclusive os níveis máximos de atividade das aminopeptidase e tripsina coincidiram com as maiores densidades de oocinetos, e por isso, acredita-se que estas peptidases não limitam os estágios iniciais de desenvolvimento do *Plasmodium* (Chege *et al.*, 1996). No caso de *Ae. aegypti*, a atividade tríptica facilita a infecção por dengue vírus (DENV-2), seja através de efeito nutricional, provavelmente de aminoácidos proveniente da digestão do sangue, ou por processamento direto da superfície viral (Molina-Cruz *et al.*, 2005).

Finalmente, com relação ao uso de enzimografia foi possível (i) avaliar a massa molecular aparente das peptidases expressas; (ii) analisar a expressão diferencial de peptidases entre machos e fêmeas e em órgãos específicos; e (iii) observar a expressão de peptidases ativas, *i. e.*, o que está sendo realmente expresso e provavelmente funcional, nas condições utilizadas para os experimentos. Além disso, aliada com a espectrometria de massas, a enzimografia pode ser uma excelente ferramenta para a investigação de peptidases ativas.

Em insetos vetores, o intestino médio é o primeiro local de contato do parasito com o vetor, visto que este é o local onde o sangue fica estocado e ocorre todo

processo de digestão. Assim, a caracterização de proteínas expressas no intestino de fêmeas na condição de alimentação com açúcar pode gerar importante informação que leve à compreensão do papel de diferentes proteínas ou enzimas envolvidas na fisiologia deste tecido, assim como auxiliar na compreensão da interação parasito-hospedeiro, particularmente daqueles patógenos que tem um ciclo de vida que envolve a interação com o intestino de insetos vetores. Desta forma, os tecidos do inseto onde ocorre o desenvolvimento de parasitos têm sido os principais alvos dos estudos proteômicos. Em *An. gambiae* diversos órgãos tal como glândulas salivares e membrana peritrófica, bem como hemolinfa e até mesmo ovos, têm sido analisados usando várias abordagens proteômicas (Kalume *et al.*, 2005; Paskewitz *et al.*, 2005; Choumet *et al.*, 2007; Dinglasan *et al.*, 2009; Amenyah *et al.*, 2010; Parish *et al.*, 2011; Mastrobuoni *et al.*, 2013). Subproteomas de órgãos e de sêmen de *Ae. aegypti* (Beyenbach *et al.*, 2009; Popova-Butler *et al.*, 2009; Wasinpiyamongkol *et al.*, 2010; Sirot *et al.*, 2011), de intestino de *Ae. albopictus* (Saboia-Vahia *et al.*, 2012) e de *Cx. quinquefasciatus* (Ribeiro *et al.*, 2004), também foram caracterizados. Além disso, trabalhos têm mostrado que a interação com patógenos pode alterar a expressão protéica do vetor, como por exemplo no caso de *Plasmodium berghei* que altera a expressão de proteínas na cabeça de *An. gambiae* (Lefevre *et al.*, 2007). Além disso, outros trabalhos tem reportado a identificação de proteínas diferencialmente expressas durante a interação com patógenos: em intestinos de *An. albimanus* infectados com *P. berghei* (Serrano-Pinto *et al.*, 2010); em glândula salivar, intestino e células C6/36 de *Ae. albopictus* infectados com o vírus da dengue (DENV-2) (Zhang *et al.*, 2013); em intestino de *Ae. aegypti* infectado com o vírus da dengue (DENV-2) e com chikungunya (CHIKV) (Tchankouo-Nguetcheu *et al.*, 2010); em larvas de *Ae. aegypti* após infecção com o microsporídeo parasita, *Vavraia culicis* (Biron *et al.*, 2005) e após infecções ou coinfeições com *Edhazardia aedis* e *Vavraia culicis* (Ducan *et al.*, 2012).

Para análises proteômicas da expressão de proteínas no intestino de *An. aquasalis* foi utilizada uma base de dados de “Culicidae” baixada de UniProt. Em relação ao organismo de estudo, além de sequências identificadas por estudos de proteínas e genes, está disponível o transcriptoma depositado no banco de dados do EMBL/GenBank/DDBJ (“Transcriptome sequencing and developmental regulation of gene expression in *Anopheles aquasalis*”). Na abordagem por PSM, é imprescindível, para as identificações, contar com um banco de dados contendo as sequências do organismo de estudo. No estudo de Ubaida e colaboradores (2012)

foram obtidos dados de transcriptoma para auxiliar na identificação de proteínas de *An. albimanus* (o qual não possui o genoma seqüenciado) e comparar com as proteínas de *An. gambiae* expressas nas microvilosidades das células colunares intestinais, local que os oocinetos interagem para invadir o epitélio intestinal. O objetivo, nesse caso, foi compreender como a divergência evolutiva no gênero pode influenciar a interação com as espécies de *Plasmodium*. Desta forma, nesta dissertação foi fundamental contar com o transcriptoma de *An. aquasalis* para realizar as identificações proteômicas. Além disso, uma vez que os dados de transcriptoma podem não contemplar todos os genes expressos pelo mosquito, foi realizada também uma análise de seqüenciamento “de novo” para identificar proteínas que não estão depositadas nas bases de dados da espécie em estudo. Esta análise por seqüenciamento “de novo” contribuiu com mais 8 proteínas além das 129 identificadas por PSM. É importante ressaltar que as duas abordagens podem ser utilizadas de maneira complementar para uma identificação mais completa das proteínas de amostras biológicas. Posteriormente, as proteínas identificadas no intestino foram classificadas por ontologia no GO, de acordo com o processo biológico e função molecular. Os principais grupos de função molecular são moléculas de ligação, atividade estrutural, de transporte e de oxirredutase. 48% das proteínas estão envolvidas em processos de metabolismo primário, o que indica que é um tecido em constante remodelação. O metabolismo de aminoácidos, por exemplo, é essencial para o “turnover” de proteínas estruturais. Além das funções de digestão, o intestino médio é responsável pela absorção dos produtos de digestão, o que poderia explicar o número expressivo de proteínas de ligação e de transporte identificadas por espectrometria de massas. Como o final da digestão de açúcar também ocorre principalmente na porção anterior do intestino médio, a absorção do mesmo ocorre nesta região do tecido, e as proteínas de ligação aos derivados de carboidratos estariam envolvidas neste processo (Billingsley e Hecker, 1991). Proteínas com atividade oxidoreductase são importantes na detoxificação de espécies reativas de oxigênio. Em estudos anteriores foram observados transcritos de diversas enzimas que participam do metabolismo redox e da detoxificação após o repasto sanguíneo, grande parte destes está presente no intestino de fêmeas alimentadas com açúcar e são regulados positivamente após a ingestão do sangue e quando ocorre infecção (Patil *et al.*, 2009). Durante o repasto sanguíneo, a lise de hemoglobinas gera grandes quantidades de heme, que são moléculas tóxicas e podem agir como pró-oxidantes gerando radicais livres. Os mosquitos podem

agregar o heme junto à matriz peritrófica (Devenport *et al.*, 2006), e ainda equilibrar o desbalanço redox através de enzimas e moléculas antioxidantes (Graca-Souza *et al.*, 2006).

Em relação aos fatores imunes, os peptídeos antimicrobianos são principalmente produzidos pelo corpo gorduroso após exposição às bactérias, mas também por outros tecidos como intestino médio e as glândulas salivares depois da invasão por parasitas da malária (Richman *et al.*, 1997; Tzou *et al.*, 2000). O aumento da expressão de genes de defensina em intestino está relacionado com a invasão do epitélio pelo *Plasmodium*, porém níveis basais são detectados em insetos não infectados (Richman *et al.*, 1997). Nesta dissertação, entre as proteínas identificadas no intestino de fêmeas, foi observada uma defensina putativa (*T1E7R2*), cuja expressão pode corresponder aos níveis basais mencionados acima.

A análise proteômica do sistema reprodutor de fêmeas foi realizada para caracterizar molecularmente esse tecido. Cerca da metade (48%) das proteínas está relacionada à função de ligação, e 62% estão envolvidas em processos metabólicos (62%), o que demonstra que nesta idade (3-5 dias) há um grande investimento na formação deste tecido e o início do desenvolvimento de ovos. Em espécies anautógenas é necessário o repasto sanguíneo para maturação dos ovos e sua posterior oviposição. Após o repasto sanguíneo, os aminoácidos provenientes da digestão serão utilizados para a formação de proteínas que serão direcionadas para os ovários. Porém, reservas energéticas podem provir dos estágios larvais, e podem ser complementadas pela ingestão de açúcar e sangue na fase adulta. As proteínas relacionadas a ovogênese, identificadas em *An. aquasalis*, podem estar associadas a essa grande quantidade de reservas nutricionais que mosquitos mantidos em laboratório apresentam. Este fenômeno já foi observado em *Ae. albopictus*, que é uma espécie naturalmente anautógena, embora possa apresentar comportamento autógeno em condições de laboratório (Fernandez e Forattini, 2003).

A ovogênese é um processo que ocorre nos ovários e envolve uma alocação de recursos muito grande para que reservas nutricionais sejam depositadas no vitelo e contribuam para o desenvolvimento dos ovos. Os nutrientes são principalmente proteínas e lipídeos e uma pequena quantidade de carboidratos, vitaminas e minerais (Yamashita e Indrasith, 1988). Os lipídeos são importantes como fonte de energia e para formação de membranas durante o desenvolvimento embrionário. Nesta dissertação foram identificadas duas proteínas LSD (“lipid storage droplets”), *T1E741* e *T1DN47*, que estão relacionadas com a estocagem de lipídeos. O gene de

Lsd-2 de *D. melanogaster* é expresso no corpo gorduroso e ovários durante a ovogênese (Teixeira *et al.*, 2003). As proteínas são reservas de aminoácidos para o embrião. A principal proteína é a vitelogenina, sintetizada no corpo gorduroso e transportada pela hemolinfa para os ovários. Foram identificadas aqui, 3 vitelogeninas de *An. aquasalis* (*T1DJZ1*, *T1E7K3*, *T1DPP3*). Nos ovários, a vitelogenina é absorvida por pinocitose através de receptores específicos na superfície dos ovócitos. Os receptores de vitelogenina, estudados em *Ae. aegypti*, são encontrados somente nos ovários e apresentam peso molecular entre 180 e 214 kDa (Sappington *et al.*, 1996). A análise de espectrometria de massas realizada nesta dissertação, permitiu a identificação de um fragmento de receptor de vitelogenina de *An. aquasalis* (*T1E9W2*), cuja massa molecular é de 156 kDa. Em *Ae. aegypti*, após 72 h pós-emergência da fêmea adulta, os folículos encontram-se no período de pré-vitelogênese, sendo que a vitelogênese ocorre após o repasto sanguíneo em mosquitos (Clements, 1992). Em *D. melanogaster*, foi mostrado que durante o período pré-vitelogênico o gene *yl*, um receptor de vitelogenina, é expresso e está distribuído uniformemente em todo o oócito e a passagem da *Drosophila* para o estágio de vitelogênese promove uma redistribuição desse receptor, principalmente para a região do córtex do oócito (Schonbaum *et al.*, 2000). Dentre as proteínas não vitelínicas, proteínas relacionadas ao transporte e acúmulo do ferro estão presentes no ovário dos mosquitos. Com relação a essas proteínas, foram identificadas aqui, uma transferrina (*T1DPR8*) e uma ferritina (*T1DH45*). Também foram identificadas proteínas que exercem funções no desenvolvimento embrionário (*T1EAM6*, *T1DHL3*, *T1DKD0*, *T1EAT6*, *T1EAD2*, *T1EAY2*). Dentre estas, *T1DKD0*, apresenta função no desenvolvimento dos eixos embrionários, evento essencial para distribuição dos órgãos e segmentos que serão formados nos adultos.

Entre as peptidases identificadas em gônadas, o principal grupo foi o de aminopeptidases (*T1E752*, *T1DRF7*, *T1E9Y7*, *T1DPD1*, *T1DQB4*, *E3X733*), contudo, também foram identificadas carboxipeptidases (*T1DKV5*), metaloexopeptidases (*T1DNF9*, *T1DP25*), cisteína peptidases (*T1DG66*) e uma tripsina (*BOWIS0*), provavelmente relacionada com a ligação de um aminoácido ao RNAt.

Por fim, nesta dissertação, a caracterização proteômica revelou para o intestino (i) a presença de várias serina peptidases do tipo tripsina, corroborando a expressão e atividade das enzimas observadas na enzimografia; (ii) a expressão de vários genes codificantes para quimiotripsina, embora a sua atividade não tenha sido

detectada pela enzimografia; e para as gônadas (iii) proteínas associadas à vitelogênese; e (iv) a expressão massiva de proteínas implicadas na preparação do tecido para reprodução. Finalmente, até o presente, esta é a primeira caracterização abrangente da atividade proteolítica de machos e fêmeas de *An. aquasalis* bem como a primeira caracterização proteômica do intestino e gônadas de fêmeas desta espécie alimentadas com açúcar. Os resultados obtidos neste trabalho além de fornecerem informações sobre a localização tecidual de proteínas no mosquito e abrirem diversas vias de estudo da biologia e fisiologia deste vetor, contribuem também para a anotação funcional do genoma desta espécie, visto tratar-se de uma espécie com genoma ainda não concluído.

6. CONCLUSÕES

6.1 O perfil proteolítico de intestino de fêmeas de *An. Aquasalis*, alimentadas com açúcar, é composto de 7 bandas principais variando entre 17 e 225 kDa, enquanto nos machos esse perfil é composto de pelo menos 9 bandas principais, variando entre 17 e 225 kDa.

6.2 O perfil proteolítico completo, nas condições testadas, de intestino de fêmeas de *An. aquasalis*, alimentadas com açúcar, pode ser detectadas com 2 horas de reação, enquanto o intestino de machos cerca de 12 horas.

6.3 Há diferenças qualitativas e quantitativas entre os perfis proteolíticos de machos e fêmeas, as quais podem estar relacionadas com a expressão diferencial de isoformas das peptidases.

6.4 O perfil proteolítico de intestino de *An. Aquasalis*, alimentados com açúcar, é composto, principalmente, de serina peptidases do tipo tripsina.

6.5 As peptidases de intestino desta espécie são ativas em uma ampla faixa de pH (3,5 - 10), apresentando maiores atividades em pH alcalino (7,5 - 10).

6.6 As peptidases de intestino de fêmeas de *An. Aquasalis*, alimentadas com açúcar, apresentam ampla estabilidade térmica, sendo ativas entre 10°C – 80°C, com maior atividade entre 37 °C – 50 °C.

6.7 Serina peptidases do tipo tripsina foram identificadas, por espectrometria de massas, no intestino de fêmeas de *An. aquasalis* alimentadas com açúcar, corroborando a expressão, naquele órgão, das enzimas observadas na enzimografia e nos ensaios com substrato fluorogênico.

6.8 Serina peptidases do tipo quimiotripsina foram identificadas, por espectrometria de massas, no intestino de fêmeas de *An. aquasalis* alimentadas com açúcar, embora a sua atividade não tenha sido detectada na enzimografia e nos ensaios com substrato fluorogênico.

6.9 A análise das proteínas de intestino isolados de fêmeas de *An. aquasalis* alimentadas com açúcar, permitiu identificar 137 proteínas, relacionadas, principalmente, com funções de ligação, estrutural e hidrolíticas.

6.10 A análise proteômica com pré-fracionamento em 1D de gônadas isoladas de fêmeas de *An. aquasalis* alimentadas com açúcar demonstrou a expressão de 995 proteínas relacionadas à diferentes processos biológicos, dentre estes, proteínas associadas à vitelogenese e formação do embrião.

7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Arensburger P, Atkinson PW *et al.* 2010. Sequencing of *Culex quinquefasciatus* establishes a platform for mosquito comparative genomics. *Science*. 330: 86-88.

Amenya DA, Chou W, Li J, Yan G, Gershon PD, James AA, Marinotti O. 2010. Proteomics reveals novel components of the *Anopheles gambiae* eggshell. *J Insect Physiol*. 56: 1414-1419.

Angulo-Valadez CE, Cepeda-Palacios R, Ascencio F, Jacquiet P, Dorchies P, Romero MJ, Khelifa RM. 2007. Proteolytic activity in salivary gland products of sheep bot fly (*Oestrus ovis*) larvae. *Vet Parasitol*. 149: 117-125.

Attardo GM, Hansen IA, Raikhel AS. 2005. Nutritional regulation of vitellogenesis in mosquitoes: implications for anautogeny. *Insect Biochem and Mol Biology*. 35: 661-675.

Barrett AJ, Rawlings ND, Woessner J.F. 2004. *Handbook of Proteolytic Enzymes*, 2nd edition, Academic Press, London.

Bartholomay LC, Fuchs JF, Cheng LL, Beck ET, Vizioli J, Lowenberger C, Christensen BM. 2004. Reassessing the role of defensin in the innate immune response of the mosquito, *Aedes aegypti*. *Insect Mol. Biol*. 13: 125-132.

Berti J, Zimmerman R, Amarista J. 1993. Adult abundance, biting behavior and parity of *Anopheles aquasalis*, Curry 1932 in two malarious areas of Sucre State, Venezuela. *Mem Inst Oswaldo Cruz*. 88: 363-369.

Beyenbach KW, Baumgart S, Lau K, Piermarini PM, Zhang S. 2009. Signaling to the apical membrane and to the paracellular pathway: changes in the cytosolic proteome of *Aedes* Malpighian tubules. *J Exp Biol*. 212: 329–340.

Billingsley PF. 1990. Blood digestion in the mosquito, *Anopheles stephensi* Liston (Diptera: Culicidae): partial characterization and post-feeding activity of midgut aminopeptidases. *Archives of Insect Biochemistry and Physiology*. 15: 149–163.

- Billingsley PF, Hecker H. 1991. Blood digestion in the mosquito, *Anopheles stephensi* Liston (Diptera:Culicidae): activity and distribution of trypsin, aminopeptidases and alfa-glicosidase in the midgut. J. Med. Entomol. 28: 865-871.
- Biron DG, Agnew P, Marche L, Renault L, Sidobre C, Michalakis Y. 2005. Proteome of *Aedes aegypti* larvae in response to infection by the intracellular parasite *Vavraia culicis*. Int. J. Parasitol. 5: 1-13.
- Blow DM. 1997. The tortuous story of Asp.His.Ser: structural analysis of [alpha]-chymotrypsin. Trends in Biochemical Sciences. 22: 405–408.
- Borges-Veloso A, Saboia-Vahia L, Cuervo P, Pires RC, Britto C, Fernandes N, d'Avila-Levy CM, De Jesus JB. 2012. Proteolytic profiling and comparative analyses of active trypsin-like serine peptidases in preimaginal stages of *Culex quinquefasciatus*. Parasites and Vectors. 5: 123-133.
- Brandon MC, Pennington JE, Isoe J, Zamora J, Schillinger AS, Miesfeld RL. 2008. TOR signaling is required for amino acid stimulation of early trypsin protein synthesis in the midgut of *Aedes aegypti* mosquitoes. Insect Biochem and Mol Biol. 38: 916–922.
- Caroci AS, Calvo E, Ribolla PE, De Biachi AG, Marinotti O. 2003. Two digestive trypsins occur in three species of neotropical anophelines. J. Med. Entomol. 40: 991-995.
- Chaerkady R, Kelkar DS, Muthusamy B, Kandasamy K, Dwivedi SB, Sahasrabudhe NA, et al. 2011. A proteogenomic analysis of *Anopheles gambiae* using high-resolution Fourier transform mass spectrometry. Genome Res. 21: 1872-1881.
- Chait BT. 2006. Mass spectrometry: bottom-up or topdown? Science. 314: 65-66.
- Chege GMM, Pumpuni CB, Beier JC. 1996. Proteolytic enzyme activity and *Plasmodium falciparum* sporogonic development in three species of *Anopheles* mosquitoes. J Parasitol. 82: 11-16.

Choumet V, Carmi-Leroy A, Laurent C, Lenormand P, Rousselle JC, Namane A, Roth C, Brey PT. 2007. The salivary glands and saliva of *Anopheles gambiae* as an essential step in the *Plasmodium* life cycle: a global proteomic study. *Proteomics*. 7: 3384-3394.

Christophides GK, Zdobnov E, Barillas C, Blandin S, Blass C, Brey PT, *et al.* 2002. Immunity related genes and gene families in *Anopheles gambiae*: A comparative genomic analysis. *Science*. 298: 159-165.

Clements, AN. Development, Nutrition and Reproduction. 1992. *The Biology of Mosquitoes*. London, Chapman & Hall, 509pp.

Clements AN. 1963. The physiology of mosquitoes. International Series of Monographson pure and applied biology. The Macmillan Company - NY, 393 pp.

Consoli RAGB, Lourenço-de-Oliveira RL. 1994. Principais mosquitos de importância sanitária no Brasil. 2a. ed. Rio de Janeiro: Fiocruz Editora, 226pp.

Corena MDP, VanEkeris L, Salazar MI, Bowers D, Fiedler MM, *et al.* 2005. Carbonic anhydrase in the adult mosquito midgut. *J Exp Biol*. 208: 3263–3273.

Corena MDP, Fiedler MM, VanEkeris L, Tu CK, Silverman DN, Linser PJ. 2004. Alkalization of larval mosquito midgut and the role of carbonic anhydrase in different species of mosquitoes. *Comp. Biochem. Physiol*. 137: 207-225.

Corena MDP, Seron TJ, Lehman HK, Ochrietor JD, Kohn A, Tu, CK, Linser, PJ. 2002. Carbonic anhydrase in the midgut of larval *Aedes aegypti*: cloning, localization and inhibition. *J. Exp. Biol*. 205: 591 -602.

Cox F. 2010. History of the discovery of the malaria parasites and their vectors. *Parasit Vectors*. 3: 5-13.

Cuervo P, De Jesus JB, Saboia-Vahia L, Mendonça-Lima L, Domont GB, Cupolillo E. 2009. Proteomic characterization of the released/secreted proteins of *Leishmania* (*Viannia*) *braziliensis* promastigotes. *J Proteomics*. 73: 79-92.

Cuervo P, Mesquita-Rodrigues C, D'Avila Levy CM, Britto C, Pires FA, Gredilha R, Alves CR, Jesus JB. 2008. Serine protease activities in *Oxysarcodexia thornax* (Walker) (Diptera: Sarcophagidae) first instar larva. Mem Inst Oswaldo Cruz. 103: 504-506.

de Almeida RW, Tovar FJ, Ferreira II, Leoncini O. 2003. Chymotrypsin genes in the malaria mosquitoes *Anopheles aquasalis* and *Anopheles darlingi*. Insect Biochemistry and Molecular Biology. 33: 307–315.

De Jesus JB, Cuervo P, Britto C, Sabóia-Vahia L, Silva-Filho FC, Borges-Veloso A, Petrópolis DB, Cupolillo E, Domont GB. 2009. Cysteine peptidase expression in *Trichomonas vaginalis* isolates displaying high and low virulence phenotypes. J Proteome Res. 8: 1555-1564.

Deane LM; Causey OR, Deane MP. 1948. Notas sobre a distribuição e a biologia dos anofelinos das Regiões Nordeste e Amazônica do Brasil. Rev. Serv. Esp. Saúde Públ. 1: 827-966.

Devenport M, Fujioka H, Jacobs-Lorena M. 2004. Storage and secretion of the peritrophic matrix protein Ag-Aper1 and trypsin in the midgut of *Anopheles gambiae*. Insect Mol Biol. 13: 349–358.

Di Cera E. 2009. Serine proteases. IUBMB Life. 61: 510–515.

Dinglasan RR, Devenport M, Florens L, Johnson JR, McHugh CA, Donnelly- Doman M, Carucci DJ, Yates JR 3rd, Jacobs-Lorena M. 2009. The *Anopheles gambiae* adult midgut peritrophic matrix proteome. Insect Biochem Mol Biol. 39: 125-134.

Duncan AB, Agnew P, Noel V, Demettre E, Seveno M, Brizard JP, Michalakis Y. 2012. Proteome of *Aedes aegypti* in response to infection and coinfection with microsporidian parasites. Ecology and Evolution. 2: 681–694.

- Edwards MJ, Jacobs-Lorena M. 2000. Permeability and disruption of the peritrophic matrix and caecal membrane from *Aedes aegypti* and *Anopheles gambiae* mosquito larvae. *J Insect Physiol.* 46: 1313-1320.
- Elpidina EN, Tsybina TA, Dunaevsky YE, Belozersky MA, Zhuzhikov DP, Oppert B. 2005. A chymotrypsin-like proteinase from the midgut of *Tenebrio molitor* larvae. *Biochimie*; 87: 771-779.
- Fazito-do-Vale V, Pereira MH, Gontijo NF. 2007. Midgut pH profile and digestion in the larvae of *Lutzomyia longipalpis* (Diptera: Psychodidae). *J Insect Physiol.* 53: 1151-1159.
- Feldmann AM, Billingsley PF, Savelkoul E. 1990. Bloodmeal digestion by strains of *Anopheles stephensi* Liston (Diptera: Culicidae) of differing susceptibility to *Plasmodium falciparum*. *Parasitology.* 101: 193-200.
- Felix CR, Betschart B, Billingsley PF, Freyvogel, TA. 1991. Post-feeding induction of trypsin in the midgut of *Aedes aegypti* L. (Diptera, Culicidae) is separable into 2 cellular phases. *Insect Biochemistry.* 21: 197–203.
- Fernandez Z, Forattini OP. 2003. Sobrevivência de populações de *Aedes albopictus*; idade fisiológica e história reprodutiva. *Rev Saúde Pública.* 37: 285-291.
- Filippova M, Ross LS, Gill SS. 1998. Cloning of the V-ATPase B subunit cDNA from *Culex quinquefasciatus* and expression of the B and C subunits in mosquitoes. *Insect Molecular Biology.* 7: 223-232.
- Flores-Mendoza C, Cunha RA, Rocha DS, Lourenco-de-Oliveira R. 1996. Determinação das fontes alimentares de *Anopheles aquasalis* (Diptera: Culicidae) no Estado do Rio de Janeiro, Brasil, pelo teste de precipitina. *Rev Saude Publica.* 30: 129-134.
- Forattini OP. 2002. *Culicidologia Médica.* São Paulo, EDUSP. 860p

Gass RF, Yeates RA. 1979. In vitro damage of cultured ookinetes of *Plasmodium gallinaceum* by digestive proteinases from susceptible *Aedes aegypti*. *Acta Trop.* 36: 243–252.

Giannoni F, Muller HM, Vizioli J, Catteruccia F, Kafatos FC, Crisanti A. 2001. Nuclear factors bind to a conserved DNA element that modulates transcription of *Anopheles gambiae* trypsin genes. *The Journal of Biological Chemistry.* 276: 700–707.

Gorman MJ, Paskewitz SM. 2001. Serine proteases as mediators of mosquito immune responses. *Insect Biochem Mol Biol.* 31: 257–262.

Graca-Souza AV, Maya-Monteiro C, Paiva-Silva GO, Braz GRC, Paes MC, Sorgine MHF, Oliveira MF, Oliveira PL. 2006. Adaptations against heme toxicity in blood-feeding arthropods. *Insect Biochem Mol Biol.* 36: 322-335.

Harbach RE. 2013. The Phylogeny and Classification of Anopheles Book Article Anopheles mosquitoes - New insights into malaria vectors. <http://www.intechopen.com/books/export/citation/EndNote/anophelesmosquitoes-new-insights-into-malaria-vectors/the-phylogeny-and-classification-of-anopheles>

Harbach,R.E. 2013. Culicidae. Mosquito Taxonomic Inventory <http://mosquito-taxonomic-inventory.info/simpletaxonomy/term/6045>, acessado em 5 de janeiro de 2014.

Harbach,R.E. 2013. Culicidae. Mosquito Taxonomic Inventory <http://mosquito-taxonomic-inventory.info/simpletaxonomy/term/6047>, acessado em 5 de janeiro de 2014.

Hebert AS, Richards AL, Bailey DJ, Ulbrich A, Coughlin EE, Westphall MS, Coon JJ. 2014. The one hour yeast proteome. *Mol Cell Proteomics.* 13: 339-47.

Hecker H. 1977. Structure and function of midgut epithelial cells in culicidae mosquitoes (Insecta, diptera). *Cell Tissue Res.* 184: 321–341.

- Hedstrom L. 2002. Serine protease mechanism and specificity. *Chem. Rev.* 102: 4501–4524.
- Holt RA, Subramanian GM, Halpern A, *et al.* 2002. The genome sequence of the malaria mosquito *Anopheles gambiae*. *Science.* 298:129–149.
- Horler E, Briegel H. 1995 Proteolytic enzymes of female *Anopheles*: biphasic synthesis, regulation and multiple feeding. *Arch. Insect Biochem. Physiol.* 28: 189-205.
- Hu Q, Noll RJ, Li H, Makarov A, Hardman M, Graham Cooks R. The orbitrap: a new mass spectrometer. *J Mass Spectrom.* 2005. 40: 430–443.
- Huber M, Cabib E, Miller LH. 1991. Malaria parasite chitinase and penetration of the mosquito peritrophic membrane. *Proc Natl Acad Sci USA.* 88: 2807–2810.
- Hunter DM. 1977. Sugar-feeding in some Queensland black flies. *J. Med. Entomol.* 14: 229-232.
- Jahan N, Docherty PT, Billingsley PF, Hurd H. 1999. Blood digestion in the mosquito, *Anopheles stephensi*: the effects of *Plasmodium yoelii nigeriensis* on midgut enzyme activities. *Parasitology.* 119: 535-41.
- Jiang Q, Hall M, Noriega FG, Wells M. 1997. cDNA cloning and pattern of expression of an adult, female specific chymotrypsin from *Aedes aegypti* midgut. *Insect Biochem Mol Biol.* 27: 283–289.
- Junqueira M, Carvalho PC. 2012. Tools and challenges for diversity-driven proteomics in Brazil. *Proteomics.* 12: 2601–2606.
- Kalume DE, Okulate M, Zhong J, Reddy R, Suresh S, Deshpande N, Kumar N, Pandey A. 2005. A proteomic analysis of salivary glands of female *Anopheles gambiae* mosquito. *Proteomics.* 5: 3765-3777.

- Kalume DE, Peri S, Reddy R, Zhong J, Okulue M, Kumar N, Pandey A. 2005. Genome annotation of *Anopheles gambiae* using mass spectrometry-derived data. *BMC Genomics*. 6: 128-138
- Lefevre T, Thomas F, Schwartz A, Levashina E, Blandin S, Brizard JP, Le Bourligu L, Demetere E., Renaud F, Biron DG. 2007. Malaria *Plasmodium* agent induces alteration in the head proteome of their *Anopheles* mosquito host. *Proteomics*. 7: 1908-1915.
- Lehane MJ. 1997. Peritrophic matrix structure and function. *Annu. Rev. Entomol.* 42: 535-550.
- Lemos FJA, Cornel AJ, Jacobs-Lorena M. 1996. Trypsin and aminopeptidase gene expression is affected by age and food composition in *Anopheles gambiae*. *Insect Biochem Mol Biol.* 26: 651–658.
- Lockwood BC, North MJ, Scott KI, Bremner AF, Coombs GH. 1987. The use of a highly sensitive electrophoretic method to compare the proteinases of trichomonads. *Mol Biochem Parasitol.* 24:89–95.
- Mancini E, Tammaro F, Baldini F, Via A, Raimondo D, George P, Audisio P, Sharakhov IV, Tramontano A, Catteruccia F, Della Torre A. 2011. Molecular evolution of a gene cluster of serine proteases expressed in the *Anopheles gambiae* female reproductive tract. *BMC Evol Biol.* 11: 72-89.
- Marinotti O, James AA. 1990. An alfa-glucosidase in the salivary gland of the vector mosquito *Aedes aegypti*. *Insect Biochem.* 20: 619-623.
- Marinotti O, Brito M, Moreira CK. 1996. Apyrase alfa-glucosidase in the salivary glands of *Aedes albopictus*. *Comp. Biochem. Physiol.* 113: 657-679.
- Marinotti O, *et al.* 2013. The Genome of *Anopheles darlingi*, the main neotropical malaria vector. *Nucleic Acids Res.* 41: 7387–7400

- Mastrobuoni G, Qiao H, Iovinella I, Sagona S, Niccolini A, *et al.* 2013. A Proteomic Investigation of Soluble Olfactory Proteins in *Anopheles gambiae*. PLoS One. 8: e75162.
- Mesquita-Rodrigues, C. Saboia-Vahia, L. Cuervo, P. Levy, CM. Honório, NA. Domont, GB. Jesus, JB. 2011. Expression of trypsin-like serine peptidases in pre-imaginal stages of *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae). Arch Insect Biochem Physiol. 76: 223-235.
- Molina-Cruz A, Gupta L, Richardson J, Bennett K, Black Wt, *et al.* 2005. Effect of mosquito midgut trypsin activity on dengue-2 virus infection and dissemination in *Aedes aegypti*. Am J Trop Med Hyg. 72: 631–637.
- Motta FN, Bastos IM, Faudry E, Ebel C, Lima MM, *et al.* 2012. The Trypanosoma cruzi virulence factor oligopeptidase B (OPBTc) assembles into an active and stable dimer. PloS one. 7: e30431.
- Muller HM, Crampton JM, della Torre A, Sinden R, Crisanti A. 1993. Members of a trypsin gene family in *Anopheles gambiae* are induced in the gut by blood meal. EMBO J. 12: 2891–2900.
- Muller HM, Catteruccia F., Vizioli J, della Torre A., Crisanti A. 1995. Constitutive and blood meal-induced trypsin genes in *Anopheles gambiae*. Exp. Parasitol. 81: 371-385.
- Nauen, R. Sorge, D. Sterner, A. Borovsky, D. 2001. TMOF-like factor controls the biosynthesis of serine proteases in the larval gut of *Heliothis virescens*. Arch Insect Biochem Physiol. 47: 169-180.
- Neafsey DE, Christophides GK, Collins FH, Emrich SJ, Fontaine MC, *et al.* 2013. The evolution of the *Anopheles* 16 genomes project. 3: 1191-1194.
- Nene V, Wortman JR, Lawson D, *et al.* 2007. Genome sequence of *Aedes aegypti*, a major arbovirus vector. Science. 316: 1718–1723.

- Noriega FG, Wells MA. 1999. A molecular view of trypsin synthesis in the midgut of *Aedes aegypti*. *J Insect Physiol.* 45: 613–620.
- Noriega, FG, Edgar, KA, Bechet, R, Wells, MA. 2002. Midgut exopeptidase activities in *Aedes aegypti* are induced by blood feeding. *J. Insect Physiol.* 48: 205–212.
- Noriega FG, Pennington JE, Barillas-Mury C, Wang X., Wells MA, 1996. Early trypsin, an *Aedes aegypti* female specific protease, is post-transcriptionally regulated by the blood meal. *Insect Molecular Biology.* 5: 25–29.
- Okuda K., Caroci AS, Ribolla PE, Marinotti O, de Bianchi AG, Bijovsky AT. 2005. Morphological and enzymatic analysis of the midgut of *Anopheles darlingi* during blood digestion. *J. Insect Physiol.* 51: 769–776.
- Oliveira-Ferreira J, Lacerda MVG, Brasil P, Ladislau JLB, Tauil PL, Daniel- Ribeiro CT. 2010. Malaria in Brazil: an overview. *Malar J.* 9: 115-129.
- Page MJ, Di Cera E. 2008. Evolution of peptidase diversity. *J. Biol. Chem.* 283: 30010–30014.
- Parish LA, Colquhoun DR, Ubaida Mohien C, Lyashkov AE, Graham DR, *et al.* 2011. Ookinete-interacting proteins on the microvillar surface are partitioned into detergent resistant membranes of *Anopheles gambiae* midguts. *J Proteome Res.* 10: 5150–5162.
- Paskewitz SM, Shi L. 2005. The hemolymph proteome of *Anopheles gambiae*. *Insect Biochem Mol Biol.* 35: 815-824.
- Paskewitz SM, Brown MR, Lea AO, Collins FH. 1988. Ultrastructure of the encapsulation of *Plasmodium cynomolgi* (B strain) on the midgut of a refractory strain of *Anopheles gambiae*. *J. Parasitol.* 74: 432–439.
- Patil DP, *et al.* 2009 Generation, annotation, and analysis of ESTs from midgut tissue of adult female *Anopheles stephensi* mosquitoes. *BMC Genomics.* 10: 386-397.

- Popova-Butler A, Dean DH. 2009. Proteomic analysis of the mosquito *Aedes aegypti* midgut brush border membrane vesicles. *J Insect Physiol.* 55: 264–272.
- Rawlings ND, Barrett AJ, Bateman A. 2012. MEROPS: the database of proteolytic enzymes, their substrates and inhibitors. *Nucleic Acids Res.* 40: 343-350.
- Ribeiro JM, Charlab R, Pham VM, Garfield M, Valenzuela JG . 2004. An insight into the salivary transcriptome and proteome of the adult female mosquito *Culex pipiens quinquefasciatus*. *Insect Biochem Mol Biol.* 34: 543–563.
- Ribeiro AF, Ferreira C, Terra WR. 1990. Morphological basis of insect digestion. *J Mellinger, Animal Nutrition and Transport Processes.* Karger, Basel, p. 96-105.
- Richman AM, Dimopoulos G, Seeley D, Kafatos FC. 1997. Plasmodium activates the innate immune response of *Anopheles gambiae* mosquitoes. *EMBO J.* 16: 6114-6119.
- Rogers DW, Whitten MM, Thailayil J, Soichot J, Levashina EA, Catteruccia F. 2008. Molecular and cellular components of the mating machinery in *Anopheles gambiae* females. *Proc Natl Acad Sci USA.* 105: 19390-19395.
- Romoser WS. 1996. The vector alimentary system. BJ Beaty, WC Marquardt. *The Biology of Disease Vectors.* 1a. edição. Colorado: University.
- Saboia-Vahia L, Borges-Veloso A, Mesquita-Rodrigues C, Cuervo P, Lopes GD, Britto C, Silva AP, De Jesus JB. 2013. Trypsin-like serine peptidase profiles in the egg, larval, and pupal stages of *Aedes albopictus*. *Parasites & Vectors.* 6: 50-60
- Saboia-Vahia, Leonardo , Borges-Veloso A, Cuervo P, Junqueira M, Mesquita-Rodrigues C, Britto C, Domont GB, De Jesus JB. 2012. Protein expression in the midgut of sugar-fed *Aedes albopictus* females. *Parasites & Vectors.* 5: 290- 314.
- Sappington TW, Kokoza VA, Cho WL, Raikhel, AS. 1996. Molecular characterization of the mosquito vitellogenin receptor reveals unexpected high homology to the *Drosophila* yolk protein receptor. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 93: 8934–8939.

Shahabuddin M, Lemos FJA, Kaslow DC, Jacobs-Lorena M. 1996. Antibody-mediated inhibition of *Aedes aegypti* midgut trypsins blocks sporogonic development of *Plasmodium gallinaceum*. *Infect Immun*. 64: 739-743.

Schonbaum CP, Perrino JJ, Mahowald AP. 2000. Regulation of the vitellogenin receptor during *Drosophila melanogaster* oogenesis. *Mol. Biol. Cell*. 11: 511–521.

Shen Z, Edwards MJ, Jacobs-Lorena M. 2000. A gut-specific serine protease from the malaria vector *Anopheles gambiae* is downregulated after blood ingestion. *Insect Mol Biol*. 9: 223-229.

Shen Z, Jacobs-Lorena M. 1998. A type I peritrophic matrix protein from the malaria vector *Anopheles gambiae* binds to chitin. Cloning, expression, and characterization. *J Biol Chem*. 273: 17665–17670.

Shiao SH, Higgs S, Adelman Z, Christensen BM. 2001. Effect of prophenoloxidase expression knockout on the melanization of microfilariae in the mosquito *Armigeres subalbatus*. *Insect Mol. Biol*. 10: 315–321.

Sinka ME, Rubio-Palis Y, Manguin S, Patil AP, Temperley WH, Gething PW, Boeckel TV, Kabaria CW, Harbach RE, Hay SI. 2010. The dominant *Anopheles* vectors of human malaria in the Americas: occurrence data, distribution maps and bionomic précis. *Parasit Vectors* 3: 72-97.

Sirot LK, Hardstone MC, Helinski ME, Ribeiro JM, Kimura M, Deewatthanawong P, Wolfner MF, Harrington LC. 2011. Towards a semen proteome of the dengue vector mosquito: protein identification and potential functions. *PLoS Negl Trop Dis* 5:e989.

Snodgrass, R. E. 1959. The anatomical life of the mosquito. Smithsonian Institution, *Miscellaneous Collections* ,138.

Somboon P, Prapanthadara LA. 2002. Trypsin and aminopeptidase activities in blood-fed females *Anopheles dirus* (Diptera: Culicidae) of differing susceptibility to

Plasmodium yoelii nigeriensis. Southeast Asian J Trop Med Public Health. 33: 691–693.

Sriwichai P, Rongsriyam Y, Jariyapan N, Apiwathnasorn C, Sattabongkot J, Paskewitz S. 2008. Expression of three serine protease genes from the South East Asian malaria vector, *Anopheles dirus*, in relation to blood feeding and parasite infection. Dev Comp Immunol. 32: 1011–1014.

Stoffolano JG, Haselton AT. 2013. The adult dipteran crop: a unique and overlooked organ. Annu. Rev. Entomol. 58: 205–25.

Takken W, Lindsay SW. 2003. Factors affecting the vectorial competence of *Anopheles gambiae*: a question of scale. In: Takken W, Scott TW , editors. Ecological Aspects for Application of Genetically Modified Mosquitoes. Dordrecht: Kluwer Academic Publishers. pp. 75–90.

Tchankouo-Nguetcheu S, Khun H, Pincet L, Roux P, Bahut M, Huerre M, Guette C, Choumet V. 2010. Differential protein modulation in midguts of *Aedes aegypti* infected with chikungunya and dengue 2 viruses. 5: e13149.

Teixeira L, Rabouille C, Rorth P, Ephrussi A, Vanzo NF. 2003. Drosophila Perilipin/ADRP homologue Lsd2 regulates lipid metabolism. Mech Dev. 120: 1071–1081.

Tellam RL, Wijffels G, Willadsen P. 1999. Peritrophic matrix protein. Insect Biochem. Molec. Biol. 29: 87-101.

Terra WR. 2001. The origins and functions of the insect peritrophic membrane and peritrophic gel. Arch Insect Biochem Physiol. 47: 47–61.

Terra WR, Ferreira C. 1994. Insect digestive enzymes: properties, compartmentalization and function. Comp. Biochem. Physiol. B. 109: 1-62.

