

FRANCIANE BATISTA

**ANÁLISE PROTEÔMICA DAS PROTEÍNAS
SOLUBILIZADAS DA MEMBRANA DO
*TRYPANOSOMA EVANSI***

Tese apresentada ao curso de Pós-Graduação em Ciência Animal, da Universidade do Estado de Santa Catarina como requisito para obtenção de título de Doutora em Ciência Animal.
Orientador: Profº. Dr. Luiz Claudio

Miletti

Coorientador: Profº. Dr. Glauber Wagner

**LAGES
2016**

Ficha catalográfica elaborada pelo(a) autor(a), com
auxílio do programa de geração automática da
Biblioteca Setorial do CAV/UDESC

BATISTA, FRANCIANE
ANÁLISE PROTEÔMICA DAS PROTEÍNAS SOLUBILIZADAS
DA MEMBRANA DO TRYPA NOSOMA EVANSI / FRANCIANE
BATISTA. Lages - 2016.
226 p.

Orientador: LUIZ CLAUDIO MILETTI
Co-orientador: GLAUBER WAGNER
Tese (Doutorado) - Universidade do Estado de
Santa Catarina, Centro de Ciências
Agroveterinárias, Programa de Pós-Graduação em
Ciência Animal, Lages, 2016.

1. DIAGNÓSTICO. 2. MAL DAS CADEIRAS . 3.
PROTEÔMICA. 4. ANTICORPO. I. MILETTI, LUIZ CLAUDIO .
II. WAGNER, GLAUBER. , .III. Universidade do
Estado de Santa Catarina, Centro de Ciências
Agroveterinárias, Programa de Pós-Graduação em
Ciência Animal. IV. Título.

FRANCIANE BATISTA

**ANÁLISE PROTEÔMICA DAS PROTEÍNAS SOLUBILIZADAS
DA MEMBRANA DO *TRYPANOSOMA EVANSI***

Tese apresentada ao curso de Pós-Graduação em Ciência Animal, da Universidade do Estado de Santa Catarina como requisito para obtenção de título de Doutora em Ciência Animal

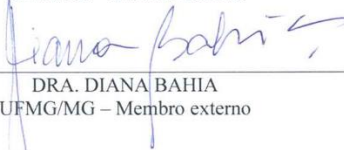
Banca Examinadora



DR. LUIZ CLAUDIO MILETTI
UDESC/Lages/SC – Presidente



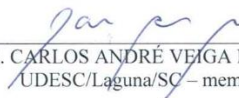
DRA. CAMILA BELMONTE OLIVEIRA
UFSM/RS – Membro externo



DRA. DIANA BAHIA
UFMG/MG – Membro externo



DRA. KARIM HAHN LÜCHMANN
UDESC/Laguna/SC – membro interno



DR. CARLOS ANDRÉ VEIGA DE LIMA ROSA
UDESC/Laguna/SC – membro interno

AGRADECIMENTOS

Chegar ao final de mais uma etapa de nossas vidas é um momento muito especial. Ao encerrar esse trabalho, muitas coisas passam pela minha mente. Foi um período de muitos aprendizados, muito trabalho e grandes desafios que graças à contribuição de um grupo de pessoas e a proteção divina consegui chegar ao fim...

Dessa forma agradeço primeiramente a Deus por sua proteção, por me dar saúde e disposição para que eu pudesse encarar essa importante etapa de minha vida... E por colocar no meu caminho pessoas que foram fundamentais para que eu chegasse até aqui.

Tive sorte que no decorrer desses 4 anos e meio, encontrei grandes amigos que somaram com minhas atividades... Alguns ajudaram diretamente no projeto e outros colaboraram no suporte emocional, com palavras de apoio ou com atitudes que fizeram que eu me sentisse bem trabalhando no mesmo ambiente que eles. Queridos amigos e colegas, agradeço de coração a companhia de vocês no dia a dia e toda ajuda que me prestaram...

Agradeço de uma forma especial aos meus familiares, que sempre me apoiaram para que essa etapa pudesse ser concluída. Pai, mãe, queridos irmãos e amado marido, obrigado por tudo que sempre fizeram por mim, pelas palavras, pelas ajudas, pelo cuidado que sempre prestaram ao meu filho. Enfim pelo suporte emocional durante essa etapa de minha vida.

Amado filho, sua chegada fez com que esse período se tornasse ainda mais especial em minha vida. Você virou a razão para tudo. Desculpe pela minha ausência, mas todas minhas atitudes a partir do momento que soube que você viria ao mundo foram

pensadas em seu bem... Obrigada por me completar e mostrar o verdadeiro sentido da palavra amor...

Para que um trabalho seja bem sucedido é de fundamental importância que alguém nos oriente em frente aos desafios apresentados e a decidir que atitudes devem ser tomadas... Assim, gostaria de agradecer ao meu Orientador Professor Dr. Luiz Claudio Miletti, por toda dedicação, paciência e ensinamento. Pela oportunidade e confiança em mim depositada.

Ao meu Coorientador Professor Dr. Glauber Wagner, por dividir seu vasto conhecimento e por toda ajuda prestada no desenvolver do trabalho. Não posso deixar de agradecer ao laboratório *Flu and Toxin Laboratory, Centers for Disease Control and Prevention* CDC e ao senhor John Barr pela disponibilidade do uso dos equipamentos e em especial ao Dr. Hércules Moura por sua atenção e sua colaboração no trabalho. Dr. Glauber e Dr. Hércules sem a colaboração de vocês não poderíamos ter finalizado esse trabalho.

Agradeço também a Professora Dra. Maria de Lourdes Borba Magalhães, por sempre ajudar nas dúvidas que surgem na rotina e pela sua humildade em dividir seu conhecimento... Vocês são grandes mestres que seguirei como exemplo em minha carreira profissional...

Enfim agradeço a UDESC pela oportunidade de cursar o doutorado e a CAPES pelo suporte financeiro.

RESUMO

BATISTA, Franciane. **Análise proteômica das proteínas solubilizadas da membrana do *Trypanossoma evansi*.** 2016. 226f.

O *Trypanosoma evansi* é o agente etiológico da doença conhecida como mal das cadeiras ou “Surra”. Trata-se de uma doença de extrema importância, pois a mesma causa grandes prejuízos econômicos na pecuária de alguns países. Diferentes espécies de animais são acometidas por esse agente e o grau de severidade varia de acordo com o hospedeiro. A principal espécie afetada são os equinos os quais apresentam diferentes sinais clínicos de acordo com a evolução da doença. A forma mais grave ocorre quando o parasito atinge o sistema nervoso central provocando dificuldade de locomoção. Esse é o sinal clínico mais característico dessa doença, porém sinais inespecíficos como anemia, imunossupressão, icterícia e queda na produção também podem ser observados. A interação do parasito com o hospedeiro é realizada através do contato entre as células do sistema imune do hospedeiro e as proteínas de superfície do protozoário. Com objetivo de conhecer mais detalhadamente essa interação, proteínas de superfície do *T. evansi* foram solubilizadas com o uso do Triton X-114 e analisadas. Para isto *T. evansi* mantidos criopreservados foram utilizados para a infecção experimental de camundongos, sendo a inoculação realizada intra-peritonealmente em triplicatas biológicas. A infecção desses animais foi acompanhada diariamente através de esfregaços sanguíneos corados por panótico e visualizados em microscópio óptico. A purificação do parasito foi realizada com Percoll® seguida de cromatografia em coluna de

DEAE-celulose equilibrada com PBS-glicose. Após este procedimento os *T. evansi* foram armazenados no freezer -80°C para posterior extração das proteínas. As proteínas de superfície foram extraídas de acordo com protocolo estabelecido anteriormente. As proteínas foram analisadas por LC-ESI-MS/MS para identificação no Centers for Disease Control and Prevention (CDC) em Atlanta-EUA. O resultado foi interpretado utilizando-seo MASCOT e o banco de dados de sequências gênicas do *Trypanosoma evansi* e *Trypanosoma brucei*. Com essas análises foi possível identificar 439 proteínas somente na fração rica em proteínas de membrana. Algumas proteínas de interesse foram selecionadas e analisadas por bioinformática para obtenção de dados sobre a predição de sua localização e possível presença de epitopo. Com o intuito de avaliar o reconhecimento de proteínas específicas através de *imunoblot* foi desenvolvido anticorpo policlonal contra *T.evansi*. Esse anticorpo foi produzido em ratos *Wistar* através de inoculações sucessivas de proteínas totais de *T.evansi* com adjuvante de Freund completo e incompleto de acordo com o protocolo. O soro foi testado e apresentou uma titulação de 1:2000, reconhecendo proteínas específicas na fração enriquecida com proteínas de membrana.

Palavra chave: Proteômica; *T.evansi*; Diagnóstico; Mal das cadeiras; Anticorpo.

ABSTRACT

BATISTA, Franciane. **Proteomic analysis of solubilized membrane proteins of *Trypanosoma evansi***. 2016. 226f.

Trypanosoma evansi is the etiologic agent of the disease known as "Mal das cadeiras" or "Surra". It is a disease of the utmost importance, because it causes great economic losses in livestock in some countries. Different species of animals are affected by this pathogen and severity varies with the host. The main specie affected are horses which present different clinical signs according to the evolution of the disease. The most severe form is when it reaches the central nervous system, causing limited mobility. This is the most characteristic clinical signs of the disease, but non-specific signs such as anemia, immunosuppression, jaundice and decrease in production can also be observed. The parasite interaction with the host is performed between the interaction of cells of the immune system and parasite surface proteins. In order to know more in detail this interaction, *T. evansi* surface proteins were solubilized using Triton X-114 and analyzed. Cryopreserved *T. evansi* were used for experimental infection of mice with an inoculum performed intraperitoneally in biological triplicates. The infection of these animals was accompanied by daily blood smears stained with Panotic and viewed under an optical microscope. Purification of the parasite was performed with Percoll® followed by column chromatography of DEAE-cellulose equilibrated with PBS-Glucose. After this procedure the *T. evansi* were stored in -80 ° C freezer for

later extraction of proteins. The surface proteins were extracted according to protocol established previously. The proteins were analyzed by LC-ESI-MS / MS in the Centers for Disease Control and Prevention (CDC) in Atlanta, USA for identification. The result was interpreted using the MASCOT and the database of gene sequences of *Trypanosoma evansi* and *Trypanosoma brucei*. It was possible to identify 439 proteins membrane rich fraction. Some proteins of interest were selected and analyzed by bioinformatics to obtain data on the prediction of its location and possible presence of epitope. To evaluate the recognition of specific proteins by immunoblotting was developed a polyclonal antibody against *T. evansi*. This antibody was produced in rats by successive inoculations of *T.evansi* proteins with complete and incomplete Freund's adjuvant according to the protocol. The serum was tested and showed a titer of 1: 2000, recognizing specific proteins in the fraction enriched with membrane proteins.

Keywords: Proteomics; *T.evansi*; Diagnosis; Surra; Antibody.

LISTA DE ABREVIATURAS

AFC: Adjuvantede Freund Completo
AFI: Adjuvante de Freund Incompleto
APS: Persulfato de amônio
CDC: Centers for Diseases Control and Prevention
CETEA: Comitê de Ética em Experimentação Animal da UDESC
DEAE-Celulose: Dietilaminoetil celulose
DNA: Ácido Desoxirribonucleico
PCR: Reação em Cadeia da Polimerase
EDTA: Ácido Etilenodiamino Tetra-Acético
ELISA: Ensaio Imunoenzimático
FDR:False Discovery Rate
HCl: Ácido Clorídrico
HEPES: 4-(2-hydroxyethyl)-1-piperazineethanesulfonic acid
LC-ESI-MS/MS: Automated liquid chromatography-electrospray ionization-tandem mass spectrometry
MS/MS: Espectrometria de massa/espectrometria de massa
NaCl: Cloreto de sódio
PBS: Phosphate-buffered saline
PBS-G: Phosphate-buffered saline- glucose
PMSF: Phenylmethanesulfonyl fluoride
SBA: Sobrenadante A
SDS-PAGE: Sodium Dodecyl Sulphate-Polyacrylamide Gel Electrophoresis
SEP: Enriquecida com proteínas da superfície
TEMED: Tetramethylethylenediamine
Tris-HCL: Tris(hydroxymethyl)aminomethane hydrochloride
Triton X-114: Detergente não iônico
UFSM: Universidade Federal de Santa Maria

LISTA DE FIGURAS

Figura 1: Distribuição geográfica do <i>T.evansi</i> segundo a OIE em 2013	33
Figura 2: Inoculação do agente através da picada do vetor e multiplicação sanguínea das formas tripomastigota do <i>T.evansi</i>	35
Figura 3: Equino infectado por <i>T. evansi</i> apresentando déficit propioceptivo	38
Figura 4: Representação esquemática da estrutura da âncora de GPI	48
Figura 5: Inoculação intraperitoneal de <i>T.evansi</i>	52
Figura 6: <i>T.evansi</i> no microscópio óptico aumento 100X	52
Figura 7: Punção sanguínea, intra-cardíaca realizada em camundongo previamente infectado com <i>T.evansi</i>	53
Figura 8: Separação da papa de leucócitos pelo uso do percoll.....	53
Figura 9: Purificação do <i>T.evansi</i> com a coluna de troca iônica DEAE-celulose	53
Figura 10: Esquema para extração das proteínas de membrana do <i>T.evansi</i>	58
Figura 11: Avaliação do título do anticorpo policlonal produzido contra as proteínas totais de <i>T. evansi</i> pela técnica de <i>western blot</i>	63
Figura 12: Gel corado com <i>Coomassie Brilliant Blue</i> e Gel corado com Nitrato de Prata	66
Figura 13: Diferentes proteínas identificadas de acordo com o banco de dados de <i>T. brucei</i> disponíveis no NCBI no ano de 2013	67
Figura 14: Localização celular das proteínas de <i>T. evansi</i> obtidas na fração enriquecida com proteínas de membrana, de acordo com o programa Psort	68