Tsybina TA, Dunaevsky YE, Belozersky MA, Zhuzhikov DP, Oppert B, Elpidina EN. 2005. Digestive proteinases of yellow mealworm (*Tenebrio molitor*) larvae:

purification and characterization of a trypsin-like proteinase. *Biochemistry (Mosc)*. 70: 300-305.

Tzou P, Ohresser S, Ferrandon D, Capovilla M, Reichhart JM, Lemaitre B, Hoffmann JA, Imler JL. 2000. Tissue-specific inducible expression of antimicrobial peptide genes in *Drosophila* surface epithelia. *Immunity*. 13: 737–748.

Ubaida MC, Colquhoun DR, Mathias DK, Gibbons JG, Armistead JS, Rodriguez MC, Dinglasan RR. 2012. A bioinformatics approach for integrated transcriptomic and proteomic comparative analyses of model and non-sequenced anopheline vectors of human malaria parasites. *Molecular & cellular proteomics*. 12: 120-31.

Serrano-Pinto V, Acosta-Pérez V, Luviano-Bazán D, Hurtado-Sil G, Batista CVF, Martínez-Barnette J, Lánz-Mendoza H. 2010. Differential expression of proteins in the midgut of *Anopheles albimanus* infected with *Plasmodium berghei*, *Insect Biochemistry and Molecular Biology*. 40: 752-758.

Venancio TM, Cristofolletti PT, Ferreira C, Verjovski-Almeida S, Terra WR. 2009. The *Aedes aegypti* larval transcriptome: a comparative perspective with emphasis on trypsins and the domain structure of peritrophins. *Insect Mol Biol* 18: 33–44.

Vizioli J, Catteruccia F, della Torre A, Reckmann I, Muller HM. 2001. Blood digestion in the malaria mosquito *Anopheles gambiae*. Molecular cloning and biochemical characterization of two inducible chymotrypsins. *Eur. J. Biochem*. 268: 4027-4035.

Volz J, Muller HM, Zdanowicz A, Kafatos FC, Osta MA. 2006. A genetic module regulates the melanization response of *Anopheles* to *Plasmodium*. *Cell Microbiol*. 8: 1392–1405.

Wasinpiyamongkol L, Patramool S, Luplertlop N, Surasombatpattana P, Doucoure S, Mouchet F, Séveno M, Remoue F, Demettre E, Brizard JP, Jouin P, Biron DG, Thomas F, Missé D. 2010. Blood-feeding and immunogenic *Aedes aegypti* saliva proteins. *Proteomics*. 10: 1906–1916.

- Waterhouse RM, Wyder S, Zdobnov EM. 2008. The *Aedes aegypti* genome: a comparative perspective. *Insect Molecular Biology*. 17: 1–8.
- White NJ. 2011. Determinants of relapse periodicity in *Plasmodium vivax* malaria. *Malar J*. 10: 297-332
- White SH. 1992. Amino-acid preferences of small proteins—implications for protein stability and evolution. *Journal of Molecular Biology*. 227: 991–995.
- WHO - World Health Organization 2013. World Malaria Report 2013
- Wilkins MR, Sanchez JC, Gooley AA, Appel RD, Humphery-Smith I, Hochstrasser DF, Williams KL. 1995. Progress with proteome projects: why all proteins expressed by a genome should be identified and how to do it. *Biotech. Gen. Eng. Rev*. 13: 19-50.
- Wu DD, Wang GD, Irwin DM, Zhang YP. 2009. A profound role for the expansion of trypsin-like serine protease family in the evolution of hematophagy in mosquito. *Mol Biol Evol*. 26: 2333–2341.
- Xavier MM, Rebelo JM. 1999. Espécies de Anopheles (Culicidae, Anophelinae) em área endêmica de malária, Maranhão, Brasil. *Rev Saude Publica*. 33: 535-541.
- Yamashita O, Indrasith LS. 1988. Metabolic fates of yolk proteins during embryogenesis in arthropods. *Develop. Growth Differ*. 30: 347-359.
- Yates JR. 1998. Mass spectrometry and the age of the proteome. *J Mass Spectrometry*. 33: 1–19.
- Yeates RA, Steiger S. 1981. Ultrastructural damage of in vitro cultured ookinetes of *Plasmodium gallinaceum* (Brumpt) by purified proteinases of susceptible *Aedes aegypti* (L.) Z. *Parasitenkd*. 66: 93–97.

Zdobnov EM, von Mering C, Letunic I *et al.* 2002. Comparative genome and proteome analysis of *Anopheles gambiae* and *Drosophila melanogaster*. *Science* 298: 149–159.

Zhang M, Zheng X, Wu Y, Gan M, He A, Li Z, Zhang D, Wu X, Zhan X. 2013. Differential proteomics of *Aedes albopictus* salivary gland, midgut and C6/36 cell induced by dengue virus infection. 444: 109-118.

Zhao Z, Russell PJ. 2003. Trypsin activity assay in substrate-specific one- and two dimensional gels: a powerful method to separate and characterize novel proteases in active form in biological samples. *Electrophoresis*. 24: 3284-3288.

8. ANEXOS

Tabela 1. Proteínas identificadas em intestino de fêmeas de *Anopheles aquasalis* alimentadas com açúcar. As proteínas foram identificadas por PSM usando o programa ProLuCID e uma base de dados “customizada” contendo as sequencias de proteínas de Culicídeos depositadas na base de dados UniProt (81,000 sequencias, em outubro de 2013).

ID	PI	NA	MM	NP	NS	C	Descrição
T1DNK4		640	70177,6	1	11	0,05	Putative molecular chaperones grp78/bip/kar2 hsp70 superfamily OS= <i>Anopheles aquasalis</i> PE=2 SV=1
	K.LHQQASGGPSPSSCAQQAGGFGGRAGPTVEEVD.-						
E3XG59		941	98275,7	1	4	0,01	Uncharacterized protein OS= <i>Anopheles darlingi</i> GN=AND_23092 PE=4 SV=1
	A.LECYSCSGEDCAK.V						
B6DDT9		156	17288,3	6	77	0,49	40S ribosomal protein S19 OS= <i>Anopheles darlingi</i> GN=AND_22374 PE=2 SV=1
	M.PGITVKDQDQDKVVEGVALFLKK.S						
	M.PGITVKDQDQDKVVEGVALFLKKSGKLVPEYIDLIK.T						
	R.NGVRPSHFCR.A						
	R.RLYHQSPSGVGSICR.I						
	R.RLYHQSPSGVGSICRIYGGRR.N						
	R.NGVRPSHFCRADGSATR.K						
B6DDV4		154	17853,3	2	9	0,26	Ribosomal protein L22 OS= <i>Anopheles darlingi</i> PE=2 SV=1
	R.YFRISNDDDEEENE.-						
	M.APVEKAVASLTKPTPKGNNAQAK.G						
B6DDS1		148	16792,4	10	82	0,31	Ribosomal protein S16 OS= <i>Anopheles darlingi</i> PE=2 SV=1
	M.PKVRKEKVSQVFGRRKTATAVAYCKR.G						
	M.PKVRKEKVSQVFGRRK.K						
	M.PKVRKEKVSQVFGRRK.T						
	M.PKVRKEKVSQVFGRRK.K						
	M.PKVRKEKVSQVFGRRKTATAVAYCKR.R						

	M.PKVRKEKVSQVQVFRKKTATAVAYCKRGKGLLR.V						
	R.KEKVSQVQVFRKK.T						
	R.VNGRPLDQIEPK.I						
	K.KTATAVAYCKRGKGLLR.V						
	K.KTATAVAYCKR.G						
T1DP17		153	17185,9	1	6	0,09	Putative inhibitor of apoptosis domain protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.EAENRLPVDTTDEL.-						
T1DR36		212	22397	1	37	0,07	Putative secreted mucin (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	S.LICRNCSTESFAK.C						
T1DF25		163	18381	1	1	0,08	Putative intracellular OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.AGGANYGTGVRDV.-						
E3WNE8		158	17406,7	4	10	0,27	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_02798 PE=4 SV=1
	R.ACAILRSQRPAPVKKGKAAASSTTPAAPAAGTTAAAAAPKKA.E.-						
	R.SQRPAPVKKGKAAASSTTPAAPAAGTTAAAAAPKKA.E.-						
	K.AAASSTTPAAPAAGTTAAAAAPKKA.E.-						
	M.VSSHLSWLIIR.D						
T1DN75		157	17152,9	2	11	0,27	Putative transcription factor btf3a OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.LATAVAEEDDDVPELTENFEEVSKKEAESTSQKTPEIPVSS.-						
	K.EAESTSQKTPEIPVSS.-						
T1DGP5		91	10019,2	20	270	0,75	Putative kazal domain-containing peptide OS=Anopheles aquasalis PE=4 SV=1
	A.SSLARNGICPCPR.I						
	R.ILHEGSCSEP.R						
	S.SLARNGICPCPR.I						
	L.ARNGICPCPR.I						
	A.SSLARNGICPCPRIYRPVCGTDEKYSNTCLLKQADSPRGR.S						
	R.VQILEEVPLE.-						
	R.LRILHEGSCSEPRVQILEEVP.L						

	R.IYRPVCGTDEKYSNTCLLK.C						
	R.IYRPVCGTDEKYSNTCLLKQADSPR.G						
	R.IYRPVCGTDEKYSNTCLLKQADSPRGR.S						
	R.IYRPVCGTDEKYSNTCLLKQADSPRGRSIR.L						
	R.SIRLRILHEGSCSEPR.V						
	R.NGICPCPRIYRPVCGTDEKYSNTCLLK.C						
	R.NGICPCPRIYRPVCGTDEKYSNTCLLKQADSPRGR.S						
	R.NGICPCPR.I						
	R.IYRPVCGTDEKYSNTCLLKQADSPRGRSIRLR.I						
	R.IYRPVCGTDEKYSNTCLLKQAD.S						
	S.LARNGICPCPRIYRPVCGTDEKYSNTCLLKQADSPRGR.S						
	R.NGICPCPRIYRPVCGTDEKYSNTCLLKQADSPR.G						
	R.LRILHEGSCSEPR.V						
T1E752		519	55934,5	1	40	0,03	Putative aminopeptidase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	M.GVESYLPCRLQPVTSLER.S						
T1DQP9		176	20151,8	1	8	0,15	Putative mitochondrial electron transport nadh to ubiquinone (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	M.VVTKDITYLPSEELTVPEINLSGPALR.A						
T1E8R4		204	22588,7	1	12	0,07	Putative peritrophin-1 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	A.VHSVNSEESVYCAR.R						
T1DN37		456	49590,1	7	24	0,28	Putative elongation factor 1-alpha (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.GYVAGDTKNNPPKGASDFTAQVIVLNHPGQIANGYTPVLDCHTAHIACK.F						
	K.DAAGGKVTKAAEKATKAKK.-						
	K.SVNFKDAAGGKVTKAAEKATKAKK.-						
	R.SGKSTEDNPKSIKSGDAAIVILVPSKPLCVESFQEFPPPLGRFAVR.D						
	R.QTVAVGVIKSVNFK.E						
	R.QTVAVGVIKSVNFKDAAGGKVTK.A						
	R.RGYVAGDTKNNPPKGASDFTAQVIVLNHPGQIANGYTPVLDCHTAHIACK.F						
T1DLW6		846	93903,4	12	284	0,14	Putative rna dependent rna polymerase from virus infecting aquasalis (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1

	E.GPELFSGPNLRSISTIPLNEQVHVTR.K						
	E.GPELFSGPNLR.S						
	R.TAASGLQHPYGFVAQ.G						
	Q.GPPTNSLAKLNADKSVTATQIGVSDPSGLSRK.A						
	Q.GPPTNSLAKLNADKSVTATQIGVSDPSGLSR.K						
	K.LNADKSVTATQIGVSD.P						
	E.GPELFSGPNLRSISTIPLNEQVHVTRK.S						
	E.GPELFSGPNLRSISTIPLNEQVHVTRKSKIEK.S						
	R.RLTLKEALGGIPGVLASLKVK.T						
	K.LNADKSVTATQIGVSDPSGLSR.K						
	R.TLKWPIGKR.R						
	R.RLTLKEALGGIPGVLASLKVKTSAGYPLCKLAK.K						
T1DN33		158	16828,4	2	51	0,08	Putative plasma membrane protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.AVTVTCGSTTPF.S						
	R.AVTVTCGSTTP.F						
T1DMW 2		268	28557,7	1	11	0,05	Putative ubiquinol-cytochrome c reduct OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.VISGVTGATQIRF.A						
T1E9P8		99	10999,9	1	3	0,36	Putative mitochondrial electron transport nadh to ubiquinone (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.REVAPPIDLTSQKLLAEKGASAKLPTPGKSYGWDQH.-						
T1E7T6		401	44674,2	1	4	0,06	Putative molecular chaperone dnaj superfamily OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.YKNAYEEDDDEGGTPGVRVQQCNSS.-						
E3X2U7		733	78534,1	2	16	0,03	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_12318 PE=3 SV=1
	M.TAGSALQSDAVFAGIKDRVAENEAK.A						
	M.TAGSALQSDAVFAGIKDR.V						
T1DER5		157	17439,8	2	5	0,18	Putative cytochrome c oxid OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	A.SHSNETDEEFDAR.Y						

A.SHSNETDEEFDARYEAYFSRPELDGWEAR.K						
T1DPF2	405	43055,9	1	3	0,04	Putative heteroproteinous nuclear ribonucleoprotein at 27c OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.SVYGAGSDATSQPQYQAF.-						
T1E7A8	104	11026,6	1	12	0,31	Uncharacterized protein OS=Anopheles aquasalis PE=4 SV=1
Y.SQPSAPAGSGKGPAAAPASSPAASGEVPLSSR.C						
T1DMU6	69	7389	1	11	0,17	Uncharacterized protein OS=Anopheles aquasalis PE=4 SV=1
T.YFSVSSNLPQVR.V						
T1DJF4	314	33666,9	11	175	0,27	Putative trypsin-like serine protease (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.EWIREVSQV.-						
R.VALAREWIREVSQV.-						
L.RATFVPILAQSDCER.A						
R.ATFVPILAQSDCER.A						
R.AGSSFRNRGDDIHRSERVVEHPDYDPETDDFDYALIELASPLELDGLTKR.A						
R.VVEHPDYDPETDDFDYALIELASPLELDGLTKR.A						
R.VLRATFVPILAQSDCER.A						
R.VALAREWIR.E						
R.AGSSFRNRGDDIHR.S						
R.ATFVPILAQSDCERAYSK.I						
R.VLRATFVPILAQSDCERAYSK.I						
E3WTB1	296	29861,8	2	17	0,11	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_06419 PE=4 SV=1
R.AIAPVAPVAAAAPAVVAAR.A						
R.SYAAPVAYTAPVVAR.T						
T1DFY3	116	13351	7	64	0,3	Putative vacuolar atp synth OS=Anopheles aquasalis PE=4 SV=1
R.SFKDFEAKHVGSR.E						
R.RLKQAKDEATEEIEKYRGERER.S						
R.RLKQAKDEATEEIEKYRGERER.T						
R.LKQAKDEATEEIEKYRGERER.S						
R.RLKQAKDEATEEIEKYRGER.E						

	R.ERSFKDFEAKHVGSR.E R.ALNTQKEPVIQDVLSFVYAIKTELHKNYRQ.- K.DEATEEIEKYRGER.E						
E3X5L1		757	83417,3	1	1	0,02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_14205 PE=3 SV=1
	R.GVLAAKGFIVSLER.R						
E3WW24		1347	148281	3	21	0,01	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_08011 PE=4 SV=1
	R.QDICPPGYIQR.S R.LLQASPELR.I R.LLQASPELRIESVTYKLPICR.T						
T1DNG3		144	15365,5	1	13	0,27	Putative farnesoic acid o-methyltransferase-like protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.TYHEGSHTVGKVCQSHNCIYIPYGGAESVPTYEVLGER.-						
Q1HQI4		116	13538,2	1	1	0,19	AAEL012819-PA OS=Aedes aegypti GN=AAEL012819 PE=4 SV=1
	R.RLKQAKDEATEEIEKYRSEREK.Q						
T1E772		433	46575,1	2	4	0,07	Putative enolase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.LAKYNQILRIEELGAGAKFAGKSFRNPQ.- R.IEEELGAGAKFAGKSFRNPQ.-						
T1EB95		220	23396,4	3	27	0,29	Putative serine protease inhibitor i/ii (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.CANNGIGWFCTRKACPQRE.K R.STVEHQEECSPTTFESEDGCSECICTPDSKAVCTDKPCEARPK.R R.CANNGIGWFCTR.K						
T1DJE7		443	45510,4	1	4	0,09	Putative ubiquinol-cytochrome c reduct (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	Y.AAHAQAAAASRGSSSEVQTTTLPNKLVVASAEANAPVSR.I						
A7UUX6		50	5298,8	1	8	0,28	AGAP004788-PA OS=Anopheles gambiae GN=AGAP004788 PE=4 SV=1
	M.AGGGDESKLTGLSR.I						
T1DPQ2		806	89232,2	1	1	0,05	Putative aaa+-type atpase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.GFGTNFRFSPGQGNSTQGGSSGQPASNPGDNGDDDLYS.-						

T1DTN5	144	15652,6	1	12	0,27	Putative cytoplasm (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.AIHNGSQTPGKVQPSHGCCYIPFDGEEVSKPDYEVLCIR.-						
T1DJH0	287	31370,3	1	2	0,06	Uncharacterized protein (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.ESFLQSAIKAETGVLR.Q						
T1DNC1	184	20378,6	1	1	0,22	Putative muscle-specific protein 20 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.NFTEEQLNAGQTIIGLQAGQNKGATQAGQNIAGRKIIFGK.-						
T1DPE3	510	53073,7	1	1	0,06	Putative vig2 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.GGGGGGAGGPNKSAAGGANDDKYPRKPR.D						
B6DDR6	70	8250,7	8	143	0,99	60S ribosomal protein L38 OS=Anopheles darlingi PE=3 SV=1
R.AVKIKKNETNTKFKIR.C						
R.CSRYLYTLVVKDKAEKQSLPPLQVKEVK.-						
R.RKDARAVKIKKNETNTKFKIR.C						
M.PQEIKEVKDFLIKAR.R						
M.PQEIKEVKDFLIK.A						
M.PQEIKEVKDFLIKARRKDAR.A						
M.PQEIKEVKDFLIKARRKDARAVKIKKNETNTKFKIR.C						
K.IKKNETNTKFKIR.C						
T1E8I2	122	13431,9	1	3	0,23	Uncharacterized protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.KGSDAIKKALDAPAAPAGPAAVEPQAKK.-						
T1DF59	203	22981,7	1	2	0,18	Putative lethal 2 essential for life OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.SVPIKQTGVPAKEKPDQQLQQPQQSQAQNVPEQTK.-						
T1E829	154	17084,4	8	35	0,62	Putative e3 ubiquitin ligase methyltransferase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.CYRCNGSGHIARDCSLSPDDSCCYNCNQSGLAR.N						
R.DCKEDLDRCYRCNGSGHIARDCSLSPDDSCCYNCNQSGLAR.N						
R.DCQNVGGGGPGRGVGGPR.D						
K.IGHLSRDCTENKGRD.-						
K.SGHISRNCPGDKSCYSCGKIGHLSRDCTENKGRD.-						
R.DCSLSPDDSCCYNCNQSGLAR.N						

E3WZJ9	404	43819,7	1	3	0,07	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_10225 PE=4 SV=1
R.CYRCNGSGHIAR.D R.DCKEDLDRCYRCNGSGHIAR.D R.SHGCLYIPFGGAEQSFKHVEVLIGQQR.S						
T1E8D6	492	55322,5	4	10	0,09	Protein disulfide isomerase prolyl 4-hydroxylase beta subunit OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.FGIRGYPTLK.F R.TLEGFVKFLEGEKDEQPEEEEEKEEKPAKDEL.- K.FLEGEKDEQPEEEEEKEEKPAKDEL.- K.FGIRGYPTLKFFR.S						
T1E7A5	153	15589,7	4	62	0,34	Putative copper/zinc superoxide dismutase 3b OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
D.PDDLGLGGHELKTTGNAGARLACGVIGLCKA.- R.SLVVHADPDDLGLGGHELKTTGNAGARLACGVIGLCKA.- M.PLKAVCVLNGEVK.G R.SLVVHADPDDLGLGGHELKTTGNAGAR.L						
T1DPL2	213	22619,5	1	12	0,11	Putative nascent polypeptide-associated complex subunit alpha OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
M.PELTEITESAAAAATASGSTEAK.L						
Q7Q8A5	119	13450,7	3	10	0,23	AGAP008724-PA OS=Anopheles gambiae GN=AGAP008724 PE=4 SV=2
R.ELLAKQAGNPD.P K.RCECGHWFKLVEKAPV.- R.CECGHWFVKLVEKAPV.-						
T1DPY5	123	13649,8	1	17	0,19	Putative nadh:ubiquinone oxidoreductase ndufs6/13 kDa subunit OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
C.AVIKDEITHTGQFYEAGDYRNAR.F						
E3XCL4	1013	115161	1	2	0,02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_20280 PE=4 SV=1
L.ATAKDWWETAGFYQIYPR.S						
T1DNW7	252	26431,8	1	3	0,08	Putative chymotrypsin 1 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1

S.VVGGHTTLPGEAPYIVSIR.S						
T1E8U2	226	24571,3	1	1	0,12	Uncharacterized protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.VKTVEQSSSGQVSIGNRYTSLSNNAS.-						
E3WV49	624	68503,9	1	2	0,03	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_07493 PE=4 SV=1
A.ERDETLQLFTQLKRTKKGR.R						
T1DT34	259	29052,4	1	3	0,12	Putative 40s ribosomal protein s3a (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
D.GGGKAAEVSTGAASGVVDRPEGYEPPVQESV.-						
T1DMV1	247	26251,5	3	9	0,23	Putative triosephosphate isomerase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
D.PNTEVVVGCPAPYLSLAR.S						
R.ELAAKPDIDGFLVGGASLKPEFIQIVNARQ.-						
K.TLSAGPLDPNTEVVVGCPAPYLSLAR.S						
T1DPT8	130	14763	3	27	0,17	Putative 40s ribosomal protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
M.VRISVLADALKCINNAEKR.G						
M.VRISVLADALKCINNAEKRGR.Q						
M.VRISVLADALK.C						
T1DP28	82	8652,1	7	174	0,74	Putative secreted protein OS=Anopheles aquasalis PE=4 SV=1
R.FGRCVDSYITECFL.-						
A.TVFAYASTCAR.C						
R.CVDSYITECFL.-						
A.TVFAYASTCARCK.S						
A.TVFAYASTCARCKSIGAKYCGYGTVSTKGVSCDGQTTIRSCADCKAR.F						
K.SIGAKYCGYGTVSTKGVSCDGQTTIRSCADCKAR.F						
R.CKSIGAKYCGYGTVSTKGVSCDGQTTIRSCADCKAR.F						
O97097	259	28097,2	2	6	0,11	Chymotrypsin 1 OS=Anopheles aquasalis GN=cy1 PE=3 SV=1
R.VSYYHDWIRTTVANN.-						
D.PRNVDIGHVCTLTR.T						
T1DH15	203	23193,3	2	25	0,09	Putative glutathione s-transferase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
M.PDYKVYYFNVKALGEPLR.F						

M.PDYKVYYFNVK.A							
T1DEZ9	107	11665	3	56	0,27	Putative atpase coupling factor 6 OS=Anopheles aquasalis PE=4 SV=1	
L.AKASDPIQQLFVTKLR.E							
K.FEEPKIDPINSSA.-							
L.AKASDPIQQLFVTK.L							
T1EA52	290	31253,4	1	23	0,05	Putative serine protease (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
R.VSSFIDWINDKLNN.-							
E3WLI3	304	33798,5	2	23	0,06	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_01493 PE=4 SV=1	
R.DACLTklaQLKkNI.-							
R.AWRDACLTklaQLKk.N							
T1E770	159	16857,7	1	13	0,11	Putative lethal 1 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
R.AEAAIAVEVAEALVKAAE.-							
T1DK42	286	31635,7	2	28	0,07	Putative prohibitin (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
R.SRGVNYLPAGQQTLLSLPQ.-							
R.GVNYLPAGQQTLLSLPQ.-							
T1E715	341	35547,7	1	17	0,04	Putative ribosomal protein l23a OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
R.DYDALDVANKIGII.-							
T1E736	332	35343,5	1	13	0,04	Putative glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
R.AALAKGAQVVAVND.P							
T1DG77	124	14651	1	16	0,15	Putative 60s ribosomal protein l31 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
M.VKAKREKKPKSAINEVVTR.E							
T1DPX5	285	32254	2	3	0,13	Putative 60s ribosomal protein l7a (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
M.VNKKPQKKKVSSKKVAAAPLTKKVEVKKVINPLFER.R							
R.IAKLEKAKAREITQKVAA.-							
T1DEY9	281	30124	8	99	0,37	Putative trypsin-3 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
R.DWIRQNSGV.-							

	R.YGSSEHAAGGTLVPVAR.I						
	R.YGSSEHAAGGTLVPVAR.V						
	D.PVEDTTLCKVSGWGNTQSVSESTKTLR.A						
	R.VASARDWIRQNSGV.-						
	R.ATYVPSVNQDECR.K						
	R.FGSHNCGGSIISKEWVLTAAHCTVGASPSSLAVRYGSSEHAAGGTLVPVAR.I						
	K.TLRATYVPSVNQDECR.K						
	R.FGSHNCGGSIISKEWVLTAAHCTVGASPSSLAVR.Y						
T1DN08		278	29534,6	5	117	0,14	Putative trypsin-1 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.VASVRDWIRQNSGV.-						
	E.AGYPGVYAR.V						
	L.AGYPGVYAR.V						
	R.DWIRQNSGV.-						
	R.YGSSEHAAGGTLVPVAR.I						
	R.YGSSEHAAGGTLVPVAR.V						
	K.AGYPGVYAR.V						
	R.VASVRDWIR.Q						
	R.VASVRDWIR.E						
T1DT96		148	16967,2	2	20	0,11	Putative cytosolic large ribosomal subunit l27a (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.KAEKIKLGGGACLLRA.-						
	K.IKLGGAACLLRA.-						
T1DMZ1		337	35368,8	2	87	0,08	Putative nad-dependent malate dehydrogenase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	N.VKVAVCGASGGIGQPLSLLK.Q						
	N.VKVAVCGASGGIGQPLSLLK.N						
	R.FALALAR.A						
E3WYW7		116	12733,7	1	8	0,14	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_27145 PE=3 SV=1
	M.VTAKKQKKALESINSR.L						
T1E8G0		193	21780	1	1	0,2	Putative ump-cmp kinase family OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1

M.GKPKVVFVLGPPGSGKGTQCEKIVAKYGYTHLSAGDLLR.E							
T1E817	343	38488,5	1	4	0,05	Putative vacuolar h ⁺ -atpase v1 sector subunit b OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
R.IPASILAEFYPRDSRH.-							
T1DKZ5	344	37069	1	1	0,1	Putative splicing factor (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
R.KHANSVGSEGSADGAAGGSSRGGNSKASSVTGGDN.-							
T1DFZ6	213	23260,3	1	6	0,07	Putative 60s acidic ribosomal protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
M.GREDKATWKSNYFLK.V							
T1E708	84	9395,8	2	33	0,26	Putative 40s ribosomal protein s27 OS=Anopheles aquasalis PE=4 SV=1	
M.PLAKDFLHPLPAEEKRKHKLK.R							
M.PLAKDFLHPLPAEEKRKHKLKR.L							
T1DPRO	213	22869,4	1	5	0,13	Putative oligomycin sensitivity-conferring protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
A.QLVKPPVQVFGLEGRYACALYSAASKTK.A							
T1EAN0	919	100670	1	4	0,02	Putative ca ²⁺ transporting atpase (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
D.PPRAAVPDAVAKCR.S							
T1DPK9	390	42947	2	27	0,05	Putative plasma membrane protein (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
A.AINGQVFANSKQENNIRLLR.S							
A.AINGQVFANSKQENNIR.L							
T1DNG8	232	27136	1	2	0,04	Uncharacterized protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
M.VYESDFYSTR.R							
T1DNB4	124	13732,5	2	63	0,14	Putative histone h2b OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
K.HAVSEGTKAVTKYTSS.K							
K.HAVSEGTKAVTKYTSS.R							
K.HAVSEGTKAVTKYTSSK.-							
T1DPU9	297	32727,1	1	2	0,07	Putative atp synthase-gamma chain OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
R.QAVITRELIEIISGSALESKD.-							

T1DPD3	152	16270,6	2	23	0,14	Putative 40s ribosomal protein s14b OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
M.APSRKNKVAKEEVQVSLGPQVR.D R.ATGGNRTKTPGPGAQSALRALAR.S						
T1DJW1	555	63025,6	1	6	0,03	Putative zinc carboxypeptidase (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
G.AELARYDNYRLYQVTPR.S						
T1E7H8	202	23970,4	1	66	0,13	Putative ribosomal protein l19 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.IATKKQELLQTIAKEEETAQVTTGKK.-						
T1E7C9	111	10964,7	1	21	0,14	Putative acidic ribosomal protein p1 OS=Anopheles aquasalis PE=4 SV=1
K.AASVDIEPYWPGLFAK.A						
T1DPZ0	799	91534,4	1	2	0,02	Putative endoplasmic reticulum glucose-regulated protein grp94/endoplasmin hsp90 family OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.SGFQLPETADFADSIER.M						
E3WZJ3	229	25846,7	1	1	0,06	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_10214 PE=3 SV=1
R.VNQAIWLLCTGAR.E						
T1DMZ3	415	43543,8	1	3	0,04	Putative 3-phosphoglycerate kinase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.AGTVSIIGGGDTASCCA.K.W						
T1EB21	152	17404,7	1	1	0,12	Uncharacterized protein (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.SLVGVQKYIQATDLSEASR.E						
T1DPE1	363	39135,2	6	24	0,2	Putative fructose-biphosphate aldolase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.IAKQIVAPGKGILAADESTATCGKR.F K.IGKNTPSYQSILENANVLAR.Y R.AWGGKKENVKAAQEELIKR.A K.DGCDFAK.W R.AWGGKKENVKAAQEELIK.R R.YASICQSQRIVPIVEPEILPDGDHDLER.C						

T1E9E0	473	52023,3	1	9	0,03	Putative calcium-binding protein 1 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.GSFSEEGINEFLR.D						
T1DN10	172	19483,9	1	1	0,08	Putative atp synthase subunit d OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.IAQSSVNWAALAER.V						
T1E7R2	108	11139,4	3	9	0,21	Putative defensin OS=Anopheles aquasalis PE=4 SV=1
R.ATCDLASGFGVGSSSLCAAHCIAR.R						
R.ATCDLASGFGVGSSSLCAAHCIARR.Y						
R.YRGGYCNDRGVCVCRR.-						
T1E8E8	284	32388,3	2	5	0,12	Putative tropomyosin-1 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.KVQQVEEDLEKSEER.S						
R.SSAALSKLLEATQSADENNR.M						
T1DPX4	198	22620,4	1	4	0,11	Putative 40s ribosomal protein s7 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.LVRELEKKFSGKHVVFIGERR.I						
T1DEX1	301	33356,8	1	5	0,03	40S ribosomal protein SA OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.TYEKLLLAAR.C						
T1E8F3	131	15306,2	2	37	0,14	Putative 40s ribosomal protein s17 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.LRHSQVRGISIKLQEEER.E						
R.HSQVRGISIKLQEEER.E						
T1DS90	422	46746,1	1	1	0,06	Putative tubulin alpha-1 chain (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.TGTYRQLFHPEQLITGKEDAANNYAR.G						
T1E8K3	110	13142,7	2	17	0,11	Putative ubiquinol-cytochrome c reductase complex 14 kDa protein OS=Anopheles aquasalis PE=4 SV=1
R.DEKVKWESNK.-						
R.ERDEKVKWESNK.-						
T1DG61	405	45560,2	1	4	0,02	Putative superfamily ii dna and rna helicase dna replication OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.VLITDLLAR.G						
T1DPG5	124	13336,5	1	5	0,15	Putative histone h2a OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1

R.SNRAGLQFPVGRHRLLR.K							
B0W2N9	160	17509,5	1	17	0,12	Eukaryotic translation initiation factor 5A OS=Culex quinquefasciatus GN=CpipJ_CPIJ001289 PE=4 SV=1	
K.SCGEETVIAIKNNTAADKN.-							
T1EAH8	128	14504,5	5	126	0,18	Putative stunted (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
M.AAWRAAGLNYINYSNIAARLLR.K							
M.AAWRAAGLNYINYSNIAARLLRK.A							
M.AAWRAAGLNYINYSNIAAR.L							
M.AAWRAAGLNYINYSNIAAR.M							
R.AAGLNYINYSNIAAR.L							
R.AAGLNYINYSNIAARLLR.K							
Q7Q9M8	64	7586	1	4	0,19	AGAP005149-PA OS=Anopheles gambiae GN=AGAP005149 PE=4 SV=2	
R.FGLLLTQKPEPV.Y							
T1DGU7	232	26102,8	2	31	0,11	Putative clathrin light chain OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
D.PAAEFLAR.E							
R.SIILQLKQNPQSTKKI.-							
T1E7S5	402	44387,2	3	64	0,05	Putative glutamine synthetase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
N.AKILGHSPNAHLNK.T							
N.AKILGHSPNAHLNKTLLE.Y							
N.AKILGHSPNAHLNKTLLE.YTR.L							
T1DPF9	137	14971,7	1	3	0,23	Putative 40s ribosomal protein s12 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
R.KICGASCVVVKDFGEETPALDVIKEHLRQSS.-							
T1E7S9	108	11620,9	1	1	0,1	Putative fk506-binding protein 2 OS=Anopheles aquasalis PE=4 SV=1	
R.LTFDVELLRVE.-							
B6DDR2	56	6643,2	4	28	0,48	40S ribosomal protein S29 OS=Anopheles darlingi PE=4 SV=1	
R.QCFREYAKDIGFRKLD.-							
M.GFANLWYSHPR.K							
R.EYAKDIGFRKLD.-							

R.KYGLNICRQCFREYAKDIGFRKLD.-						
T1DGM9	79	8859,6	1	6	0,18	Putative mitochondrial cytochrome c oxid OS=Anopheles aquasalis PE=4 SV=1
M.SSEVASRIQKPVLR.G						
T1DEX4	551	59341,4	4	90	0,09	Putative f0f1-type atp synthase alpha subunit OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.GAEISSILEER.I						
R.VGIKAPGIIPR.V						
R.ILGSAKADLEETGRVLSIGDGIAR.V						
R.GAEISSILEERILGSAKADLEETGRVLSIGDGIAR.V						
T1EA13	164	18005,4	2	3	0,07	Putative abnormal wing discs (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.FEAKGFKLVALK.F						
R.GLVGKIIFEAK.G						
T1DPZ2	87	10080,9	2	5	0,28	Putative ubiquinol-cytochrome c reductase complex 11 kDa protein OS=Anopheles aquasalis PE=4 SV=1
K.CAQHGHTPALWEKYQACNER.V						
K.CAQHGHTPALWEKYQACNERVSGR.S						
T1E7P6	151	17853	1	5	0,09	Putative myofilin OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.LADAEKAWADHLER.M						
T1DNI2	120	13342,3	1	4	0,16	Putative 40s ribosomal protein s20 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.SLEKVCADLIAGAKKQKLR.V						
T1DN44	108	11732,1	1	2	0,16	Putative cytochrome c OS=Anopheles aquasalis PE=4 SV=1
K.KPQERGDLIAYLKSATK.-						
T1E7C1	489	52746,5	3	59	0,05	Putative muscle lim protein mlp84b OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
M.PFKPAENPKCPK.C						
M.PFKPAENPKCPKCGKSVYAAEER.V						
K.CGKSVYAAEER.V						
E3XAS2	466	53599,5	2	26	0,05	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_17841 PE=4 SV=1

	M.GHGFGELAKVRGIVTHKISPFEQR.A						
	M.GHGFGELAKVR.G						
T1DQ26		653	71070,2	1	10	0,05	Putative molecular chaperones hsp70/hsc70 hsp70 superfamily (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	M.PGFPGGAPGAAGAGGAAGGAGSGSGPTIEEVD.-						
T1DJ70		233	25608,6	1	24	0,07	Putative 40s ribosomal protein s3 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.NKPLEPVDLVGGEIPA.-						
T1DJI6		493	52491,3	1	1	0,03	Putative aminopeptidase of the m17 family (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.TLVEFVTKASGSI.-						
T1E967		326	33418,6	1	2	0,05	Putative fibrillarin (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.DHAVVVGVYRPPPKSAA.-						
T1DPS8		511	55228,5	1	17	0,04	Putative aldehyde dehydrogenase (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.STITVNHSPNLPLAQGIVFE.-						
T1DMV5		133	14818,3	1	1	0,17	Putative actin binding protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.HAETLEKNPLPTREIIEEKRA.-						

ID: código da proteína no UNIPROT; **PI:** peptídeos identificados; **NA:** número de aminoácidos; **MM:** massa molecular em daltons (Da); **NP:** número de peptídeos identificado; **NS:** número de espectros correspondentes aos peptídeos; **C:** cobertura.

Tabela 2. Proteínas identificadas por sequenciamento *de novo* no intestino de fêmeas de *Anopheles aquasalis* alimentadas com açúcar. As sequências peptídicas obtidas pelo sequenciamento *de novo*, usando o programa PEAKS, foram utilizadas para identificação de proteínas pelo programa PepExplorer com uma base de dados “customizada” contendo as sequências de proteínas de Culicídeos depositadas na base de dados UniProt (81,000 sequências, em outubro de 2013).

ID	NA	C	NP	NS	Descrição
T1DN08	278	0,032	1	6	Putative trypsin-1 OS= <i>Anopheles aquasalis</i> PE=2 SV=1
T1E8C4	226	0,049	2	22	Putative vacuolar h +-atpase 26kd e subunit OS= <i>Anopheles aquasalis</i> PE=2 SV=1
T1DEX4	551	0,034	4	79	Putative f0f1-type atp synthase alpha subunit OS= <i>Anopheles aquasalis</i> PE=2 SV=1
T1E9E0	473	0,027	3	9	Putative calcium-binding protein 1 (Fragment) OS= <i>Anopheles aquasalis</i> PE=2 SV=1
T1DLE4	102	0,167	8	20	Putative retrotransposon-like protein 1 (Fragment) OS= <i>Anopheles aquasalis</i> PE=2 SV=1
T1DFP0	328	0,043	4	19	Uncharacterized protein OS= <i>Anopheles aquasalis</i> PE=2 SV=1
E3XG59	941	0,014	3	4	Uncharacterized protein OS= <i>Anopheles darlingi</i> GN=AND_23092 PE=4 SV=1
E3WTB1	296	0,078	2	5	Uncharacterized protein OS= <i>Anopheles darlingi</i> GN=AND_06419 PE=4 SV=1
T1E7A5	153	0,059	1	26	Putative copper/zinc superoxide dismutase 3b OS= <i>Anopheles aquasalis</i> PE=2 SV=1
T1DNG8	232	0,043	1	2	Uncharacterized protein OS= <i>Anopheles aquasalis</i> PE=2 SV=1
T1DFU8	557	0,022	3	7	Putative chaperonin complex component tcp-1 alpha subunit cct1 OS= <i>Anopheles aquasalis</i> PE=2 SV=1
T1E9P6	135	0,081	3	15	Putative 40s ribosomal protein s17 (Fragment) OS= <i>Anopheles aquasalis</i> PE=2 SV=1
T1DMV5	133	0,105	3	13	Putative actin binding protein OS= <i>Anopheles aquasalis</i> PE=2 SV=1
T1DJF4	314	0,045	5	35	Putative trypsin-like serine protease (Fragment) OS= <i>Anopheles aquasalis</i> PE=2 SV=1
T1DP28	82	0,159	6	63	Putative secreted protein OS= <i>Anopheles aquasalis</i> PE=4 SV=1
T1DR36	212	0,047	2	2	Putative secreted mucin (Fragment) OS= <i>Anopheles aquasalis</i> PE=2 SV=1
T1DMU6	69	0,174	1	7	Uncharacterized protein OS= <i>Anopheles aquasalis</i> PE=4 SV=1
Q16TR2	765	0,013	1	17	AAEL010153-PA OS= <i>Aedes aegypti</i> GN=AAEL010153 PE=4 SV=1

ID: código da proteína no UNIPROT; **NA:** número de aminoácidos; **C:** cobertura; **NP:** número de peptídeos identificado; **NS:** número de espectros correspondentes aos peptídeos. As proteínas também identificadas por PSM usando ProLuCID são destacadas em vermelho.

Tabela 3. Proteínas identificadas por PSM. Proteínas identificadas em gônadas de fêmeas de *Anopheles aquasalis* alimentadas com açúcar. As proteínas foram identificadas por PSM usando o programa ProLuCID e uma base de dados “customizada” contendo as sequencias de proteínas de Culicideos depositadas na base de dados UniProt (81,000 sequencias, em outubro de 2013).

ID	PI	NA	MM	NP	NS	C	Descrição
T1EAM4	K.VNTISDDELATLER.E K.LPGGSIDPYEDK.W K.LSTVDM(15.9949)TVLGK.L R.TLQLSHNALTLPSSDR.L	396	45153.2	4	59	0.14	Putative membrane glycoprotein lig-1 membrane glycoprotein lig-1 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
T1E8Q5	R.ITDNNVFDIAIAASTIGK.Q K.LADLLSQYAR.L R.GVLGLTWCPK.D K.VTPFEDVQGLAWNR.Q R.LLWYFLK.A	796	87009.1	5	15	0.07	Putative vesicle coat complex copii subunit sec31 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
T1EAK1	R.M(15.9949)DGIAALAASPGAELDR.L K.SNVILDIKPWDDTDM(15.9949)K.Q K.ISADGLLLGAALK.L R.KISADGLLLGAALK.L R.SIIDGLNNLVIDLHDR.V K.ISVDWLQEEIEK.I	307	33735.5	6	35	0.25	Putative eef1delta (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
T1DGV8	K.LPIGDVATQYFADR.D R.GGAEQFLEETER.S	542	59378.9	8	46	0.19	Putative chaperonin complex component tcp-1 eta subunit cct7 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1

	R.FNVFQGCPNAK.T								
	K.TFAYAGFEM(15.9949)QPK.S								
	K.ACGGAVM(15.9949)TTVQDISDKVLGR.C								
	K.VTGGALEDSM(15.9949)LVDGVAFKK.T								
	K.EQLLIGAM(15.9949)AK.A								
	K.ALEVIPR.Q								
E3XD38		3324	367192.7	12	75	0.04	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_20567 PE=3 SV=1		
	K.VLGPYTFSIGDTTK.L								
	R.LQSELASLGRPDFTITPLEFEK.D								
	K.ADAAEFVELCK.E								
	R.LDGVANALDNIDAR.I								
	R.FYDDTFFNR.L								
	K.LAQGFNVLER.F								
	R.TLKLPGVQPLEALESVKK.A								
	K.DDDNNLHM(15.9949)DFIVAASNLR.A								
	R.DTFEGIFK.Q								
	R.VVVLTLTTPAEQR.R								
	R.LNLPM(15.9949)SEVVR.K								
	R.M(15.9949)NGEIRVTAHENR.V								
E3X8J8		197	22178.1	8	35	0.36	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_16451 PE=3 SV=1		
	K.KIDASVSPDEVFEHVK.A								
	R.EGSEYGALIEDNIK.N								
	K.YGYTHLSAGDLLR.E								
	R.FNTYINDTVGIIK.H								
	K.VVFLGPPGSGK.G								
	K.IDASVSPDEVFEHVK.A								
	R.NREGSEYGALIEDNIK.N								
	K.RFNTYINDTVGIIK.H								
E3X8A9		744	84204.8	9	23	0.14	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_16292 PE=3 SV=1		
	R.LLDDSQEVM(15.9949)AAFR.E								
	R.ALNVLPADVLTR.V								

	R.SPNDFALWK.N							
	R.DDLLPALGVR.L							
	K.EQLLHDSKDPLSELLDSK.R							
	K.INPVEM(15.9949)FLTETDK.Y							
	R.YWEDEFHK.D							
	R.SYISFDILRR.V							
	R.LHLYNSLTR.R							
T1DN66		195	20405.7	4	20	0.16	Putative peroxiredoxin 5 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	R.YSM(15.9949)VVEDGVVK.S							
	R.M(15.9949)LADPAAAFK.A							
	K.RYSM(15.9949)VVEDGVVK.S							
	K.THLPGYVEK.A							
Q7Q0V2		679	75939.4	4	15	0.04	AGAP010139-PA OS=Anopheles gambiae GN=AGAP010139 PE=4 SV=4	
	R.VAILDAGSQYGK.V							
	K.LNATLLPIR.S							
	K.IIGDVFVK.V							
	R.KIIGDVFVK.V							
E3WM96		252	25368.9	3	22	0.1	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_02076 PE=3 SV=1	
	K.VPAAHPPVNDM(15.9949)IFAAVK.A							
	K.AAAGPKKPKVPAAHPPVNDM(15.9949)IFAAVK.A							
	K.KPKVPAAHPPVNDM(15.9949)IFAAVK.A							
T1E7A2		356	38901	2	5	0.06	Putative mitochondrial phosphate carrier protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	K.M(15.9949)LGEEGITAFYK.G							
	K.GLVPLWCR.Q							
E3X6H8		1051	113880.9	5	20	0.07	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_15223 PE=4 SV=1	
	K.VISIAEGTPYTPLK.E							
	R.EKVTTAVLSIAAR.A							
	K.EPEPSFEILSNPAR.V							
	K.SAARPSLYAYPAPLEEK.K							
	R.EAIALLEPM(15.9949)AK.F							

T1E8T0	132	14494.3	5	14	0.39	Putative endosulfine OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.YFDSGDYQM(15.9949)AK.Q K.YGTNVGLGGPR.G R.GLGGHSAFLQKR.L R.GLGGHSAFLQK.R K.VPTGEAIPTPETVPVRK.T						
T1DFZ2	161	17915.7	7	37	0.27	Putative small ubiquitin-related modifier protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.VLGQDNAVQFK.I K.LM(15.9949)NAYCDR.A K.GSESEHINLK.V R.KLM(15.9949)NAYCDR.A R.AGLSM(15.9949)QVVR.F K.KDNKGSESEHINLK.V K.HTPLRK.L						
T1DPZ0	799	91534.4	15	73	0.19	Putative endoplasmic reticulum glucose-regulated protein grp94/endoplasmic hsp90 family OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.GVVSDDDLPLNVS.R R.LLSLTPGVLDNR.N R.ELISNASDALDK.I K.DKEYTSLSEYVER.M K.QDLVNNLGTIAK.S K.EYTSLSSEYVER.M K.EGFTLNESDEAK.A K.LDGLNVAQIK.E K.QDNIYFIAGPNR.A K.VLHIIDTGIGM(15.9949)TK.Q K.LIINSLYR.N K.SGTADFLSK.M K.SLLYVPK.V R.EEEAIKLDGLNVAQIK.E						

K.TEYEPLLK.W						
E3WUD4	146	16900.2	13	104	0.59	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_25954 PE=3 SV=1
K.YM(15.9949)QLTSSNIDSK.L						
K.IITIVSNPR.H						
K.IPDWFLNR.Q						
R.VLSTNIDGKR.T						
R.TVPIALTAIK.G						
R.YAHVVVK.K						
R.YAHVVVKK.A						
R.AGECSDDEVEK.I						
K.ADVDPFKR.A						
K.KADVDPFKR.A						
K.RTVPIALTAIK.G						
K.DIVDGKYM(15.9949)QLTSSNIDSK.L						
R.TVPIALTAIKGVGR.R						
T1DFU4	546	59357.3	8	57	0.14	Putative chaperonin complex component tcp-1 theta subunit cct8 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.AYSGLEEAIVYR.N						
R.VIDDGVNTFK.G						
K.FAAALEFFPK.A						
K.QLGNEDFLADLIAK.A						
K.NIFDLYTAK.Y						
K.APGFASM(15.9949)LK.E						
K.ALEILPTLSCHEIK.D						
R.FVEGEVSSATK.A						
T1E752	519	55934.5	2	29	0.05	Putative aminopeptidase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.ASPSLGSLFAEQR.S						
K.IGDPFEVSILR.K						
T1E871	203	23238.9	5	13	0.3	Putative glutathione s-transferase aedes aegypti glutathione s-transferase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.IAVVSYEPDDDIK.E						

	K.VVDNVTSIESIR.N K.LVTLNNEVIPFYLEK.L K.VYYFNVK.A R.FLLSYGNLPPFDDVR.I							
E3WKE0		730	81659.6	2	10	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_00900 PE=4 SV=1	
	K.DNPGLSITEIAK.K K.RKKGPSTTPRK.A							
T1DQK7		259	27412.2	12	43	0.37	Uncharacterized protein (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	K.GNIVNLSSVAGNR.S R.SFPGILAYSM(15.9949)SK.A R.VNAVNPGVIITDIHK.R K.NAPLLLIADVTK.E R.GGM(15.9949)DEESYAAFLKK.C K.FGASLALTGR.N K.RGGM(15.9949)DEESYAAFLKK.C R.CTALELAPK.Q K.CTALELAPK.Q R.GGM(15.9949)DEESYAAFLK.K R.VNAVNPGVIITDIHKR.G K.TKGNIVNLSSVAGNR.S R.VLDEIIAK.Y							
T1DND3		429	46997	4	16	0.12	Aspartate aminotransferase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	K.NVGYLAEIAHAVTK.- R.VGAFSLVTSSK.D R.IGGAFLAGFFPGPK.D R.LVTEILGDADLR.K							
E3WKL1		1760	186529.3	4	11	0.03	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_01012 PE=3 SV=1	
	K.STNRPGVM(15.9949)GGLGGFGGLFR.L R.GTNRPGVIGLGGFGGLFR.L R.LYVAPLLPM(15.9949)LR.Q							

	R.SFAEELLVPTK.I						
T1DFV3		198	22097.6	3	3	0.16	Putative uridylate kinase/adenylate kinase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.APADIFADVEK.A K.AIDELLATK.V K.QGILVPNETVLK.L						
T1DKV5		411	45011.9	1	2	0.04	Putative plasma glutamate carboxypeptidase plasma glutamate carboxypeptidase (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.GLPLLGLGSTVGTPR.G						
E3X8S4		2047	218250.9	4	11	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_16639 PE=4 SV=1
	K.AILEGSNYQFK.V R.VSWLQSNVLDK.V R.LALM(15.9949)DYEGK.L K.YQQLGTDTLVK.N						
E3XFB2		377	40304.7	1	5	0.03	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_22609 PE=4 SV=1
	K.AIDPAAAYSFLVK.G						
E3X1I5		175	19680.8	1	2	0.07	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_11354 PE=4 SV=1
	R.GFTDEEFNDM(15.9949)JK.S						
E3X9R5		352	40351.8	4	9	0.13	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_17203 PE=4 SV=1
	K.YFVDFDIPK.H K.EVATLIENLYSK.L R.NGSAPPEIELIK.V K.SVPGGYNLFVQDK.E						
T1EAZ0		267	29775.9	1	6	0.07	Putative glyoxalase (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.GVDGAILKPLITLDTPGK.A						
Q7QEG0		398	44531.2	5	31	0.15	AGAP000672-PA OS=Anopheles gambiae GN=AGAP000672 PE=3 SV=2
	R.NYVVEDGDIIFFK.F K.VPAYLNVVDIAGLVK.G K.STFFNVLTK.S R.DLSIISEELR.L R.IGIVGVPNVGK.S						
T1DPW2		273	30369.9	4	19	0.14	Proteasome subunit beta type OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1

	R.EYSENPATYQTLK.Q K.LISYGSLAR.F R.SFYNLWTR.V R.EYSENPATYQTLKQPQATDLM(15.9949)K.R						
E3XA65		847	93729.5	5	14	0.08	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_17438 PE=4 SV=1
	K.DDIM(15.9949)DVHSLFLDAK.R R.EAAGVVVDLIK.S K.QLKLDPSIYETLQR.E R.GTDDIVSPHGIPLDLLDR.L K.TISNVVIGLK.T						
T1E8N2		510	57190.9	6	36	0.15	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.NIEVNTDETPLLFK.A K.AQLFALTGVQPER.Q K.SGATLLLLGTK.E R.SDTITPVFLQR.L R.QQDANECWSELLK.M R.LPAYLTVQFVR.F						
T1DS66		363	41107	1	8	0.04	Putative neutral alpha-glucosidase ab neutral alpha-glucosidase ab (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.ASSDDATPLELVR.E						
T1DRK6		565	61787.3	4	10	0.12	Putative atp-citrate lyase (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.TIAIIAEGIPENLTR.K R.DRQVSIIGPATVGGGLKPGCFK.I R.AGKDLVSSVVSGLLTIGDR.F R.SGGM(15.9949)SNELNNIVSR.T						
E3X6P9		2701	297538.9	14	29	0.05	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_15315 PE=4 SV=1
	R.SLLNEATEQYGK.L K.LETFNAITDSNR.V R.LQM(15.9949)SNILAEVECSAPK.I K.FVQASEELIETR.K R.SQTDESLSNLLNEGLSR.K						

	R.QVCSLLEETTR.L								
	R.SAEEELLPLQEK.V								
	R.ELIINDVEM(15.9949)IK.V								
	R.FVFGEPSSGSGR.Q								
	R.DTLLSAVERK.T								
	K.HETTIVFLK.D								
	K.ASVEQLLQIIK.Y								
	R.DTLLSAVER.K								
	R.NIEELQANNADLIM(15.9949)TLHELNAR.L								
E3X520		352	40440.5	2	3	0.06	KRR1 small subunit processome component OS=Anopheles darlingi GN=AND_13898 PE=3 SV=1		
	K.VLEDEISCDIIK.I								
	R.KTWDPFIILK.A								
T1EAJ0		263	29076.4	6	14	0.2	Putative ribonuclease h1 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		
	R.ATNNCGEIQAAASEAIR.R								
	K.FNHVDAHSGIVGNER.A								
	K.ADFM(15.9949)ELDR.E								
	K.NKADFM(15.9949)ELDR.E								
	R.GWTLASGGPVK.N								
	R.ATNNCGEIQAAASEAIRR.A								
E3XBA2		1803	206383.2	5	22	0.03	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_19441 PE=3 SV=1		
	K.EIVCIGSIDELER.L								
	R.YANEWEQIIGR.M								
	R.YNILSVADGR.K								
	R.LYLINSPVVR.A								
	R.YINVEIER.A								
E3WJD3		745	83120.2	9	19	0.11	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_00333 PE=3 SV=1		
	K.DNLQSELVTHLYK.S								
	K.IVDVVTQLLR.R								
	K.NKVFTDFNGIR.E								
	K.TLDSIHPLTGLTK.M								

	K.VFTDFNGIR.E K.LGIIGVM(15.9949)NR.S K.SSVIESLVGK.T K.M(15.9949)DILTAIR.N K.SYFYIVRK.S						
E3X7V3		656	74493.5	1	3	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_15919 PE=4 SV=1
	R.M(15.9949)IEAYIESFR.E						
T1DGZ9		508	58779.9	2	4	0.05	Putative thiol-disulfide isomerase and thioredoxin OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.TQADLPLIAIDSFR.H R.TVEAFSEFIK.K						
E3WKK2		585	64177.7	2	15	0.04	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_01001 PE=4 SV=1
	R.ILNLDNTIGPR.G R.EINFGDCLK.T						
E3XBY3		1880	207928.6	5	21	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_19889 PE=3 SV=1
	K.EEFSELAEAISK.K K.AKNTLDONLYLEK.Q K.EEFSELAEAISKK.L K.NTLDONLYLEK.Q K.LFASVPSADIR.K						
T1EAV5		192	21887.4	2	5	0.11	Putative glutathione s-transferase e6 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.GLLAAGELM(15.9949)QR.V K.LPYYAEINAK.G						
E3WVW2		1216	134995.3	6	13	0.05	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_07918 PE=4 SV=1
	K.ATISSLPDSVATVTK.A R.AGVDFVTFAK.S K.VPPSLLLLSR.A R.ALM(15.9949)LPENITTSK.L K.M(15.9949)DTVLTDLER.K K.DFSEFFSR.V						

B6DDS1	148	16792.4	10	76	0.43	Ribosomal protein S16 OS=Anopheles darlingi PE=2 SV=1
K.EKVS AVQVFGR.K K.VSAVQVFGR.K K.ALVSFYQK.Y K.LQEPLLLL GK.E R.TLLVADPR.R K.DILTQYDR.T K.KFGGPGAR.A K.EKFAGVDIR.I K.FAGVDIR.I R.YKLQEPLLLL GK.E						
E3WRF7	228	24583.8	3	15	0.15	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_05215 PE=4 SV=1
K.AAYM(15.9949)LLTGLPIDAK.E R.FFYEQLPLDVK.T K.EALDAGLVSK.V						
E3X431	655	73430.2	2	10	0.03	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_13120 PE=4 SV=1
R.GGGGDGYFINEK.L K.AFEVFGPLER.A						
T1EAB0	365	41816.5	1	2	0.03	Uncharacterized protein (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.TPLSDEFCSVLR.A						
E3XB28	822	91502.5	2	5	0.03	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_18383 PE=3 SV=1
R.SVDIICDDDLVDR.C K.NNDIFELLSR.S						
Q7QHP4	879	101611.3	7	13	0.08	AGAP011286-PA (Fragment) OS=Anopheles gambiae GN=AGAP011286 PE=3 SV=3
K.TSVLESIAQAR.I K.LEEFINALNLEK.- R.ETIEQQADAFK.A R.NLSLAVADR.F K.VDLAEDLADPNR.I K.SAVIDEAIR.R						

	R.VQLAEELIR.V						
T1DEY1		880	102621.3	4	7	0.05	Putative myosin class ii heavy chain OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.ADVAESNLTIVR.A R.LHEYEIELR.R K.SKYEAEVM(15.9949)AR.T R.LLQEDLESER.C						
T1DQE3		232	26464.6	2	2	0.1	Putative lish motif-containing protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.LIM(15.9949)NYLVTEGFK.E K.IASELNAAILK.I						
E3WJC2		607	69420.7	2	3	0.04	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_00315 PE=4 SV=1
	K.AANVLLSELGDVK.L K.AIIFPLSEM(15.9949)QR.N						
E3X4C6		653	74013.3	1	5	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_13309 PE=3 SV=1
	R.LSEAEISEDILAPK.L						
T1DQI9		160	17645.6	9	48	0.36	Putative eukaryotic translation initiation factor 5a OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.VHM(15.9949)VGIDIFTGK.K K.SCGEETVIAIK.N K.KYEDICPSTHNM(15.9949)DVPNVK.R K.VHM(15.9949)VGIDIFTGKK.Y K.IPDGDLGTQLR.S K.YEDICPSTHNM(15.9949)DVPNVKR.E K.YEDICPSTHNM(15.9949)DVPNVK.R R.EDLKIPDGLGTQLR.S K.KYEDICPSTHNM(15.9949)DVPNVKR.E						
E3WW53		562	64055.2	2	2	0.04	Glucose-6-phosphate 1-dehydrogenase OS=Anopheles darlingi GN=AND_08053 PE=3 SV=1
	R.GGYFDDFGIIR.D K.LFSEDQLYR.I						
E3WU04		645	73324	6	16	0.09	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_06802 PE=4 SV=1
	K.EVLEDVEQYK.Q						

	K.SGPVIPFK.A K.ELLANYCR.S K.LLDSPGIVFQRPK.D K.LLDSPGIVFQRPK.E R.SLIEDWNSGK.I K.MLSTEGTIIER.E						
E3XGD8		216	24415.8	1	2	0.05	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_23227 PE=3 SV=1
	R.VYNVGFNDPK.E						
BOWQI8		379	41233	2	13	0.04	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase OS=Culex quinquefasciatus GN=CpipJ_CPIJ009378 PE=4 SV=1
	R.GEVIKGWDLGVAGM(15.9949)K.V K.GWDLGVAGM(15.9949)K.V						
T1E7L1		132	14502.3	2	7	0.17	Uncharacterized protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.VVDM(15.9949)IDIEDITEK.A -.M(15.9949)QLLSGLVK.T						
Q0IF77		1182	134770.4	2	16	0.02	AAEL006415-PA OS=Aedes aegypti GN=AAEL006415 PE=3 SV=1
	R.TGFFEFQSAR.D K.ADLSALEILR.F						
T1DPR8		535	59607.9	3	13	0.06	Putative transferrin 1 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.EQVTLPQQYLER.A R.YEGIVLVR.T R.DVRPSFECVLK.G						
Q7PPF9		3704	411771.8	2	18	0.01	AGAP004993-PA OS=Anopheles gambiae GN=AGAP004993 PE=4 SV=3
	K.IVPLEGGEIPR.L R.CQYGFFNFPYCEPCHCDIR.G						
E3XAI4		1341	145110.9	2	4	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_17637 PE=4 SV=1
	K.ELVEPGCAGAVIFSK.E R.NIPVNDFYETISR.S						
E3WKD9		174	19709.2	6	15	0.16	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_00899 PE=4 SV=1
	K.ENPGIKVTEIAK.R K.ENPGIKVTEIAK.K						

	K.KENPGIKVTEIAK.K K.KENPGIKVTEIAK.R K.KGGELWR.G K.DKSEWEFK.A K.SEWEFK.A K.ENPGIKVTEIAKK.G							
E3X306		1145	122933.4	6	50	0.06	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_12432 PE=3 SV=1	
	K.ADDIETIYK.N R.DITCQIAYAR.I R.CFLDVGLAR.T K.VAGTHEACIPLLGVAPLGTSK.L K.YIALGIK.A K.ADDIETIYKNAHAAIR.K							
E3X7H7		763	84426.1	3	12	0.04	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_15750 PE=4 SV=1	
	R.VYALPEDITEVK.A K.DAGVNLEALR.E K.LSPEAILLR.W							
T1DPD5		434	47847.8	3	29	0.06	Putative phosphoribosylamidoimidazole-succinocarboxamide synthase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	R.M(15.9949)VSDDAFLAR.Q K.VFGLLR.A R.ELGLNTELR.V							
E3WRH9		1857	212987.6	1	1	0.01	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_05250 PE=4 SV=1	
	K.FSDLNSEAIESVAK.N							
E3XAE3		314	35567.1	2	5	0.08	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_17567 PE=4 SV=1	
	K.TATVTELTEEEAESLQK.E K.LVLTVFR.G							
T1DP60		147	16140.8	8	21	0.52	Putative multiprotein bridging factor 1 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	R.GKEIGTPLVPPGKK.- R.RQGIPVETTQK.F K.ASTLKTETAVNQAR.R							

	K.ICEKPQIVNDYEAGR.G R.HKTVNASVAK.L K.TETAVNQAR.R K.FNAGTNKQHAATK.N K.TVNASVAK.L						
T1DTP5		234	25725.6	1	2	0.06	Putative replication protein a2 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.AEGLVPM(15.9949)VVSQIK.E						
E3XAA4		441	50362.3	1	2	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_17504 PE=4 SV=1
	R.LVGPFDVLAGK.F						
T1DPJ1		428	46454.6	4	10	0.11	Putative hemomucin (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.GALELTDHLDNAER.L K.IYGPEAILVNGK.D K.LFNSVAVAR.N K.DLFTTIHGGEVIR.I						
T1DT96		148	16967.2	8	30	0.39	Putative cytosolic large ribosomal subunit l27a (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.KNPEQVPVIDLVK.F K.LGGGACLLR.A K.LLGTGYLPK.Q R.INYDKYHPGYFGK.V K.IKLGGAACLLR.A K.NPEQVPVIDLVK.F R.NHKFCPTVNLTK.L R.GNAGGM(15.9949)HHHR.I						
E3X315		614	66040.9	3	6	0.04	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_12443 PE=4 SV=1
	K.AVAFLIDTINR.D R.KLGLALSPEEEVIR.S K.LGLALSPEEEVIR.S						
E3WRA3		846	96107.5	1	2	0.01	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_05106 PE=4 SV=1
	K.IETVYDDIR.R						
E3WJN7		288	31489.1	2	6	0.08	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_00485 PE=4 SV=1

	K.GIEAEVINLR.S R.SLRPLDSETIFK.S								
E3X981		529	60544	1	4	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_16935 PE=4 SV=1		
	K.SDDFVALFR.A								
E3WL42		1110	126189.2	2	6	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_01286 PE=4 SV=1		
	R.FNVQDVFR.Q R.IGWQIDPFGHSR.E								
E3X5P3		307	34427.3	1	2	0.04	Deoxyhypusine hydroxylase OS=Anopheles darlingi GN=AND_14256 PE=3 SV=1		
	K.VASIGEVLLNR.E								
T1DSV5		683	73089.5	3	4	0.05	Putative eukaryotic translation initiation factor (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		
	K.TFEIDTEER.L K.ELGTLLSVQSEGKK.N K.SLDVCFTK.L								
A7UU58		1149	125664.7	1	4	0.01	AGAP006220-PA OS=Anopheles gambiae GN=AGAP006220 PE=4 SV=1		
	K.AAQVAAYVLGLPLEK.I								
T1DU92		359	38873.5	2	4	0.06	Putative serine protease 14 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		
	R.DKANLNDIALIR.F K.SQEDCAPIFAR.G								
E3X3N0		383	43466	1	1	0.03	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_12830 PE=4 SV=1		
	R.TELIGLPGIGPK.V								
T1DH45		238	26971.7	4	20	0.15	Putative ferritin light chain-like protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		
	K.AWADAIDLIK.Y R.RGSFGHLVNPR.E R.ELAGYIHNLK.H K.ISDKAWADAIDLIK.Y								
E3X2R4		2003	220363.3	2	2	0.01	Clustered mitochondria protein homolog OS=Anopheles darlingi GN=AND_12258 PE=3 SV=1		
	K.TAAGIPFEEQSDDGAK.A R.DWNEELQTTR.E								
E3WRK7		457	50879.4	1	2	0.03	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_05286 PE=4 SV=1		

	R.DLSSQIQEIEER.A						
T1DQ01		471	51726.6	1	4	0.03	Putative oligosaccharyltransferase beta subunit (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.SGNQDVALAITR.W						
T1EB75		180	19215.1	1	2	0.07	Putative transmembrane transport (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.VSATSIALELIR.A						
T1DPI6		571	64140.8	1	3	0.02	Putative tudor domain-containing protein 7 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.LELLSLALSR.Y						
T1EAP6		226	25013.7	5	14	0.23	Putative proteasome subunit beta type aedes aegypti proteasome subunit beta type (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.DTFISATER.D						
	K.AVSVIKDTFISATER.D						
	R.AGGSAGPLLQPVLNQLGLKNM(15.9949)TK.A						
	K.EGIKEEILPLRK.D						
	K.EGIKEEILPLR.K						
E3XAX1		295	33353.7	2	4	0.05	Thymidylate synthase OS=Anopheles darlingi GN=AND_18288 PE=3 SV=1
	K.DEQGYLQLIR.D						
	K.EENKDEQGYLQLIR.D						
Q7PYQ7		575	62526.6	1	1	0.02	AGAP002067-PA OS=Anopheles gambiae GN=AGAP002067 PE=4 SV=4
	K.LIAGLTLPQM(15.9949)IK.V						
T1DRJ3		407	45931.8	1	1	0.03	Putative hydrolases or acyltransferase alpha/beta hydrolase superfamily (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.EQFLNQFPQFK.T						
E3X5F9		1012	116013.4	4	5	0.03	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_14133 PE=3 SV=1
	K.INPAVLANIK.A						
	R.QGITDELFDR.H						
	K.EQLLEVNER.Y						
	K.SLLTVPYTDR.H						
E3X6Y6		1038	112449.7	3	11	0.03	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_15452 PE=4 SV=1
	R.FALQIAAVK.I						

	R.KEDDVCLIVK.D K.AKLFGDDL.R.F						
Q7Q0S1		337	39021.3	1	1	0.04	AGAP010191-PA (Fragment) OS=Anopheles gambiae GN=AGAP010191 PE=4 SV=4
	R.IDFQEFVGDNAK.D						
E3WMI6	R.FKNLISDSFSEPR.K K.ELLALAM(15.9949)DR.S	2182	223348.5	2	2	0.01	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_02207 PE=4 SV=1
T1EAX7	R.LSWQTPEAK.N	172	19572.1	1	4	0.05	Uncharacterized protein (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
Q7PVV8	K.VPM(15.9949)FIVQR.K K.FVTASWTK.D	732	83247.6	2	4	0.02	AGAP009172-PA (Fragment) OS=Anopheles gambiae GN=AGAP009172 PE=4 SV=4
T1E913	K.LQSLSFQNIK.R K.LQSLSFQNIKR.V	130	14606.3	2	3	0.08	Putative nuclear transport factor-2 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
E3X043	R.DNVRPGSNTAEALSEAIK.L	266	30497.7	1	1	0.07	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_10520 PE=4 SV=1
Q7PMK0	R.IIDETLLPK.L	1932	211116.3	1	2	0	AGAP010767-PA (Fragment) OS=Anopheles gambiae GN=AGAP010767 PE=4 SV=4
B0X689	R.NQFVFLR.N R.KMSDQIPLKNDK.N	691	78743.4	2	8	0.03	Putative uncharacterized protein OS=Culex quinquefasciatus GN=CpipJ_CPIJ014761 PE=4 SV=1
Q7Q9F7	R.DLFKPFQDIK.S	862	94952.4	1	1	0.01	AGAP005249-PA OS=Anopheles gambiae GN=AGAP005249 PE=4 SV=4
T1E8A8	K.LFDSSESLVCLK.T K.TFLWDVETGK.A	327	36146.6	3	12	0.09	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit I OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1

	R.EGDLIFSSAK.D							
T1DS18		669	71021.5	2	8	0.02	Putative forkhead domain 68a (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	R.SNTAFLGDISVR.G							
	R.YFIKVPR.S							
T1DSF4		558	60759.7	12	135	0.23	Putative chaperonin complex component tcp-1 gamma subunit cct3 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	R.NLQDALHVAR.N							
	K.DVGTGAGLFEIKK.L							
	K.DVGTGAGLFEIKK.M							
	R.LCEDIIAVKPDVVFTEK.G							
	K.VEKIPGGSIDDSVLR.G							
	K.DVGTGAGLFEIK.K							
	R.DVGTGAGLFEIK.K							
	R.IVLLDCPLEYKK.G							
	R.IVLLDCPLEYK.K							
	K.GVSDLAQHFLK.A							
	R.AVAQALEIIPR.T							
	K.TAVETAILLR.I							
	K.KGESQTNVEIVGDQDFTK.L							
	K.NIWEPLSVK.L							
T1DR02		344	37118.6	3	8	0.1	Putative succinyl-coa synthetase beta subunit (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	K.TLPIDITAGITR.E							
	R.ETYSIVM(15.9949)DR.Q							
	R.FLEFHGPLLR.A							
E3WVU6		1331	138152	2	6	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_07888 PE=4 SV=1	
	R.FEPEDAVAIADGPLK.R							
	R.ELISVPVVDASK.G							
T1EA65		523	57690.7	3	26	0.07	Putative medium subunit of clathrin adaptor complex (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	K.VVSAPLPAAVASSAAK.A							

	R.DADTFVDQLK.S									
	R.IEGLLAAPFK.L									
E3XA87		403	44573.2	1	2	0.03	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_17468 PE=4 SV=1			
	R.SGFDVVTFGQR.A									
T1E710		730	79271.8	5	29	0.08	Putative nadh-ubiquinone oxidoreductase ndufs1/75 kDa subunit OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1			
	R.ENDAINEEWLSDK.S									
	K.KPLIIVGANQLAR.K									
	R.DIANGLHPFAK.K									
	R.YEAPLLNTR.L									
	R.AQQT(15.9949)VAVTPPGLAR.E									
T1E7Y0		408	47139.7	8	74	0.22	Putative nucleosome assembly protein 1 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1			
	K.IDPETQFLIGR.D									
	R.VQEDDKIDPETQFLIGR.D									
	K.VDSDEPFSEFEGPEIHK.C									
	K.FFEEVYQVECK.Y									
	K.YQQLYQPIIDR.R									
	K.TQPTESFFNFFSPPR.V									
	K.QFISGLPEEAQK.R									
	R.DFEIGHFLR.A									
Q7PVZ9		430	49215.7	8	104	0.19	AGAP009135-PA (Fragment) OS=Anopheles gambiae GN=AGAP009135 PE=4 SV=3			
	K.GWEKPSPIQEAAIPIALVGK.D									
	R.NLVCSDLFTR.G									
	R.GNEFEFCLK.R									
	K.VQVIIATPGR.I									
	K.GWEKPSPIQEAAIPIALVGKDILAR.A									
	K.TSDVTDRGNEFEFCLK.R									
	K.RPLLM(15.9949)GIFEK.G									
	R.M(15.9949)LVLDEADK.L									
T1E7C5		646	71936.5	14	180	0.19	Putative polyadenylate-binding protein rrm superfamily OS=Anopheles			

aquasalis PE=2 SV=1

K.AKLFTNVVVK.D
 K.AKLFTNVVVK.N
 K.FSTAGPVLSIR.V
 R.FYGPQVAQVR.T
 R.SKGFGFVCF SAPDEATK.A
 R.IVGSKPLYVALAQRK.E
 R.GFGFVAFENPDAAER.A
 K.GFGFVCF SAPDEATK.A
 R.ALDTM(15.9949)NFDTIK.G
 K.NLDDTIDDER.L
 R.IVGSKPLYVALAQR.T
 R.IVGSKPLYVALAQR.K
 K.EFAPYGTITSAK.V
 K.SGVGNVFIK.N
 K.LFTNVVVK.D
 K.LFTNVVVK.N
 K.SRGGFVAFENPDAAER.A

T1E7I8	176	19655.7	4	45	0.17	Putative nucleoplasmin OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.FVTWDPENK.S R.DTLRIPIAVLK.V K.EGVKFVTWDPENK.S K.FVTWDPENKSDGFPR.T						
E3X0N7	2194	237477.1	13	33	0.06	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_10853 PE=4 SV=1
R.DTALALGEYTK.S R.EAIQELNATVER.L R.EACGGNELDAALEAVR.N K.AVANTTAALVLK.A K.SLADLLEHIK.L R.TDDEINWVDVGK.T R.EFLPSSYVR.T						

	K.DDSSGLVEISR.G K.LIGLSDLDK.Y R.ATALLIQSIK.V R.AAQLHPELDEAVEATR.E K.LCNAFSDLK.S K.VLALTPTDPPVWQQLAIHSR.N							
T1DF92		165	18754.8	2	11	0.14	Putative signal recognition particle 19 kDa protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	R.DDSGHPLNPEYPTR.D R.DSLLVHVVGK.T							
T1DQ49		652	75236.7	3	7	0.05	Nucleolar GTP-binding protein 1 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	K.DRPACIPEAVLAAR.A R.TIIICGFPNVGK.S K.IIEDLSEDR.E							
T1EA24		180	20519.9	2	15	0.12	Putative translocon-associated protein subunit gamma (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	K.EEELLQDFSR.N R.EM(15.9949)TALLAEDKK.M							
T1EAG2		427	47387.3	6	14	0.12	Putative serine/threonine phosphatase 2c (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	K.LSDAGALCQFK.A R.EVVLPTEGELFGELAK.F R.TEYQQLSLTTK.L K.LSNNKLSDAGALCQFK.A K.EEINPLAK.S K.ALANQLNELHLYM(15.9949)K.S							
E3WK95		533	59438.7	6	21	0.12	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_00831 PE=4 SV=1	
	K.ATGQIRPFAVAALVR.N K.TAGFEVVHGLLDR.V K.DASEEIIYR.I R.VM(15.9949)QLLEVPWDK.E							

	K.TLEFQVVR.T R.TTLIPGLLK.T						
T1E8Q9		161	18203.9	4	10	0.25	Putative peptidyl-prolyl cis-trans isomerase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.IQSNETTLQELAQR.Y R.STGM(15.9949)TYYLNIYTK.E R.SKDEALEILEGYRK.K K.RGGDLGM(15.9949)FKR.G						
T1DNB2		206	23395.8	5	45	0.19	40S ribosomal protein S8 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.NAIIVIDAAPFR.Q K.LEPALEEQFNLSGR.L R.LDAGNFAWASEGM(15.9949)AR.K R.LLAAIASRPGQCGR.A K.ELEFYLK.K						
E3WMZ2		223	25502.1	1	8	0.05	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_02475 PE=4 SV=1
	K.NTNVADVLALAK.E						
E3WT34		417	45265.1	4	13	0.12	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_06298 PE=3 SV=1
	R.GIYVIGFSYPVVPK.G K.ALDEYGAGLSSVR.F R.AVAAFIEVGK.Q K.LRQIIQEQLDGIR.E						
T1E759		295	31925.5	4	60	0.19	Putative microtubule associated complex OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.ISTFSPLIVR.L R.FGQPEIALGTIPGAGGTQR.T K.EAVNTAYETSLNEGLK.F K.NVALITLNRPK.A						
T1DJ51		172	18907.6	3	11	0.1	Putative ribosomal protein (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.SVLFYIGKR.C K.SVLFYIGK.R R.IRIM(15.9949)LYPSR.I						
E3X7L1		713	80458.6	1	2	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_15795 PE=3 SV=1

	R.EELIAHLGTIAR.S						
T1EAM6		475	51741.8	3	6	0.07	Putative imaginal disc growth factor 4 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.IVVGIATYGR.G						
	R.TAFINSAYTLVK.T						
	K.YLNLLESAGSR.T						
T1DG57		897	103520.2	11	23	0.13	Putative alpha actinin OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.GITQEQLTEFR.S						
	K.LETNFNTLQTK.L						
	K.VVSDITNSWK.G						
	R.NINEVENQILTR.D						
	K.ALDFIASK.G						
	K.ANAVGPWIER.Q						
	K.IDLLHLEFAK.R						
	R.EGLLDPAWEK.Q						
	R.ILASDKPYILPDEL.R						
	R.M(15.9949)LDPDDLINTPKPDER.A						
	R.AAPFNNWLDGAR.E						
E3WWC1		322	35596.9	9	63	0.27	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_08169 PE=4 SV=1
	K.IVQAEGEAEAAK.M						
	K.VLAAVGAAAYGIK.N						
	K.GGPPGLTIGLK.V						
	K.M(15.9949)LGLAVGENPGYLK.L						
	K.VLPSICNEVLK.S						
	K.DLQM(15.9949)VNISLR.V						
	R.AAFLVER.A						
	R.QQVLLIR.R						
	R.QLGLDYDEK.V						
T1DMW2		268	28557.7	2	4	0.1	Cytochrome b-c1 complex subunit Rieske, mitochondrial OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.VISGVTGATQIR.F						

	R.IPVGTVTAGSTLPR.G						
E3WYS7		1138	132861.4	9	64	0.06	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit A OS=Anopheles darlingi GN=AND_09747 PE=3 SV=1
	R.ALDTLQEVFR.A						
	R.ALDTLQEVFR.I						
	R.ANEFIDVGK.K						
	R.LAFLGLQQSPSR.A						
	R.LEEIPLIEK.Y						
	K.RLEEIPLIEK.Y						
	R.M(15.9949)AFSCLK.Y						
	R.DIYWQQLK.N						
	R.IEAAIAER.K						
	K.M(15.9949)EFRKLCEK.L						
E3WTB1		296	29861.8	2	19	0.11	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_06419 PE=4 SV=1
	R.SYAAPVAYTAPVVAR.T						
	R.AIAPVAPVAAAPAVVAAR.A						
E3WY29		1760	186747.8	8	30	0.05	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_09263 PE=4 SV=1
	K.DEFVDPITPR.K						
	R.SVNLITQEEFEK.I						
	R.IINDGLYNEEDLLTTDTGGRR.G						
	R.FYAVNKDEFVDPITPR.K						
	K.ILSSIPPPPLPR.N						
	K.QKWVPLEIELPK.S						
	R.FWSFFLR.E						
	K.EQQPQEAALWK.E						
T1EB19		219	25090.7	1	1	0.05	Putative thymidylate kinase/adenylate kinase (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.YSFGVAFSAAK.G						
E3WW65		975	108111.4	3	4	0.03	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_08072 PE=3 SV=1
	K.IFCLASVPK.S						
	R.SVFDEVYPDPVR.V						

K.ADEILELAR.L						
T1DJN6	569	64699.6	3	8	0.06	Putative glucosidase 2 subunit beta (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.SEAEELENAALK.V						
R.AGSGQFVCLDGR.K						
R.SAIVHLECGLDTR.I						
E3XAE1	516	57850.2	1	2	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_17560 PE=4 SV=1
K.NIFEDNALLQR.V						
T1DJP2	241	25572.5	1	2	0.07	Putative dehydrogenase (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.VAIVTGASSGIGAAVAK.A						
T1E7Y7	422	45635.4	4	18	0.1	Putative medium-chain specific acyl-coa dehydrogenase mitochondrial OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.TGEYPWAIK.K						
-.AFTGFIVER.E						
K.AFTGFIVER.D						
R.GITFEDVRVPK.E						
K.ENVLIGEGAGFK.I						
T1DTH0	274	29960.5	5	21	0.27	Putative methylthioadenosine phosphorylase mtap (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.IAGVECVLLAR.H						
K.IGIIGGSLDDSQIENR.T						
R.VVNTHFGIPSDVLEIGK.I						
K.VTELIINAIPK.I						
R.DEIHPGDIIIPDNFIDR.T						
T1E9T8	273	31007.9	7	26	0.22	Putative atp synthase subunit b (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.CIADLSALAAR.S						
R.ESNILQLTQAIIEDEK.K						
K.HM(15.9949)VDWIVNNVVK.S						
R.ESNILQLTQAIIEDEKK.E						
K.FGPALGAYLDK.E						
K.KFGPALGAYLDK.E						

	K.EVDKIEDEWK.E							
T1DRF7		446	51215.6	4	10	0.08	Putative bleomycin hydrolases and aminopeptidase of cysteine protease family (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	R.IDPFDACLSR.K							
	R.ANYFLNNVVETAK.R							
	K.FGEPVWFGCEVNKR.F							
	K.YLTIGPIRPIDFYEK.Y							
T1DP87		405	43906.6	10	66	0.2	Putative 5-formyltetrahydrofolate cyclo-ligase (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	K.EEDTDVESFR.K							
	R.VIGIQWGLLSAR.R							
	R.DNVDEESQVNELLGK.L							
	R.YGKCVLIFLKR.D							
	K.CVLIFLKR.D							
	R.DCYPFKISK.G							
	K.DFPDSADSKFNGGR.R							
	K.CVLIFLKR.R							
	R.TGVSAQLR.Q							
	R.TGVSAQLRQQGSVR.I							
T1DG84		660	72656.3	4	8	0.09	Putative mediator of rna polymerase ii transcription subunit 26 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	K.FDSILGDSSDTESSFNK.F							
	R.YTVAQLLALR.K							
	R.NEAASFAGNTGGR.R							
	K.RSDFYDELLHYEHVHQQ.Q							
T1EAL1		576	63844.4	3	15	0.05	Putative aldehyde dehydrogenase (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	K.M(15.9949)EDVPIIIGSEEFR.T							
	K.LSDFPLENEPVLGYK.K							
	K.LSDFPLENEPVLGYKK.G							
T1DN25		206	22477.4	5	40	0.37	Uncharacterized protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	K.HEVVPDVIPVAPTAVAK.V							

	K.VSYPSGAVVSEGNVLTPTQVK.D K.GETLSAYVGSPPAGTGLHR.Y R.YVFLVYKQNGK.L K.LTFDEPR.L						
T1DNN5		293	33042.9	2	7	0.09	Protein required for fusion of vesicles in vesicular transport alpha-snap OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.GFFGSLFGGGSNK.V K.TDPNEAVNCLLK.A						
T1E7U8		222	24173.4	3	6	0.13	Putative glutaredoxin-related protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.AGTAIDRIDGVDVGALSSK.V R.IDGVDVGALSSK.V K.ELLEGGELK.E						
T1E9T9		357	39965	1	2	0.04	Putative vacuolar atp synth (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.FEYGAVDGATPLTTVK.F						
Q7Q2P5		914	104635.3	1	3	0.01	AGAP004750-PA OS=Anopheles gambiae GN=AGAP004750 PE=4 SV=4
	K.NCEDM(15.9949)ECLAQLIR.T						
E3X9V9		1192	130728.8	7	22	0.06	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_17267 PE=3 SV=1
	R.IGVFGEDEDTTGK.S R.EFDDLSVSDQR.D K.TVDEVLSHFR.V K.AEIGIAM(15.9949)GSGTAVAK.S K.NILFSGTNVAAGK.A K.EFTLEFSR.D K.TVDEVLSHFRVDPER.G						
T1E3T0		312	34617.7	1	2	0.05	Transaldolase (Fragment) OS=Psorophora albipes PE=2 SV=1
	K.ELTTIVADTGDFEAM(15.9949)K.I						
E3XCX3		285	32639.9	2	6	0.09	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_20472 PE=3 SV=1
	R.LGYETGNTPFYLR.F R.EYPPISLAQLQK.L						
T1EAE6		374	40121.5	3	19	0.04	Putative oxidoreductase glyr1 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.ASLDDDDIEPTPK.R						