Figura 15: Western Blot das proteínas de membrana do <i>T.evansi</i> , realizado com o anticorpo produzido em rato, na titulação de 1:2000	74
Figura 16: Regiões hidrofílicas e hidrofóbicas da proteína de acordo com o programa BepiPred.....	76
Figura 17: Regiões hidrofílicas e hidrofóbicas da proteína de acordo com o programa BepiPred.....	78
Figura 18: Domínio trans-membranar apresentado pela proteína, de acordo com o programa TMHMM ...	79
Figura 19: Regiões hidrofílicas e hidrofóbicas da proteína de acordo com o programa BepiPred.....	80
Figura 20: Regiões hidrofílicas e hidrofóbicas da proteína de acordo com o programa BepiPred.....	82
Figura 21: Domínio trans-membranar apresentado pela proteína, de acordo com o programa TMHMM ...	83
Figura 22: Regiões hidrofílicas e hidrofóbicas da proteína de acordo com o programa BepiPred.....	84
Figura 23: Domínio trans-membranar apresentado pela proteína, de acordo com o programa TMHMM ...	85
Figura 24: Regiões hidrofílicas e hidrofóbicas da proteína de acordo com o programa BepiPred.....	86
Figura 25: Domínio trans-membranar apresentado pela proteína, de acordo com o programa TMHMM ...	87
Figura 26: Predição da estrutura 3D da proteína identificada de acordo com o programa Phyre ²	88
Figura 27: Regiões hidrofílicas e hidrofóbicas da proteína de acordo com o programa BepiPred.....	89
Figura 28: Domínios trans-membranares	90
Figura 29: Regiões hidrofílicas e hidrofóbicas da proteína de acordo com o programa BepiPred.....	91
Figura 30: Domínio transmembranar.....	92
Figura 31: Predição da estrutura 3D da proteína identificada de acordo com o programa Phyre ² . A região em vermelho corresponde com a fração que serve como epitopo ligante de células B	93

LISTA DE TABELAS

Tabela1: Programas de bioinformática utilizados para análise das proteínas identificadas	70
Tabela 2: Proteínas identificadas com base nos programas de bioinformática. ID: Nome da proteína identificada. PM: Peso molecular das proteínas. TMD: Presença de domínio transmembrana de acordo com o programa TMHMM. TARGET P: apresentação de qual via pertence à proteína. SIGNAL P: Presença de peptídeo sinal. PSORT: localização celular. FRAGANCHOR: Presença de âncora de GPI. PRED: Presença de âncora de GPI ..	71
Tabela 3: Apresentação das proteínas que possuem regiões de aminoácido que atuam como epitopos ligantes de células B. ID: Identificação, fração que atua como ligantes de células B, início e fim da fração que atua como epitopo ligantes de células B e classificação da região que serve como epitopo	72
Tabela 4: Proteínas que apresentam domínio transmembranar	94

SUMÁRIO

1 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	29
1.1TRIPANOSSOMOSE	29
1.2 <i>Trypanosoma evansi</i>	30
1.2.1 Histórico.....	30
1.2.2 Biologia.....	31
1.2.3 Epidemiologia	31
1.2.4 Distribuição.....	33
1.2.5 Impacto Econômico	33
1.2.6 Transmissão	35
1.2.7 Sinais Clínicos	36
1.2.8 Diagnóstico.....	38
1.2.9 Tratamento e controle.....	43
1.3PROTEÔMICA	44
1.3.1 Glicosilfosfatidilinosítóis (GPIs).....	46
2 OBJETIVOS	49
3 MATERIAIS E MÉTODOS	51
3.1 Obtenção do parasito	51
3.2 Purificação do parasito	52
3.3 Produção de anticorpo policlonal de <i>T.evansi</i>	54
3.4 Análise proteômica das proteínas de membrana do <i>T.evansi</i>	55
3.4.1 Extração das proteínas de membrana.....	55
3.4.2 Digestão proteolítica das frações enriquecidas com proteínas de superfície (SEP) em solução (in solution).....	58
3.4.3 SDS-PAGE	59
3.4.4 Análise por espectrometria de massas in tandem (LC-ESIMS/MS) das proteínas presentes nas frações enriquecidas com proteínas de superfície (SEP).....	60
3.4.5 Processamento e análise dos espectros de massas	61

4 RESULTADO E DISCUSSÃO.....	63
4.1 Produção de anticorpo policlonal.....	63
4.2 Avaliação das proteínas de membrana de <i>T.evansi</i>	65
4.3 Proteínas Identificadas	75
5 METAS ALCANÇADAS E PERSPECTIVAS	
FUTURAS	99
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	101
ANEXOS	111

1 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

1.1 TRIPANOSSOMOSE

Tripanossomose são doenças causadas por *Trypanosomas* os quais pertencem ao filo Euglenozoa ordem Kinetoplastea. Esta ordem se encontra dividida em 2 sub-ordens: Bodonina e Trypanosomatina. Estes protozoários têm como característica principal a presença de cinetoplasto (SILVA, 2002). O gênero *Trypanosoma* é dividido em duas seções: Salivaria e Stercoraria. Pertencem a seção Salivaria aqueles que se desenvolvem na porção anterior do trato digestivo dos insetos que atuam como vetor e são transmitidos por via inoculativa através da picada e Stercoraria aqueles que se desenvolvem na porção posterior do trato digestivo do inseto e são transmitidos através das fezes do mesmo (DESQUESNES et al., 2013a). Diferentes espécies pertencentes ao gênero *Trypanosoma* são responsáveis por importantes doenças que acometem tanto humanos como animais. *Trypanosoma brucei* é o agente responsável pela doença do sono que afeta meio milhão de pessoas e ameaça mais de 60 milhões de pessoas na África (DESQUESNES et al., 2013a). Outra doença de extrema importância é a doença de Chagas causada pela espécie *Trypanosoma cruzi*, esta doença é considerada uma das doenças parasitárias mais impactante das Américas. Milhares de pessoas são acometidas e não existe perspectiva para controle e erradicação da doença (TARLETON, 2016). O *Trypanosoma vivax* também se destaca pelo grau de patogenicidade que apresenta aos animais, este agente é responsável por grandes perdas econômicas na pecuária brasileira (SILVA, 2002). O *Trypanosoma evansi* é outra espécie dentro deste gênero

que vêm acometendo uma gama de hospedeiro com maior importância em equinos, em alguns países já se tornou endêmico e vêm acumulando prejuízos à pecuária. Este agente foi abordado neste estudo que visa fornecer mais informações à respeito deste protozoário, para que possamos encontrar medidas que auxiliem no controle do microrganismo.

1.2 *TRYPANOSOMA EVANSI*

1.2.1 Histórico

Trypanosoma evansi foi o primeiro dos tripanossomas que acometem mamíferos a ser descrito no mundo. Em 1880, Griffith Evans, que era filho de fazendeiro e Médico veterinário e se dedicava ao estudo de doenças que acometiam animais, foi convidado por autoridades britânicas para ajudar esclarecer a causa de uma doença que estava ocasionando um surto em equinos na Índia. Ao se deparar com animais doentes examinou o sangue dos mesmos e observou através de um esfregaço a presença de organismos móveis no sangue. Evans suspeitou que aquele microrganismo pudesse ser a causa da doença nos animais acometidos e confirmou sua hipótese através da inoculação do sangue dos animais doentes em animais sadios (FALLIS, 1986). Os microrganismos encontrados foram primeiramente classificados como espiroquetas e posteriormente então denominados como protozoários (FALLIS, 1986; HOARE, 1972).

1.2.2 Biologia

Estudos mostram que *T. evansi* é derivado de *T. brucei brucei* (ciclicamente transmitidos por moscas tsé-tsé), mas que já não é capaz de fazer parte de seu ciclo evolutivo em moscas do gênero *Glossina* sp. devido à perda dos maxicírculos do cinetoplasto mitocondrial. Não se sabe ao certo quando este evento ocorreu, mas pesquisadores sugerem que pode ter ocorrido aos poucos durante a evolução (BORST; FASE-FOWLER; GIBSON, 1987; LAI et al., 2008).

Trypanosoma evansi é considerado uma espécie diferente de *T. brucei*, principalmente com base na morfologia e até certo ponto em algumas das suas características biológicas. Este protozoário tem sido descrito como sendo monomórfico ao contrário de *T. brucei* que é pleomórfico (LOSOS, 1980). Quando observado em amostras de sangue fresco, *T. evansi* apresenta as características de parasitos delgados, com tamanho pequeno (em comparação com *Trypanosoma theileri*), mais largo (comparado com *T. congolense*), com extremidade posterior fina, flagelo livre, movimentos ativos, (mas produzindo deslocamentos limitados no campo do microscópio) e membrana ondulante altamente visível (DESQUESNES et al., 2013b; SILVA et al., 2002).

1.2.3 Epidemiologia

O *T. evansi* é um hemoflagelado que infecta uma grande variedade de mamíferos, incluindo cavalos, mulas, camelos, búfalos, bovinos e veados (BRUN; HECKER; LUN, 1998) produzindo vários graus de parasitemia e sinais clínicos (DESQUESNES et al., 2013c; GIBSON, 2005). Acredita-se que essa capacidade

de se adaptar em diferentes hospedeiros se deve ao fato da perda dos maxicirculos do DNA cinetoplástico(LUN; DESSER,1995).

Este agente sempre foi considerado um protozoário com capacidade apenas de infectar animais, até que JOSHI (2005) relatou a infecção em humanos. Trata-se de um caso onde um homem apresentou picos intermitentes de temperaturas e déficit sensitivos. Foi observado através de esfregaço sanguíneo a presença do agente na corrente sanguínea e foi confirmado pela técnica *Card Agglutination Test for Trypanosomiasis* (CATT), que se tratava de *T.evansi*. Nesse caso, foi atribuído que a causa da infecção era a deficiência de uma apoliproteína L1 que é responsável por promover a lise não imunomediada dos tripanossomas. Curiosamente recentemente foi relatado um caso onde uma mulher foi infectada com *T.evansi*, e não apresentava deficiência de apoliproteína L1(VAN VINH CHAU et al., 2016).

Dentre os animais o camelo tem sido apontado como o hospedeiro provável que se infectou com *T.brucei* em áreas infestadas por mosca tsé-tsé e em seguida disseminou a infecção em toda a África do Norte e Ásia nas caravanas de camelos de campanhas militares no século XIX e XX. Mais recentemente, a Índia foi apontada como local de origem de animais infectados que espalharam a “surra” por todo o continente asiático e ilhas do Oceano Índico(LOSOS, 1980). A infecção se expandiu ainda mais em todo o mundo e no início do século XX, casos foram descritos nos Estados Unidos e Austrália, mas foram rapidamente erradicados(LOSOS, 1980). Acredita-se que o *T. evansi* se propagou na América do Sul, através de cavalos importados da Espanha (HOARE, 1972).

1.2.4 Distribuição geográfica

A distribuição geográfica atual é bastante ampla, já houve relatos de casos em vários países em diferentes continentes (África, Europa e Ásia) (SILVA et al., 2002). No Brasil a doença também está bastante difundida, sendo que já ocorreram casos em várias regiões: no Mato Grosso do Sul (FRANKE; GREINER; MEHLITZ, 1994; STEVENS et al., 1989) Minas Gerais (NUNES et al., 2012) Rio Grande do Sul (RODRIGUES et al., 2005a, 2005b) e Santa Catarina (SILVA; OLIVEIRA, 2007). Em algumas regiões como no pantanal a doença é endêmica (SILVA et al., 2002).

A distribuição geográfica atual é representada na figura 1(DESQUESNES et al., 2013).

Figura 1: Distribuição geográfica do *T.evansis* egundo a OIE em 2013 e 2014.



Fonte: Desquesnes et al., 2013.

1.2.5 Impacto econômico

Sabe-se que a Surra é uma doença de grande impacto econômico, pois causa alta mortalidade,

diminuição na produção de leite e carne, perda da qualidade da carcaça, redução do desempenho reprodutivo e imunossupressão, porém até o momento existem informações limitadas acerca do impacto da surra nos países endêmicos (PAYNE et al., 1991; MANUEL, 1998; REID, 2002).

Em regiões como na América do Sul onde a pecuária apresenta uma importância econômica significativa, contribuindo com o PIB dos países, e onde o *T. evansi* está presente desde o final do século XIX, podemos considerar que todo rebanho (segundo indicadores mais de 300 milhões de cabeça de gado, 16 milhões de cavalos e 1,8 milhões de búfalos além de ovinos) corre então um risco potencial para surtos epidêmicos da doença causada por esse parasito. Seidl et al. (1998), demonstraram que o custo estimado para surtos de *T. evansi* no Pantanal Mato-grossense (Brasil) seriam de 2,4 milhões de dólares. Estes números contribuem para que exista um alto risco de surtos de infecção causados pelo *T. evansi*, principalmente em regiões em que os casos de infecção não são notificados, como no Brasil.

Como exemplo pode-se citar o Estado de Santa Catarina que segundo o censo agropecuário de 2006 (IBGE, 2006) era o único dos estados do Sul do Brasil onde o número de cabeças de gado cresceu desde o último censo e que, comparando com sua área geográfica, teve o maior aumento na quantidade de produção de leite. Como a criação está focada principalmente em pequenos produtores, surtos de doenças espoliativas, como esta tripanosomose, podem arrasar a cadeia produtiva no estado.

A transmissão também pode ser vertical, horizontal e iatrogênica com importância epidemiológica variável de acordo com a região e estação do ano (DESQUESNES et al., 2013). A epizootologia é caracterizada por uma alta incidência inicial de morbidade e mortalidade seguida pela redução na incidência da infecção e da severidade da doença. O mesmo padrão é observado localmente, quando um novo foco de infecção ocorre ou quando animais suscetíveis são introduzidos em uma área enzoótica. Os surtos epidêmicos de tripanosomose por *T. evansi* tendem a envolver diferentes hospedeiros animais em diferentes partes do mundo (SILVA et al., 2002).

Enquanto quase todas as espécies de mamíferos são receptivas a infecção, sua susceptibilidade não só é altamente variável de uma espécie para outra, mas também pode ser variável a partir de uma área geográfica para outra (DESQUESNES et al., 2013). Os habitats distintos e padrões de comportamento de pequenos roedores, morcegos e tatu sugerem que ainda há fatores desconhecidos subjacentes aos ciclos de transmissão (HERRERA et al., 2004).