	K.SKASLLDDDIPTPK.R K.ASLLDDDIPTPKR.X						
E3WUZ3		690	79220	1	1	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_07392 PE=4 SV=1
	R.FAQAETFNDSR.I						
T1DMV8		475	52304.3	2	4	0.06	Putative mitochondrial processing peptidase beta subunit OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.SVEILSDIIQNSK.L K.ISSTVDGAAQLSPCR.F						
T1DQ27		385	42907	3	7	0.09	Putative dynamitin OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.ASYETVFGVVSTAK.K K.ILELYEIAK.T K.ILELYEIAK.S R.SLDYELAGEGK.E						
E3WWX9		836	87007.2	1	19	0.01	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_08500 PE=4 SV=1
	R.SLGTADVIFER.K						
T1DPL6		389	44477.8	1	1	0.03	Uncharacterized protein (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.VQELAAYENELR.Q						
E3XFL9		450	51586.6	2	3	0.05	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_22771 PE=4 SV=1
	R.AELDTPILYYK.D R.M(15.9949)VQQLEGFLR.Q						
T1E9P8		99	10999.9	4	12	0.31	Putative mitochondrial electron transport nadh to ubiquinone (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.REVAPPIDLTSQK.L R.EVAPPIDLTSQK.L R.FEDGIAAR.T R.DISPLLQELR.N						
T1DTK7		477	50254.6	1	2	0.03	Putative gtpase-activating protein (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.VDFLNSEVPVEAPK.S						
T1DMZ8		432	47436.1	2	36	0.06	Adenosylhomocysteinase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.IADISLAEFGR.K						

	K.KLDEEVAALHLDK.L						
T1DJD3		322	33350.7	2	16	0.07	Putative electron transfer flavoprotein alpha subunit (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.TIYAGNAIQTLK.S K.TTEFVSQELTK.S						
BOWFV5		109	12955.4	1	2	0.11	Putative uncharacterized protein OS=Culex quinquefasciatus GN=CpipJ_CPIJ006145 PE=4 SV=1
	R.TFVAASDAAAAR.Y						
T1DJY1		98	10921.1	5	39	0.43	Putative ribosomal protein s25 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.DKLNNQVLFDK.A K.LITPSVVSER.L K.LNNQVLFDK.A K.ATYDKLYK.E K.QVVHHHAQVIYTR.T						
Q172X3		1298	143238.5	1	8	0.01	AAEL007226-PA OS=Aedes aegypti GN=AAEL007226 PE=4 SV=1
	K.DTIEVASLEDPNLR.A						
E3WSW6		799	90780.8	3	10	0.04	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_06199 PE=4 SV=1
	R.DLLGAAETGSGK.T R.LLAVPLVLDLDR.A R.TADLPLYPTSDR.M						
E3WSS6		274	31671.1	2	6	0.07	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_06146 PE=4 SV=1
	R.TTNLISSLR.F R.LPIPLLK.T						
T1DHH0		199	21837.6	1	2	0.08	Putative rad23ab OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.LLQEDPNLLPYLM(15.9949)HR.I						
T1E941		179	19599	3	8	0.13	Putative hepatoma-derived growth factor OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.SFGLGDLVFAK.V K.VEDLFPYEVSK.E K.KSFGLGDLVFAK.V						
T1DFF8		234	24794.7	1	1	0.06	Putative dihydropteridine reductase dhpr/qdpr OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1

	R.DADWVAQETAVLSK.V						
T1E7M9		114	12767.5	1	2	0.11	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 subunit C2 OS=Anopheles aquasalis PE=3 SV=1
	K.TPLELLSGTTSK.T						
T1EA70		259	28857.1	2	6	0.08	Putative mitochondrial transcription factor a aedes aegypti mitochondrial transcription factor a (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.ELAVWLQQNAK.Y K.YLSQLTDAQK.E						
T1EAC3		151	16200.2	4	11	0.23	Putative deoxyuridine triphosphatase (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.SAYDYTVPAR.G K.LTENAFPTK.G K.AAGYDLR.S R.IAQFICEK.I						
E3X6Y0		913	100001.1	3	9	0.05	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_15446 PE=4 SV=1
	R.ALLNLGDSVTTDHISPAGSIAR.N R.TEGTPLIALVGK.D R.VQTIEAYLR.A						
E3X933		1149	128719.1	1	8	0.01	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_16854 PE=4 SV=1
	K.AATELVAELFR.R						
T1DGM9		79	8859.6	3	8	0.38	Putative mitochondrial cytochrome c oxid OS=Anopheles aquasalis PE=4 SV=1
	R.M(15.9949)KDAGLLQSVK.D K.VQDYAEFYK.T K.TYDANKAFQR.M						
T1E9Y7		508	54325	2	4	0.04	Putative aminopeptidase npepl1 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.GFGGIYGVGK.A R.HLTELPFSR.V						
T1DFW9		107	12147.1	1	3	0.14	Thioredoxin OS=Anopheles aquasalis PE=3 SV=1
	K.RKQVVQQFSGANAEL.L						
Q5TRG5		1041	116948.6	2	7	0.01	AGAP005728-PA OS=Anopheles gambiae GN=AGAP005728 PE=4 SV=3

	R.ALGSIGNVDILR.K K.SVLPADLR.S						
E3X472		621	69780.4	2	3	0.04	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_13185 PE=4 SV=1
	R.NGAGAIISPTR.E R.ELAM(15.9949)QIFGVLE						
B0WIS0		1225	138218	1	1	0.01	Trypsin OS=Culex quinquefasciatus GN=CpipJ_CPIJ007075 PE=3 SV=1
	R.FEDPVLGPR.R						
E3WYW6		319	35359.9	3	9	0.13	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_09812 PE=4 SV=1
	K.EGKPAPDIFLVAASR.F R.ELFELFNHK.V R.NQLLHLGQAPLLQGAER.L						
E3WML7		1656	164218.2	1	1	0.01	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_02259 PE=4 SV=1
	R.DLTQALLAVEK.E						
E3XBR2		800	85533.1	1	4	0.01	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_19764 PE=4 SV=1
	R.LISFLVGTR.G						
B0W2S7		135	14566.6	1	46	0.07	Histone H2A OS=Culex quinquefasciatus GN=CpipJ_CPIJ001452 PE=3 SV=1
	R.AGLEFPVGR.C						
T1DK38		310	33695.7	6	18	0.15	Putative 3-hydroxyacyl-coa dehydrogenase (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.YPENPLFQPIK.I R.FGGLHFFNPVPVM(15.9949)K.L R.LLVPYM(15.9949)AEAIR.L R.LLVPYMAEAIR.L K.YPENPLFQPIKILEK.L K.ALVGFGGER.L						
T1E8Y9		312	35035.6	8	27	0.26	Putative g protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.LWDLAAGVSTR.R K.YPDM(15.9949)ILSASR.D K.AFLWDLNDGK.H R.AFLWDLNDGK.H R.VWQVSVSSR.-						

	R.DKTLIVWK.L R.FSPNHTNPIIVSAGWDR.V K.VWNLANCK.L K.IWDLAYK.T							
E3WRA7		1875	207910.4	4	10	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_05111 PE=3 SV=1	
	R.TENVLLVLR.T K.IVDEQFLNR.L K.GLPFPYAIPAK.T K.AGSVETSFALLK.E							
E3WJI8		443	50448	2	2	0.05	tRNA pseudouridine synthase OS=Anopheles darlingi GN=AND_00413 PE=3 SV=1	
	K.DLDILTYR.A R.YGIPTAPGLGLVLSR.I							
E3WTR9		447	48801.6	1	3	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_06663 PE=4 SV=1	
	R.DAFQPM(15.9949)LLSR.A							
E3X2H8		713	78119.9	2	3	0.03	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_11946 PE=4 SV=1	
	R.AVIVPQLTPTLK.A K.VEDLLDNLR.A							
E3X5H1		302	32986.6	1	1	0.04	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_14150 PE=4 SV=1	
	K.AEQFPLPASVEK.K							
E3XFX0		542	61371.2	1	2	0.01	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_22950 PE=4 SV=1	
	K.LLEWLVS.R							
E3XBLO		745	82053.2	1	2	0.01	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_19679 PE=4 SV=1	
	K.SSGFVDGGFR.E							
E3WQL3		506	58278.3	1	2	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_04522 PE=4 SV=1	
	R.ISQVLVLPFQK.L							
E3WZ01		181	21467.2	4	6	0.18	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_09878 PE=4 SV=1	
	R.RRLPLVLR.S R.RLPLVLR.S R.VGVEVVKDPAFLVPR.T							

K.LLEYNDM(15.9949)R.D						
E3XEH6	1409	146341.4	1	2	0.01	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_22034 PE=4 SV=1
K.TAVATAPFLR.G						
E3WLV6	203	22736.2	3	4	0.05	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_01793 PE=4 SV=1
R.KASALELIPK.H						
K.ASALELIPK.H						
K.RKASALELIPK.H						
E3WVM6	329	37569.7	1	5	0.03	Protein BCCIP homolog OS=Anopheles darlingi GN=AND_07793 PE=3 SV=1
K.YATELVIQQFR.E						
Q7PXI6	612	67314.7	1	2	0.02	AGAP001421-PA OS=Anopheles gambiae GN=AgaP_AGAP001421 PE=4 SV=4
K.SLGLIGGSVM(15.9949)K.L						
T1DMY6	111	12376.5	2	3	0.15	Putative chain a apo sterol carrier protein OS=Anopheles aquasalis PE=4 SV=1
K.RLESIDPSNR.Q						
K.SDAVFER.I						
E3X552	511	58169.9	2	2	0.04	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_13952 PE=4 SV=1
R.DNVSLDEL.R.K						
K.ALADLEFVAK.R						
E3WPH4	781	81186.7	2	2	0.04	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_03669 PE=4 SV=1
R.VKTAEEADELFETLKK.H						
K.EVAKPM(15.9949)FSFGSLPK.E						
BOXDN4	190	20810.6	1	1	0.07	Putative uncharacterized protein OS=Culex quinquefasciatus GN=CpipJ_CPIJ017629 PE=4 SV=1
K.KELCPRAM(15.9949)MPGCGK.A						
T1DRE9	513	57947.8	5	19	0.12	Putative atp-dependent rna helicase (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.NFFQPASSVLNR.S						
R.GDGPIALVLAPTR.E						
R.SPNGLLVATDVASR.G						
R.STNKGTSYFFTPANASK.A						
R.LFM(15.9949)LLEK.I						
T1E811	487	54575.7	7	65	0.14	Protein disulfide isomerase prolyl 4-hydroxylase beta subunit OS=Anopheles

aquasalis PE=2 SV=1

	K.LAPTLEELGTK.L							
	R.GFPTLYWLAK.N							
	K.QGETDGIYLF.R.A							
	K.VQETSVVGF.FEK.E							
	R.GEDPAIALAK.V							
	K.QELAD.FVK.A							
	R.INFAVSSK.D							
T1DM63		918	98563	10	68	0.11	Putative polyadenylate-binding protein rrm superfamily (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	K.RYDG.PLLLR.V							
	R.YDG.PLLLR.V							
	K.TSVYV.SPLER.T							
	K.QEDLPINCIFSK.V							
	K.LLNFFPVYVS.NIPFSCPSH.VLR.E							
	R.NCGDNAIICFK.T							
	R.SLAFVEFADAADVEK.I							
	R.TVTEEEVYD.HFK.Q							
	K.LKQEDLPINCIFSK.V							
	R.NTLALLL.FK.D							
E3XAC4		297	33283.6	8	46	0.31	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_17531 PE=4 SV=1	
	K.M(15.9949)EISLGEGLNPIKQDVK.K							
	K.M(15.9949)EISLGEGLNPIKQDVKK.G							
	K.GDNDPIDVLEIGSR.V							
	K.SSDGGNPEPLSETLDK.W							
	K.TVYNM(15.9949)VVEVPR.W							
	R.TVYNM(15.9949)VVEVPR.W							
	K.M(15.9949)EISLGEGLNPIK.Q							
	R.GAPNSTDYRVFFK.N							
	K.NENQAISPLHDIPLYANDAR.T							
T1DTM4		344	38860.5	2	6	0.06	Putative arginine methyltransferase 8 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2	

SV=1

	R.AIVGNPVLFAGK.T						
	R.DPIAFELK.M						
T1DNK9		721	79741.6	5	21	0.08	Putative cytoskeletal protein adducin OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.TGYIFRNPLIKGDIPKPR.N						
	R.TGYIFRNPLIK.G						
	R.VGGSEFEALM(15.9949)R.M						
	K.SSNCVVPINDIR.G						
	K.NPFDSVTDELNEYKK.T						
E3WWK9		1885	217014.1	18	60	0.1	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_08308 PE=4 SV=1
	K.QAETQIAELQVK.L						
	R.DLEAELDEER.K						
	R.KAQLTIEQLTTELATEK.S						
	R.YELLTTNVIPK.G						
	R.AGKIDAPLVLDQLR.C						
	R.ANDLSQTLAEEEEK.A						
	K.SKQTLEAENADLTSELR.N						
	R.DELLEINSNSSK.G						
	R.ELESQLAIEQEDLEAEK.L						
	K.IQSELEDATIELETQR.T						
	K.EALQEQLEEDDEAK.K						
	K.IDAPLVLDQLR.C						
	K.LSEIETALR.T						
	R.ALESQLAELK.A						
	K.AKLSEIETALR.T						
	R.DLEAELDEERK.Q						
	R.DLNEELEALK.N						
	R.ERFILDDVK.T						
T1E7Q6		190	20128.5	10	54	0.35	Putative tata-binding protein-associated factor 2n OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.NENGANNVSM(15.9949)GDQLNIDR.A						

	K.ARNENGANNVSV(15.9949)GDQLNIDR.A						
	K.TEVFEVEADKVK.F						
	K.TEVFEVEADK.V						
	R.DM(15.9949)JINTIINDDR.R						
	R.ARDM(15.9949)JINTIINDDRR.D						
	R.DM(15.9949)JINTIINDDRR.D						
	R.VSVQIDK.Q						
	R.SGGGSSGGYGGR.R						
	R.GPPRIDPATAK.T						
T1DPI2		548	61235.4	1	3	0.02	Putative regulator of nonsense transcripts 3a (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.IVM(15.9949)TPLLEYVAQR.K						
E3WKA4		596	67854.1	3	8	0.05	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_00842 PE=4 SV=1
	R.GGPGGYSYSYSTER.T						
	R.YTTIETSTPR.E						
	R.NSTALLR.Q						
T1E772		433	46575.1	2	20	0.07	Putative enolase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.EALNLIQDAIAK.A						
	K.TIAPAVLASNLCVTQQK.E						
E3WPG5		1296	143871.1	6	39	0.05	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_03644 PE=4 SV=1
	K.IYHPFVIGAFGENLQK.M						
	R.VGSSIVTQVFIVPSGER.K						
	R.ISESDAITILGTK.E						
	R.IEEECGGM(15.9949)AISFPR.S						
	R.VGSSIVTQVFIVPSGERK.Y						
	K.DEIITGEK.E						
T1EAN6		419	46901.2	2	6	0.06	Uncharacterized protein (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.ELYFLSEM(15.9949)IR.K						
	K.LATAGVQNTTELLTGK.I						
E3X244		262	27462.6	3	7	0.12	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_11731 PE=4 SV=1
	R.GFTLPSYPADQSR.A						

	R.TKVFVGS LPPATKPEEVR.R R.RGFTLPSYPADQSR.A						
T1EAH3		201	23799.9	2	5	0.1	Putative mitochondrial ribosomal protein l40 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.LNDYQLFDR.L K.AIQVDPALVPFR.A						
E3X1X0		2330	251405.5	8	28	0.05	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_11609 PE=4 SV=1
	R.ITVLDDGECITEKPIASEK.C R.YQWVPYTR.A R.AVDASGSEFVGVCRA.A R.TVTLLAYGPVPTSPVDEK.Y K.HFFDVEYGGCGR.F R.TVVCVFDGQSLKR.A R.ECNQGTICPEWHIGK.W R.APSNNYLAIR.N						
T1E8X3		200	23114.7	5	15	0.29	Putative rho gdp-dissociation inhibitor OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.IIFDSDPR.K K.LALVAADRDP(15.9949)ELDLTGDLTK.L R.DPM(15.9949)ELDLTGDLTK.L K.TIEEIM(15.9949)AADAEDSLRK.Y K.EALLGQAQVEK.I						
T1DPQ2		806	89232.2	11	74	0.16	Putative aaa+-type atpase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.EIDIGIPDATGR.L K.M(15.9949)DELELFR.G R.ELQELVQYPVEHPDK.F K.NDDLATAILK.R K.SPVAEDVDLNYVAK.V K.AIANECQANFISVK.G R.GILM(15.9949)YGPPGTGK.T R.SASPCVLFDELDLSIAK.S R.KSPVAEDVDLNYVAK.V						

	R.LDQLIYIPLPDDK.S K.EM(15.9949)VELPLRHPSLFK.A						
E3WP58		1139	128873.1	7	18	0.06	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_03432 PE=3 SV=1
	K.IEM(15.9949)LEAELAR.W K.LYLVDLAGSEK.V R.SHSVFLINVK.Q K.ISFLENNLEQLTK.V R.AGQGQYLFK.S R.INEM(15.9949)LTNLLR.D K.LFVLDLQAR.I						
T1DJE7		443	45510.4	3	12	0.11	Putative ubiquinol-cytochrome c reduct (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.GSSEVQTTTLPNKLVVASAEANAPVSR.I R.LPTEVQAVELLHK.A K.TATAFGITR.N						
E3X9D4		945	105854.1	3	17	0.03	Annexin OS=Anopheles darlingi GN=AND_17020 PE=3 SV=1
	R.LLTM(15.9949)IIVGAR.D R.YVNPLTEDTLR.E R.LLTLIITGTR.D						
B0WQT6		3710	409551.5	1	2	0	Serrate protein OS=Culex quinquefasciatus GN=CpipJ_CPIJ009755 PE=4 SV=1
	R.ATGIPVPLIVWR.L						
E3WXJ8		155	17552.2	3	8	0.2	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_08934 PE=4 SV=1
	R.NGLKDVQVHLR.K R.NASVIAHPM(15.9949)ASK.K K.EEDNYEEK.L						
E3WW73		623	68877.4	2	4	0.04	Malic enzyme OS=Anopheles darlingi GN=AND_08082 PE=3 SV=1
	R.CIFASGSPFAPVK.Y R.GLFVTINDR.G						
T1DQF9		177	20426.1	2	5	0.12	Uncharacterized protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.ELLKLPDAETK.D K.NFLFQTM(15.9949)YR.I						

Q7PM55	636	71475.5	1	2	0.02	AGAP010217-PA (Fragment) OS=Anopheles gambiae GN=AGAP010217 PE=4 SV=3
K.NIPGVLAALDATK.E						
E3XB08	618	67648.8	4	12	0.06	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_18347 PE=4 SV=1
K.NFSGAELEGLVR.A						
K.AEGSGLNLVGR.S						
K.LLDLIDLAR.Q						
K.LSDFPFVK.Y						
T1EAA9	254	26856.3	4	17	0.22	Putative short-chain alcohol dehydrogenase/3-hydroxyacyl-coa dehydrogenase (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.VLLVNTAGTFNVIR.L						
R.AGYNVLLCDLPTSK.G						
K.EIGENVVYVPVDLSEK.D						
K.AAVVGM(15.9949)TLPIAR.D						
E3X5J2	196	22446.4	1	13	0.04	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_14182 PE=4 SV=1
K.DLVSYFCK.I						
T1DF10	99	10857.8	1	2	0.15	Putative hydrogen-transporting atp synthase g-subunit hydrogen-transporting atp synthase g-subunit OS=Anopheles aquasalis PE=4 SV=1
K.GSALASTLLTQARPK.F						
Q7PVK3	448	51079.9	1	5	0.02	AGAP009255-PA OS=Anopheles gambiae GN=AGAP009255 PE=4 SV=3
R.YWEAIVPVAR.D						
E3X289	862	93535.4	1	1	0.01	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase OS=Anopheles darlingi GN=AND_11805 PE=3 SV=1
R.FVEGADAIFER.A						
T1DK60	227	24745.8	4	23	0.22	Putative apolipoprotein o (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.LQVQDASNLVTDQKK.Q						
K.QIVNLYEDGK.K						
K.STGPVGAIEEGFR.A						
K.SAYDAVFPEKK.-						
T1DQ72	308	34520.7	2	4	0.08	Putative ribosomal bioproteinsis protein gar2 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.TVALLEKDPVLAENR.K						

	R.QLFSQFGDVLV.V								
T1E783		541	59006.6	3	26	0.07	Putative chaperonin complex component tcp-1 epsilon subunit cct5 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		
	K.LAILTCPFEPPPK.T R.FEELSADKLGSAVLV.R K.DVNFELIK.L								
E3WK85		1278	146078.5	1	3	0.01	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_00853 PE=3 SV=1		
	R.NLELWAEM(15.9949)VK.G								
T1DTA4		481	53987.7	2	7	0.06	Putative membrane glycoprotein lig-1 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		
	R.QYELLQYTHDLQTVK.E K.VEDLTLVGM(15.9949)GVK.K								
E3WJ88		322	38058.1	3	12	0.08	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_00265 PE=4 SV=1		
	K.TFDQLEADESR.R K.DGFVNLSELK.A K.IDGDKDGFVNLSELK.A								
T1DMX9		434	49155.9	9	39	0.26	Putative elongation factor 1-gamma OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		
	K.EKKPAPAAAAAAPEEQPDAADELIAAEPK.Q K.GTFNFDDFK.R K.LVEQYFSWSGTDK.Q K.GTFNFDDFKR.C K.GTFNFDDFKR.F K.NVIASLALCAKPAVVDPK.K K.FDPAHYSIWFGGEYK.Y R.TLTVLNER.L K.QNDPFETLPK.G K.ALIAAQYSGK.A								
E3X9G9		331	36047.7	4	5	0.11	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_17063 PE=4 SV=1		
	K.DAGLLNAAIM(15.9949)QR.M K.KNPIKDYVSEIFR.S R.QGFVINDGELR.L								

	R.EFFESITR.G							
E3WTX3		479	54723.2	2	11	0.04	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_06760 PE=3 SV=1	
	R.GLASVLAYR.M R.DFM(15.9949)AVFPDLVR.D							
E3WNG0		419	46318.1	1	2	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_02822 PE=3 SV=1	
	K.YNVPAFYLVK.N							
Q7PVA6		1648	178733.7	2	5	0.01	AGAP012185-PA (Fragment) OS=Anopheles gambiae GN=AGAP012185 PE=4 SV=4	
	K.YGQLDLVK.Q K.GFLFSSGR.K							
T1DEQ4		169	18984.6	6	45	0.34	Putative actomyosin structure organization OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	R.AHHGELNLQM(15.9949)GYNK.G R.TTQKHPEYQGPTLGPK.M R.GTNFQLM(15.9949)ENIQR.F R.TFSEEQLR.A K.DGIVLCK.L K.HPEYQGPTLGPK.M							
T1DNI4		482	51256.1	2	6	0.04	Putative regulator of chromosome condensation OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	R.VFAWGSFR.D K.TQLLRPDIVTLR.G							
T1DFT2		336	37094.2	2	6	0.09	Transaldolase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	K.LLGDLEQSTEPVKR.Y K.QLTTIVADTGDFEAM(15.9949)K.V							
T1DGP0		832	93774.7	4	8	0.05	Uncharacterized protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	R.FSFVVPETGR.G K.AISTILPDEK.L R.VYQFQNFDR.T K.SHDTVLLYLYKR.V							
B6DDT4		134	15812.7	4	25	0.33	Ribosomal protein L32 OS=Anopheles darlingi GN=AND_27144 PE=2 SV=1	
	R.AKQLAIKVTNPNGR.L							

	R.VYCAEIAHAVSSK.K R.FKGQYLM(15.9949)PNIGYGSNKR.T K.QLAIKVTNPNGR.L							
E3WW30		406	43883.3	1	2	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_08018 PE=4 SV=1	
	K.DLNINANFIR.E							
T1DSK0		218	25399.3	3	12	0.15	Putative snare protein (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	K.TQNLSILSQK.Y R.IM(15.9949)VQNIDDLQR.G R.GTVLSDDLTK.T							
T1DG74		229	26747.5	2	3	0.09	Putative glutathione s-transferase theta class 1 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	K.LAESVAIVR.Y K.LYDLM(15.9949)SQPSR.V							
E3X0X9		1370	150703.9	3	4	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_11015 PE=3 SV=1	
	R.ICAI DFGLK.L R.VESSAGYSFSNP NLR.N R.TFEEAFQK.A							
E3X1M2		728	80198.3	5	31	0.1	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_11420 PE=4 SV=1	
	R.VDAFGDDVTM(15.9949)QLGIDHR.A R.SQSENLLSGLPK.K R.ILTDNVAYIK.T K.FADTTEALSAATAAVEGK.L R.LIAHSGSLVNLAH.H							
E3WKL3		425	46451.3	3	14	0.07	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_01014 PE=3 SV=1	
	R.VPEENILGEFGK.G R.GITTFIVER.E R.LQEAGVPFLK.Q							
T1E867		521	56674.6	1	3	0.02	Putative methylmalonate semialdehyde dehydrogenase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	K.TLM(15.9949)DAEGDVLR.G							
T1DQ66		497	54414.5	4	37	0.09	Putative rudimentary-like protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	

	K.VGINSPVYFDLR.V K.DVVASPGLLQLTPGVK.L R.LWEAYLER.V K.LFEIDAFK.F						
E3WKN6		206	22976.9	1	4	0.05	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_01049 PE=4 SV=1
	R.NKDPILGVLKR.F						
T1E9W2		1419	156192.2	6	21	0.06	Putative vitellogenin receptor (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.TPAGSVCSCEFEGYALQGDRK.S R.TVVLSGVLKHPFSVAVFNDR.I R.SVCLCETGFR.F R.AVFWSDQSSGR.I R.KFEIKPPTVTTLAR.A R.LYWVDAK.L						
T1E728		196	21391.8	4	13	0.22	Putative membrane associated progesterone receptor OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.FYGGPPYAAFGR.D R.QQPTTLPEPELPR.L R.DFTVSELK.A R.EWEQQFK.E						
T1E989		179	18766.6	4	19	0.28	Putative signal recognition particle receptor ftsy (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.SDAEALASSTASEIDATK.Q K.QAAENAIQQSAVVVEK.A K.TKSDAEALASSTASEIDATK.Q K.AQDTAASGAAGLLGK.L						
T1E9W5		362	38606.5	2	9	0.06	Putative rox8 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.EAFAPFGEISNCR.I R.GYAFVSFIK.K						
E3X100		1923	194915.3	4	22	0.03	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_11046 PE=4 SV=1
	R.DCAAAPYYTGILLVR.H K.LWDGYSLLYVDGNDYPHNQDLGSAGSCVR.K						

	R.KFSTLPILVCGQNNVCNYASR.N K.GVMGTPGDAK.E						
E3X1H9		1185	121139.4	1	3	0.01	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_11341 PE=4 SV=1
	K.LWDGYSLSSVIASSR.S						
E3X7D0		1361	152724	4	10	0.03	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_15687 PE=4 SV=1
	R.ALVDLAYNSDPR.V K.AVNLFPAQTISR.W K.LLELQDFNK.E K.EEQALLEQAIK.T						
E3XF92		798	87582.1	6	51	0.1	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_22581 PE=4 SV=1
	K.LNVGNLPNDVTEEELR.E K.ISSAM(15.9949)QEIIDKNPAVLENVSSDR.S R.TSVYIEQLDK.S K.ALLCTALPLPK.K R.LAFISGK.N K.FGDEHGLVCFK.E						
E3WVT8		1337	141647.6	10	84	0.06	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_07877 PE=3 SV=1
	R.ANTFIGEAAGVDPQK.V K.YFATPLVLGK.N R.DDLFNTNASIVR.D R.VFGVSTLDIVR.A K.RVFGVSTLDIVR.A R.RVFGVSTLDIVR.A K.ALKGADIVIIPAGVPR.K R.FALALAR.A K.ISLTSPLLR.E K.GADIVIIPAGVPR.K K.VTGYNGPENLEK.A						
E3X9T5		257	28751.8	2	3	0.06	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_17228 PE=4 SV=1
	K.IGTFSDTNDCLAAASR.A						

E3WWU5	R.LPLTFGR.L	611	68861.1	2	4	0.03	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_08448 PE=4 SV=1
	K.DETEACYLTGDR.R R.CLPIEVAR.D						
T1DPD1		610	67050.5	4	13	0.08	Putative xaa-pro aminopeptidase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.GQIALGTAIFPR.K K.LIDVTLTPAER.Q R.EANDAETIAWLER.E K.GQFLDTIAR.K						
T1E8J0		174	19883.8	1	2	0.07	Putative kokopelli OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.DVINVAYSTINR.G						
E3X5P8		2801	297303.5	4	11	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_14263 PE=4 SV=1
	K.APFGFTFAK.N K.AIEGGNLFGGSTFGSGGSK.S R.DTFLAEIKK.V K.LEAISPVVATGK.T						
Q7PME6		509	57934.4	2	5	0.05	AGAP010258-PA OS=Anopheles gambiae GN=AGAP010258 PE=4 SV=2
	K.YEAADTLEDALR.S K.EAANLLNDALTIR.E						
T1DSF2		228	26756.9	1	6	0.09	Putative alcohol dehydrogenase transcription factor myb/sant-like protein (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.AKPTIVDIQPVIEVAPLTPK.I						
T1E7R9		323	36587.3	3	6	0.08	Putative nucleolar protein-like/ebna1-binding protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.LSNLDFLDDDDEGPR.G K.GKLSNLDFLDDDDEGPR.G K.AALEAIVLK.A						
E3WVA2		1275	141559	2	11	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_07591 PE=4 SV=1
	K.ALNDALFPDITVK.S K.LDELVALLTEK.A						
E3X6C6		790	87768.6	3	7	0.04	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_15087 PE=3 SV=1

	R.AAEELIFGQDK.I K.GVLLVGPPGTGK.T K.EILTYYL GK.I						
E3WP93		573	64764.1	1	2	0.03	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_03481 PE=3 SV=1
	R.EQVQLAPQQLLACVR.R						
T1DGH7		287	30959.1	7	22	0.32	Uncharacterized protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.YGGDLITLIR.A K.SM(15.9949)DTFCPLGPSVVHK.S R.QLLGVLSDDGTK.V R.KPAEFLKPGDVIDSEIEK.I K.YATTIVGPYDDVIAHR.I K.QNGSTGELIFR.I R.NGGQFLIGK.S						
E3X0K5		260	28566.8	2	7	0.09	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_10786 PE=4 SV=1
	K.NNEYLTGLNENER.E R.FVDILDQLDSK.V						
T1EAH0		508	55898.5	6	19	0.15	Putative nucleolar protein 56 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.YPASTVQILGAEK.A K.YGLLFNSSFIGR.A R.IDCFSEAPTTVFGEALK.Q R.KNLDVM(15.9949)QEAIAAAAADQSALAK.K R.LKFYESGEIPR.K K.FYESGEIPR.K						
T1DM84		174	20231.2	1	2	0.07	Putative signalosome subunit 2 csn8 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.SLNWEIVDGPQPR.L						
E3XF34		1799	197015.8	3	7	0.01	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_22386 PE=4 SV=1
	R.GGLIDM(15.9949)SVNSIK.F R.SGYRGGLIDM(15.9949)SVNSIK.F R.GGLIDMSVNSIK.F						
E3WJN3		1036	117960.9	2	5	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_00481 PE=3 SV=1

	R.SKDIVEPLIKPWYVK.C R.LAAAIIDLK.L						
E3WK83		586	67891.2	2	4	0.04	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_00851 PE=4 SV=1
	R.ILELQSELESVR.E K.YLINLDSVNR.E						
E3X7D3		2631	294404.2	4	9	0.01	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_15691 PE=4 SV=1
	R.ALLNNGEPIDLR.S R.LVQAFQYTDK.H R.GLFIIDNR.G K.SLDEFFR.L						
E3XBW3		1011	105849.2	2	6	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_19860 PE=4 SV=1
	R.LVEGDIITILTK.E R.IDLELGQVER.G						
E3WQK1		193	21070.5	1	3	0.07	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_04504 PE=4 SV=1
	K.AGANM(15.9949)IVSGTAIIR.A						
T1E7T3		420	45849.5	3	12	0.08	Mannose-6-phosphate isomerase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.LGDSSLVAQLAR.A K.LGTVLFLPSSTR.T K.ATSLPFLK.V						
T1DUD7		343	39136.3	2	10	0.06	Putative eukaryotic translation initiation factor 4 gamma (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.ITTIVASLLAR.G R.TALLELFR.N						
T1EAC5		360	39177.4	2	5	0.07	Putative pyruvate dehydrogenase e1 alpha subunit (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.GPILLETATYR.Y K.ILSTELASVEELK.E						
T1DN15		196	22012.2	7	80	0.27	Putative thioredoxin-dependent peroxidase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.DYGVLQEESGIPFR.G R.GLFIIDDKGNLR.Q R.QVTVNDLPVGR.S						

	R.GLFIIDDK.G K.QGGLGELNIPLLADK.S R.KQGGLGELNIPLLADK.S R.KQGGLGELNIPLLADKSM(15.9949)R.I							
E3WRJ2	R.AFASALLPVAGLR.H	540	61010.2	1	3	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_05263 PE=4 SV=1	
T1EAG5	R.DITPISGLVGLTK.L K.LNLGDTLIAK.E	374	42272.6	2	12	0.06	Protein phosphatase 1 regulatory subunit (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
E3WKY4	R.TEVDHLEGVEIPVR.D R.FVSLITADKVK.V R.DRLELYELR.T	1783	196703.2	3	4	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_01202 PE=4 SV=1	
T1DT93	K.LIDISELESR.Q R.SAGGGGTVAVSGAK.V	600	63255.8	2	9	0.04	Putative decapping enzyme complex component dcp1 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
E3WRR9	K.DIIDTVGSLSDR.H R.ELADLISSK.N	308	34109.7	2	6	0.04	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_05556 PE=4 SV=1	
T1DHH2	R.IAAFLGVPLGK.V K.KPVVGPVPR.D K.RIAAFLGVPLGK.V	180	20455.8	3	21	0.12	Putative microtubule associated complex OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
T1E7P4	K.YAPTNALYPSEPK.E K.GM(15.9949)EEIAFEK.N K.QAHPELWSIAAK.G	234	26398.2	3	8	0.1	Uncharacterized protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
T1E745		284	30999	2	4	0.09	Putative z band alternatively spliced pdz-motif protein 66 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	

	R.LVGGTDLNAPLIITR.V R.TTPLVLPGAK.V							
E3XFP1		263	29605.3	1	5	0.05	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_22810 PE=4 SV=1	
	R.APALM(15.9949)EIQFVPYGK.A							
T1EAD0		421	48122.8	1	2	0.03	Putative lysophosphatidic acid acyltransferase lpaat (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	R.TKGFTASLPYLR.E							
E3X9L4		256	28558.9	1	4	0.04	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_17128 PE=4 SV=1	
	K.ILDELPFTR.K							
E3WUN4		420	47702.8	2	4	0.05	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_07194 PE=4 SV=1	
	K.IGWAYGPAALM(15.9949)R.N K.TFSLTGWK.I							
E3X7H0		238	26968.3	3	3	0.12	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_15739 PE=4 SV=1	
	K.HLDLLDLSR.N R.FTVLPEDVAR.F R.LDEFPSALK.T							
E3XBD1		596	61661.3	1	1	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_19497 PE=4 SV=1	
	K.QSNEFALNVLK.S							
T1EAY3		323	36021.5	2	3	0.06	Uncharacterized protein (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	R.VLITGM(15.9949)LDALK.S R.ELFVPFEATK.E							
E3X5D0		312	33965.9	1	1	0.04	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_14088 PE=3 SV=1	
	R.AIGDNGANVLLK.G							
E3WKCO		1582	155316.3	1	2	0.01	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_00876 PE=4 SV=1	
	K.SSGNLSIFGR.A							
T1DS14		126	14651.4	5	7	0.16	Putative cytochrome b5 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	K.FKVGELIESERK.Q K.TYSLAQVK.E K.VGELIESERK.Q K.FKVGELIESER.K							

	K.EATEAFEDVGHSSDAR.E						
Q7Q7Z6		416	46296.4	2	5	0.02	AGAP004933-PA OS=Anopheles gambiae GN=AGAP004933 PE=4 SV=4
	K.TDFVELFAK.R K.TDFVELFAKR.V						
E3WUA3		412	49047.4	2	3	0.05	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_06968 PE=4 SV=1
	R.ESM(15.9949)ENLEAVIR.E R.FPSVDVEK.L						
E3WUW9		655	76125.9	4	7	0.05	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_07355 PE=4 SV=1
	K.TM(15.9949)ELDILR.S K.TIENDILR.S K.NIESDILR.S R.IIENGILR.G						
T1EA75		324	32974.5	2	4	0.07	Putative bancal (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.IAQVIGSEEQCLR.T K.DLAGAIIIGK.G						
T1DS48		225	24869.5	2	4	0.08	Reticulon-like protein (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.SKIQEITEK.V K.ILEASDFTK.E						
E3X931		3164	354643.9	5	13	0.01	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_16850 PE=4 SV=1
	R.GAELLAVGGK.L R.SSLPVTFR.I R.RVTVPEDLIK.L K.ESFFAEYDR.A R.VTVPEDLIK.L						
E3WZK3		332	35285.3	5	70	0.2	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase OS=Anopheles darlingi GN=AND_10229 PE=3 SV=1
	R.GAAQNIIPAAATGAAK.A K.IGINGFGR.I K.IVSNASCTTNCLAPLAK.V R.VPTPNVSVVDLTVR.L K.AGIQLSDFVK.L						

T1EA13	164	18005.4	7	34	0.38	Nucleoside diphosphate kinase (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.GDLCIQVGR.N K.GFKLVALK.F K.ERTFIM(15.9949)VKPDGVQR.G K.M(15.9949)LGATNPADSEPGTIR.G R.TFIM(15.9949)VKPDGVQR.G R.NIIHGSDAVESANK.E R.KM(15.9949)LGATNPADSEPGTIR.G						
T1E1V0	119	13834.3	1	1	0.08	Putative splicing factor hnrnp-f (Fragment) OS=Psorophora albipes PE=2 SV=1
R.YIELFAGER.R						
E3WKK3	503	56941.6	4	7	0.04	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_01002 PE=3 SV=1
K.DYTPLYTPFFM(15.9949)R.K K.DYTPLYTPFFM(15.9949)RK.E R.DLQLTSLK.S K.YLIATSEQPIAAYHR.D						
E3WRD1	738	79529.1	12	114	0.16	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_05166 PE=4 SV=1
K.LLVELSEVNKQAR.R K.AQYLIFEK.M R.TALFEYR.G R.KVTIIGTPEAQWK.A R.QTDFPLR.V K.AITIYGNPENCTM(15.9949)ACK.K R.AVSSLNGIEFDGSK.L K.FDDIEPLLKPYGK.V R.VLVQSEM(15.9949)VGAIIGR.Q K.LLVELSEVNK.Q R.EEGFVSGTDDVR.L K.VTIIGTPEAQWK.A						
T1DN98	785	85179.7	15	63	0.21	Putative rna-binding translational regulator irp aconitase superfamily OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.VADILTVK.G						

	K.IKNQVTGEWAGVPDVAR.F								
	K.SKIPFNVTGSEQIR.A								
	K.CPNVIGVHLTGK.I								
	R.LQLEPFDTWNGK.D								
	R.VGLIGSCTNSSYEDM(15.9949)GR.C								
	K.NQVTGEWAGVPDVAR.F								
	K.LDSPYGDELQPQK.G								
	K.FKLDSPYGDELQPQK.G								
	K.FDQTVYLPYEK.L								
	K.GGTGAIIEYTGK.G								
	R.VAVPSTIHCDHLIEAQVGGEK.D								
	K.IPFNVTGSEQIR.A								
	K.NGYPLDIR.V								
	K.QGLLPLTFANPADYDK.V								
E3X6F1		879	97681	4	8	0.04	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_15188 PE=4 SV=1		
	R.LSGVDPEELAAK.R								
	K.DRLSGVDPEELAAK.R								
	K.VAALESEIDKVLAEER.A								
	R.ILLGLLGVK.S								
	R.ILLGLLGVK.A								
E3X0R8		885	98374.8	3	8	0.04	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_10896 PE=4 SV=1		
	R.DLAQALINR.G								
	R.GINLDPIGK.W								
	R.VLLDAPCTGSGVIAK.D								
E3XG40		334	36908.2	2	3	0.08	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_23061 PE=4 SV=1		
	K.DRVDQSALGWDHVEK.V								
	K.FENFAATAEEEEAR.K								
T1DMW7		438	49448.8	11	100	0.31	Putative ribosomal protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		
	K.GISLPVLFK.A								
	K.APIRPDVVSEVSQLM(15.9949)R.R								

	R.NIPGVDTM(15.9949)NVFK.L							
	R.GPLVIYAK.D							
	R.GHVIDGIAELPLVVSDDVQK.F							
	K.AGIKPVKKAPTAVVPEKK.V							
	K.DYNLPTPIM(15.9949)ANTDLSR.L							
	K.DKGISLPVLFK.A							
	R.YALVSALAATGVPALVQSR.G							
	K.NEAAKDKGISLPVLFK.A							
	K.LDEIYGTWK.E							
T1DTZ0		216	24316	2	3	0.09	Putative atp synthase h ⁺ transporting mitochondrial f0 complex subunit s (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	R.QLTTFELPDVK.D							
	R.LCAEWLLK.N							
E3XF75		1161	129689.1	1	2	0.01	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_22552 PE=4 SV=1	
	K.LFYVEVPEIAR.M							
T1DJM5		232	25120.9	5	15	0.18	Putative thioredoxin-dependent peroxidase (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	R.LLILYPATTGR.N							
	R.AVFVIDPSKK.L							
	R.AVFVIDPSK.K							
	R.NFGEILR.T							
	R.DEIGAAGLPLTCR.A							
Q7Q270		573	60721.8	18	195	0.29	AGAP004002-PA OS=Anopheles gambiae GN=AGAP004002 PE=3 SV=2	
	R.GVM(15.9949)LAVDTVK.E							
	R.GVM(15.9949)LAVDTVK.A							
	R.DQIAETTSEYEK.E							
	K.VGGSSEVEVNEKK.D							
	K.DDCLLLK.G							
	K.GIIDPTKVVR.T							
	R.GYISPYFINSSK.G							
	K.TLNDELEVIEGM(15.9949)K.F							

	R.KVNTPEEIAQVATISANGDR.A R.NVILEQSWGSPK.I K.VGGSSEVEVNEK.K K.IGLQVAAVKAPGFGDNR.K K.GANEDQNTGIEIVR.R K.NAGVDGSVVVAK.V R.AIGDLISEAM(15.9949)K.R R.AIGDLISEAM(15.9949)KR.V R.AIGDLISEAMKR.V K.IGLQVAAVK.A K.TLNDELEVIEGM(15.9949)KFDR.G						
E3X5G2		238	27122.4	2	7	0.04	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_14136 PE=4 SV=1
	K.KVVGPFPIYR.S K.VVGPFPIYR.S						
Q7QDB8		333	38195.1	1	3	0.05	AGAP003048-PA OS=Anopheles gambiae GN=AgaP_AGAP003048 PE=4 SV=5
	R.NNDVTPFEDATPLEHLAK.T						
Q17AL1		181	21509.3	1	1	0.06	AAEL005263-PA OS=Aedes aegypti GN=AAEL005263 PE=4 SV=1
	R.TEM(15.9949)SGLLLEK.L						
E3WLT6		867	97442.6	3	7	0.05	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_01770 PE=4 SV=1
	K.FADDFIFPAR.K K.VLGAQDGPVIGFGPR.V R.KAEEPLSVVVAEEEEK.E						
T1DKA8		302	33022.4	4	15	0.15	Putative deoxyribose-phosphate aldolase (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.SVDLLISPLIR.S R.VNLPSVVR.S K.EAVNATLPVGLVM(15.9949)IR.A R.FGASGLLDIEK.Q						
T1DHL3		568	64878.4	23	193	0.27	Putative exuperantia OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.LLDRFTESVK.S R.QNSLRPVFLLYFK.T						

	K.M(15.9949)AFEITR.R								
	K.FLSIRQLAK.I								
	K.SFANGFR.L								
	K.YKLLDRFTESVK.S								
	R.KFVPYMVIEALKK.Y								
	K.FVPYM(15.9949)VIEALK.K								
	R.VRPFFSNK.N								
	K.TDLAINTDPLPYGK.Y								
	R.VLAEIGHDYESLR.K								
	R.TELTELLDCHYDPDK.Q								
	R.VLAEIGHDYESLRK.V								
	R.EGLEAIVNKIVELK.D								
	R.RVLAEIGHDYESLR.K								
	R.KFVPYM(15.9949)VIEALKK.Y								
	R.KFVPYM(15.9949)VIEALK.K								
	R.LKEDEGSEGIVLVYNEQRK.F								
	R.EGLEAIVNK.I								
	R.LKEDEGSEGIVLVYNEQR.K								
	R.VITVGFFR.M								
	K.FDKTDLAINTDPLPYGK.Y								
	K.REGLEAIVNKIVELK.D								
E3X3H2		938	104221.5	4	15	0.06	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_12723 PE=4 SV=1		
	K.NLLVADNELIR.Q								
	R.TLRPQAINFAALVR.T								
	R.EVPAETQALIK.K								
	R.ELSLTAIAATANAAK.V								
E3WSU4		372	41896.7	2	5	0.08	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_06172 PE=4 SV=1		
	R.GALQYLAPVLM(15.9949)EK.L								
	R.ALSDVLVYPGNSSVAR.M								
T1DQ62		471	51574.6	3	4	0.1	Putative acetyl-coa hydrolase (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		
	R.IVGSFLIGTK.K								

	R.M(15.9949)YSGFGGQVDFIR.G K.SGDVVFAQGAAATPIHLLDAM(15.9949)TK.H						
F5HJB3		325	35901	5	23	0.13	Annexin OS=Anopheles gambiae GN=ANXB9 PE=3 SV=1
	R.SEIDLGDIK.E R.LCVSLVQGNR.D K.AIIEVLAR.R K.SLESWIK.V R.ALLAISGYR.-						
T1DNI8		254	27423	7	36	0.3	Putative microtubule associated complex OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.HSM(15.9949)NPFDEIAVEEAVK.M R.EIDGGLETIK.A K.DYDLLQPIHVSK.I R.QAGSVVPDVTLLTK.L R.IEIVSVEDPPVR.Q K.LPAVISADLR.L R.GIHIEVTGK.D						
T1DPL9		307	33235.7	4	19	0.19	Putative cytochrome c1 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.NLVGVTHTEAEAK.A K.GVIDSLDHASVR.R K.LSDYFSPYPNEEAAR.A R.AANNGAYPPDLSYIALAR.H						
Q16IW1		232	25846.5	3	13	0.13	AAEL013528-PA OS=Aedes aegypti GN=TPX1 PE=4 SV=1
	R.GLFIIDPNGVVR.Q K.AFQFVEK.H R.QITINDLPVGR.S						
T1E7S9		108	11620.9	6	29	0.5	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase OS=Anopheles aquasalis PE=4 SV=1
	K.FAVGKGEVIR.G R.GKPFKFAVGK.G R.GWDEGVAQM(15.9949)SVGQR.A R.AKLVCSPTYAYGSR.G						

	K.LVCSPDYAYGSR.G R.GHPGVIPPNAR.L								
T1E8F1		385	44160.8	6	16	0.15	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit M OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		
	R.GENLILSFCDK.M R.VCLQSLWR.L R.DLLLSWK.T K.LPSYLQFYK.N R.LFSNLEVTSPPLR.Y K.IIGVCDVCFK.D								
E3X470		679	75948.8	8	32	0.12	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_13183 PE=3 SV=1		
	K.IEEQLAPLR.E R.IM(15.9949)YSLLEHSFR.M R.LLEFNQGR.L R.IGILPER.L K.LSLDDVSEIGK.N R.ELSLVPQVATFDR.A R.SYFSLPPVVAPLK.C K.TIEVTEVVPNK.A								
Q16H92		443	50864.2	2	2	0.06	AAEL014107-PA OS=Aedes aegypti GN=AAEL014107 PE=4 SV=1		
	K.YNIIDEKPPFNAPLK.A K.AIPWYISDVTPK.D								
Q7PVE0		478	53197.2	5	13	0.07	AGAP009310-PA (Fragment) OS=Anopheles gambiae GN=AGAP009310 PE=4 SV=3		
	K.ALICLVDDK.T K.LGFNPLK.D K.DLTFM(15.9949)PVSGITGQGLR.E K.LGFNPLKDLTFM(15.9949)PVSGITGQGLR.E K.SKKEHVNVVFIGHVVDAGK.S								
E3WS05		1358	141139.2	3	7	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_05709 PE=4 SV=1		
	K.VINSLQFK.N								

	K.DSYKVINSLQFK.N R.AELVCAYGYDIR.S						
T1DES9		471	51671.3	3	30	0.08	Putative mitochondrial processing peptidase beta subunit OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.M(15.9949)VLAVAGDVR.Q R.LLAGLEGPQAICEDIGR.Q K.VIELLADIVQNP.K.L						
T1DEX4		551	59341.4	11	271	0.19	ATP synthase subunit alpha OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.VGIKAPGIIPR.V R.FRVGIKAPGIIPR.V K.LELAQYR.E K.HALIIYDDLSK.Q R.EAYPGDVFYLSR.L R.VVDALGNAIDGK.G R.VVDALGNAIDGKGEIK.T K.ALLQQIATEGK.I K.AVDSLPIGR.G R.VLSIGDGIAR.V R.GAEISSILEER.I						
E3WW91		255	28346.4	2	3	0.09	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_08123 PE=4 SV=1
	R.KPFTADFFFR.Q K.QLLPGTLSVISK.N						
E3WV70		483	53734.1	6	60	0.13	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_07536 PE=4 SV=1
	K.TIVGVAFDHK.Q R.RAGSFLSETLIK.D R.FVSEGDGGLVK.H R.ASALLSM(15.9949)PGGWSK.L R.AGSFLSETLIK.D K.LDENVWGVGGALRPVQTITR.Q						
T1E8U2		226	24571.3	6	19	0.31	Uncharacterized protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.GAPDLKNEEYFPTLGM(15.9949)EK.						

V						
K.TVEQSSSGQVSIGNR.Y						
R.VKTVEQSSSGQVSIGNR.Y						
K.NEEYFPTLGM(15.9949)EK.V						
R.AKIPSADEPAAPTSNVYISPALK.S						
K.LAPDEQVEDEWK.V						
T1DH03	248	28512.6	5	10	0.2	Putative glutathione s-transferase omega class 1 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.FALGDKYELDK.Q						
R.FNGAVISPYR.I						
K.VPALEVPGK.E						
R.KLYPTDPFQK.A						
R.FGALLTWR.E						
E3WS70	1931	214381.3	2	4	0.01	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_05799 PE=4 SV=1
R.SLGNILDELK.V						
R.LLQALASLCK.M						
T1DTN1	200	22895.1	3	15	0.14	Putative mitochondrial associated endoribonuclease mar1 isochorismatase superfamily (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.DPSIDTELAK.L						
K.M(15.9949)FDPVIK.N						
K.M(15.9949)FDPVIK.H						
K.TLFM(15.9949)LCDLQDK.F						
E3X228	302	34150.7	2	3	0.06	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_11707 PE=4 SV=1
K.TGDDFLQAIK.E						
R.YGELIDLK.T						
E3WR59	854	98344.3	2	4	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_04999 PE=4 SV=1
K.LLLM(15.9949)LQSLNR.A						
R.DLSLLQIQM(15.9949)R.D						
T1DHG1	235	26762.1	3	5	0.14	Uncharacterized protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.ATFGESVFHEDSGELNR.E						
K.IFRDNGVPVIDADAIAR.E						

	R.DNGVPVIDADAIAR.E								
E3X5A8		160	18198.6	2	5	0.11	GrpE protein homolog OS=Anopheles darlingi GN=AND_14051 PE=3 SV=1		
	R.AQLNSVFR.R K.NLFEGLSM(15.9949)TR.Q								
E3WLH6		721	81245.9	1	1	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_01486 PE=4 SV=1		
	R.SM(15.9949)SELFGDATK.E								
E3XBH9		478	52867.1	2	7	0.04	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_19631 PE=4 SV=1		
	R.DLNDSIILK.H K.ITDSAYAQITR.F								
T1E8H6		303	32686.8	2	3	0.04	Putative c1-tetrahydrofolate synthase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		
	K.GATIIDVGITK.V K.KGATIIDVGITK.V								
E3WWX5		754	84377.1	3	5	0.05	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_08495 PE=3 SV=1		
	K.AELNEILEK.L R.YAKPAAEQELGVLER.F K.FNSVPIYSALK.A								
E3X7Y3		1133	126446.3	3	16	0.03	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_15967 PE=4 SV=1		
	K.QLQALGLPR.T R.NLYSQLNVR.G R.ESNQFFLDLPK.I								
E3WZX5		1128	130227.1	3	8	0.03	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_10421 PE=4 SV=1		
	K.LQDELYVLR.L K.AHDLQAVLLGLQTM(15.9949)R.D R.SIAEETVADLEK.D								
E3XEM5		937	104213	1	2	0.01	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_22114 PE=4 SV=1		
	R.IYNLPGSGTDNVR.L								
T1E9R8		219	23584.1	2	5	0.15	Putative 26s proteasome regulatory complex subunit psmd10 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		
	R.AVVM(15.9949)GHTAIVQLLLDK.G K.DTGNVDGALPLQLAPR.E								

T1E7E5	506	53465.4	7	52	0.12	Dihydrolipoyl dehydrogenase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.GILVENVR.L K.SGSGVTVTVESVK.D R.LDLSALMDQK.S K.AEGVAYNVGKFPFAANSR.A K.SLTGGIAQLFK.K R.LDLSALM(15.9949)DQK.S K.SLTGGIAQLFKK.N						
E3X8Q8	705	78561.5	3	5	0.05	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_16616 PE=4 SV=1
K.EASALYADALR.H R.HGSAIPDTIFEK.A R.EAIESLEQYAQR.L						
E3WTX8	764	86522	3	11	0.03	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_06767 PE=3 SV=1
K.TTILSFVSK.- R.ELPTDVVSIVR.G K.FGAHNYHPLPVALAR.A						
E3X9T2	1682	185495.4	10	60	0.07	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_17225 PE=4 SV=1
K.IDILLEDAK.S R.QLDDAVELLQTEGNTALGR.A R.ALCTSEYSDISPLR.D R.LGYFNLDAENK.F R.RQLDDAVELLQTEGNTALGR.A R.EIDVNSLDDLRLR R.ANDALALVPNIER.Q K.EVNLIM(15.9949)SELANLR.E K.CLPFYNDAPWGR.A K.SFDITFIR.L						
T1DJ84	165	19176.9	2	2	0.14	Putative lethal 2 35di (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.EAVVPGDPPGYPNYPK.R R.APLDLVQK.A						

Q7PRA2	1813	198417.3	3	13	0.02	AGAP002945-PA OS=Anopheles gambiae GN=AgaP_AGAP002945 PE=3 SV=5
R.TEVP(15.9949)LGDPELK.R						
K.ECYFPIFVSR.A						
K.FYTLFGR.S						
T1DPS8	511	55228.5	2	2	0.05	Putative aldehyde dehydrogenase (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.DALGQLVSLEM(15.9949)GK.I						
R.ETFAPIVYLFK.A						
E3WMA1	354	39275.9	3	29	0.08	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_02083 PE=4 SV=1
R.AEIFGIAR.K						
K.FSVVLNALDNR.A						
R.ESALSFNPNAK.I						
T1DQN0	227	25196	2	4	0.09	Putative mitochondrial ribosomal protein I50 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.FQSVTQSLSTR.G						
K.GIFSGPEQK.F						
T1E8D6	492	55322.5	15	167	0.25	Protein disulfide isomerase prolyl 4-hydroxylase beta subunit OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.ILEFFGM(15.9949)KK.D						
K.FDEVAFDK.T						
R.ILEFFGM(15.9949)K.K						
K.QLVPIYDK.L						
R.TLEGFVK.F						
R.EQDTIVSWLEKK.T						
K.IGAFVSDFLDGK.V						
K.ENNVAVVGFFK.D						
K.SHLLFFISK.E						
K.VDATVEPELAEK.F						
K.ISSFPTIFLYR.K						
K.SEDGVLVLT.K						
K.ELETVEAAEEFLK.E						

	K.IGAFVSDFLDGKVK.Q R.EQDTIVSWLEK.K						
E3XE77		1337	147295.4	3	7	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_21836 PE=3 SV=1
	R.FDVLCVVK.D R.ISDLPLVEELR.T R.GLALALFGGESK.N						
E3XEA4		219	24401.5	4	15	0.13	Superoxide dismutase OS=Anopheles darlingi GN=AND_21878 PE=3 SV=1
	R.SDPSAELQQALK.R K.IIQLGAAIK.F K.NLSPDRSDPSAELQQALKR.D R.SDPSAELQQALKR.D						
Q7Q8A5		119	13450.7	2	4	0.2	AGAP008724-PA OS=Anopheles gambiae GN=AGAP008724 PE=4 SV=2
	K.DSPNLIPSAFDAR.L K.QAGNPDPFDM(15.9949)R.V						
T1E9Y0		149	15274.6	3	40	0.36	Putative 60s acidic ribosomal protein p2 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.LSSM(15.9949)PAGGGAPSGAPAAAGGGAAAAPAAEKK.E K.ILSSVGIEADSAR.V K.SIEELIASGR.E						
T1DJQ5		594	65226.4	2	3	0.04	Putative vesicle coat complex copi gamma subunit (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.EM(15.9949)VSLPBLEK.S K.GPLTEPFDLAVVPK.S						
T1EB12		304	33047.1	3	4	0.13	Putative hydroxymethylglutaryl-coa lyase (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.DGLQNEPTILPASVK.I K.IDLINQLSETGLR.T R.TIEATSFVSAK.M						
Q7QG9		211	23833.3	2	2	0.12	Mediator of RNA polymerase II transcription subunit 18 OS=Anopheles gambiae GN=MED18 PE=3 SV=3
	R.IFAEQLKPLVQLEK.I R.AQDVEAPLQLR.Y						

Q7QI9	324	37553.2	1	4	0.03	AGAP006894-PA OS=Anopheles gambiae GN=AGAP006894 PE=3 SV=3
R.DVLESKDKEAR.K						
T1DJZ8	130	14555.3	8	79	0.58	Putative fatty acid-binding protein (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.ALGVGM(15.9949)VLRK.L						
K.NGDEYTFNTLSTFK.N						
R.EFSATDLTATM(15.9949)TAGNAK.C						
K.LGEEFDEETVDGR.K						
K.SEGFDDYM(15.9949)K.A						
K.ALGVGM(15.9949)VLR.K						
K.LGNSISPTVELVK.E						
K.LGNSISPTVELVK.N						
K.LGNSISPTVELVK.D						
R.KLGNSISPTVELVK.E						
R.KLGNSISPTVELVK.N						
BOW7H6	686	75484.1	4	10	0.05	Mitochondrial solute carrier OS=Culex quinquefasciatus GN=CpipJ_CPIJ002591 PE=3 SV=1
K.FGLSLPR.F						
R.ELGLFGLYK.G						
R.TGSFIGEVAYR.N						
K.LTVNDLVR.D						
E3X4B6	1530	171566.9	1	3	0.01	DNA topoisomerase 2 OS=Anopheles darlingi GN=AND_13286 PE=3 SV=1
R.FRVTEELLK.K						
E3X6B1	821	95499.6	3	18	0.03	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_15065 PE=4 SV=1
K.EPLSLEELLAK.K						
K.FGDVPVTALLAR.E						
K.KEPLSLEELLAK.K						
T1E9I0	198	22516.6	3	17	0.18	Putative cytochrome c oxidase subunit iv aedes aegypti cytochrome c oxidase subunit iv (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.FKEPTRDILALR.E						
R.M(15.9949)LDLNINPIHGVSSK.W						

R.VDYPM(15.9949)PAIR.F						
T1DR25	177	19690	3	4	0.11	Uncharacterized protein (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.M(15.9949)LVFTKR.Y						
R.AEYEASLAAGAK.K						
R.AEYEASLAAGAKK.-						
T1EAE2	488	53627.1	1	1	0.02	Putative lipid particle (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.RLTALDAIDNAK.K						
E3WQ48	1419	155360.5	3	5	0.03	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_04169 PE=4 SV=1
R.AIAVVPEVEEYK.R						
R.NILIDQTNVFASEQK.R						
K.VNFGTIADGFPLTEK.K						
A7UUC0	651	71866.9	3	5	0.05	AGAP006526-PA OS=Anopheles gambiae GN=AGAP006526 PE=4 SV=1
K.VVYPIEELK.C						
K.IADYDPLTDGPR.N						
K.ATTIAETPEFK.R						
T1E870	166	19589.5	3	3	0.16	Putative pdsw OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.AAENWFIK.Y						
K.SFLETYEK.A						
K.YGDLGGYANAK.T						
E3XC46	1416	154057.6	2	7	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_19990 PE=4 SV=1
K.NYLLEELAEVK.K						
R.SVLPTEAEELR.S						
E3WZ45	899	99402.6	4	11	0.04	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_09953 PE=4 SV=1
R.GIEKPPFDLPAFIK.K						
K.ITIADLGPLYR.Q						
K.ALEDVLALTTIR.V						
R.GIEKPPFDLPAFIKK.T						
T1E8C9	284	31608.4	3	23	0.07	Putative hydroxyacyl-coa dehydrogenase/enoyl-coa hydratase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.AVAFLNQFRK.I						
K.GLEVYLESLK.K						

	R.AVAFLNQFR.K							
E3WYH2		510	55520.3	2	10	0.06	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_09546 PE=3 SV=1	
	K.NTVGIHPTVAEEFTR.L							
	R.NTVGIHPTVAEEFTR.L							
	K.VAVLDFVKPSPQGTR.W							
T1DQN2		200	20363.9	2	6	0.14	Putative rna-binding protein fusilli (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	R.NFAALGGSGGGSGIGGGFPK.K							
	R.YIELFAGQR.N							
E3WPA6		814	90602.5	6	65	0.09	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_03511 PE=3 SV=1	
	R.EFSCTDVQYPYV.R							
	K.THGFASFSELQK.Y							
	K.NALEEQVYEV.R							
	K.AGGIETIANDYSLR.A							
	R.GAALQCAILSPAVR.V							
	R.ATPSFVAFAGR.N							
T1DN42		331	34293.6	5	29	0.2	Putative 3-hydroxyisobutyrate dehydrogenase mitochondrial OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	K.SNTIFIDSSTIDPNVAK.A							
	K.VFADIINASTGR.S							
	K.EYAGGFATGLITK.D							
	K.GATPYDNVADLAK.A							
	K.LHVFDISADAK.D							
T1DUB2		467	51248.1	2	5	0.04	Putative amino acid transporter (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	K.TDVEANGIAPFDPFK.E							
	K.TDVEANGIAPFDPFKER.K							
T1DR73		381	38871.2	1	4	0.05	Putative ubiquitin thiolesterase (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	K.FGDFLSGYHIENSSISIVPR.G							
T1DSR9		406	46345	1	3	0.05	Putative 26s proteasome regulatory complex subunit rpn1/psmd2 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	R.LQESDAELYRPSLES(15.9949)ANLIR.A							

E3X846	254	30577.7	1	6	0.05	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_16071 PE=4 SV=1
K.AILSTLEDGSIR.A						
E3X7E3	715	78554.1	3	44	0.04	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_15703 PE=4 SV=1
R.GGPNVLVLAPTR.E						
R.TGTSLSFVTR.S						
R.ILIATDVASR.G						
E3WQP5	393	42760.7	2	10	0.07	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_04678 PE=4 SV=1
R.TAGNPLGAPIILSPR.I						
R.QLM(15.9949)ELAIINGTYR.D						
T1DQ47	207	23144.6	2	9	0.13	Putative chromobox protein 1 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.TLEAEEVSGFDK.G						
R.LIWQPLQGETAANK.-						
Q7PPI8	381	43486.9	2	8	0.07	AGAP004940-PA OS=Anopheles gambiae GN=AGAP004940 PE=4 SV=3
K.VAFLDVDAFER.L						
R.M(15.9949)NLADALIPQTYAK.G						
T1DG71	546	61867.7	3	6	0.07	Putative cathepsin I cathepsin I OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.NKLDELDAHVLAVGYGK.L						
K.GFTVAVNHLADR.T						
K.LNGEDYWLIK.N						
E3XC86	180	18193	2	12	0.13	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_20066 PE=4 SV=1
K.DVVYLYQFTR.T						
R.TPM(15.9949)LPSISPFCLK.V						
E3X9W1	761	83123.7	1	2	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_17270 PE=4 SV=1
R.TISPSSTTTVEVPR.N						
Q7Q2J4	232	26186.2	2	7	0.12	AGAP010298-PA (Fragment) OS=Anopheles gambiae GN=AGAP010298 PE=4 SV=3
K.FASGDFNQVVLQNVTK.A						
R.AALLQEGIDVR.S						
E3WTB5	462	51719.7	2	4	0.07	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_06423 PE=4 SV=1
R.LGNVFAIGDCSASPNSK.T						

K.LLVVGGGAGGCSVAAK.A						
E3XBS5	1314	149879.4	3	10	0.03	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase OS=Anopheles darlingi GN=AND_19785 PE=3 SV=1
R.LTESVLSPAYYVR.N K.SDLFDAATAAYR.S R.INVNPYEIQFFK.S						
E3WYPO	401	41472	3	35	0.09	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_09670 PE=4 SV=1
R.ALEINPDSATAYK.F K.DIFANPANISK.Y K.LFTEAIQLNPK.S						
Q7Q7V3	533	58383.1	2	15	0.05	AGAP005007-PA OS=Anopheles gambiae GN=AGAP005007 PE=4 SV=4
K.LGEEDIENIVAK.Y K.SSDLTEIVCPPPTAR.V						
Q7PWM2	1427	161266.1	1	3	0.01	DNA topoisomerase 2 (Fragment) OS=Anopheles gambiae GN=AGAP008917 PE=3 SV=4
K.LDDDIVGLLSR.R						
T1DPG0	332	36250.3	1	3	0.04	Uncharacterized protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.AFVDM(15.9949)LTGGNTGK.A						
E3WL30	441	49319.9	4	16	0.1	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_01272 PE=4 SV=1
R.GVLTEENVYPEIHK.M R.AALNDLSAYITHGR.G K.LFDDLTASYK.A K.M(15.9949)JSVNLFR.T						
T1E326	186	21174.8	1	2	0.08	Putative gtpase OS=Psorophora albipes PE=2 SV=1
R.DIPGALDETGLIER.M						
T1DQC4	261	28712.3	3	24	0.14	Putative regulation of calcium-mediated signaling OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.YVELLEGISK.F K.SRPQFEIDIVR.G K.SGTSATIPTSINGYK.I						
E3X898	1178	133922.4	1	5	0.01	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_16265 PE=4 SV=1

	K.VATSILNYIK.A										
T1E9K7		565	62839.6	2	18	0.04	Putative eukaryotic initiation factor 4b (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1				
	R.GFGNIEFASR.N R.TQVIALPTAPR.A										
T1E934		276	30644.4	3	7	0.12	Proteasome subunit alpha type OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1				
	K.YAYDAFYVPVGR.L K.FTILSEEDNDK.Y K.NKEYAVLIALKR.A										
T1DQD7		217	24367	1	2	0.06	Putative rna-binding protein pno1p OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1				
	K.IFTPVVEQLQLK.I										
E3WNJ6		386	42577.8	1	6	0.03	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_02893 PE=4 SV=1				
	K.LAPIWAQLAEAR.N										
E3WRU2		151	17555	1	1	0.07	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_05605 PE=4 SV=1				
	R.SLVQEVTDDK.S										
T1DLY9		323	37584.3	1	1	0.04	Putative oligosaccharyltransferase alpha subunit ribophorin i (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1				
	K.TLLPASASGVYYR.D										
E3WP24		461	52078.5	1	2	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_03366 PE=4 SV=1				
	R.ALISELlyGR.G										
Q7QE24		653	73956	1	2	0.02	AGAP010691-PA (Fragment) OS=Anopheles gambiae GN=AGAP010691 PE=3 SV=3				
	K.LTSSDPELAELLAK.Q										
T1DU46		591	65047.3	3	5	0.04	Putative apoptosis inhibitor 5/fibroblast growth factor 2-interacting factor 2 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1				
	K.TTSNISTLIR.D K.SNVHLSWFVPK.G K.NYEILSEAK.E										
E3X3V1		826	94573.1	1	6	0.01	Ribosome biogenesis protein BOP1 homolog OS=Anopheles darlingi GN=AND_12961 PE=3 SV=1				
	K.VILSDEDIALVK.R										
T1DQ96		561	61948.8	2	4	0.05	Uncharacterized protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1				

	K.IAELPAAIGTLGELK.V R.STRPHALFCIVR.H							
T1E8G8		395	45597.7	1	1	0.03	Uncharacterized protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	R.TPYDLNVELAK.R							
E3WWL4		377	43540.4	1	2	0.03	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_08315 PE=4 SV=1	
	R.LNQIYFPLNGR.S							
T1DT43		491	54919	1	4	0.02	Uncharacterized protein (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	R.ALDALPALVGR.L							
Q7Q8S7		334	36379.4	2	18	0.06	AGAP010586-PA (Fragment) OS=Anopheles gambiae GN=AGAP010586 PE=4 SV=4	
	K.IFETVAPDLK.T K.AAEELLESK.Q							
T1E7S1		349	39690.7	1	4	0.03	Putative lupus la protein (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	K.SSEGLIEVSEDR.E							
Q5TT79		271	30387.3	1	3	0.04	AGAP003615-PA OS=Anopheles gambiae GN=AgaP_AGAP003615 PE=4 SV=3	
	R.AYLGPLPDEFRLR.V							
T1DFL0		190	20432.2	1	1	0.07	Putative nucleus OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	R.LTNALTEAQNEIAR.L							
T1DNT4		352	40008.5	1	4	0.04	Putative pcdc2/rp-8 programmed cell death protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	K.VGVLDDELPEEELEK.Y							
E3WRT8		172	19274.7	1	6	0.09	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_05595 PE=4 SV=1	
	R.ARTDPIFESLQPIDGK.I							
Q17G72		316	35619.4	1	2	0.04	AAEL003154-PA OS=Aedes aegypti GN=AAEL003154 PE=4 SV=1	
	R.ICDFGFFPGITK.H							
Q7QI92		271	27738.2	1	10	0.04	AGAP006733-PA OS=Anopheles gambiae GN=AGAP006733 PE=4 SV=3	
	K.IEM(15.9949)SLDEIHK.S							
T1DN75		157	17152.9	2	19	0.2	Putative transcription factor btf3a OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	K.TQASLATNTFAITGHSESK.Q K.TQASLATNTFAITGHSESK.M K.NDGTVIHFNNPK.T							

T1E7H8	202	23970.4	5	23	0.23	Ribosomal protein L19 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.VWLDPNEINEIGNTNSR.Q K.EEETAQVTTGKK.- K.EEETAQVTTGK.K K.QELLQTIAK.E R.QELLQTIAK.E K.LIKDGLIHK.K						
T1E7V5	376	42432	4	21	0.15	Putative nad dependent epimerase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.ILITGGLGQLGVECAK.L R.IFVPSTIGAFGPDSR.N R.SLLEFM(15.9949)TAPEEK.L R.VNIEGM(15.9949)HNVLELAK.Q						
T1DN20	188	20634.3	3	14	0.19	Putative chd64 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.AGQTVISLQYGSNK.G K.GATQSGINFGNTR.H R.QFSDEQLR.A						
Q7QF41	429	48499.6	2	5	0.06	AGAP000291-PA OS=Anopheles gambiae GN=AgaP_AGAP000291 PE=4 SV=4
K.TELSETLTEICK.I K.ILDIENVDLAM(15.9949)GK.V						
E3XA70	498	55473.3	5	24	0.12	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_17443 PE=3 SV=1
K.NTVCEFTGDILR.T K.TVSGVNGPLVILDEVK.F R.IPASILAEFYPR.D R.QIYPPVNVLPSSR.L K.FAEIVQLR.L						
E3WZJ3	229	25846.7	4	58	0.17	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_10214 PE=3 SV=1
R.VNQAIWLLCTGAR.E K.TIAECLADELINAAG.G R.QAVDVSPLR.R R.RVNQAIWLLCTGAR.E						

T1EAN0	919	100670.1	8	43	0.11	Putative ca ²⁺ transporting atpase (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.NLAFFSTNAVEGTAK.G K.SVGIISEGNETVEDIAQR.L K.EAFNNAYLELGGLGER.V R.DLSSDQLDEILR.Y R.LNIPVSEVNPR.E K.EVSGDASEAALLK.C K.KEVSGDASEAALLK.C K.CM(15.9949)ELALGDVLNIR.K						
T1DS90	422	46746.1	9	101	0.33	Putative tubulin alpha-1 chain (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.IHFPLVTYAPVISA EK.A R.TIQFVDWCPTGFK.V R.AVCM(15.9949)LSNTTAAIEAWAR.L R.AVFVDLEPTVVDEVR.T K.DVNAAIATIK.T K.VGINYQPPTVVPGGDLAK.V K.TIGGGDSFNFFFSETGAGKHVPR.A R.QLFHPEQLITGK.E R.NLDIERPTYTNLNR.L						
T1DHN6	140	14847	5	16	0.22	Putative 60s ribosomal protein l23 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.NLYVIAVHGIR.G K.GSAITGPVAK.E R.KKVM(15.9949)PAVVIR.Q K.VM(15.9949)PAVVIR.Q K.KVM(15.9949)PAVVIR.Q						
T1DF12	447	50055.1	15	199	0.36	Putative tubulin beta-1 chain OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.NSSYFVEWIPNNVK.T K.NSSYFVEWIPNNVK.V R.LHFFM(15.9949)PGFAPLTSR.G R.ALTVPELTQQM(15.9949)FDAK.N						

	R.AVLVDLEPGTM(15.9949)DSVR.S R.AVLVDLEPGTM(15.9949)DSVR.Q R.ISEQFTAM(15.9949)FR.R K.M(15.9949)SATFIGNSTAIQELFK.R R.IM(15.9949)NTYSVVPSPK.V R.YLTVAAVFR.G K.LAVNM(15.9949)VPFPR.L K.M(15.9949)SATFIGNSTAIQELFKR.I K.LAVNMVPFPR.L R.AVLVDLEPGTMDSVR.S R.INVYYNEASGGKYVPR.A K.GHYTEGAELVDSVLDVVRK.E K.TAVCDIPPR.G							
T1E8G5		448	50465.3	4	29	0.08	Putative tubulin beta-4 chain OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	R.AVLIDLEPGTM(15.9949)DSVR.Q R.ISEQFTAM(15.9949)FR.R K.LAVNM(15.9949)VPFPR.L K.LAVNMVPFPR.L							
T1DTY8		402	44297.3	2	6	0.06	Putative prohibitins and stomatins of the pid superfamily (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	R.ANGEAAAAM(15.9949)ALADAR.A K.ASEAWGISCLR.Y							
E3WUA4		209	23391.9	1	5	0.06	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_06969 PE=4 SV=1	
	R.M(15.9949)GVDDAFYTLVR.E							
T1DF62		209	23828.9	5	31	0.23	Putative glutathione s-transferase 1 isoform c OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	K.EAPGAAINEAGIEEFK.K K.EAPGAAINEAGIEEFK.Y R.FADYYPQIFAK.Q R.LFFDM(15.9949)GTLYQR.F R.AICTYLVEK.Y							

T1E9L4	266	27918.6	3	9	0.16	Uncharacterized protein (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.VVLITGASSGIGAAAAQK.F K.GNVVNVSSVNGIR.S R.SFPGVLAYNISK.M						
T1E7T0	217	24582.3	7	72	0.26	Putative 60s ribosomal protein l10a OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.DILYECVTEVM(15.9949)K.G K.KYDAFLASESLIK.Q K.YDAFLASESLIK.Q K.ANDIPFM(15.9949)DAEALK.K K.ANDIPFM(15.9949)DAEALKK.L K.FPGLLGHGESM(15.9949)VQK.I R.DILYECVTEVM(15.9949)KGSK.K						
T1E876	133	15294.8	4	34	0.33	Putative b52 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.VYVGGLPYGVR.E K.NGYGFVEFEDYR.D R.DADDAVYELNGK.E R.LIVDNLSTR.V						
T1DNJ7	355	40957.8	6	34	0.17	Putative b52 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.NEGVVEFATLSDM(15.9949)K.T K.NGYGFVEFEDYR.D R.DADDAVYELNGK.E R.KNEGVVEFATLSDM(15.9949)KTAIEK.L R.LIVDNLSTR.V R.VSWQDLK.D						
T1DFC0	376	41731.8	12	284	0.34	Putative actin muscle OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.SYELPDGQVITIGNER.F R.VAPEEHPVLLTEAPLNPK.A R.VAPEEHPVLLTEAPLNPK.S K.IWHHTFYNELR.V R.GYSFTTTAER.E						

	K.EITALAPSTIK.I						
	K.DSYVGDEAQS.K.R						
	R.LDLAGRDLTDYLM(15.9949)K.I						
	R.DLTDYLM(15.9949)K.I						
	K.YPIEHGIITNWDDM(15.9949)EK.I						
	K.AGFAGDDAPR.A						
	R.AVFPSIVGRPR.H						
	K.IKIIAPPERK.Y						
T1E7Y2		249	26923.6	1	2	0.07	Hypothetical protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.ETPDSIVDLADLDAIGK.I						
T1DPC9		133	14381.1	3	18	0.3	Putative catalytic step 2 spliceosome OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.NPPGFVFEFEDAR.D						
	K.QDIEEAFGYGPLR.N						
	K.VYVVELGNNASK.Q						
T1DQP9		176	20151.8	3	11	0.2	Putative mitochondrial electron transport nadh to ubiquinone (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.AVTNCAFEFFR.K						
	K.VVYPDATPGLPEDYPR.E						
	R.AGAFHLGK.Y						
B6DDT9		156	17288.3	12	70	0.47	40S ribosomal protein S19 OS=Anopheles darlingi GN=AND_22374 PE=2 SV=1
	K.VVEGVALFLK.S						
	K.VVEGVALFLK.K						
	R.KAVQALEAIK.L						
	R.KAVQALEAIK.M						
	K.VPEYIDLIK.T						
	K.ELAPDPDWFYVR.C						
	R.LYHQSPSGVGSICR.I						
	K.AVQALEAIK.L						
	R.RLYHQSPSGVGSICR.I						
	R.KLTSQGQR.D						
	K.DVDQDKVVEGVALFLK.S						

	K.LKVPEYIDLIK.T K.HADGGRK.L						
T1DNU8		211	24342	3	6	0.12	Putative downstream of receptor kinase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.FNSLNELVDYHR.T R.ISESSPGDFSLSVK.C K.EGLIPSNYIEM(15.9949)K.N						
B6DE46		132	14634.8	3	27	0.09	Ubiquitin-like/40S ribosomal S30 protein fusion OS=Anopheles darlingi PE=2 SV=1
	R.RFSSVVQAYGR.R R.FSSVVQAYGR.R R.RFSSVVQAYGRR.R						
T1DKD0		428	48980.8	2	13	0.06	Putative dorsal switch protein 1 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.M(15.9949)TAYAFFVQTCR.E K.ALNPEYGVGDIK.E						
T1DJC1		587	62858.8	4	36	0.06	Putative dihydrolipoamide succinyltransferase 2-oxoglutarate dehydrogenase e2 subunit (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.GLITPIVFSADR.K R.GLITPIVFSADRK.G R.GSGLFGSLTSK.D K.GSGLFGSLTSK.D K.LSINDFIK.A						
T1DPI7		170	19893.1	4	22	0.22	Putative serine/arginine rich splicing factor OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.CGEVGDYIPR.D R.DAEDALDAM(15.9949)DGR.M R.IDGM(15.9949)ISLK.V K.VDNLYR.T						
T1E747		143	16090.9	5	60	0.29	Putative 40s ribosomal protein s23 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.VANVLLALYK.E K.SNPFAGASHAK.G K.GHAVGDIPGVR.F R.KGHAVGDIPGVR.F						

Q7PJV2	K.ITAFVPR.D	1959	224155.2	43	424	0.21	AGAP010147-PA OS=Anopheles gambiae GN=AGAP010147 PE=4 SV=3
	K.LEADINELEIALDHANKANAEQK.N						
	K.LEQTLDELEDSLER.E						
	K.VDDLAAELDASQK.E						
	K.LKVDDLAAELDASQK.E						
	K.ISLTQQLEDTK.R						
	R.QLEDAESQVSQSK.I						
	K.KLEADINELEIALDHANKANAEQK.N						
	R.ALDSM(15.9949)QASLEAEAK.G						
	R.ANALQNELEESR.T						
	R.LAEAEETIESLNQK.C						
	K.LTQEAVADLER.N						
	R.QIEEAEI AALNLAK.F						
	K.KLEADINELEIALDHANK.A						
	K.ANAEAQLWR.T						
	K.GAYEEGQEQLAVR.R						
	K.TALLDSLGEK.G						
	R.LEEAGGATSAQIELNK.K						
	R.IEEEEVEAER.Q						
	K.LKVDDLAAELDASQKECR.N						
	R.NYSTELFR.L						
	K.DLLDQIGEGGR.N						
	R.NLNDEIAHQDELINKLNK.E						
	R.AGVLGQM(15.9949)EEFR.D						
	K.DAEDLELQIQK.I						
	K.DVQSALEEEQR.A						
	R.AQLELSQVR.Q						
	K.LSIENS DLLR.Q						
	K.AKLEQTLDELEDSLER.E						
	R.KVEGDLKLTQEAVADLER.N						

K.EQLNNLM(15.9949)TTLK.S
 K.KLSIENS DLLR.Q
 K.LEADINELEIALDHANK.A
 K.ELTFQSEEDR.K
 K.AFDKIIGEWK.L
 R.NLNDEIAHQDELINK.L
 R.LEEAGGATSAQIELNKKR.E
 R.LKGAYEEGQEQLEAVR.R
 K.TALLDLSGEGKALQEYQEK.A
 R.DLEENIQHEGTLANLR.K
 R.EQVEEEAEGKGDQIR.Q
 R.NLEHDLNLR.E
 R.TQYFAELNDAR.I
 K.ERTQYFAELNDAR.I

T1EB94

1314 149456.8

25 220

0.19

 Putative myosin class i heavy chain (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2
 SV=1

K.ATKGD LVTVGLPGGETK.D
 R.TQYFAELNDAR.I
 K.GDLVTVGLPGGETK.D
 R.VALEIVQR.N
 K.ERTQYFAELNDAR.I
 K.LEQTLDELEDSLER.E
 K.LAGADIETYLLEK.A
 R.QLEDAESQVSQLSK.I
 K.LTQEAVADLER.N
 K.TALLDLSGEGK.G
 R.IEEEEVEAER.Q
 R.NLNDEIAHQDELINKLNK.E
 R.AGVLGQM(15.9949)EEFR.D
 K.DAEDLELQIQK.I
 K.LSIENS DLLR.Q

	K.AKLEQTLDELEDSLK.E								
	R.KVEGDLKLTQEAVADLER.N								
	K.EQLNNLM(15.9949)TTLK.S								
	K.KLSIENS DLLR.Q								
	R.NLNDEIAHQDELINK.L								
	K.TALLDLSLGEK GALQEYQEK.A								
	R.DLEEANIQHEGTLANLR.K								
	K.VIAYFATIGASGK.K								
	K.KGSLEDQVVQTNPVLEAFGNAK.T								
	K.EGYLLGEIK.A								
T1DK42		286	31635.7	6	69	0.25	Putative prohibitin (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		
	K.IYTILGQDYDER.V								
	R.IEAAEDIAYQM(15.9949)SR.S								
	K.QAAIITAEGDAEAAK.M								
	R.VLPSITTEVLK.A								
	K.DLQNVNITLR.I								
	K.ESGDGLIELR.R								
E3WYW7		116	12733.7	7	38	0.53	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_27145 PE=3 SV=1		
	R.VCTLSITDAGDSDIIR.T								
	R.KSEIEYYAM(15.9949)LAK.T								
	K.SEIEYYAM(15.9949)LAK.T								
	K.LIIIANNTPHLR.K								
	K.TGVHHYNGN NIELGTACGK.Y								
	K.AKLIIIANNTPHLR.K								
	K.KALESINSR.L								
T1E9V8		479	52859.4	2	11	0.05	Citrate synthase (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		
	K.GLVCETSVLDPDEGIR.F								
	K.LPVIAATIYR.N								
E3WWIO		321	36062.4	3	16	0.09	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_08261 PE=4 SV=1		
	K.IDLEEIDK.E								