1.2.7 Sinais Clínicos

Há diferentes graus de severidade em síndromes causada por *T. evansi*, a intensidade dos sinais podem variar desde inaparente até letal, dependendo a espécie hospedeira, susceptibilidade e a virulência da cepa. Quando introduzido em uma área livre a mortalidade pode chegar a 50% (DA SILVA et al., 1995). Entre os efeitos não visíveis, mas muito importantes da surra é imunossupressão (DESQUESNES et al., 2013).

Em equinos o período de incubação é de 1 a 4 semanas podendo prolongar-se até oito, após esse

período é observado o desenvolvimento dos sinais clínicos como: fraqueza, letargia, anemia, perda de peso, hemorragias petequiais nas pálpebras, especialmente das membranas nictitante, vulvar e mucosa vaginal, hemorragias na câmara anterior do olho, aborto, alteração de locomoção com sinais nervosos classicamente descritos em cavalos, tais como andar cambaleante conhecido como "Mal de caderas" e edema (submandibular, pernas, peito, abdômen, testículos e úbere) (DESQUESNES et al., 2013). O sinal clínico característico da infecção em equinos são distúrbios neurológicos caracterizados por paresia gradual dos membros pélvicos, incoordenação e relutância em se mover como mostra a Figura 3(RODRIGUES et al., 2005b). Quando não tratada a doença pode matar em duas a oito semanas. Os animais podem morrer repentinamente ou exibir sinais de delírios antes da morte (SUDARTO; TABEL; HAINES, 1990).

Em bovinos a "Surra" resulta em anemia, perda de peso, diminuição na produção de carne e leite. Durante a evolução da fase crônica muitas vezes os animais devem ser sacrificados, o que acarreta grandes prejuízos econômicos para o setor (DESQUESNES et al., 2013). Ocasionalmente também pode ocorrer aborto, aumento da temperatura, anemia, diminuição brusca no escore corporal ocasionando a interrupção do estro, principalmente em novilhas (PAYNE et al., 1993). Outros animais domésticos como ovelhas, cabras, suínos e cães apresentam principalmente temperatura intermitente e anemia. Alguns animais como capivaras (SILVA et al., 2002), javalis e suínos servem como reservatório natural do agente (REID et al., 1999).

Figura 3: Equino infectado por *T. evansi* apresentando déficit proprioceptivo.



Fonte: Rodrigues et al., 2005.

1.2.8 Diagnóstico

Os sinais clínicos gerais de infecção por *T. evansi* não são suficientemente patognomônico para o diagnóstico diferencial, dessa forma métodos laboratoriais para a detecção do parasito são necessários. O diagnóstico definitivo envolve o uso de técnicas de diagnóstico parasitológicas, imunológicas ou moleculares (DESQUESNES et al., 2013), entretanto mesmo essas

técnicas apresentam algumas limitações provocadas principalmente à proximidade genética entre as diversas espécies de tripanosomas. É comum o aparecimento de reações cruzadas, uma vez que tripanosomas da seção “Salivaria” compartilham antígenos de superfície com outros membros da família Trypanosomatidae (OBISHAKIN et al., 2014).

Além disso, por mais que os tripanossomas tenham sido estudados nos últimos anos, ainda encontramos uma baixa sensibilidade e especificidade no diagnóstico definitivo. O diagnóstico preciso da doença é extremamente importante, para identificar os animais para o tratamento, para monitorar a prevalência da doença assim como controlar o uso indevido de tripanocidas (SINGH; SHYMA; GUPTA, 2014).

Os métodos parasitológicos e imunológicos utilizados para o diagnóstico são descritos brevemente a seguir:

- Métodos Parasitológicos:

A estrutura da forma sanguínea é uma das características mais importantes que devem ser observados no momento do diagnóstico, pois as várias espécies de tripanossomas diferem no tamanho, forma do corpo, posição do núcleo e cinetoplasto. A membrana ondulante presente no flagelo também podem apresentar característica diferentes (SILVA et al., 2002).

A técnica de mais fácil detecção de tripanosomas em sangue periférico é o exame microscópico direto do sangue, seja pelo método de película úmida para detectar tripanosomas móveis ou, esfregaço sanguíneo, quando os parasitas são identificados com base na sua morfologia. Esta técnica é a mais adequada para análise de um grande número de amostras, entretanto torna-se insensível com a cronicidade da doença (SINGH, 1985).

O exame de “buffy coat” é mais sensível do que o esfregaço sanguíneo uma vez que concentra os parasitos logo acima da camada leucocitária(WOO, 1969). Outros métodos tais como a técnica de centrifugação do micro-hematócrito (MHCT) e a técnica de micro cromatografia de troca iônica (MAECT) (SRIVASTAVA et al., 1998; REID et al., 2001) são de difícil aplicação a campo uma vez que necessitam de suporte de equipamento laboratorial.

A técnica parasitológica considerada padrão ouro é a da infecção experimental tanto em ratos e camundongos (SINGLA et al., 2002), graças à alta suscetibilidade dos roedores para a multiplicação de *T. evansi* (MONZON et al., 1990). Isto, no entanto, não é uma prática salutar devido a razões éticas relacionadas a utilização de animais. Além disso, o custo de manutenção dos animais faz com que o método seja proibitivamente caro e trabalhoso para o diagnóstico de rotina.

Infecções crônicas não podem ser identificadas pelos exames parasitológicos devido à baixa parasitemia no sangue periférico apresentada nesses casos, o que leva a permanência de um grande número de animais positivos não identificáveis (LUCKINS, 1992). Esta situação fez com novas metodologias de diagnóstico fossem desenvolvidas.

- Imunoensaios para a detecção de anticorpos contra *T. evansi*:

Diferentes testes sorológicos foram desenvolvidos para detectar anticorpos circulantes no soro de animais infectados. Um dos métodos utilizados para o diagnóstico do *T. evansi* em diferentes espécies de animais domésticos foi o teste de fixação do complemento. Porém, trata-se de uma técnica propensa a interferência da atividade anti-complementar em soros de várias espécies de animais, e a preparação dos antígenos satisfatórios

para a fixação do complemento é bastante difícil(GILL, 1970;SABANSHIEV, 1973).

O teste de hemaglutinação indireta (RHA) é um dos mais sensíveis na detecção de anticorpos anti *T.evansi*, mas não possibilita a diferença entre antígenos homólogos e heterólogos (GILL,1964).

Um grande avanço para o diagnóstico de *T.evansi* foi a criação do teste de imunofluorescência indireta (WILLIAMSet al., 1963). É umas das técnicas mais aplicadas, mas que também apresenta restrições ao uso, devido a dificuldade na preparação e armazenamento de grande quantidade de esfregaços de sangue, assim como a apresentação de reações cruzadas com outros tripanossomas.

Quando surgiu o teste de ELISA várias possibilidades foram testadas, proporcionando um maior leque de alternativas. Jon (1988) demonstrou que o teste de micro-ELISA foi adequado para a detecção de anticorpos específicos (tanto IgG como IgM) em soros de caprinos experimentalmente infectados com *T. evansi*, de 9 dias a 17 semanas pós inoculação. Singh et al. (1992, 1994) demonstrou que o ELISA é uma abordagem interessante para o diagnóstico da “Surra” latente em camelos relatando logo em seguida que o Ag-ELISA é mais sensível e específico em relação ao anticorpo ELISA para o diagnóstico de latente de tripanosomose em búfalos e cavalos (SINGHet al.,1995). O Dot-ELISA e o ELISA de inibição competitiva (CI-ELISA)foram também otimizadas para a detecção de anticorpos contra *T. evansi* em dromedários (SHAHARDARet al., 2003).Bajyana e Hamers (1988) desenvolveram o teste em cartão de aglutinação para tripanosoma (CATT), com base na utilização de um tipo de antígeno variável generalizada ROTAT 1.2 do *T. evansi* para a detecção de anticorpos nos soros de suínos, bovinos, búfalos, cavalos e camelos.

O teste é considerado um método de diagnóstico sensível para a detecção anticorpos anti- *T. evansi*, sendo sua eficiência já observada em amostras de búfalos considerados negativos. Além disso, o CATT não revelou reatividade cruzada com *Theileriaannulatae* *Babesiabigemina*. Entretanto testes com outros tripanossomatídeos não foram avaliados (NANTULYA, 1990). Este teste (CATT) é recomendado pela Organização Mundial de Saúde Animal (OIE) para o diagnóstico de rotina da tripanossomose.

- Imunoensaios para a detecção de antígenos circulantes de *T. evansi*

A detecção utilizando diagnóstico por anticorpo é prejudicada pela sua incapacidade em distinguir entre as infecções correntes e passadas por causa da persistência dos títulos dos anticorpos e de resultados falsos positivos. A primeira tentativa de detectar antígenos de tripanossomas foi feita em *T. cruzi* (ARAUJO, 1982), mas a sensibilidade obtida foi baixa.

No diagnóstico do *T. evansi*, tentativas de se encontrar antígenos circulantes foram experimentadas através de imuno-eletroforese (SINGH; CHHABRA, 1993), usando-se anticorpo policlonal anti- *T. evansi* (RAE; LUCKINS, 1984), por ELISA indireto em bovinos e búfalos, desenvolvido com base em anticorpo monoclonal (SWARNKAR et al., 1993) e em teste de aglutinação em látex para a detecção de antígenos invariantes de *T. evansi* (NANTULYA, 1994).

Estudos anteriores demonstraram que os antígenos de tripanossomas são detectáveis por meio de imunoensaio em soros de bovinos infectados (LIU; PEARSON, 1987; MASAKE; NANTULYA, 1991; NANTULYA et al., 1992; KASHIWAZAKI et al., 1994) roedores, macacos (LIU et al., 1988) e nos seres humanos (LIU et al., 1989). Trabalhos anteriores demonstraram

também que antígenos de tripanossoma (em infecções mistas com *T.b. gambiense* e *T.b. rhodesiense*) aparecem no sangue logo após a infecção (LIU; PEARSON, 1987; LIU et al., 1988) permanecendo em níveis detectáveis ao longo da infecção (independentemente de a população de parasitos oscilante associado com variação antigênica) e sendo reduzidos a níveis indetectáveis dentro de semanas (LIU et al., 1989; LIU et al., 1989b).

1.2.9 Tratamento e Controle

Na Índia o tratamento de animais baseado nos sinais clínicos é bastante comum, o que favorece a resistência aos tripanocidas disponíveis atualmente (SINGH; SHYMA; GUPTA, 2014). Quinapiramina, suramina, melarsomina e cymelarsan são os principais compostos utilizados no tratamento do *T.evansi* em equinos, camelos e búfalos (PEREGRINE, 1994). Quinapiramina e suramina são os princípios mais utilizados na China, porém o fácil acesso, devido ao preço baixo, e o uso incorreto estão levando ao aparecimento de resistência a esse fármaco (LIAO; SHEN, 2010). Há muito tempo esses compostos vêm sendo utilizados, isso reforça a importância da descoberta de novos alvos, para que novas opções de medicamentos possam ser utilizados.

No Brasil o princípio químico utilizado no tratamento da Surra é o aceturato de diminazeno (SILVA, 2002) o mesmo princípio também se mostrou eficiente no tratamento de equinos e mulas infectadas com *T. evansi* na Tailândia (TUNTASUVAN et al., 2003).

Devido à falta de vacina contra tripanossomas, o controle da doença baseia-se principalmente sobre o uso de tripanocidas e métodos preventivos para proteger os

animais contra a infecção (DESQUESNES et al., 2013). Silva et al. (2002) relata que durante décadas vários métodos de controle, tais como desmatamento, uso de machos estéreis e armadilhas impregnadas com inseticidas para o controle dos vetores, pulverização de inseticidas nos animais, na vegetação, uso de inseticidas *pouron* e quimioprofilaxia foram tentados na África. Porém atualmente apenas a quimioprofilaxia e o controle dos vetores com drogas *pouron* e armadilhas impregnadas com inseticidas continuam sendo usadas.

É necessário que novas metodologias de controle, tratamento e diagnóstico sejam descobertos, para isso muitas pesquisas estão em desenvolvimento. O estudo das proteínas de membrana do *T.evansi* visa identificar alguma proteína que seja vital para o agente no desenvolvimento da doença e específico do *T.evansi* para que possamos utilizar esse alvo como futuro alvo terapêutico e diagnóstico.

1.3 PROTEÔMICA

O termo proteômica engloba um conjunto de técnicas que nos permite estudar de uma forma mais abrangente as proteínas, as quais apresentam uma incrível diversidade de propriedades químicas, com uma ampla gama de atividade catalítica, peso molecular e solubilidade (MCDONALD; YATES, 2002).

Atualmente apenas um trabalho foi publicado a respeito de proteômica do *T.evansi*. Resumidamente, neste trabalho os autores coletaram o sangue de um camelo infectado e inocularam em um camundongo. Após obter uma alta parasitemia coletaram o sangue do animal e purificaram os parasitos, os quais foram lisados e realizado a extração das proteínas. Foi então feita a

técnica de SDS-PAGE, onde foi possível visualizar diferentes bandas de proteínas. O gel foi dividido em diversas fatias e realizado a digestão com o uso de tripsina. O produto dessa digestão foi analisado por RPLC seguido de espectrometria de massa. Neste trabalho foram identificadas 166 proteínas do extrato total envolvidas em diferentes processos metabólicos. Avaliando a solubilidade das proteínas, algumas foram classificadas como proteínas ligadas a membrana (ROY et al., 2010).

As proteínas integrais de membrana estão entre as proteínas mais importantes dentro de uma célula, devido à sua forte implicação na sobrevivência celular. Elas representam um terço das proteínas codificadas pelo genoma humano, e são muitas vezes sub-representadas em perfis proteômicos (SANTONI; MOLLOY; RABILLOUD, 2000). A escolha deste grupo de proteínas como ferramenta de trabalho está relacionada com as inúmeras funções que exercem como: a comunicação com células de ambiente externo, regulam o reconhecimento da resposta imune, atuam como alvo para a maioria das drogas farmacêuticas, responsáveis pela adesão celular nos tecidos e atuam no controle de processos metabólicos (GILMORE; WASHBURN, 2010). Uma característica desse grupo de proteína é sua natureza anfipática (com regiões hidrofílicas e hidrofóbicas) com diferentes cadeias de peptídeos que passam através da membrana (SPEERS; WU, 2007).