	K.ILIDQANLLVR.N K.VLADVLNITK.A						
Q7PXF5		1893	212547.9	7	41	0.04	AGAP001381-PA OS=Anopheles gambiae GN=AgaP_AGAP001381 PE=4 SV=5
	K.GLNCECEDFFNDLPWKPALGK.Q K.YYYAISNM(15.9949)IVR.G K.LANIEIVNLGR.R K.LHSLGDNLLDDR.D K.EELADDILR.S K.EKEELADDILR.S K.IDLEEIDK.E						
E3WWH9		1415	157704.3	8	36	0.08	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_08260 PE=4 SV=1
	R.GSLDDGVCDSIADEENGIEAGACHCKR.N K.TGECVQCQDFTQGWK.C K.FEVDDLPK.T K.FIVSLQR.H K.GLNCECEDFFNDLPWKPALGK.Q K.YYYAISNM(15.9949)IVR.G K.LANIEIVNLGR.R K.LHSLGDNLLDDR.D						
Q7QB79		404	44778.6	3	6	0.06	Aspartate aminotransferase OS=Anopheles gambiae GN=AgaP_AGAP004142 PE=3 SV=4
	R.AFGVQCLSGTGALR.V K.ALYDELVALK.T R.TNEGKPWILPVVK.K						
T1E7A0		505	54423.1	2	11	0.05	Putative fumarase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.IGELTGLPFVSAPNK.F R.AIELLGGQLGSK.T						
T1DG51		575	68031.8	9	97	0.12	Putative radixin moesin OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.APDFVFFAPR.V R.LQEQLNLVQAAK.E K.LLHVPGLAK.D						

	K.KAPDFVFFAPR.V										
	R.RLQEQLNLVQAAK.E										
	K.DFDTDEHIKDPVEER.R										
	R.EKLQLALAAR.E										
	K.IGFPWSEIR.N										
	K.LQLALAAR.E										
T1E7F3		192	21375.1	2	4	0.11	Putative ras-related c3 botulinum toxin substrate 1 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1				
	K.LSPITYPQGLAM(15.9949)AK.E										
	K.TVFDEAIR.A										
B6DDV0		212	22764.8	6	24	0.28	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase (Fragment) OS=Anopheles darlingi PE=2 SV=1				
	R.IVIGLFGATVPK.T										
	R.DFM(15.9949)IQGGDFTKGDGTGGR.S										
	K.DTNGSQFFITVK.Q										
	R.DFM(15.9949)IQGGDFTK.G										
	K.VLEGM(15.9949)SVVR.K										
	R.NFKELAEK.T										
Q173Y9		594	66235.5	3	16	0.06	AAEL006977-PA OS=Aedes aegypti GN=AAEL006977 PE=4 SV=1				
	R.LVSGDWFTSR.T										
	R.TSACGLFSVCYPR.V										
	K.LSTIALALGEER.T										
T1DG16		503	56358.3	3	10	0.06	Protein phosphatase 2a regulatory subunit a OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1				
	K.VVEVEYLK.S										
	R.LVSGDWFTSR.T										
	R.TSACGLFSVCYPR.V										
T1E7B9		401	46091.9	3	6	0.12	Putative nadh:ubiquinone oxidoreductase ndufa9/39kda subunit OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1				
	K.YSNVVINLVGR.D										
	K.ALLTETISPSFPIGDVHTER.I										
	K.FVHVSSLNATPTPQPFFTK.E										

T1DF46	489	52368.8	2	9	0.05	Putative aldehyde dehydrogenase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.IFINNQFVDAVSGK.T						
K.DSLEGYLETK.S						
T1E806	253	29210.8	6	69	0.18	Putative 60s ribosomal protein l7 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.IAEPYITYGYPTLK.S						
R.IPITDNFVIER.K						
K.VNNFLWPFK.L						
K.KVNNFLWPFK.L						
K.AGNIYIPAEPK.V						
K.VRKVLQLFR.L						
T1DFZ6	213	23260.3	8	125	0.36	Putative 60s acidic ribosomal protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.GTIEIINDVPILKPGDK.V						
K.TSFFQALSIPK.I						
K.GNVGFVFTK.G						
K.GDLADIRDKLTESK.V						
K.VVQLLDEYPK.C						
K.CFIVGADNVGSR.Q						
K.TSFFQALSIPKISK.G						
K.GNVGFVFTKGLADIR.D						
T1EB21	152	17404.7	6	34	0.39	Uncharacterized protein (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.NAEYDSFLDDIQK.G						
K.YIQATDLSEASR.E						
K.M(15.9949)LYSSFDALKK.S						
K.LFLM(15.9949)SWCPDTAK.V						
K.QIDVEVIGDR.N						
K.KKM(15.9949)LYSSFDALKK.S						
E3WMH3	819	91251.3	10	155	0.14	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_02178 PE=4 SV=1
R.YIYLSGTDR.V						
K.AAIAGHDGGVWAK.S						
K.TELLTSGGVTLAQQR.Y						

	R.GIYAYGFEKPSAIQQR.A K.LFVLDEADEM(15.9949)LSR.G R.VLITTDLLAR.G K.VVISLGDFLK.A R.GFKDQIQDVFR.M R.LEQGCHIVVGTTPGR.V K.DQIQDVFR.M							
T1DG61		405	45560.2	9	154	0.22	Putative superfamily ii dna and rna helicase dna replication OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	R.GIYAYGFEKPSAIQQR.A K.LFVLDEADEM(15.9949)LSR.G R.VLITTDLLAR.G K.VVISLGDFLK.A R.GFKDQIQDVFR.M K.GVAINFVTEQDKR.V R.LEQGCHIVVGTTPGR.V R.KGVAINFVTEQDKR.V K.DQIQDVFR.M							
T1EAL6		292	33508.1	2	4	0.09	Uncharacterized protein (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	R.AIGVSNFNSEQIAR.L R.HIDTAYFYQNEK.E							
T1DEX1		301	33356.8	6	53	0.18	40S ribosomal protein SA OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	R.FTPGAFTNQIQTAFR.E K.FVDIAIPCNTK.S K.EQAAIEAAAPAAK.D R.RTDGVHIINLGR.T R.FTPGAFTNQIQTAFREPR.L R.TDGVHIINLGR.T							
E3X900		739	83273.6	3	6	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_16808 PE=4 SV=1	
	R.RTDIFGVGDEEAAIGKK.L R.TDIFGVGDEEAAIGKK.L							

	R.IGLLDPR.W										
T1DT34		259	29052.4	8	50	0.31	Putative 40s ribosomal protein s3a (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1				
	R.FDLSSLLELHGDGGGK.A										
	R.DVLCNFHGM(15.9949)DLTTDKLR.S										
	K.ACQVVYPLHDVFIR.K										
	R.EIINSDLKGVVEK.L										
	R.DVLCNFHGM(15.9949)DLTTDK.L										
	K.ACQVVYPLHDVFIRK.V										
	K.FKLIAESVNGR.D										
	K.TTDGYLLR.V										
T1EB67		321	36851.8	2	12	0.08	Putative heat shock protein (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1				
	K.ALEIDPNNAELEGYR.A										
	K.LAAFDLGLK.D										
T1E7D8		189	21795.2	7	44	0.3	60S ribosomal protein L18 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1				
	K.SIAVVVGTVTNDVRK.L										
	K.SIAVVVGTVTNDVR.K										
	K.ILTFDQLALLAPTGK.N										
	R.GKDDKSIAMVVGTVTNDVR.K										
	R.EAFTHFGR.A										
	K.LNICALR.V										
	K.SLDVYLR.L										
T1DQB4		393	43420.4	6	36	0.18	Methionine aminopeptidase (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1				
	K.GLEAGLAFPTGCSR.N										
	K.NFDAPM(15.9949)VPLR.L										
	R.M(15.9949)QLDIYNELR.Q										
	K.QLLGTCR.N										
	K.NFGTLAFCKR.W										
	K.GGAGGGAGGGGAAATGGNVK.L										
E3X733		505	55630.6	6	44	0.13	Methionine aminopeptidase 2 OS=Anopheles darlingi GN=AND_15530 PE=3 SV=1				

	K.GLEAGLAFPTGCSR.N						
	K.EDDDALNEALAER.K						
	K.NFDAPM(15.9949)VPLR.L						
	R.M(15.9949)QLDIYNELR.Q						
	K.QLLGTICR.N						
	K.NFGTLAFCKR.W						
T1DPQ3		210	22425.2	5	22	0.29	Putative oligomycin sensitivity-conferring protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.FNAATGNLLTVLAENGR.L						
	K.VDPALIGGM(15.9949)VVSIGDK.Y						
	K.AFLKPNQTIQLTAK.V						
	R.YACALYSAASK.T						
	K.VKFNAATGNLLTVLAENGR.L						
Q1HR21		172	19526.6	2	10	0.16	AAEL004423-PA OS=Aedes aegypti GN=AAEL004423 PE=2 SV=1
	R.IAQSSVNWAAALAER.V						
	K.ALLPFDQM(15.9949)TMEDYR.D						
T1DN10		172	19483.9	4	20	0.22	Putative atp synthase subunit d OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.IAQSSVNWAAALAER.V						
	K.AYEALQIPYPADNVTK.L						
	K.IDWTFYK.K						
	K.IDWTFYKK.N						
Q1HRI6		165	17537.3	4	46	0.25	40S ribosomal protein S2 OS=Aedes aegypti GN=AAEL014562 PE=2 SV=1
	K.EVLGTAHSVGCTIDGR.A						
	K.EVLGTAHSVGCTIDGR.S						
	K.IGPLGLSPK.K						
	K.IGPLGLSPKK.I						
	R.CVGGEVGATSSLAPK.I						
T1E7D6		171	17573	1	3	0.08	Superoxide dismutase [Cu-Zn] OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.TSYSDTVVSPLYGAR.S						
E3X9S2		356	39756.4	2	3	0.07	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_17213 PE=4 SV=1
	R.FTAIDLDPYGHPTTR.F						

	K.FGIPTGPFVSSR.C						
Q7PM72		506	56678.2	2	4	0.05	AGAP009740-PA (Fragment) OS=Anopheles gambiae GN=AGAP009740 PE=4 SV=4
	R.ILEALSATGLR.S						
	R.FTAIDLDPYGHPT.R.F						
T1DMV1		247	26251.5	8	45	0.33	Triosephosphate isomerase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.VIACIGETLQER.E						
	R.SSLPESIGVAAQNCYK.V						
	K.GAFTGEISPAM(15.9949)LK.D						
	R.AIFGETDELIAEK.V						
	R.IQYGGSVTAANCR.E						
	K.DLGLGWVILGHSER.R						
	K.GAFTGEISPAMLK.D						
	R.RAIFGETDELIAEK.V						
E3X274		121	13353	4	35	0.4	40S ribosomal protein S12 OS=Anopheles darlingi GN=AND_27940 PE=3 SV=1
	K.DFGEETPALDVIK.E						
	R.KICGASCVVLK.D						
	K.SLIADGLVHGIHEACK.A						
	K.LGEWSGLCK.I						
B6DDT5		151	17490.6	10	51	0.34	60S ribosomal protein L26 OS=Anopheles darlingi PE=2 SV=1
	R.EKANGTNVYVGVHPSK.C						
	R.HFQAPSHIR.R						
	K.ANGTNVYVGVHPSK.C						
	K.FVVYIER.I						
	K.DDEVQVVR.G						
	K.KFVVYIER.I						
	R.KRHFQAPSHIR.R						
	R.KRHFQAPSHIRR.K						
	R.SM(15.9949)PIRKDDEVQVVR.G						
	R.KKFVVYIER.I						
T1DPD3		152	16270.6	6	92	0.32	Putative 40s ribosomal protein s14b OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1

	K.EEVQVSLGPQVR.E K.EEVQVSLGPQVR.D R.IEDVTPIPSDSTR.R K.SLGITALHIK.L K.TPGPGAQSALR.A R.TKTPGPGAQSALR.A R.IEDVTPIPSDSTRR.K						
T1DNF9		483	53796.5	2	9	0.05	Putative metalloexopeptidase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.VILGVLGTDPK.K K.LLGAYLYEVSK.I						
T1E7L5		185	21571.4	5	27	0.21	Putative 60s ribosomal protein l22 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.LVIDHIQVNR.A K.KSAEFLQLLK.N R.INPYM(15.9949)SSPCHIELSLTEK.E K.SAEFLQLLK.N R.ETALAIKR.M						
T1DPS9		429	47743.8	6	26	0.15	Putative 26s protease regulatory subunit 6a OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.LAGPQLVQM(15.9949)FIGDGAK.L K.M(15.9949)NVSPDVNFEELAR.S K.VIAATNRVDILDALLR.S R.QTVFLPEIGLVEAEK.L R.VDILDALLR.S R.KM(15.9949)NVSPDVNFEELAR.S						
T1E995		184	18732	3	41	0.16	Putative histone h1-ii (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.YLAANYTADVAK.L K.KVATHPPVNTM(15.9949)ILAAIK.A K.VATHPPVNTM(15.9949)ILAAIK.A						
T1DGW1		214	23409.8	3	12	0.18	Putative rab-protein 5 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.QASPNIVIALAGNK.A K.TAVNVNDIFLAIK.K						

	K.LVLLGESAVGK.S								
T1DFH7		282	30463.6	5	19	0.17	Putative ribose-5-phosphate isomerase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		
	K.GIPIEVVPM(15.9949)AYVPIR.N K.AYFGQADGSVTER.G R.IGASFGGSLK.L R.FVVIADYTK.D K.GIPIEVVPM(15.9949)AYVPIRDR.I								
T1DKZ5		344	37069	1	6	0.04	Putative splicing factor (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		
	R.SVNAPLNALAETK.Q								
T1DN39		529	57495.9	7	28	0.16	Pyruvate kinase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		
	K.GEYPLECVLTM(15.9949)AK.T K.KLGKPFPLAIALDTKGPEIR.T K.IIEATDGIM(15.9949)VAR.G R.GDLGIEIPA EK.V K.KLGKPFPLAIALDTK.G R.KGVNLPGVVDLPAVSEK.D R.VQYGIEFGK.E								
E3WP20		1271	145496.4	1	2	0.01	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_03353 PE=4 SV=1		
	K.ILDANPILEAFGNAK.T								
T1DS06		105	11841.1	1	3	0.1	Uncharacterized protein (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		
	K.ALVFSCAVCK.S								
T1DN77		100	10760	3	14	0.37	Putative heat shock protein OS=Anopheles aquasalis PE=3 SV=1		
	K.VLEGTVVAVGPGAR.N R.NTQTGEHVPLAVK.V K.VLLPEYGGTK.V								
Q7PPI7		259	28548.6	3	11	0.15	Proteasome subunit alpha type OS=Anopheles gambiae GN=AGAP004960 PE=3 SV=4		
	K.ATCIGNNSAAAVSALK.Q R.TTIFSPEGR.L K.ILSSAEVDGLIAK.Y								
T1DT82		324	35827.2	2	4	0.08	Uncharacterized protein (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		

	K.AISIDGTNPVFCNR.A								
	R.NHIDLVDLYR.S								
E3X3C9		463	50376.5	11	189	0.34	Elongation factor 1-alpha OS=Anopheles darlingi GN=AND_12661 PE=3 SV=1		
	K.THINIVVIGHVDSGK.S								
	K.SGDAAIVILVPSKPLCVESFQEFPLGR.F								
	K.IGGIGTVPVGR.V								
	K.NNPPKGASDFTAQVIVLNHPGQIANGYTPVLDCHTAHIACK.F								
	K.STTTGHLYK.C								
	K.YYVTIIDAPGHR.D								
	R.EHALLAFTLGVK.Q								
	R.LPLQDVYK.I								
	K.M(15.9949)PWFKGWAIER.K								
	R.QTVAVGVK.S								
	R.GYVAGDTKNNPPKGASDFTAQVIVLNHPGQIANGYTPVLDCHTAHIACK.F								
T1DN37		456	49590.1	12	188	0.4	Elongation factor 1-alpha (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		
	K.SGDAAIVILVPSKPLCVESFQEFPLGR.F								
	K.IGGIGTVPVGR.V								
	K.NNPPKGASDFTAQVIVLNHPGQIANGYTPVLDCHTAHIACK.F								
	K.STTTGHLYK.C								
	K.YYVTIIDAPGHR.D								
	K.IGYNPAAVAFVPISGWHGDNM(15.9949)LEPSTK.M								
	R.EHALLAFTLGVK.Q								
	K.SVNFKDAAGGKGTK.A								
	R.LPLQDVYK.I								
	K.M(15.9949)PWFKGWAIER.K								
	R.QTVAVGVK.S								
	R.GYVAGDTKNNPPKGASDFTAQVIVLNHPGQIANGYTPVLDCHTAHIACK.F								
T1E9K5		925	103833.5	5	25	0.07	Putative 2-oxoglutarate dehydrogenase e1 subunit (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		
	R.ATGFEAFLAK.K								
	R.LAVVANPSHLEAVDPVVQGK.T								

	R.IEQISPPYDLVK.A R.LNVLANVCR.K R.VFKLPSTTFIGGK.E							
E3WKQ7		656	71752.6	2	7	0.04	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_01080 PE=4 SV=1	
	R.AAFGLVAEGFK.T K.AVIELENYGM(15.9949)PFSR.T							
T1E7C3		231	26553.1	5	30	0.19	Putative arginine/serine-rich splicing factor arginine/serine-rich splicing factor OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	R.GPPFAFVEFEDAR.D R.IYVGNLPPDIR.T K.DGTGVVEFLR.H R.RGPPFAFVEFEDAR.D K.DIQDLFHK.F							
T1E7U2		303	32901.5	5	26	0.15	Putative 40s ribosomal protein s2 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	K.TYAFLTPDLWK.D K.TPYQQYADFLEK.T K.DLPLNKTPYQQYADFLEK.T K.KLLQM(15.9949)AGIDDCYTTR.G R.GTGIVSAPVPK.K							
E3XBL2		220	23798	3	27	0.17	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_19681 PE=3 SV=1	
	K.ADSLVEALGK.A K.FLADNSYISGYVPSK.A K.ADSLVEALGKAPAAANVNALR.W							
T1DG21		195	21967.5	3	7	0.15	Uncharacterized protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	R.AALNLYTNSLK.F K.GNIVGYVLAK.M K.FKILEIEPK.Y							
T1E7X0		546	136	16066.8	3	43	0.23	60S ribosomal protein L27 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.YAAADLKDPVKR.K R.YSVPDVSIDSK.Y K.VVLVLGGR.Y							

T1DQ51	546	149	17668.7	3	28	0.21	Putative 60s ribosomal protein l27e OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.YAAADLKDPVKR.K R.YSVPDVSIDSK.Y K.TFDDGTS DK.Q							
F5HLD5	3166	351773.8		1	4	0	AGAP003656-PC OS=Anopheles gambiae GN=AgaP_AGAP003656 PE=4 SV=1
R.FTND AEGVITLR.D							
E3XAC3	417	46831.3		3	13	0.06	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_17530 PE=4 SV=1
K.VLITTNVLSR.G K.IHLLDAENSDEIEK.I K.TAGWLAER.M							
T1DP10	256	29154.4		10	142	0.35	Putative multifunctional chaperone 14-3-3 family OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.NLLSVAYKNVIGAR.R K.DAAENSLVAYK.A R.DICSDILDVLDK.H R.YLAEFATGGDR.K K.VASM(15.9949)DVELTVEER.N R.YLAEFATGGDRK.D K.AASDIAM(15.9949)TDLPPHPIR.L R.YLAEFATGGDRKDAAENSLVAYK.A K.DSTLIM(15.9949)QLLR.D K.DSTLIMQLLR.D							
T1DP61	263	29741.8		6	95	0.25	Putative 14-3-3 protein zeta multifunctional 14-3-3 family chaperone OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.SVTETGVELSNEER.N R.EICYEVLGLLDK.F R.HTVVDDSQAAYQDAFEISK.G R.YLAEVATGETR.H K.DSTLIM(15.9949)QLLR.D K.DSTLIMQLLR.D							
A7UR78	248	28309.2		6	94	0.23	AGAP007643-PC OS=Anopheles gambiae GN=AGAP007643 PE=3 SV=1

	K.SYQEAFDIK.S						
	K.SVTETGVELSNEER.N						
	R.EICYEVLGLLDK.F						
	R.YLAEVATGETR.H						
	K.DSTLIM(15.9949)QLLR.D						
	K.DSTLIMQLLR.D						
T1E8Q6		215	24314.4	5	15	0.24	Putative rab11a member ras oncoprotein family OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.AQIWDTAGQER.Y						
	K.VVLIGDSGVGK.S						
	R.DDEYDYLFK.V						
	R.GAVGALLVYDIK.H						
	R.NEFNLESK.S						
T1DGK6		284	32491.3	5	18	0.13	Putative tropomyosin-2 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.LLTSTEANVAALTR.K						
	R.ADKIM(15.9949)EEVADLTK.R						
	R.ADKIM(15.9949)EEVADLTKR.L						
	K.IM(15.9949)ELEEELK.V						
	K.DKLLTSTEANVAALTR.K						
T1EA04		539	59152.1	1	1	0.02	Protein kinase shaggy (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.TPPDAIALVSR.L						
T1DJ70		233	25608.6	12	180	0.49	Putative 40s ribosomal protein s3 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.VTPTRTEIIM(15.9949)ATR.T						
	R.ELAEDGYSGVEVR.V						
	R.GLCAIAQAESLR.C						
	K.DEIM(15.9949)YSTPR.S						
	R.AELNEFLTR.E						
	R.YKLIGGLAVR.R						
	K.IM(15.9949)LPWDPNGK.I						
	R.TEIIM(15.9949)ATR.T						

	K.IGPKKPLPDNVSVEPK.D K.VKIM(15.9949)LPWDPNGK.I K.GCEVVVSGK.L R.FGFAPGSVELYAEK.V						
T1DI19		412	44234.4	2	14	0.05	Putative psi (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.LEYTFTVPVSK.C K.QLVYELIQEK.D						
Q7PSH4		2301	266379	21	57	0.1	AGAP010895-PA OS=Anopheles gambiae GN=AGAP010895 PE=4 SV=2
	K.LISESDGVEQWIGEK.E K.KHESLEQSVEDYADTIR.Q K.LTALENEADAIEGDHPPEEAALIR.E R.GKLADTGDLFK.F K.LTDLSKNFDELETSTK.E R.DAGVVSALQR.K R.LDEALQLFM(15.9949)LSR.E R.LEDAYAELCK.L R.LVSTDNFGFDLAAVEAAAK.K R.DVSGVELLM(15.9949)NNHQSLK.A K.ANGIADDLIHAGHSDSATIAEWK.D K.NFDELETSTK.E R.LLDALSLYK.L K.LLEVLSGER.L K.LADTGDLFK.F R.DLDHFQAWLTK.T K.DALLWCQM(15.9949)K.T K.DIEDVEIM(15.9949)K.H K.GALLFDAK.R R.LTTFELK.E R.DEANVQSLLKK.H						
E3X219		1933	222962.5	23	72	0.14	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_11693 PE=4 SV=1
	K.LIDEGHEDAGPYAALISELTQK.W						

K.M(15.9949)PLAASTEYGNLSLFNVHVLK.K
 K.TAPQDVVEPIVEK.K
 R.DEANVQSLLKK.H
 R.LEDAYAELCK.L
 R.LVSTDNFGFDLAAVEAAAK.K
 K.AAAEAEAEAAAR.Q
 R.DVSGVELLM(15.9949)NNHQSLK.A
 K.ANGIADDLIHAGHSDSATIAEWK.D
 K.NFDELETSTK.E
 R.LLDALSLYK.L
 R.ETISWIEDK.K
 K.LADTGDLFK.F
 R.DLDHFQAWLTK.T
 K.DIEDVEIM(15.9949)K.H
 K.GALLFDAK.R
 R.LTTFELK.E
 K.LISESDGVEQWIGEK.E
 K.KHESLEQSVEDYADTIR.Q
 R.GKLADTGDLFK.F
 K.LTDLSKNFDELETSTK.E
 R.DAGVVSALQR.K
 R.LDEALQLFM(15.9949)LSR.E

E3XEM4	1353	148513.7	5	17	0.03	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_22113 PE=3 SV=1
K.DIKSPEGVAVDWISR.R						
K.LFWSWNR.E						
K.DIKSPEGVAVDWISRR.L						
K.IEWSNLDGTER.E						
K.ICLINPR.T						
Q7Q440	1342	147966.1	3	13	0.02	AGAP008193-PA OS=Anopheles gambiae GN=AGAP008193 PE=4 SV=4
K.IEWSNLDGTER.E						
K.IESINLYGVR.Q						

K.ICLINPR.T						
T1EB47	329	35803.2	2	2	0.1	Putative translation initiation factor 6 eif-6 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.AQFENDDIGVFSK.L						
K.NGLVVPNSTTDVELQHLR.N						
T1E9P1	233	25668.9	2	10	0.1	Proteasome subunit alpha type (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.YSFSLTTFSPSGK.L						
R.EPIPTSQLVQK.V						
R.EPIPTSQLVQK.I						
T1DFG1	287	31614	3	15	0.14	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit F OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.VIGTLLGSVDK.G						
R.VHPVVLQIVDAYER.R						
K.DLLM(15.9949)VVTLSQLIK.T						
T1EBA5	188	21614.5	2	5	0.14	Uncharacterized protein (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.SSVEEYEFHLEPR.T						
K.SFEVHLPDKNLER.R						
T1E800	405	45522.4	2	10	0.08	Putative 60s ribosomal protein l3 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.DDPTKPVHLTAFLAYK.A						
R.ALCNVWAQHLSEECR.R						
BOWIX4	452	50933.2	2	5	0.05	60S ribosomal protein L3 OS=Culex quinquefasciatus GN=CpipJ_CPIJ007488 PE=3 SV=1
R.ALCNVWAQHLSEECR.R						
R.HGSM(15.9949)AFYPK.K						
T1DFF4	262	29633	8	155	0.27	Putative 40s ribosomal protein s4 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.VRTDPNYPAGFM(15.9949)DVINIEK.T						
K.FEPGNLCM(15.9949)ITGGR.N						
R.LSNVFIIGKGTK.A						
R.ESLPLVIFLR.N						
R.LSNVFIIGK.G						
R.LSNVFIIGK.S						

	K.LRESLPLVIFLR.N K.AFISLPK.G K.LSISEER.D						
Q16SC5		1028	114090.1	1	2	0.01	AAEL010630-PA OS=Aedes aegypti GN=AAEL010630 PE=4 SV=1
	R.AALVAIPVALAAYR.L						
E3WN16		342	40408.5	1	3	0.03	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_02533 PE=4 SV=1
	R.GKYSEVF EAIK.I						
T1DPX5		285	32254	7	82	0.24	Putative 60s ribosomal protein l7a (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.LKVPPPINQFSQALDKPTAQQLL.L K.VINPLFER.R K.KVINPLFER.R K.VPPPINQFSQALDKPTAQQLL.L K.HWGGGLLGPK.S R.HWGGGLLGPK.S K.YRPENPIVK.A K.AAGKEEPPAKKPNTVR.Q						
T1EA17		269	28989.2	1	2	0.06	Uncharacterized protein (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.SLVFDPDAAAADSDER.W						
E3WYV0		934	101491.8	3	8	0.04	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_09789 PE=4 SV=1
	R.M(15.9949)PTGNIGISFTPR.E R.NQYTVNYLVR.E R.ERGDYILLVK.W						
BOW3D7		915	99402.9	2	6	0.02	Filamin OS=Culex quinquefasciatus GN=CpipJ_CPIJ001681 PE=4 SV=1
	R.ERGDYILLVK.W R.AGVILPIFK.S						
E3WMD8		192	21666.9	2	5	0.11	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_02127 PE=4 SV=1
	R.LFFLQCESCGRS.C R.DYTYDELLNR.V						
T1E9X0		111	12272.9	8	81	0.5	Histone H4 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.ISGLIYEETR.G						

	R.DNIQGITKPAIR.R							
	K.TVTAM(15.9949)DVVYALKR.Q							
	K.TVTAM(15.9949)DVVYALKR							
	R.DAVTYTEHAK.R							
	R.KTVTAM(15.9949)DVVYALKR.Q							
	R.DNIQGITKPAIRR.L							
	K.VFLENVIR.D							
T1DPQ5		171	18461.6	1	12	0.06	Putative translocon-associated complex trap delta subunit OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	R.LFDEESFAAVR.K							
E3WL07		235	24890.3	4	14	0.28	T-complex protein 1 subunit delta OS=Anopheles darlingi GN=AND_01235 PE=3 SV=1	
	K.LLQM(15.9949)GIHPTAISEAFQR.C							
	K.AVEILTEM(15.9949)SRPVELNDR.E							
	K.IGLIQFCISAPK.T							
	K.VVSQHSSLLAPLAVDAVLK.V							
Q7QG50		533	57496.5	4	12	0.11	T-complex protein 1 subunit delta OS=Anopheles gambiae GN=AGAP009505 PE=3 SV=2	
	K.LLQM(15.9949)GIHPTAISEAFQR.C							
	K.AVEILTEM(15.9949)SRPVELNDR.E							
	K.IGLIQFCISAPK.T							
	R.DAVSDLAQHFLDK.I							
E3XBM3		1225	136744.1	5	12	0.04	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_19697 PE=4 SV=1	
	R.HELLEEFYK.T							
	R.TYIQCLAAICR.Q							
	R.SSSELQPLLESVQK.D							
	R.AVAALLQIPK.A							
	K.TLSPALIAR.F							
T1E8H5		246	27661.2	2	6	0.09	Proteasome subunit alpha type OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	K.YGYEIPVDVLCR.R							
	R.HITIFSPTEGR.L							

T1E8F3	131	15306.2	3	27	0.26	Putative 40s ribosomal protein s17 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.IVEEVAIPTKPLR.N K.IAGFVTHLM(15.9949)K.R R.LTM(15.9949)DFDTNKR.I						
T1DQ50	345	37794.3	4	14	0.1	Putative isocitrate dehydrogenase gamma subunit (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.FGIPQGAIDSVNR.N K.TLYDNVDVVTIR.E R.M(15.9949)SDGLFLR.C K.IQSACFETIK.E						
T1E7J6	193	21918.3	2	7	0.12	Putative gtp-binding protein sar1 aedes aegypti vesicle coat complex copii gtp OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.FTTFDLGGHTQAR.R K.LLFLGLDNAGK.T						
E3X850	495	56349.8	2	6	0.05	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_16075 PE=4 SV=1
R.SLAVQLYPAGPER.D R.DGVIEATLDPEK.G						
T1DLT8	88	10013.9	2	4	0.23	Putative inner mitochondrial membrane translocase (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.IAIANAQELVTK.M K.DELM(15.9949)TTIK.Q						
T1E7W8	242	27057	3	8	0.13	Putative translin OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.GIFDNFNEYLSK.E K.FVADLNSGFR.L R.LLNLKNDSLR.K						
E3XEP5	247	26872.9	3	11	0.17	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_22168 PE=4 SV=1
K.TITGFQTHHTPVLLAM(15.9949)GER.A R.AVPLALGLISVSNPK.L K.LNILDTLK.F						
B6DDV4	154	17853.3	2	36	0.16	Ribosomal protein L22 OS=Anopheles darlingi PE=2 SV=1
K.TGNLGNVTFER.Q						

	R.VVSNKDLYELR.Y								
Q7Q161		566	61486.2	2	8	0.04	Putative oxidoreductase GLYR1 homolog OS=Anopheles gambiae GN=AGAP009949 PE=3 SV=5		
	K.GYAVNDLVWAK.M -.M(15.9949)KGFSPWPGR.I								
T1DPP3		145	15039.3	1	2	0.1	Putative vitellogenin-2 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		
	K.TEM(15.9949)TLTETSTPVISK.E								
E3X5N0		519	56857.9	5	11	0.06	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_14241 PE=3 SV=1		
	K.VIPM(15.9949)DGEFFVYTR.H R.EEIFGPVQQLIR.F K.EEIFGPVQQLIR.F K.IYDEFVER.S R.FKSLDEVIER.A K.VAFTGSTEVGK.L								
E3XAD1		614	68114.3	3	18	0.05	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_17546 PE=3 SV=1		
	R.TQSWSFNPLNVK.V K.FTM(15.9949)LQVWPVR.Q R.LASFYER.A								
T1DK58		294	32881	5	15	0.15	Putative 26s protease regulatory subunit 7 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		
	R.KVEFGLPDLEGR.T K.VEFGLPDLEGR.T K.DFLEAVNKVIK.S K.GVLLFGPPGTGK.T K.FVNLGIEPPK.G								
T1EA44		327	37479.6	1	14	0.03	Putative translation initiation factor 3 subunit h eif-3h (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		
	R.LEITNCFPPFK.S								
T1DPV1		190	21633.1	1	1	0.07	Putative mitochondrial ribosomal protein l43 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		
	R.TAVM(15.9949)SAEFLNGER.K								
T1E765		162	18454.6	7	40	0.35	Putative 40s ribosomal protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		

	K.HPELDTIPNLHVIK.T						
	R.VAIYEHLFK.E						
	R.TQQANPGDK.K						
	K.AHRVAIYEHLFK.E						
	R.RTQQANPGDK.K						
	K.EGVLVAEK.N						
	R.ARPQAGPRPDGPK.G						
T1E9S2		203	23341.9	10	85	0.37	60S ribosomal protein L13 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.FAQTIGIAVDPR.R						
	K.FAQTIGIAVDPR.R						
	K.FGAFQAIR.Q						
	R.SKILFPIHKR.E						
	R.GFTLAEK.G						
	K.KFGAFQAIR.Q						
	R.GFTLAEKKGAGLTKR.F						
	R.SKILFPIHK.R						
	R.TWFNQPAR.K						
	K.QLSGPVM(15.9949)PIKNAKPVVTLGK.I						
	K.LILFPIHKR.E						
T1E805		168	18646.5	4	15	0.27	Glutathione peroxidase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.GNYAELELAEK.Y						
	K.IKVNGDEADPLYK.Y						
	K.ANVGDVFAK.I						
	R.YAPTTSPSSIVK.D						
E3XE13		224	24771	3	5	0.19	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_21737 PE=4 SV=1
	R.LVGQLPPAINALTGVDLSK.V						
	K.IAAEVAAPLAK.T						
	K.AESQLAYELQAAK.I						
T1DKC5		448	49498.1	4	5	0.11	6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.DYFGAHTYELLGK.E						

K.IVSYAQGFM(15.9949)LLR.E						
K.DIFQAICAK.S						
K.GILYVGVSGVSGGEEGAR.Y						
E3XEX3	832	91829.7	6	14	0.08	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_22292 PE=3 SV=1
R.AGATCIGVIEHDGSIFNPQGIDPK.A						
R.FFDM(15.9949)VEYFFHR.A						
K.ALSALM(15.9949)TFK.C						
R.GVFHGLDNFIK.E						
K.YNLGLDLR.S						
R.FFDMVEYFFHR.A						
T1E7J0	328	34563.1	1	2	0.05	Putative succinyl-coa synthetase alpha subunit OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.THLDRPVFNTVAEAK.K						
E3XFP2	482	53818.8	1	8	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_22811 PE=4 SV=1
R.GLGLDDVLEAR.T						
T1E708	84	9395.8	3	43	0.24	40S ribosomal protein S27 OS=Anopheles aquasalis PE=3 SV=1
K.DFLHPLPAEEKR.K						
K.DFLHPLPAEEK.R						
R.LTEGCSFR.K						
T1DEU4	334	35843.6	4	40	0.11	Malate dehydrogenase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.SVPEAVANDEFK.Q						
R.NASVEVNGVTK.S						
K.DVDA AFLVGAM(15.9949)PR.K						
K.DLLSANVK.I						
E3WRR3	604	67505.9	1	1	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_05547 PE=4 SV=1
R.NTLNPADITVLYR.N						
E3WRC8	306	34024.5	2	9	0.08	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_05149 PE=4 SV=1
R.LNALLETSQFAHR.N						
R.ALVEDSNLLK.M						
E3WXF7	357	38427.1	7	33	0.14	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_08860 PE=4 SV=1
R.KLFIGGLDYR.T						

	K.YGNVISACIVTDK.D										
	K.YGNVISACIVTDKDNKG.K										
	K.LFIGGLDYR.T										
	R.TTDDTLKAYFEK.W										
	R.SRGFGFITYSK.S										
	R.GFGFITYSK.S										
B0WC63		291	32771.2	4	11	0.12	Microtubule binding protein OS=Culex quinquefasciatus GN=CpipJ_CPIJ004533 PE=4 SV=1				
	K.FFDANYDGR.E										
	K.FRTNLEHEYIQNFK.I										
	R.TNLEHEYIQNFK.I										
	K.GNGVPMVAVPRK.A										
E3WTH1		450	49778.1	5	34	0.09	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_06509 PE=4 SV=1				
	R.IGGGVNVNTSK.S										
	K.FFDANYDGR.E										
	K.FRTNLEHEYIQNFK.I										
	R.TNLEHEYIQNFK.I										
	R.LNFEGLEK.E										
E3WZ23		312	34585.6	1	6	0.04	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_09909 PE=4 SV=1				
	R.VGFGVGFPSVGK.S										
T1DQ58		412	46770.1	1	5	0.03	Putative 26s protease regulatory subunit 6b OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1				
	R.EAVELPLTHFELYK.Q										
Q7PZB4		221	24974.6	5	20	0.23	AGAP011824-PA OS=Anopheles gambiae GN=TPX4 PE=4 SV=3				
	K.DKDNVELAQTVR.A										
	R.VIDSLQLTDR.L										
	K.VIATPANWTPGTK.V										
	R.ALFIISPK.R										
	R.NVDEILR.V										
E3WS68		219	24744.7	6	33	0.25	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_05797 PE=4 SV=1				
	R.VIDSLQLTDR.L										
	K.VIATPANWTPGTK.V										

	K.VM(15.9949)ILPSVTEEEADK.L R.ALFIISPDK.R R.ALFIISPDKK.V R.NVDEILR.V							
T1E9E0		473	52023.3	2	8	0.05	Putative calcium-binding protein 1 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	R.GSFSEEGINEFLR.D R.TSSDIVNWALEK.Y							
T1E8Z4		163	18664.9	4	9	0.24	Uncharacterized protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	R.GVEPVVEFSR.S K.TIVAFDCR.G K.TNHPNYAFFLK.I K.ATLENIEELK.T							
T1E885		222	24388.7	3	13	0.16	Putative plasma membrane protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	K.ASISVDSLEEDLR.A K.ERPELDVYYNK.G K.EGISAVTFSR.I							
E3WYM4		408	46881.4	2	3	0.06	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_09642 PE=4 SV=1	
	K.ALICTVLASAGQQR.S R.VISFEEQVASIR.Q							
T1DQV3		423	47541.6	2	10	0.02	Putative aaa+-type atpase (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	R.FSLLEALK.H R.SALNAFLYR.T							
T1E8B8		298	34473.1	1	4	0.04	Putative adenylate cyclase terminal-differentiation specific OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	K.SAVLAALLEEEER.Q							
T1DQ59		294	33043.3	2	5	0.07	Putative transcriptional regulator of the pur family single-stranded-dna-binding protein (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	R.FRDIPTYCDK.M K.NFYFDIGQNSR.G							
E3X717		506	55839.1	1	2	0.03	tRNA-splicing ligase RtcB homolog OS=Anopheles darlingi GN=AND_15504 PE=3 SV=1	

	K.QIANVAALPGIVGR.S								
T1DT66		284	32617.8	1	4	0.04	Putative failed axon connections fax protein/glutathione s-transferase-like protein (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		
	K.DLDAALTQEQR.N								
T1E839		742	82402.8	13	42	0.23	Putative mitochondrial inner membrane protein mitofilin OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		
	K.TLITNVPALPEVLK.T								
	K.TLLQETNPLDEVSK.K								
	K.VITPKPVPLASAGGEEVVK.S								
	R.AAEGDELVGVLK.G								
	K.ASIEKLHALLNSR.E								
	K.EAPTAAPSKVVSAPAAAATAAAPAAK.V								
	K.EYGSAVQVLK.S								
	K.LELAAM(15.9949)LGK.L								
	R.VVDASIDKLDSSSWTTLR.N								
	R.QNIAAYLEHLKK.A								
	R.RLALIPAEGAR.L								
	R.DLAALGEK.Y								
	R.LALIPAEGAR.L								
T1E7Z7		216	24357.9	1	2	0.05	Putative nadh:ubiquinone reductase 23kd subunit OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		
	R.GAAVTLAHIFK.E								
E3WLR6		232	26218.2	1	2	0.06	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_01730 PE=3 SV=1		
	R.VVPGETALAFYSK.N								
E3X8A3		1024	118311.5	1	2	0.01	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_16272 PE=4 SV=1		
	R.SFTLDTDNLNLR.S								
Q16MG5		443	47938.6	3	13	0.06	AAEL012312-PA OS=Aedes aegypti GN=AAEL012312 PE=4 SV=1		
	K.YGPM(15.9949)PFNLR.N								
	K.LVEPFQVLYEK.H								
	K.TEENYLLK.L								
E3X5B4		372	40612.6	2	11	0.05	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_14061 PE=4 SV=1		

	K.TEENYLLK.L K.LLAQDLVLANK.H							
E3WN52		388	42690.4	1	1	0.03	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_02608 PE=4 SV=1	
	K.VAQSILLFCK.G							
T1DU25		238	26804.3	2	7	0.11	Putative ras suppressor protein (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	R.LAVLPPEVANLDM(15.9949)PGPK.S R.DNDLLELPR.E							
E3X238		970	109633	2	2	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_11723 PE=4 SV=1	
	K.FFDDPM(15.9949)LLELAR.Q K.TTFVDCLVR.Q							
T1DQA0		859	96179.1	2	8	0.03	Putative karyopherin importin beta 3 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	R.TAAAESLPYLLDCAK.I K.EGFANYAEVVR.L							
E3WTS8		79	8954.6	2	4	0.23	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_25803 PE=4 SV=1	
	R.GNNVLYISTQK.R K.YGDAFIR.G							
T1DNB4		124	13732.5	8	51	0.46	Histone H2B OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	K.ESYAIYIK.V R.KESYAIYIK.V K.VLKQVHPDTGISSK.A K.HAVSEGTK.A K.AVTKYTSSK.- R.EIQTAVR.L R.LLLPGELAK.H K.QVHPDTGISSK.A							
T1E833		433	50770.3	1	5	0.02	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit E OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	R.SEALTLIVER.K							
E3X1A8		947	104951.1	4	8	0.03	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_11229 PE=4 SV=1	
	K.HSFLCDDAIR.T							