1.3.1 Glicosilfosfatidilinositóis (GPIs)

Apesar do *T. evansi* ser conhecido há mais de 120 anos, existe pouca informação sobre o isolamento e caracterização de proteínas específicas e de moléculas ancoradas desse parasito.

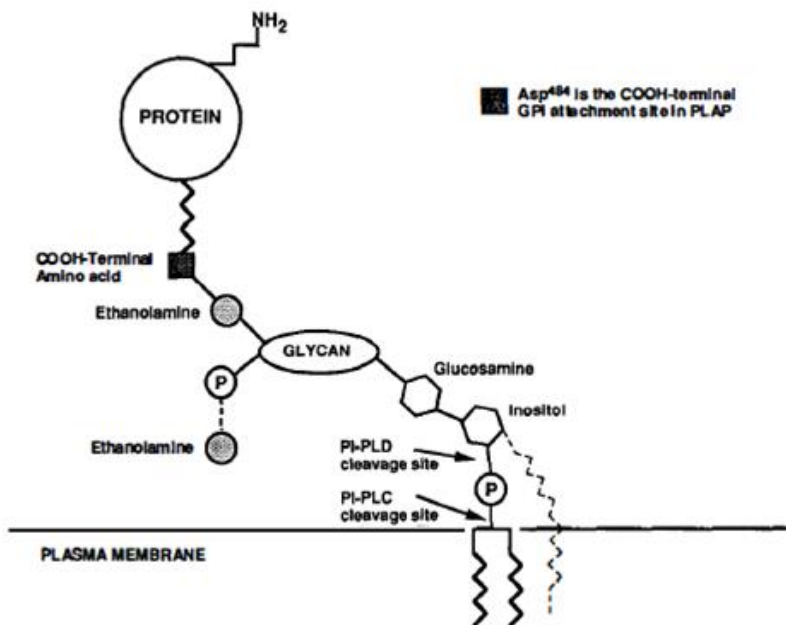
Os tripanossomas africanos, tais como o *T. evansi* possuem na parte externa de sua membrana plasmática uma cobertura de 10-15 nm de espessura de glicoproteínas, que diferem em estrutura conforme a população do parasita. Estas VSGs (glicoproteínas variantes de superfície) estão inseridas na membrana através de âncoras de GPI e são responsáveis pelas variações antigênicas observadas na infecção pelo parasito (RICHARDS, 1984). As variações antigênicas são explicadas também pela condição epizootiológica, a espécie do hospedeiro e outros fatores relacionados ao animal como outras infecções, estresse e subnutrição (MATHUR, 1972; JONES, 1985). A ancoragem de moléculas nas membranas biológicas por GPIs é uma modificação pós-traducional onipresente em proteínas tanto em eucariotos inferiores como superiores (MCCONVILLE; FERGUSON, 1993). Em mamíferos, a biossíntese de GPI é vital para o desenvolvimento embrionário, e proteínas ancoradas por GPI participam de importantes processos biológicos, tais como as interações célula-célula, transdução de sinal, endocitose, regulação do sistema complemento e apresentação antigênica (MCCONVILLE; FERGUSON, 1993; ORLEAN; MENON, 2007; PAULICK; BERTOZZI, 2008).

Em eucariotos inferiores, especialmente leveduras e protozoários, moléculas ancoradas por GPI, também demonstraram ter importância em várias funções biológicas (FERGUSON, 1999; MCCONVILLE; MENON, 2000; ORLEAN; MENON, 2007). Em protozoários

patogênicos (*Trypanosoma cruzi*, *Trypanosoma brucei*, *Leishmania major* e *Plasmodium falciparum*), por exemplo, glicoconjugados ancorados por GPI, recobrem a membrana plasmática estando envolvidos em muitos aspectos da interação hospedeiro-parasito, tais como a adesão e invasão das células hospedeiras, modulação e evasão da resposta imune do hospedeiro e patogênese (MC CONVILLE; FERGUSON, 1993; FERGUSON, 1999; MC CONVILLE; MENON, 2000; ALMEIDA et al., 2000; BUSCAGLIA et al., 2006; GAZZINELLI; DENKERS, 2006; ACOSTA-SERRANO et al., 2007).

A estrutura geral de uma âncora GPI é composta por uma cauda lipídica contendo fosfatidilinositol (PI) ou inositolfosforilceramida (IPC), ligada a um núcleo de carboidratos constituído por uma glicosamina (GlcN) seguida de três resíduos de manose (Man). Ligada à terceira manose distal da glicosamina, geralmente um resíduo de etanolaminafosfato (EtNP) liga a GPI com a parte C-terminal da proteína. Outras modificações da âncora podem ocorrer, tais como, inserção de resíduos extras de carboidratos, inserção de resíduos de EtNP e/ou aminoetilfosfonato (AEP), substituição do núcleo de carboidratos e/ou presença de um ácido graxo adicional ligado ao anel de mio-inositol, aumentando a complexidade da estrutura de GPI (FERGUSON, 1999; MC CONVILLE; FERGUSON, 1993). A estrutura da âncora de GPI está apresentada na figura 4.

Figura 4: Representação esquemática da estrutura da âncora de GPI.



Fonte: Ferguson, 1999; McConville; Ferguson, 1993.

Devido à sua estrutura complexa e a natureza anfífilica, GPIs e proteínas ancoradas por GPI são ligeiramente difíceis de ser extraídas, purificadas e totalmente caracterizadas. Recentemente, Nakayasuet al. (2009), desenvolveram uma cromatografia de fase reversa com resina de poliestireno-divinilbenzeno (POROS R1) (DEPHILLIPS et al., 1994; WHITNEY et al., 1998), para purificar moléculas ancoradas por GPI e GPIs livre (GIPLs) de *T. cruzi*. Este passo cromatográfico foi acoplado ao espectrômetro de massa e usado para a análise dos GIPLs e GPIs liberadas por proteinases. Como resultado demonstraram que o GPIoma do *T. cruzi* é muito mais complexo do que se sabia anteriormente.

2 OBJETIVOS

- Identificar as proteínas presentes na fração enriquecida de membrana do *T. evansi* extraída com Triton X-114 utilizando a abordagem proteômica LC-ESI-MS/MS.
- Identificar proteínas alvos para marcadores de diagnóstico específico de *T. evansi* baseados no reconhecimento de antígenos de superfície, por anticorpo de *T. evansi* produzido em ratos e por análise proteômica.

3 MATERIAIS E MÉTODOS

3.1 OBTENÇÃO DO PARASITO

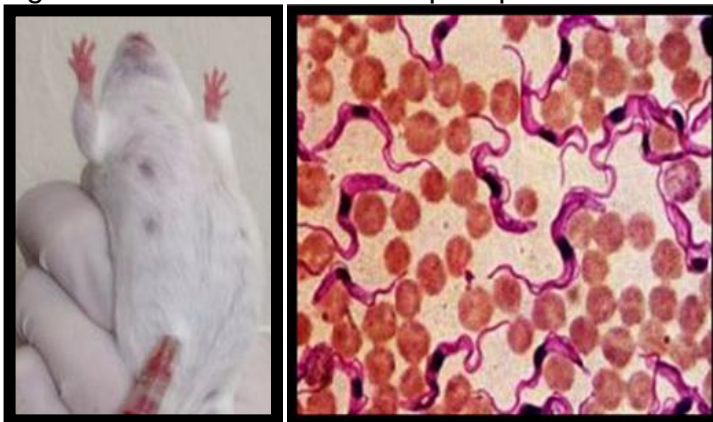
Para realização do estudo das proteínas de membrana do *T. evansi* foi utilizado um isolado criopreservado, armazenado em nitrogênio líquido. O isolado foi cedido gentilmente pela Prof^a.Dra. Silvia Gonzalez Monteiro da Universidade Federal de Santa Maria.

Para obter grande quantidade de *T. evansi*, camundongos Balb/C foram utilizados como cobaias. Como protocolo foi utilizado durante o projeto, triplicatas biológicas. A inoculação dos protozoários foi realizada por via intraperitoneal, com acompanhamento diário da parasitemia (Figura5). A técnica utilizada para controle da parasitemia foi punção na veia caudal e esfregaço sanguíneo corado com panótico seguido por visualização ao microscópio óptico.

Após atingir uma parasitemia em torno de 40 tripomastigotas de *T.evansi* por campo óptico (Figura 6), os animais foram anestesiados com quetamina conforme protocolo nº1.34.13 aprovado pelo CETEA-UDESC e submetido ao procedimento de punção cardíaca com seringa contendo EDTA 0,5M.

Figura 5: Inoculação intraperitoneal de *T.evansi*.

Figura 6: *T.evansi* no microscópio óptico aumento 100X



Fonte: próprio autor

3.2 PURIFICAÇÃO DO PARASITO

Para purificação dos tripomastigotas, o sangue obtido na punção cardíaca (Figura 7) foi misturado com Percoll® tamponado com HEPES, pH 7,4 %, contendo 8,5% de sacarose e 2,5% de glicose na proporção de 1:1 e centrifugado durante 25 minutos a 15557g a 4°C. Após esse procedimento os precipitados de parasitas sofreram três lavagens com o mesmo tampão, e foram ressuspensos em 5mL de PBS com glicose. Os parasitos parcialmente purificados foram cromatografados em coluna de DEAE celulose e equilibrada com PBS /glicose (Figura 8). As frações eluídas da coluna foram avaliadas ao microscópio e aquelas que apresentaram os parasitas foram reunidas e centrifugadas. Durante a purificação foi realizado o acompanhamento das frações purificadas, através da visualização ao microscópio óptico. Cada coluna de DEAE produzida foi utilizada apenas uma vez para evitar o desperdício das amostras,

pois as colunas não apresentam a mesma atividade quando são reaproveitadas (Figura 9).

Figura 7: punção sanguínea, intra cardíaca realizada em camundongo previamente infectado com *T.evansi*.



Fonte: próprio autor

Figura 8: Separação da papa de leucócitos pelo uso do Percoll®.

Figura 9: Purificação do *T.evansi* com a coluna de troca iônica DEAE-celulose



Fonte: próprio autor

3.3 PRODUÇÃO DE ANTICORPO POLICLONAL DE *Trypanosoma evansi*

Para produção do anticorpo, foram utilizados três ratos Wistar, machos com 4 meses de idade, sendo que dois foram utilizados para a produção do anticorpo e um como controle. Dois antígenos diferentes foram utilizados, um deles foi proteínas totais de *T.evansi* e outro o protozoário fixado com formol 4%. Esses ratos foram submetidos a um processo de imunização com os diferentes antígenos.

Para a preparação do antígeno foram extraídas as proteínas totais de um precipitado de *T.evansi*. O tampão de lise (150mMNaCl, 10 mM Tris-HCL pH 7,4, 2% Triton X-114, 1 mM PMSF + 3ul de coquetel inibidor de proteaseSigma-Aldrich, ST. Louis, EUA) foi adicionado no precipitado e deixado durante uma hora em gelo com agitações a cada dez minutos. Após esse período, foi centrifugado a 8.800 g por dez minutos a 0°C. Após a extração, as proteínas foram dosadas pelo método BRADFORD(ZAIA; ZAIA; LICHTIG, 1998). O antígeno fixado foi preparado através da adição de 1mL de formol 4% sobre o precipitado de parasitos.

Os antissoros foram produzidos através da imunização de três ratos. Um dos animais foi inoculado com extrato de proteínas totais de *T.evansi* (270 µg de proteínas) e 100 µl de adjuvante de Freund completo. Outro rato foi imunizado com *T.evansi* fixado formol (100µl) e 100 µl de adjuvante de Freund completo. O terceiro rato foi utilizado como controle (inoculado PBS e adjuvante de Freund completo). O procedimento de imunização foi estendido por 52 dias, envolvendo 4 injeções (uma dose preparatória de imunógeno em adjuvante de Freund completo e 3 doses com imunógeno

em adjuvante de Freund incompleto). Ao término desse período foi realizado o sangramento dos animais.

Para o sangramento os animais foram anestesiados, conforme protocolo aprovado pelo CETEA- UDESC. Foi realizado punção cardíaca e após, o sangue foi centrifugado a 3000 giros por cinco minutos para obtenção do soro. A titulação dos anticorpos foi avaliada pela técnica de *Western Blot* utilizando extrato de proteínas totais do *T.evansi* como antígeno.

3.4 ANÁLISE PROTEÔMICA DAS PROTEÍNAS DE MEMBRANA DO *Trypanosoma evansi*

3.4.1 Extração das proteínas de membrana

Após a purificação dos protozoários em DEAE celulose iniciou-se o processo de obtenção da fração enriquecida com proteínas de membrana, de acordo com Cordero et al. (2009), utilizando aproximadamente 1×10^9 parasitos. A este sedimento de parasitos foi adicionado 1mL do tampão de lise (150mM NaCl, 10 mM Tris-HCL pH 7,4, 2% Triton X-114, 1 mM PMSF) mais 1 μ L coquetel inibidor de protease (PMSF 44,2 mg/ml; pepstatina 68,6 μ g/ml; TPCK 2,0 mg/ml e TLCK 0,5 mg/ml) e mantido por uma hora em gelo com agitações contínuas a cada 10 minutos. Após esse período o material foi submetido a um processo de centrifugação a $8.800 \times g$ a 0°C por 10 minutos. Deste procedimento resultaram duas fases, um precipitado e o sobrenadante. O sobrenadante foi removido, acondicionado em um novo tubo e nomeado a partir daqui como S1(sobrenadante 1), este foi mantido no freezer a -20°C por 24 horas.

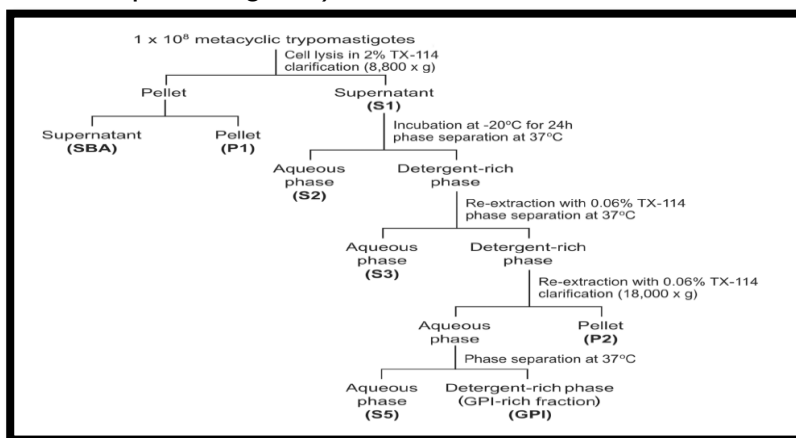
O precipitado formado foi ressuspendido com 1mL do tampão A (150mM NaCl, 10 mM Tris HCl pH 7,4, 0,06% triton X-114, 1mM PMSF, água Milli-Q) incubado por 10 minutos em gelo e submetido a uma nova centrifugação a 8.800g a 0°C durante 10 minutos. O sobrenadante resultante neste procedimento foi acondicionado em um novo tubo e nomeado SBA (sobrenadante tampão A) e acondicionado no freezer -80°C. O precipitado obtido (p1) foi ressuspendido em 1mL de tampão de SDS (2 mM SDS, 22 % Glicerol, 100 mM Tris-HCL, pH 6,8, 1 mM PMSF) e acondicionado no freezer -80°C.

Após 24 horas do armazenamento do S1, o material foi descongelado a temperatura ambiente, homogeneizado e incubado em banho maria a 37°C, durante 12 minutos. Após esse período foi submetido a uma centrifugação a 3.000 x g por 3 minutos a temperatura ambiente. Esse procedimento resultou em duas fases, uma rica em detergente (contendo o TritonX-114), e uma fase aquosa na porção superior, chamada de S2. A fase S2 foi removida e armazenada em freezer -80°C. A fase rica em detergente foi utilizada para uma nova re-extração. Para isso, foi adicionado 3 vezes o volume do tampão A, homogeneizado e incubado em gelo (0°C) por 10 minutos. O procedimento seguinte foi incubar esse material em banho maria a 37°C, durante 10 minutos e em seguida centrifugar a 3.000 x g por 3 minutos a temperatura ambiente. A fase aquosa denominada S3 foi removida e armazenada em freezer -80°C e a fase rica em detergente foi submetida a uma nova re-extração com adição de 3 vezes o volume do tampão A, homogeneizado e incubado em gelo por 10 minutos. Em seguida o material foi centrifugado a 18.000 x g por 10 minutos a 0°C, resultando em um sobrenadante que foi transferido a um novo tubo e passou a ser chamado de S4 (sobrenadante

4) e o precipitado denominado P2 foi armazenado em freezer -80°C.

A fração S4 foi submetida a uma nova extração, com adição de 3 vezes o volume do tampão A, homogeneizado e incubado em gelo por 10 minutos. A seguir o material foi incubado em banho maria a 37°C por 10 minutos. Após esse período foi centrifugado a 3.000 x g por 3 minutos a temperatura ambiente, resultando em duas fases: uma rica em detergente (contendo o Triton X-114), e uma fase aquosa na porção superior denominada S5. A fase S5 foi removida e armazenada em freezer -80°C. A fase rica em detergente resultante é a fase rica em proteínas de superfície e de membrana, doravante denominada SEP (do inglês, “*Surface Enrichment Protein*”) foi precipitada com três volumes de acetona fria e incubada -80°C por 30 minutos. As proteínas foram recuperadas por centrifugação a 18.000 x g a 0°C por 15 minutos, o sobrenadante foi descartado e o sedimento seco ao ar e congelado a -80°C até o momento do uso.

Figura 10: Esquema para extração das proteínas de membrana do *T. evansi* (No caso do *T. evansi* utilizam-se formas tripomastigotas).



Fonte: Cordero et al., 2009.

3.4.2 Digestão proteolítica das frações enriquecidas com proteínas de superfície (GPI) em solução (in-solution)

Para que as amostras obtidas durante o procedimento do item anterior pudessem ser analisadas por espectrometria de massa foi necessário que passassem por um processo de digestão enzimática, essa foi realizada com RapiGest®.

A digestão proteolítica em solução com RapiGest® foi realizada da seguinte maneira: em um tubo de PCR, contendo 10 µL de proteína, foi adicionado 10 µL de RapiGest 0,1 %. O material foi incubado a 100°C por cinco minutos no termociclador, após reduzir a temperatura naturalmente, foi adicionado 5 µg de tripsina (Promegacop, Madison, EUA) e incubado por 52°C por três minutos seguida da redução abrupta da temperatura para 4°C, este ciclo foi repetido por três vezes, seguida pela incubação de 16 horas a 37°C. Após esse procedimento foi adicionado 10 µL de HCl 0,45 N e incubado a 37° C por 30 minutos para a inativação da enzima. Então o volume do tubo foi aumentado para 100 µL com ácido fórmico 0,1 % e centrifugado durante cinco minutos a 15294 x g. O material foi transferido para um novo tubo e a solução foi então liofilizada em centrífuga a vácuo (*SpeedVac*, Eppendorf). Para as análises subsequentes por espectrometria de massas (LC-ESI-MS/MS) houve a necessidade de remover os traços de detergente (Triton X-114) nas amostras, para evitar a interferência deste na cromatografia líquida. Para isto, utilizamos colunas comerciais para remoção de detergente seguindo as instruções do fabricante (*DetergentRemoval Spin Columns* Pierce®, Thermo Fischer Scientific).

3.4.3 SDS-PAGE

As proteínas extraídas foram analisadas por SDS-PAGE em gel a 12%. Para preparação do gel de separação 12% foram acrescentados todos os reagentes em um pequeno béquer: 3,35 ml de água milli-Q, 4,05 mL Bis Acrilamida 30%, 2,5 ml Tris-HCl, 5 M pH 8,8, 100 µl SDS 10%, 100 µl APS (persulfato de amônio) e 30 µl de TEMED. Logo em seguida foi distribuído o gel nas placas, e colocado 200-500 µl de água Milli-Q sobre o gel, para polimerizar linearmente.

Após 20 minutos foi preparado o gel de concentração 4%, com os seguintes reagentes: 2,78 mL de água Milli-Q, 0,87ml de Bis- Acrilamida 30%, 1,25 mL de Tris-HCl 0,5M pH 6,8, 50 µl de SDS 10%, 150 µl APS (persulfato de amônio) e 15 µl de TEMED.

As diferentes amostras obtidas durante o processo de extração das proteínas de membrana, foram preparadas da seguinte maneira, uma pequena alíquota de 20 µl de cada fração foi misturado com tampão de amostra 2X (2ml SDS 10%, 500 µl 2-mercaptoetanol, 2ml de glicerol, 400 µl de azul de bromofenol 2%, 10 mL de água bidestilada) e aquecido a 99° C durante 10 minutos. Após esse período as amostras foram aplicadas no gel e programadas a uma corrente elétrica de 150V, 300 mA, 12W por duas horas e trinta minutos.

Ao término da corrida o gel foi submetido ao protocolo de coloração com *Comassie blue* (0,25 g de *Comassie Brilliant Blue* R250 dissolvido em 90 ml de metanol e água na mesma proporção e 10 mL de ácido acético) após no mínimo duas horas de coloração, foi realizado o processo de descoloração (metanol e água), onde foi possível visualizar as bandas de proteínas de interesse.

3.4.4 Análise por espectrometria de massas in tandem (LC-ESI-MS/MS) das proteínas presentes nas frações enriquecidas com proteínas de superfície (SEP)

Os peptídeos oriundos da digestão das proteínas da fração enriquecidas com proteínas de superfície (SEP) obtidas tanto por meio da digestão em gel quanto por meio de solução foram analisados em plataforma LC-ESI-MS/MS, composta por sistema de cromatografia líquida *NanoAcquity* (Waters) acoplado em linha com espectrômetro de massas *Nanospray LTQ Orbitrap Velos* (Thermo Fischer Scientific) no Centers for Disease Control and Prevention (CDC/USA). Brevemente, 3 µL de cada digestão foram injetados em uma coluna de fase reversa com tamanho de 300 µm x 5 mm *PepMap C18TM Trap* (Waters) durante um minuto a um fluxo de 5.000 µl/minuto. Após 10 minutos os peptídeos foram eluídos diretamente para a coluna (75 µm x 15 cm) de fase reversa analítica *C18 PepMap C18TM* (Waters) utilizando diferentes gradiente dos solventes A (0,1% de FA em água com pureza para HPLC) e solvente B (0,1% de FA em ACN) nas seguintes condições: aumento da concentração do solvente B de 5 a 35% em nove minutos e até 85% em um minuto, em seguida diminuição até 1% do solvente B em um minuto. Entre cada análise houve a regeneração da coluna durante 10 minutos com 1% do solvente B.

3.4.5 Processamento e análise dos espectros de massas

Os dados brutos do MS/MS oriundos dos espectrômetros de massas *LTQ Orbitrap Velos* foram

processados utilizando o programa *MASCOT Distiller*® (Matrix Science, Boston) e a busca na base de dados foi realizada utilizando o programa *MASCOT* (Matrix Science). O banco de dados utilizado foram sequências de *Trypanosoma brucei* disponíveis no NCBI em julho de 2013, depois foi a do genoma do *T.evansi*(CARNES et al., 2015).

Após estas etapas, o programa *Scaffold* foi utilizado para compilar e validar as proteínas identificadas pelos programas de busca. Foram consideradas proteínas válidas aquelas que apresentaram pelo menos dois peptídeos, com FDR (do inglês, *False Discovery Rate*) menor que 1% e com probabilidade de acerto dos peptídeos superior a 95% e 99% para a proteína (de acordo com o algoritmo *ProteinProphet*).

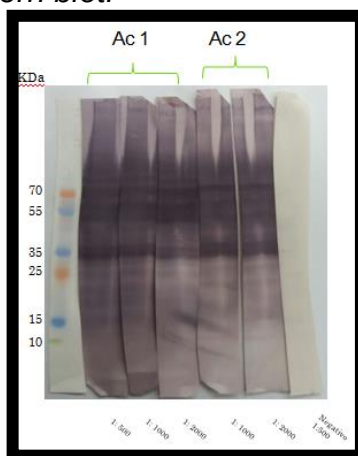
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Este trabalho apresenta a primeira análise proteômica das proteínas de membrana do *Trypanosoma evansi*. Os resultados serão apresentados de acordo com a ordem exibida nos materiais e métodos.

4.1 PRODUÇÃO DO ANTICORPO POLICLONAL

A produção de anticorpo policlonal contra *T.evansi*, foi realizada para que esses anticorpos pudessem ser utilizados no reconhecimento de proteínas de membrana do mesmo parasito. A presença de anticorpo foi avaliada pela técnica de *western blot*. Os soros testados (Rato 1 e 2) apresentaram resultado positivo nas diferentes diluições, 1:500, 1:1000 e 1:2000, como pode ser visto na Figura 11.

Figura 11: Avaliação do título do anticorpo policlonal produzido contra as proteínas totais de *T. evansi* pela técnica de *western blot*.



Fonte: próprio autor

Esse resultado demonstra que os animais que foram imunizados com proteínas totais de *T.evansi* como antígeno, apresentaram melhores títulos de anticorpos contra *T.evansi* quando comparado com o Rato 2, que foram imunizados como *T.evansi* fixado. Ambos os soros testados apresentaram um bom título de anticorpos, mostrando que podem ser utilizados em testes de diagnóstico que pesquisam a resposta imune.

A existência de um anticorpo policlonal contra *T.evansi* é importante, pois as técnicas de imunodiagnóstico são ferramentas interessantes para diagnosticar diversos tipos de doenças inclusive tripanossomoses. Diferentes técnicas foram comparadas em búfalos infectados por *T.evansi*, ELISA, CATT, LATEX e apresentaram problemas em relação à especificidade e sensibilidade para detecção de anticorpos contra *T.evansi* (VERLOO et al., 2000). Esse dado reforça a necessidade de novos testes de imunodiagnósticos que sejam sensíveis e específicos para *T.evansi*, para que o diagnóstico seja mais rápido e confiável.

Muitos pesquisadores ressaltam a dificuldade de diagnosticar esses parasitos e atribuem essa característica a expressão das VSGs, onde as proteínas de superfícies são constantemente modificadas e dificultam o trabalho do sistema imune. Porém esse fator não é o único responsável pela grande habilidade dos tripanossomas em escapar do sistema imune, embora seja o dominante (DONELSON; HILL; EL-SAYED, 1998).

O anticorpo produzido neste trabalho, apresentou capacidade de reconhecimento de proteínas totais do *T.evansi* mostrando que pode ser utilizado nos diferentes testes de diagnóstico. Porém não foi realizado o teste com outros tripanossomas como *T.brucei* e *T.vivax* e por isso não podemos afirmar que não existe reação cruzada entre as diferentes espécies.

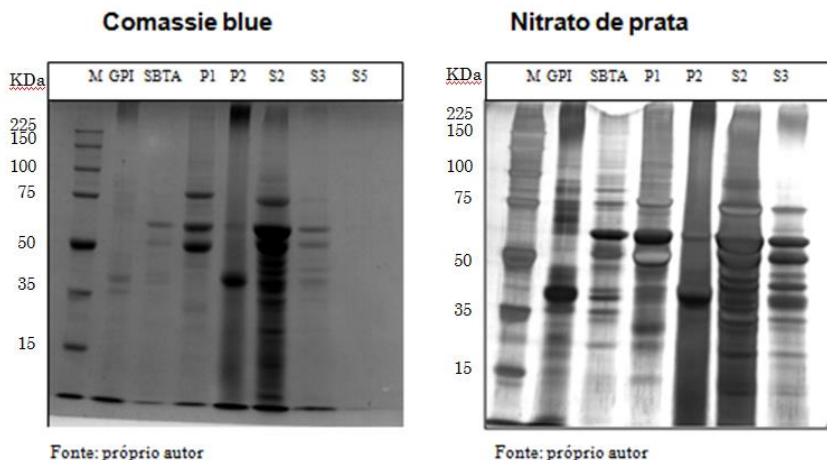
4.2 AVALIAÇÃO DAS PROTEÍNAS MEMBRANA DE *T.evansi*

As frações obtidas no protocolo de extração de proteínas de membrana foram avaliadas de diferentes maneiras. Primeiramente foram analisadas pela técnica de SDS-PAGE, onde foi possível observar diferentes padrões de bandas de proteínas nas diversas frações, como pode ser observado na Figura 12a e 12b.