	R.TNLLQVCER.I R.IPTIGTQLK.I K.QQYADTILR.M						
Q7PY52		222	24400	1	2	0.05	AGAP001749-PA OS=Anopheles gambiae GN=AGAP001749 PE=4 SV=3
	K.DTDM(15.9949)YLGVSGR.T						
T1DQN5		212	23649.5	2	5	0.1	Putative ca ²⁺ -binding protein (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.SGTVDIYDFER.L R.ELQQALINGR.G						
T1E847		190	20373.1	2	6	0.12	Putative mitochondrial 60s ribosomal protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.NLLEGM(15.9949)NLVQAK.K K.LVSIVDSIAK.L						
T1DSB6		918	107261	5	38	0.04	Putative translation initiation factor 3 subunit c eif-3c (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.ELLAQGLVPQR.Q R.YEDLTNIIK.N R.YEDLTNIIK.S R.LQALSM(15.9949)QLADK.V K.M(15.9949)QIEFLR.E K.RYEDLTNIIK.N						
E3XBK6		199	22467.2	1	2	0.06	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_19675 PE=3 SV=1
	R.FVDTSLLITQR.F						
T1DPZ3		129	14225.5	2	5	0.19	Putative ribosomal protein (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.AYPLADQALTSK.I K.IM(15.9949)TLIQQAVNYK.Q						
T1DS84		178	19738.6	1	1	0.07	Putative molecular chaperone (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.ASEGGAALYYGGR.K						
Q7PXI8		590	64079.2	4	15	0.05	AGAP001423-PA OS=Anopheles gambiae GN=AgaP_AGAP001423 PE=4 SV=4
	K.TLFGQLQEQR.R R.KTLFGQLQEQR.R K.ALGLPAATSFK.H						

	K.IALVSVSDK.S						
E3XF55		796	89045.1	5	26	0.05	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_22424 PE=4 SV=1
	K.TLFGQLQEQR.R						
	R.KTLFGQLQEQR.R						
	K.ALGLPAATSFK.H						
	R.LAGDKVDNWWLR.Q						
	K.ALFTNIVSK.N						
T1DG35		332	35784.6	1	3	0.04	Putative glyoxylate/hydroxypyruvate reduct OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.GGIVDQPALVEALR.N						
T1DGR1		342	38608.5	4	9	0.12	Putative translation initiation factor 2 alpha subunit eif-2alpha OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.SGLDLSTEELPIK.I						
	K.ETIEGLGGVFK.V						
	K.ELLSNIQR.K						
	K.VSAYDVFK.Q						
T1DJZ1		861	100443.2	6	20	0.07	Putative vitellogenin-a1 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.DITDSVAQLYK.Q						
	R.KGVNPDLSK.S						
	R.HGFSGYYNEYNYAQPFVYYAGSQR.R						
	R.LFGVAFR.F						
	K.TIKFYLPK.K						
	K.VVDKVPK.Y						
T1E7K3		2034	237654.3	12	46	0.06	Putative vitellogenin-a1 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.LFGVAFR.F						
	R.CAAVYLLVR.T						
	R.LAM(15.9949)IVAFDR.L						
	K.KLRGDEAATVIATLPK.T						
	K.LRGDEAATVIATLPK.T						
	K.SNTLNKFTILAR.V						
	K.VVVSPSLVNAQK.A						
	R.TKLAEFDLK.W						

	R.DALAQAGTPPAFK.V R.DITDSVAQLFK.Q R.DALAQAGTPPAFKVIK.E K.VGFTTTPFDHQR.Y							
T1DTF3	K.TLEPTLGAEYFR.N	188	20825.6	1	2	0.06	Putative lethal 2 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
T1DRG8	K.GFAYVHFR.S	348	39014.7	1	2	0.02	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit G (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
E3WTZ3	R.ATAAELLAHPFLR.Q	931	100626.3	1	2	0.01	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_06788 PE=4 SV=1	
T1DNI1	K.FLDGLYVSEK.T R.KFLDGLYVSEK.T	190	21477.6	2	40	0.06	Putative 60s ribosomal protein I9 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
T1DQL1	R.NDYFDM(15.9949)FAPK.C	306	34051.5	1	2	0.03	Putative paxillin (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
E3XEY3	R.DFSLGHFLDR.F	722	81348.5	1	4	0.01	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_22311 PE=4 SV=1	
T1E715	K.DVKKPAATTAATAGKKPAAAKPADK. K R.RPRTLRLPR.N R.DYDALDVANK.I	341	35547.7	3	20	0.03	Putative ribosomal protein I23a OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
T1E7U1	R.ARATELWETIVK.L K.ATELWETIVK.L R.ATELWETIVK.L K.LFEGGFDTLNK.E R.IKPLEVDGLSADSLR.A	360	43258.6	4	99	0.11	Putative troponin t skeletal muscle OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
T1E781	R.EVVGHAPYEK.R	113	13251.5	5	10	0.27	60S ribosomal protein L36 OS=Anopheles aquasalis PE=3 SV=1	

	R.YELCVGLNR.G R.EELSNILAHM(15.9949)R.K R.EELSNILAHM(15.9949)RK.A K.REELSNILAHM(15.9949)RK.A						
T1E770	K.VFYDSANIR.Q	159	16857.7	1	8	0.06	Putative lethal 1 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
T1EAT6	K.EADFAAPLYELTDR.V K.YLTLLESGAAR.I K.LIVSIPTFGR.G	347	38301.9	3	11	0.1	Putative imaginal disc growth factor 4 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
T1DHC3	K.DSIVGGTTIAELPGIK.I R.AKDSIVGGTTIAELPGIK.I	197	22469.9	2	5	0.09	Uncharacterized protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
T1DLL9	K.TPETACLLGLVR.R	562	62311.5	1	2	0.02	Putative pyrophosphate-dependent phosphofructo-1-kinase (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
T1E7X6	K.VADAPELVEVER.A	115	12517.3	1	3	0.1	Putative nadh dehydrogenase ubiquinone OS=Anopheles aquasalis PE=4 SV=1
Q7QAI3	K.YAADLLGPGLVTK.E	900	101038.8	1	2	0.01	AGAP003687-PA OS=Anopheles gambiae GN=AGAP003687 PE=4 SV=4
T1E828	R.NGFLLDGFPR.T	240	26315.6	1	9	0.04	Uncharacterized protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
E3X9G6	R.YATGIFYLDK.N R.GIELPEFGR.Y	2129	233536.9	2	3	0.01	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_17060 PE=4 SV=1
Q2KQ96	R.YATGIFYLDK.N K.ALIQDVELK.S	2084	229566	2	4	0.01	Glutamate synthase OS=Aedes aegypti GN=GltS PE=2 SV=2
T1DTX9	R.VFQIEYAAK.S	246	26794.5	2	6	0.09	Proteasome subunit alpha type (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1

	K.AVENSGTVIGLR.G										
E3WQ47		441	48587.4	2	5	0.05	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_04167 PE=4 SV=1				
	K.ELLGTFSEVR.L K.IM(15.9949)ISDFGLSK.M										
T1DNU7		227	25092.7	1	1	0.04	Putative uracil phosphoribosyltransferase uracil phosphoribosyltransferase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1				
	R.M(15.9949)VVTAFDPLK.I										
T1DT50		382	41887	2	10	0.06	Putative selenophosphate synthetase (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1				
	R.IGIGLDCSVIPLR.H R.DVVIPLIM(15.9949)R.G										
E3XE51		196	21681.5	1	2	0.05	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_21804 PE=3 SV=1				
	R.GINIAAFCK.D										
T1DPM6		310	34694.7	2	6	0.1	Putative trna1-methyladenosine methyltransferase subunit gcd14 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1				
	R.NVPVM(15.9949)ELEFLK.T K.ADAVFLDLPAPQLAIPHAAK.A										
T1DQF6		311	34593.6	2	5	0.07	Putative 26s proteasome regulatory complex subunit rpn11 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1				
	R.AVAVVVDPIQSVK.G K.GKVVIDAFR.L										
E3WN61		438	49067.7	3	16	0.05	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_02632 PE=4 SV=1				
	R.IKDYLIM(15.9949)EEEFIR.N K.IEFPLPDEK.T R.KIEFPLPDEK.T										
Q17FC3		154	17380.2	1	5	0.07	AAEL003469-PA OS=Aedes aegypti GN=AAEL003469 PE=4 SV=1				
	R.EHPEYQDLYDK.L										
T1DIR8		753	84146.4	2	7	0.03	Putative p-loop atpase fused to an acetyltransferase (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1				
	K.AVAQFIDALAEK.Q R.LILSLADCSR.C										
E3X2D2		476	53344.4	1	2	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_11869 PE=4 SV=1				

K.M(15.9949)AEALYADR.K						
T1E8J2	354	38643.9	8	30	0.25	Putative glycerol-3-phosphate dehydrogenase/dihydroxyacetone 3-phosphate reductase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.VCIVGSGNWGSAIAK.I						
R.VCIVGSGNWGSAIAK.I						
K.FVDVFYPGSK.L						
R.GLGTQLLGK.I						
R.DLFQTPNFR.V						
R.ICTGQVKPQGFLDCLR.S						
K.GM(15.9949)EDKFPLFTAIHR.I						
K.IKPTAVGLSLIK.G						
K.NKGM(15.9949)EDKFPLFTAIHR.I						
E3XAZ3	2512	278446.5	6	20	0.03	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_18326 PE=3 SV=1
K.VCIVGSGNWGSAIAK.I						
R.VCIVGSGNWGSAIAK.I						
K.FVDVFYPGSK.L						
R.GLGTQLLGK.I						
R.DLFQTPNFR.V						
K.IKPTAVGLSLIK.G						
R.VSLVDLAGSER.A						
E3X7R5	1221	134022	1	2	0.01	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_15863 PE=4 SV=1
K.GAENM(15.9949)TGPWLCLR.C						
E3X0W8	728	80614.8	1	3	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_10992 PE=3 SV=1
R.ASIILNGLGFTK.E						
E3WJX0	975	107852.4	3	12	0.04	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_00634 PE=4 SV=1
R.IEGRPGAQLAPLDFDALK.K						
K.NLLLM(15.9949)DTTFR.D						
K.YYTNLADELVK.A						
A7UUW7	1196	132166	4	11	0.04	Pyruvate carboxylase OS=Anopheles gambiae GN=AGAP004742 PE=3 SV=1
R.IEGRPGAQLAPLDFDALK.K						
R.SDFAQAVIDAGLR.F						

	K.YYTNLADELVK.A K.HGLPVIFK.A								
E3WJW9		719	79835.3	1	2	0.01	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_00632 PE=3 SV=1		
	K.GLDYALLQK.V								
T1DJV0		202	23453.3	3	12	0.14	Putative 60s ribosomal protein (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		
	R.LKPDGCGVQFFNDHGTAK.W K.IRIFDLGRK.K R.FKAQVVEALR.R								
E3XOV8		558	63264.3	1	3	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_10974 PE=4 SV=1		
	K.GIFGFGSDVIGK.I								
T1E9Y9		313	34126.6	1	3	0.03	Delta-aminolevulinic acid dehydratase (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		
	K.FASGFYGPFR.D								
T1DN06		158	17438.7	4	14	0.25	Putative ribosomal protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		
	K.APVKVTLK.D R.KPFSTEPNNLTNLSSYR.Y K.GIVFTYKR.K R.RACAILR.S								
T1E9J3		401	43969.1	2	7	0.05	Putative short chain acyl-coa dehydrogen (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		
	R.IGEFQLLQGK.M K.ELAPFAQEIDK.Q								
T1DTL7		419	47319.7	4	18	0.09	Putative 26s proteasome regulatory complex subunit (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		
	R.SLADFQDALK.Q K.VTRPFLSFLSK.A K.ILELGETYK.R K.ELEDDVIVK.A								
T1EB07		238	27590.6	1	8	0.04	Putative b-cell receptor-associated protein 31 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		
	K.IADLEQELTK.E								

T1E8C4	226	25683.5	1	5	0.06	Putative vacuolar h +-atpase 26kd e subunit OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.LELIAQQLVPEIR.N						
T1DSP2	195	22722.6	10	67	0.29	Putative 40s ribosomal protein (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.M(15.9949)KLDYVLGLK.I						
K.LDYVLGLK.I						
R.LFQGNALLR.R						
R.KQVVNIPSFIVR.L						
K.IIGQYGLR.N						
R.IIGQYGLR.N						
K.HIDFSLK.S						
K.RLFQGNALLR.R						
K.QVVNIPSFIVR.L						
R.VRKQVVNIPSFIVR.L						
R.ELLTLEEK.D						
T1DQ07	501	57068.1	1	6	0.02	Putative rna-binding protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.FEDIADFVEK.G						
E3XD06	498	54241.1	1	4	0.03	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_20514 PE=4 SV=1
R.VESPVLPVLPVPR.H						
T1E9M3	290	33998.3	1	2	0.06	Putative surfeit 6 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.FGPNRPADTAELEAR.M						
T1DQJ8	146	16538.1	2	3	0.17	Putative myosin light chain 1 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.DASGFISSAELR.H						
R.TAETADDFIEGLR.H						
T1DQ18	148	17056.5	3	4	0.23	Uncharacterized protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.DYQDSKADVILK.Y						
K.EDEQEYAQVTK.M						
R.LEAM(15.9949)CFDGVKR.L						
E3XB0	575	65938.4	1	3	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_19779 PE=4 SV=1
R.VDLENNIQSLR.E						
T1DPG5	124	13336.5	2	45	0.13	Histone H2A OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1

	R.AGLQFPVGR.I R.AGLQFPVGR.M R.KGNYAER.V							
T1DMW4		126	13217.3	3	47	0.15	Histone H2A OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	R.AGLQFPVGR.I R.AGLQFPVGR.M R.GDEELDGLIK.A K.ATIAGGGVIPHIHK.S							
T1DPD9		196	20561.7	3	16	0.09	Putative small ribonucleoprotein particle protein smb OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	R.VLGFVLLR.G -.M(15.9949)IQLLNYSR.V K.RVLFVLLR.G							
T1DTD7		497	53777	2	15	0.04	Putative 3-ketoacyl-coa thiolase (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	K.GYFTDLVPEK.V R.HSLLSLLR.K							
T1EAW3		489	55764.2	3	8	0.04	Putative cell adhesion complex protein bystin (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	R.FYNLVLLPR.I K.TRTLADLIM(15.9949)DK.I R.TLADLIM(15.9949)DK.I							
T1DNZ8		206	23255.6	4	7	0.21	Uncharacterized protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	R.FQSLGVAFYR.G K.ATIGADFLTK.E K.VIVLGDSSVGK.T R.DPDHFPFVVLGNK.I							
T1E778		614	69463.4	2	14	0.03	Putative atp OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	K.SSLLSVLGNR.E R.YGLLGANGCGK.S							
T1DP25		479	53125.5	1	4	0.02	Putative metalloproteinase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	K.TGIENFTLVPR.T							

T1DER5	R.RLNDYALAIR.F R.LNDYALAIR.F	157	17439.8	2	2	0.06	Putative cytochrome c oxid OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
Q7QE55	R.LGFGSFVDK.V K.LGFGSFVDK.V K.VLM(15.9949)PYVSTVPK.K	837	92760.6	2	5	0.02	Integrin beta OS=Anopheles gambiae GN=INTB PE=3 SV=2
E3X3C7	K.AFLQPLTLPK.Q R.LLGQLAPLR.A	1334	147382.1	2	3	0.01	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_12659 PE=3 SV=1
T1DQ63	R.IALIGFPSVGK.S	363	40714.6	1	6	0.03	Putative gtp-binding protein drg1 odn superfamily OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
E3X847	K.IVENGFWIDK.I K.NIISDVKPVPLADV.K	641	70110.3	2	4	0.04	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_16072 PE=4 SV=1
T1E741	R.LLDYYFPK.C R.LELNAPILK.E	361	39582.1	2	8	0.05	Putative lipid storage droplet-2 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
T1DN47	R.LTQYLNFBVNEK.H R.LLDYYFPK.C	333	36829.1	2	6	0.06	Putative lipid storage droplet-2 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
T1DQD6	R.VAALNM(15.9949)ELLR.T	633	73401	1	3	0.02	Protein required for normal rrna processing (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
T1E8T8	K.EGVEIIPFSK.V	558	62353.2	1	3	0.02	Putative acyl-coa synthetase long-chain (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
E3WNYO	K.GIGIGLGPNGEPLKDVSR.N K.FLEGLGIQGPLHTK.I	533	54256.1	2	5	0.06	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_03262 PE=4 SV=1

Q380H3	602	63415.4	2	4	0.04	AGAP001460-PA OS=Anopheles gambiae GN=AgaP_AGAP001460 PE=4 SV=4
R.IYVSNVPYEYR.W K.FLEGLGIQGPLHTK.I						
E3WUE1	821	90907.6	4	16	0.04	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_07036 PE=4 SV=1
R.VAIADPLLER.R R.TSSIFLR.N K.EVEYFNNYLK.D K.TETIDLK.D						
E3XAB9	219	25219.9	1	2	0.06	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_17525 PE=4 SV=1
K.NAFASLPDLTDADR.M						
T1E7U7	123	14290.4	6	22	0.24	Putative 60s ribosomal protein l35 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.KYVPLDLRPK.K K.YVPLDLRPK.K R.VYIVM(15.9949)NTK.T K.VTGGAPSKLSK.I K.VTGGAPSK.L K.KYVPLDLRPKK.T						
Q7QD49	251	28598.7	2	5	0.1	AGAP002956-PA OS=Anopheles gambiae GN=AGAP002956 PE=4 SV=3
R.SGFCNFM(15.9949)HLKPISR.E K.DKVNCSFYFK.I						
F5HKA6	862	96120.6	1	7	0.01	AGAP003018-PB OS=Anopheles gambiae GN=AgaP_AGAP003018 PE=3 SV=1
K.SSVLENFVGR.D						
T1DL89	198	22076.7	1	2	0.04	Putative signal peptidase i (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.VGEIVVFK.I						
T1DNI9	241	26821	1	9	0.05	Proteasome subunit alpha type OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.EAINLALSTLK.Q						
E3WQY8	958	105266.1	2	4	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_04874 PE=4 SV=1
K.VYAICGEIR.R R.M(15.9949)GESDDCIVR.L						
T1DM54	314	36051.6	3	9	0.09	Putative ubiquitin c-terminal hydrolase (Fragment) OS=Anopheles aquasalis

							PE=2 SV=1
	R.QTLFELDNK.S R.LKLLIEDEAAK.R R.LYELDGLK.X						
T1E893		167	19474	3	10	0.14	Putative sorting nexin OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.YSDFEWLR.N K.IVVPPLPGK.A R.YTDYEV.R.M						
E3X8K5		326	34673.4	1	2	0.03	Cytosolic Fe-S cluster assembly factor NUBP1 homolog OS=Anopheles darlingi GN=AND_16470 PE=3 SV=1
	K.STVTALLSR.A						
T1DUH3		393	45099.5	1	1	0.04	Putative coproporphyrinogen iii oxidase cpo/hem13 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.AGVNISVVHGNLPGK.G						
T1DNM8		189	21993.1	2	2	0.13	Putative calcium-binding protein p22 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.IPELAINPLCER.I R.TIVEADTVGVGK.I						
T1DQ87		346	39789.6	1	2	0.03	Putative replication factor c subunit rfc3 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.TIVLSEVDELTK.D						
T1E9A2		551	59213	1	2	0.02	Putative cell-cycle nuclear protein (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.SASLDVEPLYTFR.S						
E3WY37		269	31376.1	1	2	0.04	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_09272 PE=4 SV=1
	R.AQQAFEIISK.A						
T1DG66		227	25305.7	1	9	0.04	Putative cysteine peptidase c12 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.SLIFLFPCK.D						
E3WJ41		515	56971.6	2	13	0.04	Importin subunit alpha OS=Anopheles darlingi GN=AND_00181 PE=3 SV=1
	K.LIPLLSHVEVK.V R.AGAVPLFLR.L						
E3WUK5		223	25344.9	1	3	0.04	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_07146 PE=4 SV=1
	R.GM(15.9949)LTFDVPFR.E						

T1DEY5	218	21861	2	4	0.06	Putative neuroproteins OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.VDEIFGHLK.D						
K.QIGKVDEIFGHLK.D						
T1DN92	282	30720.4	5	12	0.11	Putative voltage-dependent anion-selective channel OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.EFGGLIYQR.C						
R.DVFNKGYHFGLWK.L						
K.EYGLNFSEK.W						
K.GYHFGLWK.L						
K.VKEYGLNFSEK.W						
E3WJV0	306	32884.6	3	4	0.08	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_00597 PE=3 SV=1
R.SLVPGIFCAGADLK.E						
K.QGI AVLGLNRPK.A						
K.LGIIPGAGGTQRLPR.I						
E3WJ82	318	36528.3	1	2	0.04	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_00257 PE=4 SV=1
K.LYTELPETSFTR.S						
T1DHR8	236	27052.4	1	2	0.04	Uncharacterized protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.FLSLPVPEK.C						
T1E8T9	110	12393.4	1	3	0.09	Protein translation factor sui1 OS=Anopheles aquasalis PE=4 SV=1
K.SGLAKPEQLK.V						
Q0C727	300	34299.7	1	1	0.03	AAEL000042-PA OS=Aedes aegypti GN=AAEL000042 PE=4 SV=1
K.AAELFQELSK.A						
T1DTI5	304	34228.8	2	7	0.07	Putative 26s proteasome regulatory complex subunit rpn8/psmd7 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.LCQNDI AINELIR.R						
K.ITNQLLGLK.G						
T1DL52	205	23282.1	2	5	0.1	Putative emp24/gp25l/p24 family of membrane trafficking (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.SYEGIGEA AK.L						
K.LKPLEVDLKR.L						
A7UR29	1261	135683.4	1	1	0.01	AGAP002290-PA OS=Anopheles gambiae GN=AgaP_AGAP002290 PE=4 SV=2

E3WND0	K.LLEIGEQLGYAAAK.K	244	27634.1	1	1	0.04	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_02763 PE=4 SV=1
T1DPJ5	K.LNNLYNDIR.L	373	41890.4	1	2	0.02	Putative camp-dependent protein kinase types i and ii regulatory subunit OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
E3XD41	R.VSILES�DK.W	216	24633.9	1	2	0.04	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_20571 PE=4 SV=1
E3WY12	R.GQAFIIFK.E	399	42078.5	1	3	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_09562 PE=4 SV=1
T1DG03	R.VTNVLVLK.G	523	56302	1	2	0.03	Succinyl-CoA:3-ketoacid-coenzyme A transferase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
T1E9D6	K.AHIAD EAGNLIFNK.S	601	63946.7	3	9	0.06	Putative polypyrimidine tract-binding protein puf60 rrm superfamily (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
B6DDR2	R.SALLGILGGALPR.L K.SVF EAFGPIVTCK.M R.AAFLPFGPIK.S	56	6643.2	2	6	0.14	40S ribosomal protein S29 OS=Anopheles darlingi PE=4 SV=1
E3WXS1	R.KYGLNICR.Q K.YGLNICR.Q	391	43449.5	1	5	0.03	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_09068 PE=4 SV=1
T1DQ13	R.SIGLSNFNQR.Q	371	40554.9	1	2	0.02	Putative isocitrate dehydrogenase alpha subunit OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
E3X7U9	K.LGDGLFLR.K	733	83364.1	3	3	0.01	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_15914 PE=4 SV=1
F5HLB5	K.FAALFM(15.9949)VTK.L K.LANESFYESR.D R.VSLDFETDHAER.K	474	51586.5	3	14	0.06	AGAP003597-PB OS=Anopheles gambiae GN=AgaP_AGAP003597 PE=4 SV=1

	K.LTPLSPEVISR.Q R.LIGWGQIR.G K.IALTNPVCTEK.D							
T1DNI6		151	17710.1	3	7	0.14	Putative grim-19 protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	R.NVIYPLLLAER.D R.NRDEEADLM(15.9949)K.N R.DEEADLM(15.9949)K.N							
E3XF07		1111	121662.5	1	2	0.01	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_22348 PE=4 SV=1	
	R.GGM(15.9949)QELIALIK.E							
T1DHP7		87	10057.4	1	2	0.1	Uncharacterized protein OS=Anopheles aquasalis PE=4 SV=1	
	R.APDKLVIEK.-							
T1E986		140	15907.8	4	13	0.19	Histone H3 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	R.EIAQDFKTDLR.F R.YRPGTVALR.E R.RIRGER.E K.KPHRYRPGTVALR.E							
Q7PDE6		192	21876.4	2	4	0.09	AGAP012080-PA OS=Anopheles gambiae GN=AGAP012080 PE=4 SV=4	
	R.IIDLYFVR.E K.LINM(15.9949)LLFIK.T							
Q7PQ13		418	47021.8	2	4	0.05	AGAP005110-PA OS=Anopheles gambiae GN=AGAP005110 PE=3 SV=1	
	R.FLEQCIFK.Y K.EPQFIIPSAIAIK.E							
E3XFF7		733	84919.1	2	4	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_22671 PE=3 SV=1	
	K.GGPLLQGGIKK.S K.GGPLLQGGIK.K							
T1E7Q2		210	24850.4	3	11	0.11	Putative wings up a OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	K.EFTLEEDK.E K.AAEFNFR.N K.YDLEYVVK.R							
T1DPV2		189	21756.1	1	2	0.05	Putative lethal 3 neo18 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	

	K.EAAEELEALR.G								
Q7Q2A9		119	13464.2	2	12	0.16	AGAP003936-PA OS=Anopheles gambiae GN=AGAP003936 PE=4 SV=2		
	R.GDSVILVLR.N K.SELTPEELAR.Q								
T1DND9		115	13239.1	2	7	0.15	Putative 40s ribosomal protein s26 OS=Anopheles aquasalis PE=4 SV=1		
	R.NIVEAAAVR.D R.SFPKDM(15.9949)NR.Q								
E3WZ56		465	54728.4	2	3	0.04	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_09976 PE=4 SV=1		
	K.DIALLEYK.I K.SLLELYQDK.D								
T1DPE1		363	39135.2	2	13	0.07	Fructose-bisphosphate aldolase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		
	R.QLLFTADER.L K.KPSAAEIAVATVTALRR.T								
T1DPZ8		539	60352.9	2	4	0.03	Putative aspartyl-trna synthetase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		
	K.IAAYIDAFR.Y K.VFTVGAVFR.A								
B6DDR6		70	8250.7	2	7	0.17	60S ribosomal protein L38 OS=Anopheles darlingi PE=3 SV=1		
	K.LKQSLPPGLQVK.E K.QSLPPGLQVK.E								
E3X290		912	101222	3	6	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_11806 PE=3 SV=1		
	R.LFNLPYEK.A R.ILAGLGFSR.A R.ILAGLGFSR.E K.KATVAAKGGKGGK.D								
T1DIB1		266	31196.2	2	3	0.07	Putative growth arrest and dna-damage-inducible protein-interacting protein 1 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		
	K.VAFPFTLR.Q K.LDQWTSDLNAK.I								
T1DEV6		146	15257.9	1	2	0.06	Putative small ribonucleoprotein particle protein smd3 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		
	R.FLILPDM(15.9949)LK.N								

BOX640	2412	277299.2	33	135	0.13	Spectrin alpha chain OS=Culex quinquefasciatus GN=CpipJ_CPIJ014790 PE=4 SV=1
--------	------	----------	----	-----	------	---

K.ECVM(15.9949)ALYDYTEK.S
K.IGALQVLADQLIAQEHYAGK.L
R.DADEIENWIAEK.L
R.DIADEESWIK.E
R.DLSTVQTLTK.Q
R.DADEVAVIAEK.D
R.EAFLNAEEVDSK.G
K.DVVLSSDDYGR.D
K.LM(15.9949)DVSNLGVPEIEQR.L
K.VEEEEAWITEK.Q
K.DVAGAEALLER.H
K.FATDDSYLDPTNLNGK.V
R.LGDEQTLQQFSR.D
K.LLDSYDLQR.F
R.DLASVQALQR.K
R.QGFVPAAYIK.K
K.DLASVQNL(15.9949)K.K
R.DLEDEAAWIR.E
K.LLVGSDDYGR.D
R.LNEANTLHQFFR.D
R.GRDIGVQNLK.K
R.DVDETKDWIAEK.E
K.EKLLDSYDLQR.F
K.GDNVEALIK.K
K.ALDVFATK.L
K.IKALDVFATK.L
K.DEDSSEALLK.K
R.DLIGVQNLK.K
R.DLAALEDK.V

K.GDVLTLNLSNNK.D									
K.FATDDSYLDPTNLNGKVQK.H									
R.DLIGVQNLIKK.H									
R.DLTGVQNLK.K									
Q7Q515	2417	278224.3	34	147	0.13	AGAP006686-PA OS=Anopheles gambiae GN=AGAP006686 PE=4 SV=1			
K.LENLQALATR.R									
R.LLDSLQVQQLFR.D									
R.DLAALQDKIR.Q									
K.ECVM(15.9949)ALYDYTEK.S									
R.DADEIENWIAEK.L									
R.DIADEESWIK.E									
R.DLSTVQTLTK.Q									
R.DAETVAWIAEK.D									
R.EAFLNAEEVDSK.G									
K.DVVLSSDDYGR.D									
K.LM(15.9949)DVSNLGVPEIEQR.L									
K.VEEEEAWITEK.Q									
K.DVAGAEALLER.H									
K.FATDDSYLDPTNLNGK.V									
R.LGDEQTLQQFSR.D									
K.LLDSYDLQR.F									
R.DLASVQALQR.K									
R.QGFVPAAYIK.K									
K.DLASVQNLNLM(15.9949)K.K									
R.DLEDEAAWIR.E									
K.LLVGSDDYGR.D									
R.LNEANTLHQFFR.D									
R.GRDIGVQNLIK.K									
R.DVDETKDWIAEK.E									
K.EKLLDSYDLQR.F									
K.GDNVEALIK.K									

	K.ALDVFATK.L										
	K.IKALDVFATK.L										
	K.DEDSSEALLK.K										
	R.DLIGVQNLIK.K										
	R.DLAALEDK.V										
	K.FATDDSYLDPTNLNGKVQK.H										
	R.DLIGVQNLIK.H										
	R.DLTGVQNLK.K										
T1E798		212	22947.2	3	10	0.14	Putative myosin light chain 2 myosin light chain 2 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1				
	R.M(15.9949)SGGGQDDDDVVINAFK.A										
	K.APSSVFLFSQK.Q										
	K.KAPSSVFLFSQK.Q										
T1E7Q7		720	82013.5	17	133	0.22	Putative endoplasmic reticulum glucose-regulated protein grp94/endoplasmic hsp90 family OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1				
	K.EDQLEYLEESK.I										
	R.ELISNSSDALDKIR.Y										
	K.EGLELPEDEAEK.K										
	R.YESLTDPTKLDSGK.E										
	K.ADLVNNLGTIK.S										
	R.NADDISQEEYGEFYK.S										
	K.HLEINPDHAIETLR.Q										
	K.HSQFIGYPIK.L										
	K.KHLEINPDHAIETLR.Q										
	R.ELISNSSDALDK.I										
	R.YESLTDPTKLDSGKELFIK.I										
	K.LDSGKELFIK.I										
	K.FYDQFSK.N										
	K.SLTNDWEDHLAVK.H										
	R.RM(15.9949)PFDLFENK.K										
	K.KCM(15.9949)ELFEELAEDKETYKK.F										

R.RM(15.9949)PFDLFENKK.K						
T1DSI6	444	48977.5	7	61	0.18	Putative creatine kinase (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.VSSTLSGLDGELK.G						
K.AVQQQLIDDHFLFK.E						
R.M(15.9949)GLTEFQAVK.E						
K.FYPLTGM(15.9949)DK.A						
R.LVTAVNEIEK.R						
K.TFLVWCNEEDHLR.I						
K.LEATADKYNLQVR.G						
T1DNR4	214	24437.5	5	15	0.24	Putative gtpase ran/tc4/gsp1 nuclear protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.SNYNFEKPFLWLR.K						
R.VCENIPIVLCGNK.V						
R.FNVWDTAGQEK.F						
K.NLQYYDISAK.S						
R.VCENIPIVLCGNKVDIK.D						
T1DN00	197	21598.5	2	5	0.12	Putative receptor targeting protein lin-7 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.VLQSDFLNAVR.E						
K.TDEGLGFNVM(15.9949)GGK.E						
T1E9Z1	368	41339.8	4	17	0.13	Putative 26s protease regulatory subunit 10b (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.NVCTEAGLFAIR.A						
K.ALQSVGQIVGEVLK.Q						
R.AVASQLDANFLK.V						
K.HGDIDYEAVVK.L						
T1E7A1	279	30425.2	3	17	0.11	Proteasome subunit beta type OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.TVPVVVANTM(15.9949)LK.Q						
K.DGVILGADTR.A						
K.VDVTDTVVR.H						
T1DN64	463	48851.4	2	8	0.05	Putative 26s proteasome non-atpase regulatory subunit 4 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1

	K.NNDTFTAFVNVLNGK.D K.DGVNLVCLSK.V						
T1E7M7		239	26297.3	3	8	0.12	Putative nadh:ubiquinone oxidoreductase ndufv2/24 kd subunit OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.YASEPVKGLTSLTEEPK.G R.GAM(15.9949)IPLDLAQR.Q R.DTPEDNPSIPFEFTAENQKR.A						
E3WL31		348	38915.1	1	3	0.03	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_01274 PE=3 SV=1
	R.VLELFSGIGGM(15.9949)R.M						
E3X4F0		1604	173848.5	1	2	0.01	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_13348 PE=4 SV=1
	R.TFEADM(15.9949)DVLAR.Q						
T1DPV6		470	52164.1	10	51	0.11	Putative translation initiation factor 5 eif-5 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.LFYDSDILDEK.V R.NVTDIFYR.Y K.ERM(15.9949)DIFYELVKR.K K.ERM(15.9949)DIFYELVK.R K.LQDLLDGFIRK.F K.LQDLLDGFIR.K R.M(15.9949)DIFYELVK.R R.M(15.9949)DIFYELVKR.K K.VILDWSQK.V R.MDIFYELVK.R						
T1DJH7		843	94311.9	15	177	0.22	Putative elongation factor 2 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.FYAFGR.V K.EGLPDLTQYLDK.L R.LWGENFFNSK.T R.IM(15.9949)EPVYLCEIQCPETAVGGIYGVLNRR.R R.VLYASYITAAPR.I R.KIWCFGPDGTGPNIVVDCTK.G R.RVLYASYITAAPR.I K.STLTDSLVS.K.A						

	K.VFDAIM(15.9949)NYK.T							
	K.FSVSPVVR.V							
	K.AVPM(15.9949)PDGLADDIDK.G							
	R.TWLPAGEALLQM(15.9949)IAIHLPSPVVAQK.Y							
	K.GVQYLNEIK.D							
	K.DLEEDHACIPLKK.S							
	R.GHVFEESQVAGTPM(15.9949)FVVK.A							
T1DSC0		580	63591.5	11	111	0.2	Putative superfamily ii dna and rna helicase dna replication (Fragment)	OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.DLM(15.9949)ACAQTGSGK.T							
	R.RKQYPLGLVLAPTR.E							
	R.GQVDYQTLTER.D							
	R.M(15.9949)GNLGTATSEFFNEK.N							
	K.TAAFLVPILNQM(15.9949)YK.H							
	K.YAIPILAGR.D							
	K.HVINFDLPSEVEEYVHR.I							
	R.CPILVATAVAAR.G							
	R.ELATQIFEESK.K							
	K.QYPLGLVLAPTR.E							
	R.ELATQIFEESK.F							
T1EAB1		558	61025.5	11	127	0.22	Putative superfamily ii dna and rna helicase dna replication (Fragment)	OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.YAVLDEADR.M							
	R.QPYVLVVAPTR.E							
	K.SGLSEAVLNNVRR.S							
	K.IKYAVLDEADR.M							
	R.NADYLASLM(15.9949)SETKFPTTSIHGDR.L							
	K.VSGENPPACIETFAK.S							
	R.GLDIKNVSHVINYDLPK.N							
	K.SGLSEAVLNNVR.R							
	R.ATSFYDPNEDHSIASSLVK.I							

	K.NVSHVINYDLPK.N R.M(15.9949)DVLIATSVAAR.G						
Q9NB21		192	22073.1	9	61	0.28	40S ribosomal protein S7 OS=Culex quinquefasciatus GN=RpS7 PE=2 SV=1
	K.NQQTIEHKVDTFTSVYKK.L K.NQQTIEHKVDTFTSVYK.K K.KAIVYVPVPK.Q K.VDTFTSVYK.K K.AIVYVPVPK.Q R.IRVKLDGSQLIK.V R.VKLDGSQLIK.V K.HVVFIFER.R K.FSGKHVVFIFER.R						
T1E8G2		674	77961.4	4	20	0.07	Putative threonyl-trna synthetase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.IYDELM(15.9949)AQYR.E R.NELSGALTGLTR.V R.VYGISFPDPK.Q K.GISQGLADNTVIAR.V R.GISQGLADNTVIAR.V						
T1DRP1		382	43834.3	3	58	0.09	Putative lamin (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.VDLENTVQSLR.E R.SEISDLYETR.L K.GDIEIVESDPEGK.F						
T1DP29		157	18919.1	1	2	0.08	Uncharacterized protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.DQFGTYPVWYNAK.K						
T1E8W8		249	27877.5	1	4	0.04	Proteasome subunit alpha type OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.ALLEVVQSGQK.N						
T1E9F8		788	88146.7	1	6	0.02	Putative neuronal cell adhesion molecule (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.YQTLSSGDLFIR.D						
T1DQ42		724	77541.2	3	18	0.05	Putative hydroxyacyl-coa dehydrogenase/enoyl-coa hydratase (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1

	K.LTSIPTALDLALTGK.S K.GVIFYGSGK.S R.EVNQGALAILK.Q						
B6DDS7		192	21805.7	2	26	0.12	60S ribosomal protein L11 OS=Anopheles darlingi PE=2 SV=1
	K.YDGIILNSK.A K.VLEQLTNQTPVYSK.A						
T1DJU4		402	45553.2	2	8	0.05	Putative bifunctional atp sulfurylase/adenosine 5'-phosphosulfate kinase (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.SQM(15.9949)AFFDPAR.K R.KADDFDFISGTR.M						
T1DSQ8		357	39244.5	4	32	0.15	Putative chaperonin complex component tcp-1 zeta subunit cct6 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.TEVNSGFFYK.T K.DGNVLLHEM(15.9949)QIKHPTASLIAR.A R.IVADGFDQAR.L K.GIDPM(15.9949)SLDLLAK.E						
E3WVM7		531	58465.7	5	23	0.12	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_07794 PE=3 SV=1
	R.AAQALAINITAAG.G K.TEVNSGFFYK.T K.DGNVLLHEM(15.9949)QIKHPTASLIAR.A K.KLVPGAGAFEVR.V R.IVADGFDQAR.L						
T1DU54		221	25472.1	1	2	0.07	Uncharacterized protein (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.GETVPLNIGALPEYR.D						
T1E9X1		404	42587.1	3	51	0.07	Putative thiol (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.VFDAEITPVR.I K.FGQLATVFQR.E R.QAVIFAGLPK.S						
T1E7Z6		443	49715.2	6	27	0.15	Putative rab geranylgeranyltransferase component a rab escort protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.DDDYLAEPAIK.T						

	R.GTGEDFDFSK.I K.FLM(15.9949)ANGLLVK.L R.FGIELPGDK.Y K.STQDFTGHALALYR.D K.DALSTQIIPQK.Q						
E3X025		311	35332.5	2	10	0.05	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_10495 PE=4 SV=1
	R.DPFDYYDR.Y K.LFIGNVDEK.T						
Q16HL9		330	37982.7	2	4	0.07	AAEL013982-PA OS=Aedes aegypti GN=AAEL013982 PE=4 SV=1
	K.LFIGNVDEK.T R.DPYPPPPPPFLR.D						
T1DP12		164	18042.8	8	61	0.45	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.IVIELRPDVTPK.T R.KIESFGCHSGKPSK.Q R.HVVFGSVVEGM(15.9949)DVVR.K K.GFGYKGSIFHR.V R.HVVFGSVVEGM(15.9949)DVVRK.I K.TSWLDDR.H K.TCENFR.A K.FEDENFTLK.H						
Q7QJB3		184	20404.1	2	5	0.08	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase OS=Anopheles gambiae GN=AGAP007392 PE=3 SV=2
	K.TCENFR.A R.VLDGLLIM(15.9949)R.K						
E3WRT6		590	67555	3	25	0.07	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_05592 PE=4 SV=1
	K.EGIIPGNALVVDPK.K R.AISIVDTPGILSGEK.Q R.LFEDEEQDLFR.D						
E3WNW5		234	26168.2	1	2	0.05	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_03203 PE=4 SV=1
	R.EVFGDTLNESR.D						
T1DTJ1		364	39836.7	2	39	0.05	Putative imp dehydrogenase/gmp reductase (Fragment) OS=Anopheles

							aquasalis PE=2 SV=1
	K.NGELVALIAR.T R.FVPYLQCGLR.H						
T1DQ71		517	55812.5	1	4	0.02	Putative aldehyde dehydrogenase (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.LFINNEFVEAK.S						
E3XDC1		1691	192946	4	12	0.03	Clathrin heavy chain OS=Anopheles darlingi GN=AND_20705 PE=3 SV=1
	R.NNLSGAEDLFVR.K R.ELIAVCNENSLFK.S R.LADLEEFVSGPNHADIQK.I K.TLQIFNIEM(15.9949)K.S						
T1DRN9		584	68589.9	2	3	0.03	Putative g protein-coupled receptor (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.ISTLNTFYVR.D R.RPYLGEILER.A						
T1DF20		266	30612.5	3	10	0.04	Putative 60s ribosomal protein l6 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.NYFLADGVR.R K.NYFLADGVRR.F K.VAITVVKK.I						
T1DSE4		360	41637	1	1	0.04	Uncharacterized protein (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.LAPLAISCALPEVR.L						
T1DS33		267	30571.2	4	36	0.11	Putative 60s ribosomal protein l13a (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.RLVVPIALR.Q R.LVVPIALR.Q K.VYEGIPPPFDR.Q R.ERQDLYLAAK.A						
E3XGD4		579	64377	1	2	0.02	Sorting nexin OS=Anopheles darlingi GN=AND_23209 PE=3 SV=1
	R.IGEGFSELAR.A						
E3XD40		1085	116541.8	1	1	0.01	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_20570 PE=4 SV=1
	K.DVSSIIADYR.Q						