No gel corado com Nitrato de Prata (Figura 12b) foi possível observar uma grande quantidade de bandas de proteínas na fração GPI o que difere quando observamos o primeiro gel (Figura 12a), corado com *Coomassie Brilliant Blue* na qual somente duas bandas são visualizadas. Essa diferença pode ser explicada devido à maior sensibilidade da coloração com nitrato de prata que é capaz de detectar de 0.1 a 1.0 ng de proteína, enquanto a sensibilidade do *Coomassie Brilliant Blue* é de 100 ng de proteínas (PATTON, 2002).

Esses dados demonstram que existe uma grande quantidade de proteínas presente na fração SEP (GPI), que é a fração de interesse nesse trabalho. Desta forma para identificar quais proteínas estavam presentes nesta fração, outras amostras de *T.evansi* foram submetidas ao mesmo protocolo de extração de proteínas de membrana, e foram analisadas através da espectrometria de massa.

Figura 12:A:Gel corado com *Coomassie Brilliant Blue*, B: Gel corado com Nitrato de Prata

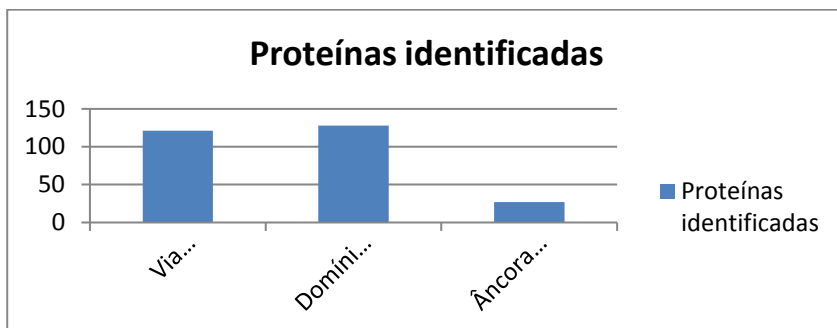


M: Marcador de peso molecular; GPI: fração rica em GPI; SBTA: Sobrenadante tampão A; P1: Pelete 1; P2: Pelete 2; S2: sobrenadante 2; S3: sobrenadante 3; S5: sobrenadante 5. Nomenclatura conforme protocolo 3.4.1

As análises por espectrometria de massa das amostras proteicas foram realizadas em duas etapas. Na primeira etapa ocorrida no ano de 2013 os dados obtidos foram analisados e comparados com a base de dados do *T.brucei* disponível no NCBI (*National Center for Biotechnology Information*), uma vez que devido a sua proximidade genética e provável ancestralidade facilitariam a identificação das proteínas. Desta primeira análise, foi possível identificar 373 proteínas na fração enriquecida com proteína de membrana (GPI). Das 373 proteínas identificadas 121 (33%) foram preditas pertencentes a vias secretórias e 128 (35%) apresentaram pelo menos um domínio trans-membranar. A presença de âncoras de GPI foi predita em 27 (8%) das

proteínas de *T.evansi*. Conforme apresentado no gráfico abaixo:

Figura 13: Diferentes proteínas de *T. evansi* identificadas de acordo com as sequências proteicas disponíveis no NCBI relativas ao ano de 2013.

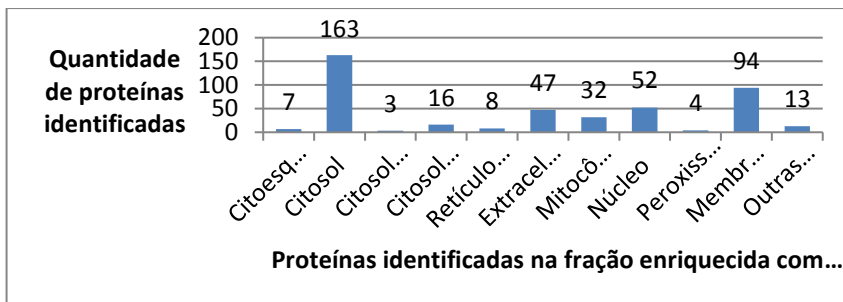


Fonte: próprio autor

Posteriormente com a publicação do genoma do *T.evansi* (CARNES et al., 2015) e com intuito de melhorar nossos resultados novas triplicatas biológicas foram preparadas e analisadas por LC-ESI-MS/MS. Todos os dados gerados nessa análise e os dados anteriores foram então analisados com o banco de dados do *T.evansi*.

Nesta nova análise foi possível identificar 439 proteínas na fração GPI (Anexo I), de diferentes localizações celulares. Para predição da localização celular todas as sequências de proteínas foram analisadas pelo programa de bioinformática WolfPsort (HORTON et al., 2007) e o resultado obtido está apresentado na figura 14.

Figura 14: Localização celular das proteínas de *T. evansi* obtidas na fração enriquecida com proteínas de membrana, de acordo com o programa Wolf Psort.



Fonte: próprio autor.

Quando avaliamos os resultados, foi possível identificar uma grande quantidade de proteínas presentes na membrana (94), o que corresponde com o objetivo do nosso trabalho, mas curiosamente a quantidade de proteínas citossólicas foi maior, quando comparada ao número de proteínas pertencentes à membrana plasmática, apesar de o protocolo utilizado ser voltado para extração de proteínas de membrana. Para essa categoria de proteínas (proteínas de membrana), devemos utilizar um detergente próprio, nesse caso o triton X-114 (BORDIER, 1981). A presença destas proteínas pode ser explicada como um artefato da técnica, uma vez que o Triton X-114 carrega muitas proteínas anfífilas presentes também no citosol, mas o que não descaracteriza o enriquecimento das proteínas de membrana.

A utilização de detergentes é quase indispensável para o estudo de proteínas de membrana. Eles são utilizados principalmente para a extração de proteínas, especialmente as mais hidrofóbicas que não podem ser removidas das membranas por tratamentos mais leves. O

princípio utilizado é a formação de micelas acima de uma temperatura crítica. A temperatura do TritonX-114 é de 22 °C, abaixo dessa temperatura as micelas dispersam tornando-se bem menores. Acima dessa temperatura formam grandes micelas capazes de produzir uma separação de fase. Quando o triton X-114 é usado para extrair proteínas de membrana, a temperatura usada é maior que 22°C, e as proteínas são então solubilizadas e separadas em duas fases de acordo com sua hidrofobicidade. As mais hidrofóbicas concentram-se na fase inferior enquanto as hidrofílicas aparecem principalmente na porção superior (GONZÁLEZ DE LA VARA; LINO ALFARO, 2009).

Proteínas integrais de membrana apresentam um domínio hidrofóbico que interage diretamente com o centro hidrofóbico da bicamada lipídica. O detergente não iônico durante a solubilização substitui moléculas lipídicas que estão mais em contato com o domínio hidrofóbico da proteína integral de membrana e conduz a formação de uma micela, misturando proteína ao detergente. Este detergente é eficiente na solubilização das proteínas de membrana. Durante o processo, proteínas hidrofílicas são encontradas exclusivamente na fase aquosa, e proteínas com natureza anfifílicas são concentradas na fase que contém o detergente (BORDIER, 1981).

Das 439 proteínas identificadas pela espectrometria de massa, todas foram submetidas à análise de bioinformática e os resultados foram avaliados para localizar diferentes proteínas que realmente encontram-se na membrana plasmática do protozoário.

Os programas utilizados para as análises e suas respectivas funções são apresentados na Tabela 1. Cada programa utilizado exerce uma função específica e todos auxiliam no estudo de proteínas.

Tabela 1: Programas de bioinformática utilizados para análise das proteínas identificadas:

Programas	Função
FragAnchor	Predição de sítios de ancoramento a GPI
BLAST	Análise de similaridade dos epítomos com base de dados
GOnna	Anotação funcional pela <i>Gene Ontology</i> (GO)
WolfPsort	Predição da localização celular
TMHMM	Predição de domínios transmembranares
TargetP	Predição da rota intracelular das Proteínas
BepiPred	Predição de epítomos lineares de linfócitos B
SignalP	Predição de peptídeo sinal e sitio de clivagem

Com esses resultados, 8 proteínas foram selecionadas pois apresentavam pelo menos três critérios que as caracterizavam como proteínas de membrana. Nova análise para verificar seu potencial imunogênico e detalhes de suas estruturas foram então realizados. A Tabela 2 apresenta as proteínas selecionadas com base nos critérios estabelecidos anteriormente.

Tabela 2: Proteínas identificadas com base nos programas de bioinformática. ID: Nome da proteína identificada. PM: Peso molecular das proteínas. TMD: Presença de domínio trans-membrana de acordo com o programa TMHMM. TARGET P: apresentação de qual via pertence à proteína. SIGNAL P: Presença de peptídeo sinal. PSORT: localização celular. FRANCHOR: Presença de âncora de GPI. PRED: Presença de âncora de GPI.

ID	PM	TM HMM	TARGET P	SIGNAL P		PSORT	FRANCHOR	PRED
		TMD	Via	Pos	Seq	Local 1	GPI	
expression site-associated gene 11 (ESAG11) protein, putative	40 K Da	0	Secretória	3 - 24	AVT -EQ	Extracelular	(class e 4)	X
amino acid transporter, putative	47 K Da	9		5 - 26	AAT -TS	Membrana plasmática	(class e 4)	
carbonic anhydrase-like protein	46 K Da	4		3 - 24	TTG -SS	Membrana plasmática		
vacuolar proton translocating ATPase subunit A, putative (Trypanosoma evansi strain STIB_805)	90 K Da	11	Secretória			Membrana plasmática		
chaperone protein DNAJ, putative	57 K Da	3	Secretória			Retículo endoplasmático		
CAAX prenyl protease 1, putative, metallo-peptidase, Clan M- Family M48	49 K Da		Secretória			Membrana plasmática		
membrane-bound acid	59 K Da	2	Secretória			Membrana plasmática		

phosphatase 1 precursor				
P-type H - ATPase, putative	10 1 K Da	7		Membrana plasmática

Fonte: próprio autor.

Todas as 439 proteínas identificadas foram também analisadas para avaliar se exercem função como epitopos ligantes em células B, já que se localizam na membrana do parasito. Essa análise foi feita através do programa BepiPred. As proteínas selecionadas apresentam regiões que atuam como epitopos ligantes de células B. O resultado da análise (das proteínas selecionadas) está apresentado na tabela 3. Os demais se encontram na tabela 2 do anexo.

Tabela 3: Apresentação das proteínas que possuem regiões de aminoácido que atuam como epitopos ligantes de células B. ID: Identificação, fração que atua como ligantes de células B, início e fim da fração que atua como epitopo ligantes de células B e classificação da região que serve como epitopo.

Id	Epitope	Start	End	Score
TevSTIB805.1.5010 Expression site-associated gene 11 (ESAG11)	TQDKQKN	53	59	2,989857
TevSTIB805.8.8760 amino acid transporter	QKGQDD	38	43	6,262167
TevSTIB805.11_01.8580 carbonic anhydrase-like protein	NEKVDA	399	404	30,95417
TevSTIB805.5.1470 vacuolar translocating subunit A	DQRTSE	568	573	12,1245
TevSTIB805.9.7160 ChaperoneproteinDNAj	PNTDEN	297	302	7,853833
TevSTIB805.9.6350 CAAX prenyl protease 1, putative, metallo-peptidase, Clan M- Family M48	PIPKDGE	214	220	1,825857

TevSTIB805.11_01.13570 membrane-bound acid phosphatase 1 precursor	ERREEEPVI	485	493	7,733778
TevSTIB805.10.13110 P-type H -ATPase, putative	HREGDDGSVPLL	38	49	5,184917

Fonte: próprio autor

O sistema imune para exercer sua função de proteção diante de uma doença necessita da habilidade de identificar e controlar a invasão de patógeno sem causar efeito colateral. Patógenos comuns como vírus, bactérias e protozoários, são reconhecidos pelo sistema imune, através de frações peptídicas que atuam como epitopos e são identificados pelas células do sistema imune. A exposição do epitopo é fundamental para a estimulação da produção de anticorpos pelas células B e a manutenção elevada do título (HE et al., 2014).

Com o auxílio de ferramentas de bioinformática, conhecido como bepiped(LARSEN; LUND; NIELSEN, 2006) foi realizado a predição de epitopos das sequências de proteínas identificadas através da espectrometria de massa, seguida pela análise em MASCOT. Foram considerados neste trabalho epitopos entre 5 e 15 aminoácidos, os quais são exibidos em anexo.

Os locais que servem de ligação para certas moléculas de imunoglobulinas, são conhecidos como determinantes antigênicos ou epitopos(STANFICLD et al., 1991). Epitopos pertencentes às proteínas selecionadas são apresentados na tabela 3 dos resultados.

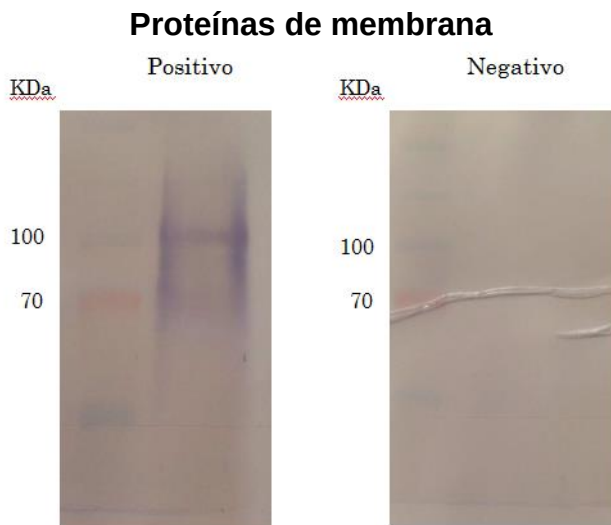
Para ser considerada uma fração que serve como epitopo, muitos fatores tais como a hidrofobicidade, flexibilidade, acessibilidade, exposição à superfície e polaridade devem ser analisados (LARSEN; LUND; NIELSEN, 2006).