T1E7V0	534	57513.1	6	23	0.12	Putative chaperonin complex component tcp-1 beta subunit cct2 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.FREDLLNIAR.T						
R.SAGQIEVTNDGATILK.A						
R.GATQQIIDEAER.S						
R.FSGVPLGEACTVVIR.G						
K.EAM(15.9949)AIESFAR.A						
R.EDLLNIAR.T						
T1E7K5	589	66923.2	3	21	0.05	Lysine--tRNA ligase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.ENEAEISPNEYFK.L						
R.FLDELCKV.K						
R.FLDELCKV.H						
K.M(15.9949)LTVGGLDR.V						
E3WQ58	1395	152273.3	13	42	0.1	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_04187 PE=4 SV=1
K.TSLLDPVPEVR.A						
K.TSLLDPVPEVR.G						
R.SNSEIALVHVL.R.L						
K.ALADPLPEVR.Q						
R.SGAAQGLSEVVGGGLGVEK.L						
K.GITPLLPVFR.E						
R.EAILNGLPEEK.E						
K.LM(15.9949)PEIIATAER.T						
R.CLTLLEPGAR.E						
R.SWDALNAVTK.T						
R.TAALFVALK.E						
K.LAIPM(15.9949)LVNGTK.E						
R.AAAAGCFGALVR.W						
R.ESLSEVVS.R.A						
Q7PY15	2666	292679.7	13	40	0.05	AGAP001700-PA OS=Anopheles gambiae GN=AGAP001700 PE=4 SV=4
K.TSLLDPVPEVR.A						
K.TSLLDPVPEVR.G						

	R.SNSEIALVHVLR.L						
	K.ALADPLPEVR.Q						
	R.EIEPAIDPWGPR.R						
	R.SGAAQGLSEVVGGGLGVEK.L						
	K.GITPLLPVFR.E						
	R.EAILNGLPEEK.E						
	K.LM(15.9949)PEIIATAER.T						
	R.VLPEIIPILER.G						
	R.CLTLLEPGAR.E						
	R.SWDALNAVTK.T						
	R.TAALFVALK.E						
	K.LAIPM(15.9949)LVNGTK.E						
T1DQ54		1191	121649.2	1	3	0.01	Putative dosage compensation complex subunit mle (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.EANLGSVTYSAINDSR.F						
Q7QBC9		429	48313.3	1	2	0.03	AGAP003228-PA OS=Anopheles gambiae GN=AGAP003228 PE=4 SV=3
	K.TPSSDVLVFDYTK.H						
A7URV7		652	70905.6	3	36	0.04	AGAP006935-PA OS=Anopheles gambiae GN=AGAP006935 PE=4 SV=1
	R.YEGLLFTVDPER.C						
	K.LNTETFGVGSTR.R						
	R.KLNTETFGVGSTR.R						
T1DQX2		269	29893.3	8	80	0.3	Putative trailer hitch (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.SFFDTISCEAVER.A						
	K.LNTETFGVGSTR.R						
	K.FENDYDFEQANNK.F						
	K.DDSGNETGAGEHEQEDEEVICYDK.A						
	K.VGEEVKPEQITTETLDK.K						
	K.LKVGEEVKPEQITTETLDK.K						
	R.KLNTETFGVGSTR.R						
	K.LKVGEEVKPEQITTETLDKK.D						
T1DLE4		102	11448.9	1	10	0.15	Putative retrotransposon-like protein 1 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis

							PE=2 SV=1
	K.NSEVEVENVAAAEK.A						
T1E7X5		213	23574.8	1	5	0.07	Putative rab-protein 2 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.TAANVEEFINTAK.E						
E3X182		2239	243331.1	3	7	0.01	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_11179 PE=4 SV=1
	R.SVAVSPVVTVEPR.R						
	R.ILELAPVGAK.F						
	K.CAELLER.G						
E3WSC7		761	85236.2	3	8	0.04	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_05891 PE=3 SV=1
	R.DAFDTLFDHAPDK.L						
	R.YFPTQALNFAFK.D						
	R.VLYTLFTK.Y						
T1E9F7		311	33922.7	5	48	0.16	Putative adp/atp translocase 3 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.YFPTQALNFAFK.D						
	K.GIVDCFVR.I						
	K.EQGIGAFWR.G						
	K.DFLAGGISAASK.T						
	K.NTLDCWVK.I						
T1DGH2		202	22320.5	2	6	0.15	Putative flavin reductase nadph OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.IVFFGGTGM(15.9949)TGQCAVR.S						
	R.AVLPPHIADEEPAK.F						
E3WTD5		151	16537.7	2	7	0.2	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_06455 PE=4 SV=1
	K.VAELTEGYTGADLAGLVR.Q						
	K.ILYVGLPALTDR.V						
Q7Q5U3		1020	109928	2	8	0.03	AGAP006205-PA OS=Anopheles gambiae GN=AGAP006205 PE=4 SV=4
	K.VAELTEGYTGADLAGLVR.Q						
	K.AVANEAGINFISVK.G						
E3WTD6		848	91916.5	3	11	0.05	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_06456 PE=4 SV=1
	K.AVANEAGINFISVK.G						
	R.LKLLGLTSPSGVLLCGPPGCGK.T						

	R.DDFIESLK.T						
T1DPW4		674	74560.2	2	2	0.04	Putative long-chain acyl-coa synthetase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.EGLASLDPLSVPDLM(15.9949)NR.T K.FLTM(15.9949)LITLK.T						
T1DQT0		205	22142.5	1	6	0.1	Putative tetraspanin 42ed (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.DNKLNADLIDTIQSSLECCGK.S						
T1E8V6		207	23225.9	3	12	0.17	Putative cytokinesis actomyosin contractile ring assembly OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.INAFAYLECSAK.S K.HFCPNVPIILVGNKK.D R.EVFETATR.A						
T1DFH2		378	41957.9	2	18	0.05	Putative flotillin OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.GEAEFAIAAK.S R.FLNDTEIAK.A						
E3X6X5		183	21138.8	3	38	0.19	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_15441 PE=4 SV=1
	K.LSEASAAADESER.A K.LSEASAAADESER.I R.IQLLEEDLER.S R.VAILEAQLAQAK.L						
T1DGR6		285	32770.7	5	49	0.17	Putative tropomyosin-2 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.ALQNAESEVAALNR.R K.LSEASAAADESER.A K.LSEASAAADESER.I K.IVELEELR.V R.IQLLEEDLER.S K.EKALQNAESEVAALNRR.I						
T1DPF2		405	43055.9	2	7	0.08	Putative heteroproteinous nuclear ribonucleoprotein at 27c OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.GFGFVTFADPENVDRA K.LFVGGLSWETTHENLQR.Y						
T1DPX8		205	23307.8	1	2	0.06	Proteasome subunit beta type OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1

	R.FAAM(15.9949)LSNFLYEK.R						
T1DT47		410	46251.4	6	27	0.17	Isocitrate dehydrogenase [NADP] (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.AGPVVDILGDEM(15.9949)TR.I						
	K.VCIDTIEAGFM(15.9949)TK.D						
	K.LGENLQAALAK.S						
	K.REDYLETFAFM(15.9949)NK.L						
	R.NILGGTVFR.E						
	K.ATDFLVPK.A						
T1DNG1		443	50327.7	5	25	0.13	Isocitrate dehydrogenase [NADP] OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.NILGGTVFR.E						
	R.LIDDM(15.9949)VAQALK.S						
	K.GRPTSTNPVASIFAWTR.G						
	R.FKDIFQEIYEK.N						
	K.EKLIFPYIK.V						
T1E756		927	104572.1	13	80	0.16	Putative transcriptional coactivator OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.LGDLNVAEAM(15.9949)LEK.G						
	K.YETVVVTEVTPELR.F						
	R.NITWNVENPK.Q						
	K.GLATVINYR.Q						
	R.GLATVINYR.Q						
	K.QLNFAGIVAPK.L						
	K.LGKEPNAENIVESIISEGLVTVR.R						
	K.LDSEGRPDNTTEVPFADEAR.F						
	R.FSEDDEWYR.A						
	R.LIELEDAAR.K						
	R.LIELEDAAR.R						
	K.QILSGDSVILR.D						
	K.LGKEPNAENIVESIISEGLVTVRR.D						
	K.VKYETVVVTEVTPELR.F						
	K.VQCTLDYVAPAR.D						

E3X9R7	238	26649.3	2	7	0.12	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_17205 PE=3 SV=1
R.FDVSQYAPEEIVVK.T K.LGDFSVIDTEFSSIR.E						
T1EA73	424	48817.9	5	55	0.11	Putative spliceosome rna helicase ddx39b (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.ILVATNLFGR.G K.GLAITFISDEADAK.I K.VAVFFGGM(15.9949)PIQK.D R.DFLLKPEILR.A R.ELAFQISK.E						
T1DHJ3	161	18301.5	1	3	0.07	Putative receptor expression-enhancing protein 5 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.VADDFISETTDK.L						
T1E7T6	401	44674.2	1	4	0.03	Putative molecular chaperone dnaj superfamily OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.LELSEALCGFQK.V						
T1DHK6	216	24220.9	2	7	0.08	Putative ferritin heavy chain-like protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.FFFNAASEER.E K.LIEYALM(15.9949)R.G						
E3XG87	922	102768.1	10	35	0.06	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_23138 PE=4 SV=1
R.ESSILAVLKK.K R.GTIQDVFR.Q R.LGLYGNK.T R.KTGQAAGFSYTDANKAK.G K.TGQAAGFSYTDANK.A R.KTGQAAGFSYTDANK.A R.GDLIAYLK.S K.TGQAAGFSYTDANKAK.G K.M(15.9949)VFAGLK.K K.M(15.9949)VFAGLKKPQER.G						
Q7QG73	934	104293.9	4	8	0.04	AP-2 complex subunit alpha OS=Anopheles gambiae GN=alpha-Adaptin PE=3 SV=4

	R.GLAVFISDIR.N R.ESSILAVLKK.K R.GTIQDVFR.Q R.LGLYGNK.T						
T1EAD2		182	20212.6	5	9	0.27	Putative establishment of meiotic spindle orientation (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.LTDEEVDEM(15.9949)IR.E K.DGNGFISAAELR.H K.DGDGTITTK.E R.HVM(15.9949)TNLGEK.L K.DTDSEEEIR.E						
T1E841		128	14775.3	5	19	0.25	Putative 60s ribosomal protein l24 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.IGLCAFSGFK.I K.THVFLNK.K -.M(15.9949)KIGLCAFSGFK.I K.ADGKTHVFLNKK.C K.VKWTVLYR.R						
E3WWD2		296	33330.7	1	2	0.04	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_08190 PE=4 SV=1
	R.EAVLELNASNER.G						
T1DPL7		161	18666.3	6	16	0.2	Putative 60s ribosomal protein l21 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.HGVIPLSTYM(15.9949)K.V K.AGDYVDIK.G K.HALGVIVNKR.V K.HGVIPLSTYM(15.9949)KVYK.A R.KHGVIPLSTYM(15.9949)K.V K.AGDYVDIKGHGAVHK.G						
T1E8M4		689	80129.4	2	4	0.03	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit B OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.ASEVEWDPTGR.Y K.VTLAIPK.K						
T1DFI2		151	17170.6	6	33	0.28	Putative 40s ribosomal protein s13 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1

	K.GM(15.9949)TPSQIGIILR.D R.DSHGVAQVR.F K.KGM(15.9949)TPSQIGIILR.D K.LNAEDVK.E K.KAVSIRK.H K.DIDSKFR.L						
E3WJ36	K.DCEDTNPLIR.A	882	96046.8	1	6	0.01	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_00173 PE=4 SV=1
T1DSZ7	K.ACYLQFSPR.G	628	69022.1	1	1	0.01	Putative translation initiation factor related to eif-3a (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
Q7PRB5	-.M(15.9949)LNALGVIVSGR.L	201	22359.1	1	2	0.06	Protein OPI10 homolog OS=Anopheles gambiae GN=AGAP002426 PE=3 SV=3
Q174U3	-.M(15.9949)HIFAPDQIVAK.S K.M(15.9949)HIFAPDQIVAK.S K.GVLKEYQVIGR.K K.SRFWYFLR.Q K.EYQVIGR.K K.ATGEIVSVKR.I	177	21199.4	5	19	0.23	60S ribosomal protein L18a OS=Aedes aegypti GN=AAEL006785 PE=3 SV=1
T1DNNO	K.YLDDITPESLK.K R.VQFTEYISK.N R.RNLADYLR.S K.NLADYLR.S	205	23176.9	4	15	0.14	Proteasome subunit beta type OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
E3X2H9	R.LSVLGAITSVQHR.L R.GNGTSM(15.9949)ISLIIPPKDQISR.V	395	43874.7	2	3	0.08	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_11947 PE=4 SV=1
T1E7P6	R.RPILLFDEPDTAVGR.I R.YGLYLK.D	151	17853	3	17	0.19	Putative myofilin OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1

R.AWADHLER.M						
T1EA81	206	23308.4	2	3	0.12	Putative dolichol-phosphate mannosyltransfer (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.LGGSEIVQFAK.N						
R.YTIGEVPISEVDR.V						
T1DPD8	393	43121.5	3	10	0.07	Putative programmed cell death protein (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.NKEILDEAFR.M						
R.ELLEAVETM(15.9949)K.V						
R.LPELFTR.N						
T1DFQ0	255	28629.8	2	11	0.08	Putative phosphoglycerate mutase 2 muscle OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.YGEEQVLIWR.R						
R.AQVTLDSILK.E						
T1DU11	303	33217.3	2	5	0.05	Adenylosuccinate synthetase (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.VSDLLGDFK.V						
R.VSDLLGDFKVFSEK.V						
T1E9F3	553	59650.3	2	3	0.03	Putative synaptic vesicle membrane protein vat-1 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.AVVLTGFGGFK.N						
K.SLAGFNLR.H						
E3WUV4	1432	156915.6	4	12	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_07330 PE=4 SV=1
K.SLAGFNLR.H						
R.EVTIILDSGVDPR.A						
K.QETGVLNFLR.K						
K.GVLFEIPVTVVQPHVDPK.T						
E3X9C9	364	39659.3	2	8	0.07	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_17014 PE=3 SV=1
R.GGLVDDEALAVALK.Q						
R.AIIGNIPECLR.N						
T1DNN2	145	17344.7	1	2	0.07	Putative mitochondrial electron transport nadh to ubiquinone OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.VAQLVADAEK.E						

T1E8C8	197	23637.2	1	4	0.06	Putative ribosomal protein l24 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.ELTVDPSFEFEK.R						
E3WLG0	477	51694	1	4	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_01468 PE=3 SV=1
K.LTYM(15.9949)PFFLK.A						
T1E7E7	548	60259.5	1	2	0.02	Putative mitochondrial processing peptidase alpha subunit OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.LSVDEIELAR.Q						
T1DHQ3	182	20656.7	3	12	0.16	Putative adp ribosylation factor 79f OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.ILM(15.9949)VGLDAAGK.T						
R.DAVLLIFANK.Q						
R.M(15.9949)LAEDELR.D						
T1EAB5	185	20703.4	1	2	0.06	Putative microtubule associated complex (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.VTFDAVSCLLQR.G						
T1EAG3	680	71785.7	1	2	0.02	Putative atp-dependent clp-type protease aaa+ atpase superfamily (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.SNILM(15.9949)LGPTGSGK.T						
T1E8R0	190	21015.8	3	7	0.17	Uncharacterized protein (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.SILGADIPESDLSK.I						
R.NDALLLNELK.A						
R.LLGDYVQR.I						
T1EA42	310	33122.6	1	2	0.03	Putative d-3-phosphoglycerate dehydrogen (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.TLAILGLGR.I						
E3WTM1	595	66387.5	1	1	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_06592 PE=4 SV=1
K.DKLNIPGYLTPDSR.D						
E3XDE3	391	43610.7	3	5	0.08	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_20733 PE=4 SV=1
K.EFLNALM(15.9949)NGPR.A						
R.GTVQLFNAVR.Q						
K.GTVQLFNAVR.Q						
K.SELVDNLVK.K						

Q5TS37	1397	156150.9	2	3	0.01	AGAP008770-PA (Fragment) OS=Anopheles gambiae GN=AGAP008770 PE=4 SV=3
R.DLEEVLEEIR.I R.TALVQEIWK.T						
T1E7P0	798	83978.3	1	1	0.01	Putative ced-6 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.LKELSELVSK.S						
T1DUG2	281	31401.8	1	2	0.04	Putative rbp1-like protein (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.VYVGNLGSSASK.H						
E3WWF6	489	54567.7	1	5	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_08221 PE=4 SV=1
K.EAGNLVEVLVR.N						
Q173A1	274	31592.1	2	4	0.08	AAEL007203-PA OS=Aedes aegypti GN=AAEL007203 PE=4 SV=1
K.VAQIQNAGLGEFR.I K.DDPM(15.9949)GLLGPR.F						
T1DQ70	287	31474.5	1	1	0.03	Proteasome subunit beta type OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.IM(15.9949)SNIVYYK.G						
T1E9I9	215	23360.7	2	5	0.1	Putative phospholipase/carboxylesterase (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.FGQLSSSVLK.T R.TVHELIIQSEIK.A						
T1DQH4	341	39471.5	2	8	0.05	Uncharacterized protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.LVDLFLTR.F K.LLGELLLDR.H						
T1DGA5	344	38129.5	2	4	0.06	ATPase ASNA1 homolog OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.LPLLDEEVR.G R.LLSFPQVVEK.G						
T1DFA3	318	35401.2	5	12	0.13	Putative aldo/keto reductase family OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.DAIDIGYR.H K.SIGISNFNSK.Q K.LVGLGLVK.S R.EELFLTSK.L K.LSPFCVER.G						

E3X4V1	601	67094.4	4	19	0.06	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_13777 PE=4 SV=1
K.TTAQILIR.Y						
R.YLIDIGTVPIPK.S						
R.NIGLSNFNTK.Q						
K.DAIDIGYR.H						
T1DPH9	141	16014.2	4	31	0.11	Putative 60s ribosomal protein l34 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.LAGIKPSRPSERPR.M						
R.AFLIDEQK.V						
R.LVYLYVKK.Q						
R.LVYLYVK.K						
T1E8M2	164	18691.9	3	4	0.12	Putative hsp90 co-chaperone p23 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.LLKENTKPHWLK.V						
K.KYELNINFFSK.I						
R.CIEFVIK.A						
T1EAI0	364	39214.6	1	3	0.03	Putative ribose-phosphate pyrophosphokinase (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.VTAVIPCFPYAR.Q						
E3WUD6	167	18648.6	1	3	0.05	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_07029 PE=4 SV=1
R.VEDFIFEK.I						
Q7QFF6	227	24937.7	1	3	0.04	AGAP000457-PA OS=Anopheles gambiae GN=AGAP000457 PE=4 SV=2
K.IVLIEGDGR.L						
E3WZM3	421	47437.8	1	2	0.02	Tubulin gamma chain OS=Anopheles darlingi GN=AND_10271 PE=3 SV=1
R.AVLLDLEPR.V						
T1DPT1	500	51688.1	2	3	0.02	Putative ran binding protein 3 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.SNLFANVSK.S						
K.VFLVM(15.9949)SRPEVISK.L						
T1E865	609	69086.6	1	1	0.02	Putative rnase I inhibitor abc superfamily OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.EIQALSGGELQR.F						
T1DNV1	222	24719	3	6	0.13	Uncharacterized protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.YPSVVAYLK.R						

	R.ANEALQLFNQK.L						
	K.EHLTPEFLK.M						
H9M8E4		214	24388.4	2	2	0.09	Glutathione S-transferase delta OS=Culex pipiens GN=GSTd2 PE=2 SV=1
	K.EHLTPEFLK.M						
	R.LYFDMGTLYER.F						
T1DQ26		653	71070.2	24	466	0.33	Putative molecular chaperones hsp70/hsc70 hsp70 superfamily (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.NAVITVPAYFNDSQR.Q						
	K.STAGDTHLGGEDFDNR.L						
	R.FEELNADLFR.S						
	K.FELSGIPPAPR.G						
	R.QATKDAGTISGLNVLR.I						
	K.TVTNAVITVPAYFNDSQR.Q						
	K.DAGTISGLNVLR.I						
	K.NALESYCFNM(15.9949)K.A						
	K.SFFPEEVSSM(15.9949)VLT.K.M						
	K.HWPFDESIEGKPK.I						
	R.ARFEELNADLFR.S						
	K.LLQDFFNGK.E						
	K.ELESVCNPIISK.L						
	K.M(15.9949)DKASIHDIVLVGGSTR.I						
	R.LVNHFAQEFK.R						
	K.LLQDFFNGKELNK.S						
	K.VQKLLQDFFNGK.E						
	K.ASIHDIVLVGGSTR.I						
	K.VEIIANDQG.NR.T						
	K.M(15.9949)KETAEAYLGK.K						
	K.NQVAM(15.9949)NPTNTIFDAKR.L						
	K.NQVAM(15.9949)NPTNTIFDAK.R						
	R.TTPSYVAFTDTER.L						
	R.IINEPTAAAIAYGLDKK.T						

E3X940	660	72713.5	19	171	0.27	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_16863 PE=3 SV=1
R.ITPSYVAFTADGER.L						
K.NQLTTNPENTVFDK.R						
K.VFAPEEISAM(15.9949)VLGK.M						
R.AKFEELNM(15.9949)DLFR.A						
R.AKFEELNM(15.9949)DLFR.S						
K.DAGTIAGLVVM(15.9949)R.I						
K.DVDEIVLVGGSTR.I						
R.QATKDAGTIAGLVVM(15.9949)R.I						
K.FEELNM(15.9949)DLFR.A						
R.NEESYAYSLK.N						
R.AKFEELNMDLFR.A						
K.ELEDIVQPIIAK.L						
K.VTHAVVTPPAYFNDAQR.Q						
K.DKLGASVSDDDK.A						
K.DNHLLGKFDLTGIPPAPR.G						
K.NQLTTNPENTVFDK.R						
K.NQLTTNPENTVFDK.L						
K.VEIIANDQGNR.T						
K.M(15.9949)KETAEAYLGK.K						
K.LGASVSDDDK.A						
R.IINEPTAAAIAYGLDKK.T						
E3WTZ7	672	72840.5	18	106	0.24	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_06792 PE=3 SV=1
K.NAVITVPAYFNDSQR.Q						
K.VQSLVQEVFGRQPSR.A						
K.VYSPSQIGAFVLM(15.9949)K.M						
R.AKLETLVGDLIK.R						
R.VINEPTAAALAYGM(15.9949)DK.T						
K.KSDIGEVLVGGM(15.9949)SR.M						
K.SDIGEVLVGGM(15.9949)SR.M						
K.VQSLVQEVFGR.Q						

R.DRIEAINQAEGIVHDTESK.M
 R.AKLETLVGDLIKR.T
 K.DAGQIAGLNVLR.V
 K.DLANLSYKVVK.A
 K.ETAEAYLNTPIK.N
 K.LETLVGDLIKR.T
 K.DLANLSYK.V
 K.LETLVGDLIK.R
 R.QATKDAGQIAGLNVLR.V
 K.M(15.9949)LGSFTLVGIPPAPR.G

T1E8A2

660 72685.5 19 171 0.27

Putative molecular chaperones grp78/bip/kar2 hsp70 superfamily
 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1

K.LGASVSDDDK.A
 R.IINEPTAAAIAYGLDKK.T
 R.ITPSYVAFTADGER.L
 K.NQLTTNPENTVFDK.R
 K.VFAPEEISAM(15.9949)VLGK.M
 R.AKFEELNM(15.9949)DLFR.A
 R.AKFEELNM(15.9949)DLFR.S
 K.DAGTIAGLVVM(15.9949)R.I
 K.DVDEIVLVGGSTR.I
 R.QATKDAGTIAGLVVM(15.9949)R.I
 K.FEELNM(15.9949)DLFR.A
 R.NEESYAYSLK.N
 R.AKFEELNMDLFR.A
 K.ELEDIVQPIIAK.L
 K.VTHAVVTPPAYFNDAQR.Q
 K.DKLGASVSDDDK.A
 K.DNHLLGKFDLTGIPPAPR.G
 K.NQLTTNPENTVFDK.R
 K.NQLTTNPENTVFDK.L

	K.VEIIANDQGNR.T							
	K.M(15.9949)KETAEAYLGK.K							
E3WLP8		889	96701.4	24	466	0.25	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_01694 PE=3 SV=1	
	K.NAVITVPAYFNDSQR.Q							
	K.STAGDTHLGGEDFDNR.L							
	R.FEELNADLFR.S							
	K.FELSGIPPAPR.G							
	R.QATKDAGTISGLNVLR.I							
	K.TVTNAVITVPAYFNDSQR.Q							
	K.DAGTISGLNVLR.I							
	K.NALESYCFNM(15.9949)K.A							
	K.SFFPEEVSSM(15.9949)VLTK.M							
	K.HWPFVDESIEGKPK.I							
	R.ARFEELNADLFR.S							
	K.LLQDFFNGK.E							
	K.ELESVCNPIISK.L							
	K.M(15.9949)DKASIHDIVLVGGSTR.I							
	R.LVNHFQEFK.R							
	K.LLQDFFNGKELNK.S							
	K.VQKLLQDFFNGK.E							
	K.ASIHDIVLVGGSTR.I							
	K.VEIIANDQGNR.T							
	K.M(15.9949)KETAEAYLGK.K							
	K.NQVAM(15.9949)NPTNTIFDAKR.L							
	K.NQVAM(15.9949)NPTNTIFDAK.R							
	R.TTPSYVAFTDTER.L							
	R.IINEPTAAAIAYGLDKK.T							
T1E7E0		150	16419.6	6	92	0.41	Putative heat shock 70 kDa protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	K.NQVAM(15.9949)NPTNTIFDAKR.L							
	R.EGDVLTLLSER.E							
	K.NQVAM(15.9949)NPTNTIFDAK.R							

	R.TTPSYVAFTDTER.L									
	K.VEFISEQNR.Q									
	K.VEIIANDQGNR.T									
T1DQV8		560	65756.8	4	13	0.07	Putative rna polymerase i-associated factor (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1			
	K.M(15.9949)QCGDLDVFR.N									
	R.NFFVFACPK.F									
	R.YGDFFIR.K									
	K.EALEHQINVFM(15.9949)DEVR.Q									
T1DN18		489	53323	3	14	0.04	Putative nadh:ubiquinone oxidoreductase ndufv1/51kda subunit OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1			
	R.GGVWFAGFGR.T									
	R.RGGVWFAGFGR.T									
	R.IFTNLYGR.H									
T1E967		326	33418.6	9	54	0.33	Putative fibrillarlin (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1			
	K.LAAAVLGGVDK.I									
	K.NGGHFVISIK.A									
	R.IVALNAHNFLK.N									
	K.LKPQEQITLEPYER.D									
	R.SKLAADVGGVDK.I									
	K.ASCVDSTAVPEAVFASEVKK.L									
	R.TNIPIIEDAR.H									
	K.TVVIIEPHRHEGIFIAR.G									
	R.DHAVVGVYRPPPK.S									
	R.DHAVVGVYRPPPK.A									
T1DMX0		261	28695.7	7	47	0.23	Putative 60s ribosomal protein l2/l8 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1			
	R.AM(15.9949)VGIVAGGGR.I									
	R.GAPLAVVHFR.D									
	R.KVGLIAR.R									
	R.GAPLAVVHFRDPYK.F									
	R.TSGNYASVIAHNPDTR.T									

	R.AM(15.9949)VGIVAGGGRIDKPILK.A R.GAPLAVVHFRDPYKFR.L						
T1DES1		503	53732.3	13	294	0.3	ATP synthase subunit beta OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.TIAM(15.9949)DGTEGLVR.G K.IGLFGGAGVGK.T K.AHGGYSVFAGVGER.T R.FTQAGSEVSALLGR.I R.VLDTGSPIRIPVGAETLGR.I R.VALTGLTVAEYFR.D K.TVLIM(15.9949)ELINNVAK.A R.IINVIGEPIDER.G K.VVDLLAPYAK.G R.IM(15.9949)DPNIIGAEHYNIAR.G R.FLSQPFQVAEVFTGHAGK.L R.LVLEVAQHLGENTVR.T R.IPVGAE TLGR.I						
T1DI05		765	82346.4	6	18	0.09	Putative atp-dependent rna helicase (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.YTCIFGGALKGPQVR.D R.ELAQQIQTVVR.D K.DFYVPHPNVM(15.9949)AR.T K.DFYVPHPNVM(15.9949)AR.A R.DYVLQDFR.H R.GDGPIVLVLAPTR.E R.GVEVVIATPGR.L						
T1DQ85		508	55981.2	4	11	0.1	Putative pseudouridine synthase (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.SGDFQIKPSEAIAR.L R.SNHYTPLPFGASPLNRK.I K.LLDYDDVR.N R.LDTSKWPLLLK.N						

T1DHG8	118	12836.7	1	3	0.12	Putative neuroproteins OS=Anopheles aquasalis PE=4 SV=1
R.EASLILGVSPSASK.T						
T1E713	393	43792.6	3	32	0.09	Putative 40s ribosomal protein s6 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.DIPGLTDTQVPR.R						
R.M(15.9949)GTELVADFLGDEWK.G						
R.LITPVVLQR.K						
T1DFU8	557	59270.1	4	15	0.08	T-complex protein 1 subunit alpha OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.EQLAIAEFAK.S						
K.IACLDFSLQK.T						
R.IDDM(15.9949)IVLNPEDK.G						
K.SSLGPVGLDK.M						
T1DS62	238	26558.4	7	28	0.25	Putative translationally-controlled tumor (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.SPEEVEVFKTNINKVM(15.9949)K.D						
K.DIFTGDEM(15.9949)FSDTYK.M						
K.LVDNVM(15.9949)YEVYVK.H						
K.LVDNVMYEVYVK.H						
R.DIDGESVPVLLCFK.H						
K.SPEEVEVFK.T						
K.VKLVDNVM(15.9949)YEVYVK.H						
T1EAZ1	398	45164.3	2	9	0.05	Putative pinin (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.IFGSLLGTLQK.F						
K.TNPPIFYLPK.R						
T1DPU9	297	32727.1	4	13	0.12	ATP synthase subunit gamma OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.LFIAITSDR.G						
R.ELIEIISGASALESK.D						
K.KLFIAITSDR.G						
R.LPPTFLDAAK.L						
T1DNH7	139	15625.2	1	2	0.08	Thioredoxin OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.IETVIGETAGK.V						
T1E2J1	587	63720.5	2	19	0.06	Putative transketolase OS=Psorophora albipes PE=2 SV=1

R.SGPPTVLIDM(15.9949)YGISAR.C						
R.AIPGSTVFYPSDAVSTER.A						
E3WUN7	2724	294043.7	8	66	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_07198 PE=4 SV=1
R.AIPGSTVFYPSDAVSTER.A						
K.QGGLGEAVLSALAEHR.N						
K.AFFEASSVTRPTAIIAK.T						
K.GIELATPPAYQK.G						
K.VSIKIELATPPAYQK.G						
K.LIKPGLGDLPPVLAAR.L						
K.GHAAPILYAAWAEAGLFPVEDLQNLRK.I						
R.TSRPNTAVIYDNNEK.F						
T1DFE9	589	65907.5	3	16	0.04	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit D OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.IFHTVTTTDDPIIR.Q						
R.GAILANELR.N						
K.LSLPSVK.E						
F5HMR8	532	59302.9	5	12	0.08	AGAP001419-PA OS=Anopheles gambiae GN=AGAP001419 PE=4 SV=1
R.TGYTLDVTTGQR.K						
R.GYAFVTFTSR.D						
K.INVSVPNLR.L						
R.GFCFLEYESHK.A						
K.ESFEQFGR.V						
E3WLC1	1171	133565.5	1	3	0.01	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_01403 PE=4 SV=1
R.APVTFLSLR.S						
T1EAE1	420	48864.1	1	1	0.03	Putative purple acid phosphatase (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.EGAIIDSFTIHK.D						
T1DNI2	120	13342.3	7	36	0.44	Putative 40s ribosomal protein s20 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.IIDLHSPSEIVK.Q						
K.DLEKPVATATVHR.I						
K.VCADLIAGAK.K						

	R.KTPCGEGSK.T R.IRITLTSK.N R.ITLTSKNVR.S K.TPCGEGSK.T								
T1E732	R.GVDLDQLLDM(15.9949)K.Q	93	10961	1	19	0.12	Putative 40s ribosomal protein s15 OS=Anopheles aquasalis PE=4 SV=1		
E3WZC9	K.AFASPLLAR.A	373	37275.9	1	9	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_10123 PE=4 SV=1		
T1DHE4	R.SIGLGFKTPK.E R.DVEAGDIVTVGECRPLSK.T K.EAITGSYIDKK.C K.QLGINLNR.K R.ILTGVRK.M	152	17613.7	5	14	0.36	Putative 40s ribosomal protein s11 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		
E3XFE3	K.DYQLQELAQQVVR.K	273	30297.2	1	1	0.04	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_22651 PE=4 SV=1		
E3XDS7	K.HGAETIDTPVFELK.E R.YDLTVPFAR.F R.IFSILEAK.N	528	58870.6	3	4	0.06	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_21591 PE=3 SV=1		
T1E7A3	R.VVCEPLELAQEFR.K R.DFPLSGYVELR.Y	264	30059.2	2	12	0.09	Putative nadh dehydrogenase ubiquinone iron-sulfur protein 3 mitochondrial OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		
T1DKR9	K.VELDHLGPVTDCR.Y	456	49614.8	1	5	0.03	Putative wd40 repeat stress protein/actin (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		
E3XAQ0	R.FDGTDFATYNATK.L	437	49362.3	1	2	0.03	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_17788 PE=4 SV=1		
T1DKB1		173	20226.4	7	46	0.32	Putative 60s ribosomal protein l14 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		

	R.LVCIVNVIDQNR.V							
	R.VLIDGPTSGVPR.Q							
	K.KTVINNGM(15.9949)LFGKPVK.G							
	K.EKFDETIWK.E							
	R.FHM(15.9949)TDFDR.F							
	R.VRFPYAK.T							
	K.TVINNGM(15.9949)LFGKPVK.G							
T1DMZ3		415	43543.8	5	8	0.18	Phosphoglycerate kinase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	K.DPAAGSVILLENVR.F							
	K.VLNNM(15.9949)EIGGSLFDAEGAK.I							
	K.YTLAPVADELK.K							
	K.LGDVYVNDAFGTAHR.A							
	K.KNNVQLHLPVDFVTGDK.F							
E3X8Q3		912	101323.9	1	2	0.01	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_16535 PE=3 SV=1	
	R.LTSGLLLFGR.S							
T1DQA7		389	43883.6	1	1	0.03	Putative cysteine protease required for autophagy OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	R.TDETVWILGK.Q							
T1E802		391	41285.3	6	25	0.12	Putative e3 ubiquitin ligase methyltransferase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	R.DCQNVGGGGPGR.G							
	R.DCQNVGGGGPGRGVGGPR.D							
	R.DM(15.9949)NVSCYCNK.S							
	K.SDRDM(15.9949)NVSCYCNK.S							
	R.DCKEDLDR.C							
	R.NCPEKSDR.D							
T1DHS1		309	35513.4	2	9	0.08	Serine/threonine-protein phosphatase OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1	
	K.FSFLQFDPAPR.R							
	R.NVVTIFSAAPNYCYR.C							
E3WP01		769	88018.6	1	2	0.01	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_03299 PE=4 SV=1	
	R.DLETIIAEYK.A							

T1DPT0	501	54141.7	2	8	0.04	Amidophosphoribosyltransferase (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
						R.EAGLNFAEVLCK.N R.LVLIDDSIVR.G
Q7Q9P1	790	88132.3	3	12	0.03	AGAP005127-PA OS=Anopheles gambiae GN=AGAP005127 PE=4 SV=4
						K.VALVEPVYESSK.S K.EAAGVISLLNK.E K.SSTVWQGALILK.S
T1EAQ1	141	15796.2	1	2	0.09	Putative lethal 3 (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
						K.SQEEIYTEFQQLR.N
T1E7W2	255	28278.4	5	10	0.27	Putative pyridoxal 5-phosphate OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
						K.NGVQPGDAVELYR.Y R.HFGENYVQELVEK.A R.SPTSNAPKPLLVAVSK.T R.VGSSIFGAR.A R.FGHDYSTGPNPDFGTLM(15.9949)K.C
T1DQR8	110	12552.6	1	1	0.11	Uncharacterized protein (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
						K.AVLGSSNIIAVK.D
T1E9X3	480	54050.5	2	4	0.04	Putative nadh:ubiquinone oxidoreductase ndufs2/49 kDa subunit (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
						K.LLNIDIPLR.A K.TYTQALPYFDR.L
T1DL69	215	24495.9	1	1	0.05	Putative carbohydrate binding protein (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
						R.SLEVDWLDAR.N
T1EA50	156	17985.3	1	3	0.06	Putative adenyl cyclase (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
						R.M(15.9949)LASTVGVR.G
E3XBJ7	530	61061.8	2	4	0.05	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_19658 PE=4 SV=1
						R.LFLVQLHEK.A K.LPGGELSAGEDEVEGLKR.L
E3XC13	481	53161.9	1	1	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_19932 PE=4 SV=1

	R.ILNIWGER.G						
Q7QCU0		855	95402.4	1	2	0.01	AGAP002802-PA OS=Anopheles gambiae GN=AGAP002802 PE=4 SV=3
	R.SDLIITPR.E						
	R.SDLIITPR.D						
T1DL04		434	49196.6	1	1	0.03	Putative lateral inhibition (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	R.VYTLDALSTPSEIR.N						
T1DCT7		514	54846.3	5	36	0.07	Putative arrest (Fragment) OS=Psorophora albipes PE=2 SV=1
	K.EM(15.9949)FEEFGR.V						
	R.EM(15.9949)FEEFGR.V						
	K.LFVGM(15.9949)LSK.Q						
	K.GCCFVTFYTR.K						
	K.GCAFVTFATK.Q						
	K.GCCFVTFYTRK.A						
T1DG77		124	14651	6	24	0.4	Putative 60s ribosomal protein l31 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.EM(15.9949)GTTDVR.I						
	R.ECTINLNR.R						
	R.RRNDEEDSPNK.L						
	R.RNDEEDSPNK.L						
	K.LYTLVTYVPVSTFK.E						
	K.SAINEVVTR.E						
T1DPL2		213	22619.5	4	18	0.26	Putative nascent polypeptide-associated complex subunit alpha OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
	K.NPHSDTYIIFGEAK.I						
	K.DIELVM(15.9949)SQANVK.R						
	K.IEDLSQQAQVAAAEK.F						
	K.SKNILFVINNPVYK.N						
E3WU14		1390	153909.2	3	7	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_06814 PE=4 SV=1
	K.KIDLGAASGFAK.T						
	R.ELIDFIQDDDR.L						
	K.IDLGAASGFAK.T						
E3X033		305	34740.9	1	1	0.03	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_10507 PE=4 SV=1

	K.AAQLFQELSK.A								
T1EBA2		427	46867.7	3	5	0.1	Uncharacterized protein (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		
	R.IASSLLVDPNQSVR.H								
	R.NKTNPTGLM(15.9949)DASALIER.G								
	K.ISTEVLEAIR.S								
E3XAS2		466	53599.5	1	3	0.02	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_17841 PE=4 SV=1		
	R.AFANVISK.G								
T1DJN3		545	62514.6	4	6	0.06	Putative aspartyl/asparaginyl-trna synthetase translation (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		
	R.DVVM(15.9949)QAFR.S								
	R.M(15.9949)NYADAIWVWLK.E								
	K.EPFPFIYVDSK.D								
	K.EAGKEPFPFIYVDSK.D								
E3WY09		341	37445	2	8	0.06	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_09214 PE=4 SV=1		
	K.AQLALLEEK.M								
	K.LGLVPNAVLIIVTK.A								
	K.LGLVPNAVLIIVTK.G								
Q7Q1U0		245	25881.4	2	4	0.09	AGAP009633-PA OS=Anopheles gambiae GN=AGAP009633 PE=3 SV=3		
	R.DGAIVVAVDR.N								
	R.LALVTGAGSGIGR.V								
T1DKY1		336	36772.8	2	4	0.05	Putative elongation factor ts mitochondrial (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		
	R.LQIIDFQR.F								
	K.YGSLVAFR.A								
E3WZK4		365	40648.1	2	24	0.05	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_10231 PE=4 SV=1		
	K.VNIALVGK.Y								
	R.GLGLSPDLIVCR.S								
T1EAY2		189	21714.4	2	2	0.09	Putative mitotic spindle checkpoint protein (Fragment) OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1		
	R.KSLLSLDAR.M								
	R.LSSFPFVK.E								

E3WPM6	648	72550	2	3	0.03	Lon protease homolog OS=Anopheles darlingi GN=AND_03849 PE=3 SV=1
K.YILQEQLK.V						
K.AVADVIEEELTK.L						
Q7PFQ6	284	31693.9	4	9	0.15	AGAP003874-PA OS=Anopheles gambiae GN=AgaP_AGAP003874 PE=4 SV=4
K.TPFLIGVAGGTASGK.S						
K.FADVVIPR.G						
R.QVVTISQDSFYR.E						
K.VEISEYDYR.R						
T1DH39	221	25874.2	4	19	0.24	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit K OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.EENGLVTIATQEDSIK.T						
K.VIEAYVEEQAR.E						
R.ENQYDLEANLACKL.L						
R.LLGNVEENVLR.A						
T1DNG7	332	37418.7	1	5	0.04	Putative thioredoxin-related transmembrane protein 1 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.DLNSFM(15.9949)TFVEEK.K						
T1DF59	203	22981.7	1	4	0.07	Putative lethal 2 essential for life OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.ADDLFSSFSTSFPSR.T						
E3X534	1952	222778.7	1	11	0.01	Uncharacterized protein OS=Anopheles darlingi GN=AND_13921 PE=3 SV=1
R.LSLDPELYEIM(15.9949)AK.S						
K.LSLDPELYEIM(15.9949)AK.S						
T1DMV5	133	14818.3	1	5	0.1	Putative actin binding protein OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
K.SELESFRPETLTK.A						
T1DGC7	402	44499.6	1	1	0.04	Putative fk506-binding protein fkbp59 OS=Anopheles aquasalis PE=2 SV=1
R.DRNEPFQFTLGQGSVIK.A						

ID: código da proteína no UNIPROT; **PI:** peptídeos identificados; **NA:** número de aminoácidos; **MM:** massa molecular em daltons (Da); **NP:** número de peptídeos identificado; **NS:** número de espectros correspondentes aos peptídeos; **C:** cobertura