Para complementar os resultados e verificar a resposta imunogênica das proteínas de membrana, foi realizado a técnica de *Western Blot* com proteínas da

fração GPI, usando o anticorpo policlonal contra *T.evansi*, onde foi possível observar que algumas proteínas da fração SEP foram reconhecidas pelo anticorpo contra *T.evansi* como é apresentado na figura 15.

Esse resultado nos mostra que algumas proteínas foram detectadas nesta técnica e que nesta fração existem proteínas com potencial imunogênico. O tamanho destas bandas entre 90 e 100 KDa corresponde com o tamanho de algumas proteínas identificadas nas análises anteriores. Porém não foi realizada a identificação dessas bandas específicas.

Figura15: *Western Blot* das proteínas de membrana do *T.evansi*, realizado com o anticorpo produzido em rato, na titulação de 1:2000.



Fonte: próprio autor

4.3 PROTEÍNAS IDENTIFICADAS

A proteína Expression site-associated gene 11 (ESAG11) protein, putative

(*Trypanosoma evansi*_strain_STIB_805) também é encontrada em outras espécies de tripanossomas como *T. brucei*. Nesta espécie a proteína é geralmente expressa na forma sanguínea do parasito (REDPATH et al., 2000), este mesmo autor relata que a sequência de (ESAG11) não é homóloga para nenhum outro peptídeo nos bancos de dados atuais e não possui nenhum motivo claro que determine sua função. Porém, apresentam vários motivos que sugerem que é localizada na superfície celular. Esta localização corresponde com os dados encontrados no trabalho. Encontramos também uma região hidrofóbica que serve como sinal da GPI (UDENFRIEND; KODUKULA, 1995), o que corresponde com os dados observados neste trabalho, onde através de dois programas de bioinformática (conforme tabela 2) foi constatado que possui âncora de GPI.

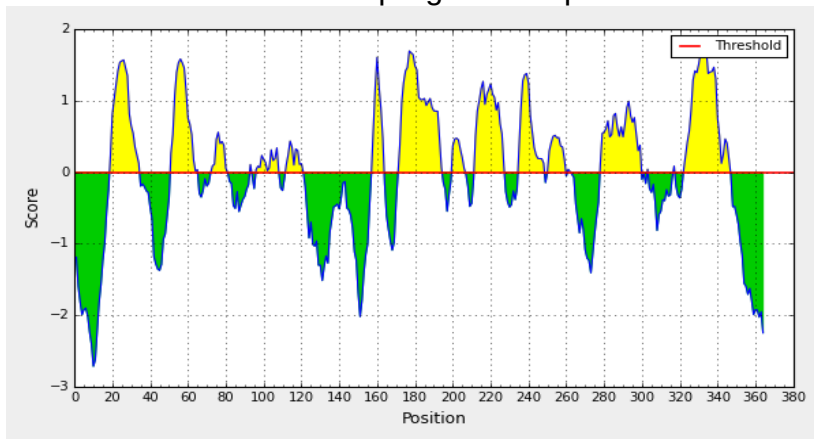
A sequência da proteína é apresentada a seguir, a região em amarelo corresponde com a região de epitopo ligantes em célula B:

MKVVSLFLAACLVILGAASKAVTEQPSGKAMTLKGAETLCNL
 SHALRLVSAK **TQDKQKN**ATEMVDKFREWRHRHGVKGRTW
 KAIVQGLEKIGVVNESYMEIKKTYAEMEKIMNNTDKALQVM
 DTSFLNIVRVSYHVVNASMSIGQVLRDLVVLFEQTKGSSENS
 WCCLVKTASSGNGCESDGKRELASAPEECNMSVIKDMSSD
 GIFATLNNYKTDQPVELTDNNSAKCWIMGTEEVANGGAGSF
 IVGTTGGFVTYSQGSVIMKSSDMVLKLISNYTSIRDGYESIT
 QQYRDVEPTLTSFAELENKLLKLLTQSPMVRRYFKENGRKR
 KGTADDDDDVIDEEGFTMRKQHTLMGLMAFAAVLVM
 Accession: EAN76763.1 GI:70831258

Para ser considerado um epitopo, parte da proteína deve ser exposta na membrana celular, a figura a seguir (figura 16) apresenta as regiões hidrofílicas e as regiões hidrofóbicas da proteína. A região em amarelo corresponde com a região hidrofílica, entre os

aminoácidos na posição 53 e 59 encontram-se a fração que serve como um bom epítipo ligante de células B.

Figura 16: Regiões hidrofílicas e hidrofóbicas da proteína ESAG11 de acordo com o programa BepiPred.



Fonte: próprio autor.

Outra proteína identificada foi aminoácido transporter, putative (*Trypanosoma evansi* strain STIB_8 05). Esse grupo de proteína também foi descrito como pertencente à superfície do *Trypanosoma brucei* (SHIMOGAWA et al., 2015). Importantes funções são desenvolvidas por essa categoria de proteínas, as quais são responsáveis pela homeostase intracelular do parasito, pois desencadeia o transporte de íons e nutrientes para dentro da célula. Além de intermediar a relação entre parasito e hospedeiro (ZILBERSTEIN, 1993). Embora a localização e a fundamental importância nos processos metabólicos, este grupo de proteína também está presente em outros tripanossomatídeos (ZILBERSTEIN, 1993) o que pode dificultar a utilização dessa proteína como um alvo diagnóstico específico para *T. evansi*.

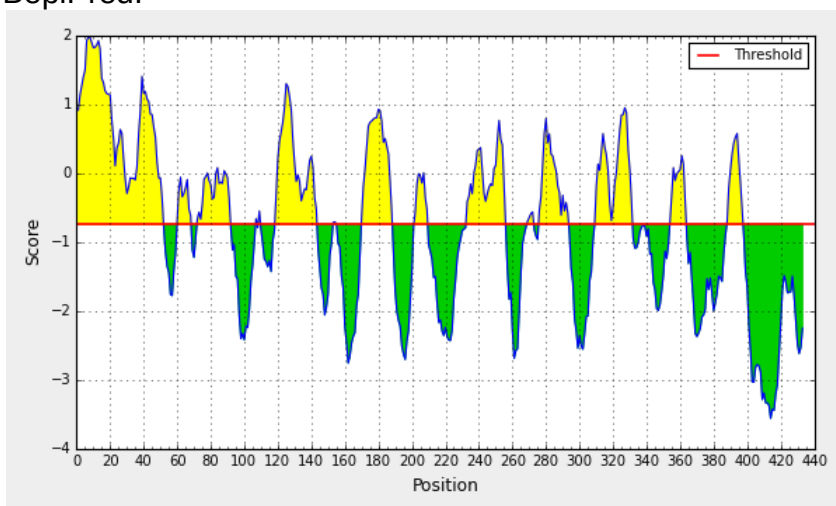
A sequência da proteína é apresentada a seguir:

MTNQSSGGNDRGRRDTPFAHAGDVKLSSDAIALDVT**QKG**
QDDVVKEVKPSLFTVLLEKFIPHGGLWSCALNLASATLGAGI
 CSLPTGFNLSGIVMSCIYLCVAVGTVYSLNLLAKVAVKTGS
 RNYGEAARMVMGPLTGYAAALMIAMCFGGNVAYIIIGILR
 ALFSRDGVPEYLKSESGNRLMTSMVWLVIILPMICIPKQVNSL
 RHLSFVGVMFIVYFSCVVIGHSINKIINEGVADDIVYMRTGNS
 ALDGLSLFLFSFICQSNAFEIFREMKHRSPQRFITYGTVGMS
 MCAVLYFLVGLFGYLEFGGDAIDTVLSLYDPGENVAVAIAIYG
 VAAKVCVAFALHIIPMRGLWDSSFRKHPLFLVSLVLSVVVISD
 LCCLRCSTCTQVASRGKKLVILISLVLSFFLLVLWLVLVLDR
 QYIILCSCF

Accession: AAX80533.1 GI: 62360113

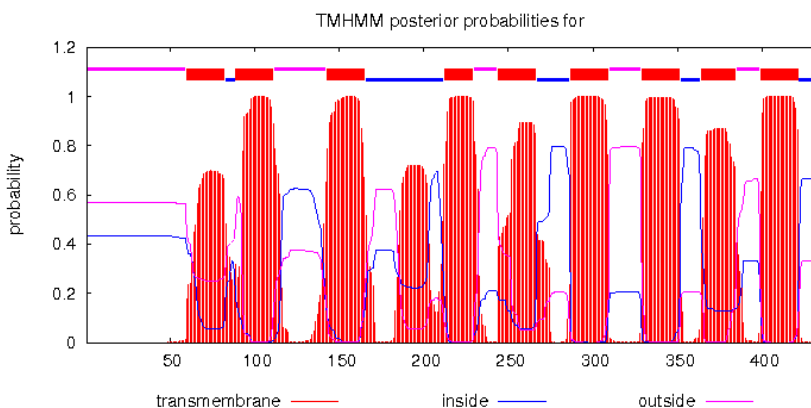
A região em amarelo corresponde à região que atua como epítipo ligante de células B. A figura 17 a seguir mostra as regiões hidrofílicas e hidrofóbicas desta proteína. Entre os aminoácidos 39 e 43 está a fração que serve de epítipo ligante de células B.

Figura 17: Regiões hidrofílicas e hidrofóbicas da proteína aminoacid transporter de acordo com o programa BepiPred.



Fonte: próprio autor.

Para ser considerado um bom epitopo, essas proteínas devem estar expostas na membrana celular do protozoário. Desta maneira, através do programa de bioinformática TMHMM foi possível verificar que esta proteína possui diferentes domínios trans-membranar o que comprova sua localização. Como mostra a figura 18: Figura 18: Domínio trans-membranar apresentado pela proteína aminoacid transporter, de acordo com o programa TMHMM.



Fonte: próprio autor.

Outro grupo de proteína que também despertou nosso interesse foi a proteína carbonic anhydrase-like protein *Trypanosoma evansi* strain STIB_805). Essa proteína também foi identificada no trabalho realizado por Cordero et al. (2009) com identificação de proteínas de membrana de *T. cruzi* solubilizadas com X-114, sendo descrita como proteínas encontradas em resposta ao stress e foi identificada na forma epimastigota. O mesmo autor relata que a expressão desta proteína consiste com a adaptação das formas metacíclicas para resistir ao colapso respiratório das células fagocíticas no hospedeiro mamífero.

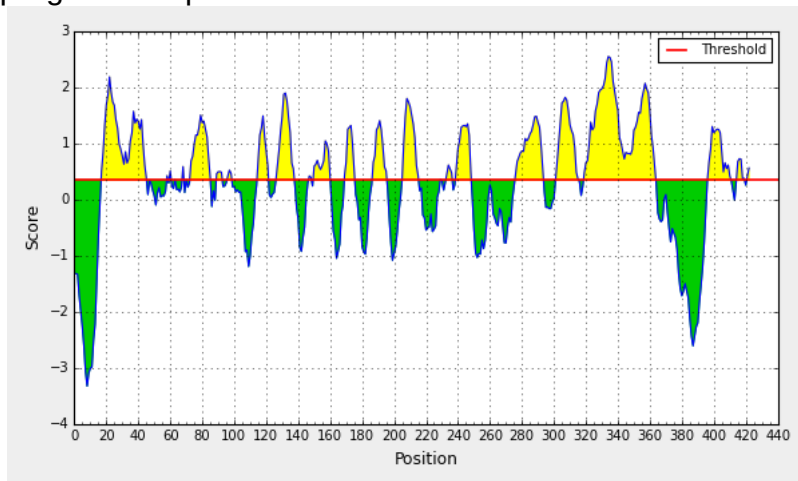
A sequência da proteína é apresentada a seguir, a região em amarelo corresponde com a região que serve como epítipo ligantes de células B.

MNTIFRLFLLFVQLYGISDPTTGSSSYTTAGMGRAEIPPEW
 SYSNLAAWPPLCHTGMHQSPISFKNLTPSELRCTKPPQPLE
 FSEGCTFKAESTSLKIDNGVNTIRVTFLPLGKTTGGRTNVCT
 LRDPGATGAQKYQLTAMHFHAPPEHLFPHAAPDAELHIVF
 KAEDEHSVEPAVVAVQLAASDAANTSATRALNHIMIDGPLP
 PRQASTTCTLERNLTVAEMLPQRQSYVTYSGSLTTPPCTEG
 VRFVIMTTPQLISKAAFNKLSQVLRQTWPENRLGNRRPTQPL
 NGREVCRYVDGRHPKTSNGQGVDYLDITPATGDSVSEG
 GNPSGSEEGVKGNLSGADVGANQTEEEKDGKQLWPYVLK
 PHEAILFTAAVILVVAALILYWWSNNA**NEKVDAN**EAEWLGT
 AAEVYGTSSL

Accession: EAN79788.1 GI: 7083428

Regiões hidrofílicas e hidrofóbicas são apresentadas na figura 19, a região que serve como epítipo ligantes em células B, encontra-se entre os aminoácidos 278 e 283 da proteína.

Figura 19: Regiões hidrofílicas e hidrofóbicas da proteína carbonic anhydrase-like de acordo com o programa BepiPred.



Fonte: próprio autor.

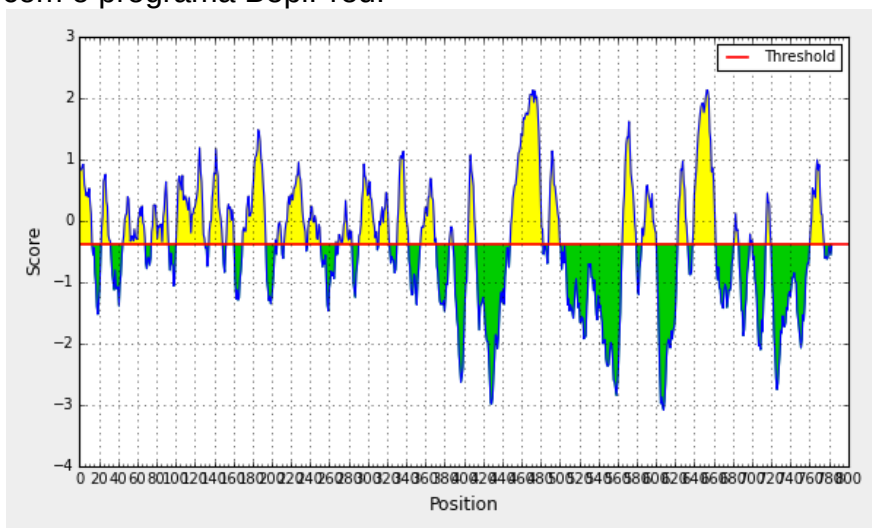
A proteína vacuolar proton translocating ATPase subunit A, putative também foi identificada como pertencente a membrana plasmática do *T.evansi*. A sequência da proteína identificada é apresentada a seguir:

```
MSSEASGLWRSEDMTLLRLTMQRETAHDSVLKLGQLAAF
QFIDLNSDVSAFQRDFVQEVRRCDGMERKLRYLHDEIEKAG
LTCVSTEAIGRESLFALEHKIDEYEGELRELNGQYQSLLEES
NRTQEHLEVLRSREFGSGIRQSPGLNLLTGVIPKDRIATLERLV
YRITRGNSVLHTDEITTPFSEGEKERMVQKCVFGVYFATPRL
WESLKRISEVNGASLYPYAESTERLQYMRDTLNSQLETMKH
TLQQSLLRQRHLLTSISHNVCQWRQTVAVEKSVFSTMNMLK
FSGSTAVAKGWAPVRSLDRIRASLQEA EYLSGAQVLTIVEEI
STKEKRPTCFFTNKFTVCFQSIVDSYGMARYKEVNPGLTIV
TFPYLFGIMYGDIGHGVMLTLFAAFLLIKEKDWEGRKLNEIFA
MIFDGRYLLLLMGLFAIYVGFLYNDFFGFSVDTFRSGYQWPP
LNGNTQEGDMQPSSPSGVTPARSVIFGIDSAWAETENKLEF
YNSVKMKCSVIIGVVQM VAGVILSLMNHIFYGDRIQIWFRFVP
```


EIVFLLCTFGYMCVLIHKWCTNW**DQRTSE**APSLLETMTNFFL
 QPGTVSVPLYKGQEFVQVLLLLIAFAMVPILLCAIPMHEKKEH
 ERKMRLQALARRNEDERHEGSEDDYEEDEKFDSEVVIHQ
 VIHTIEYVLGCVSNTASYLRLWALSLAHSQLEVFWSFTFLM
 ALDMDKGGSGIFVFFGLCVWMCATVAVLLGMESLSAFLHALR
 LHWVEFNKIFYAADGYPTFPFNIAEVLKELD
 Accession: AAX70459.1 GI: 62176347

A região em amarelo corresponde com a localização da fração da proteína que atua como epítopo ligantes de células B. Regiões hidrofílicas e hidrofóbicas são apresentadas abaixo na figura 20 conforme o programa BepiPred.

Figura 20: Regiões hidrofílicas e hidrofóbicas da proteína vacuolar proton translocating ATPase subunit A de acordo com o programa BepiPred.



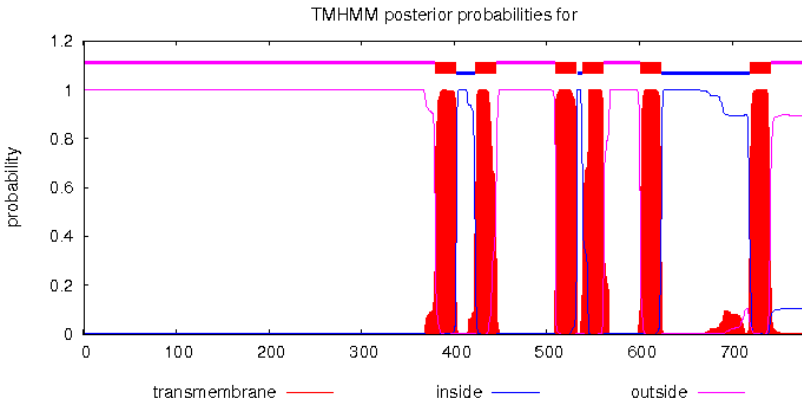
Fonte: próprio autor.

Essa proteína também foi identificada em *T.cruzi* (BENCHIMOL et al., 1998) é um componente universal dos organismos eucarióticos e está presente na membrana de muitas organelas quando o bombeamento

de prótons cria um ambiente de baixo pH (FINBOW; HARRISON, 1997).

A presença na membrana do *T.evansi* é comprovada pela apresentação de domínio trans-membrana como mostra o gráfico apresentado pelo programa de bioinformática TMHMM. Como mostra a figura 21.

Figura 21: Domínio trans-membranar apresentado pela proteínnavacuolar proton translocating ATPase subunit A, de acordo com o programa TMHMM.



Fonte: próprio autor.

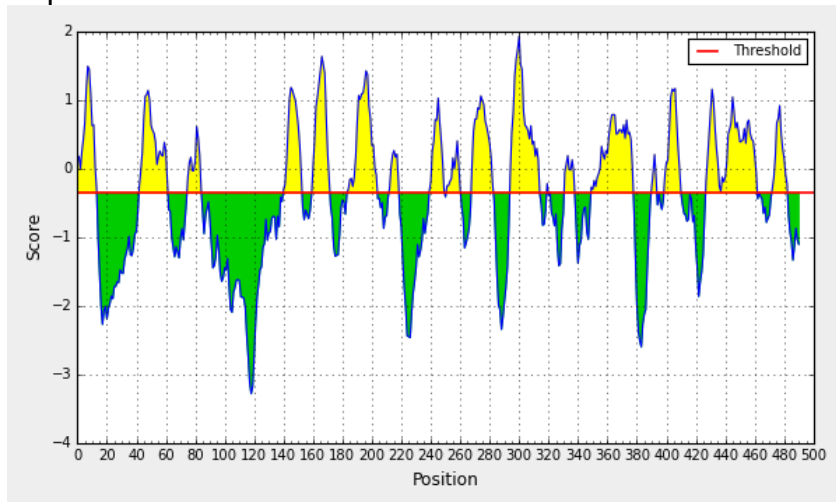
Outra proteína que também foi identificada é a chaperone protein DNAj, putative, esta proteína também está presente em *T.cruzi* e faz parte da membrana celular deste parasito (TIBBETTS et al., 1998). Em *T.brucei* foi encontrada como parte da mitocôndria deste protozoário (PANIGRAHI et al., 2009). A sequência das proteínas é apresentada a seguir. A região em amarelo corresponde à fração que serve de epítipo ligantes de células B.

MVESGIGGSDESFSFCFAIVSVIVTIVYIPWVIRHVRSII EYYT
TPSKRQRMMNNPLEDMWKSIIYVPLVAAKMLTEPSMLPVGA
RICIKEKHFFFTSLLPRFLRFIIRPKIFILWLWVVLFSAMYVTL

TFDAHAILGVSTTASTGEIKKAYRMLSRRYHPDHNKTEEARLI
 YVQVRRAYKALVDREAFEEEEAKNTHEFTVGVALPRFLTSR
 EHDGLVLFGLLGILVAVPVAIWYNFRDQGGISQQLRHIQGR
 ERLESFLKHLGIPEDQKYVERRDSRRYLVRLLVSLGMLP **PNT**
DENASLNLPSPDFITRCVEIDKNITFLRNFFDDSDIEVLHEYL
 VKNGVRLLEIDYDAAHLGHHQGEGTLQLASPTHEYKVISYFLFL
 HIEEIDKALEELLEKVGSGVPSARKLMNLHEEVRDLLHLVFE
 GDNKQVKNHIQKLTTVPQRANDIVDAMGPEIEAVYKKMYKN
 YLQM QVGSKNEKRLLKASLRRL
 Accession: AAX69543.1 GI:62175401.

Regiões hidrofílicas e hidrofóbicas da proteína são apresentadas na figura 22 a seguir. A região que atua como epítipo ligante de células B encontra-se entre os aminoácidos 297 e 302.

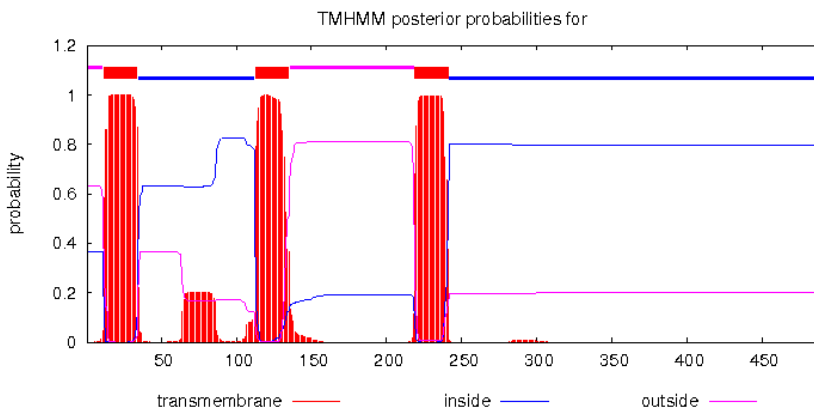
Figura 22: Regiões hidrofílicas e hidrofóbicas da proteína chaperone protein DNAj de acordo com o programa BepiPred.



Fonte: próprio autor.

Domínio trans-membranar também pode ser observado conforme mostra a figura 23 gerada pelo programa TMHMM.

Figura 23: Domínio trans-membranar apresentado pela proteína chaperone protein DNAj, de acordo com o programa TMHMM.



Fonte: próprio autor.

A proteína CAAX prenyl protease 1, putative, metallo- peptidase, Clan M- Family M48 foi outra proteína identificada na membrana de *T.evansi* . Essa proteína também foi encontrada em um trabalho de análise das proteínas de alto peso molecular na membrana de *Leishmania infantum* nas formas promastigota e amastigota (BROTHERTON et al., 2012). A sequência da proteína é apresentada a seguir. A região em amarelo corresponde à fração que serve de epítipo ligante de células B.

TevSTIB805.9.6350 epítipo: PIPKDGE

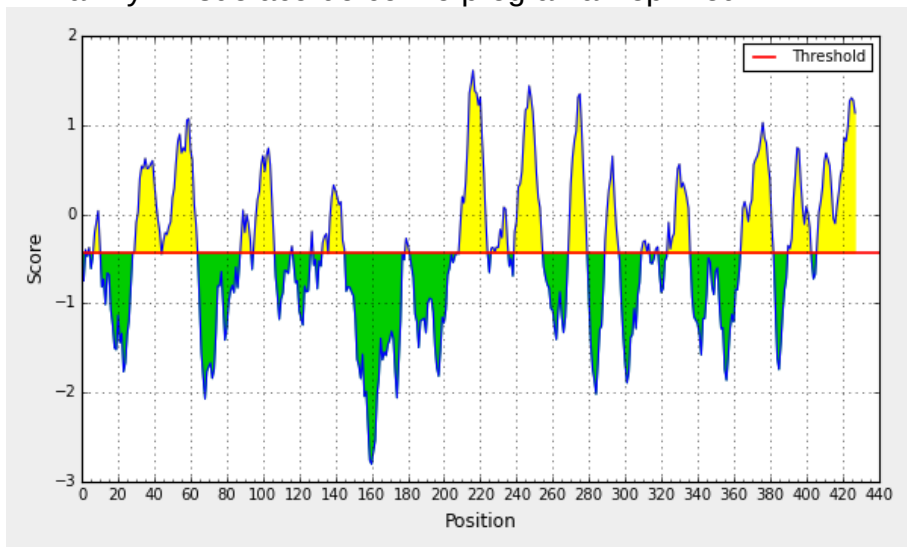
MVAWGGMFTFYGTALIGLNALALWDLYLQRRQRKAYANAKM
PEHLVGVEEKEFRRTTQEYEREKLSFSILLHVKDIVISNVSL
AKLPALYGSLGQLPGATGSFSHCYVYAVATDVLTTLISLPF
EYSTFVIEEKHGFNKMTRKEFFLDVAKYFLLRLTLLHVLTS

LILKVVELFGEDFPFYFFLGATGLITFTFVYPTFIQPLFNTYT**PI**
PKDGELGKKIYALAEKHKFPLKKLYEVDGSRSGHSNAYFY
 GFWSKHIVLYDTIVEQTKGDHDALLAVLCHELGHWNKSHDK
 FLFGFMVAQTWCISYGAKAVIFNTDLYKQFGFSDANPLIGFE
 LFSQVFLEPINTLLGYLVSLVTRQFEFQADRYAVSSGYGEPLI
 RGLMVIHKENKNLLTPDPLFAALHYSHPLAQRDLAIKEENK
 KRK

Accession: XP_011776685.1 GI: 788014369

Regiões hidrofílicas e hidrofóbicas são apresentadas na figura 24 a seguir:

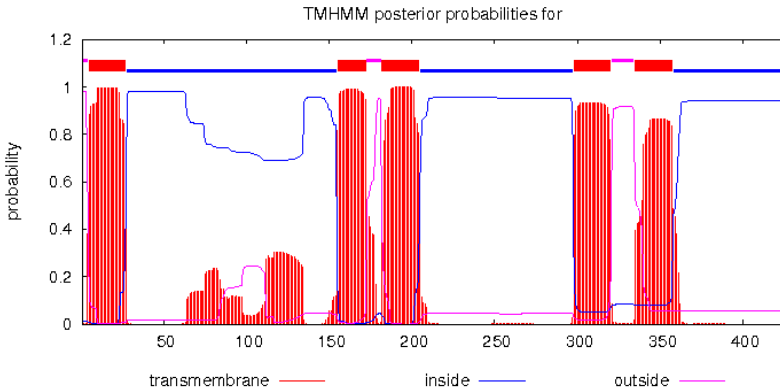
Figura 24: Regiões hidrofílicas e hidrofóbicas da proteína CAAX prenyl protease 1, putative, metallo- peptidase, Clan M- Family M48 de acordo com o programa BepiPred.



Fonte: próprio autor.

A predição de domínio trans-membranar foi realizada através do programa TMHMM e está apresentado a seguir na figura 25:

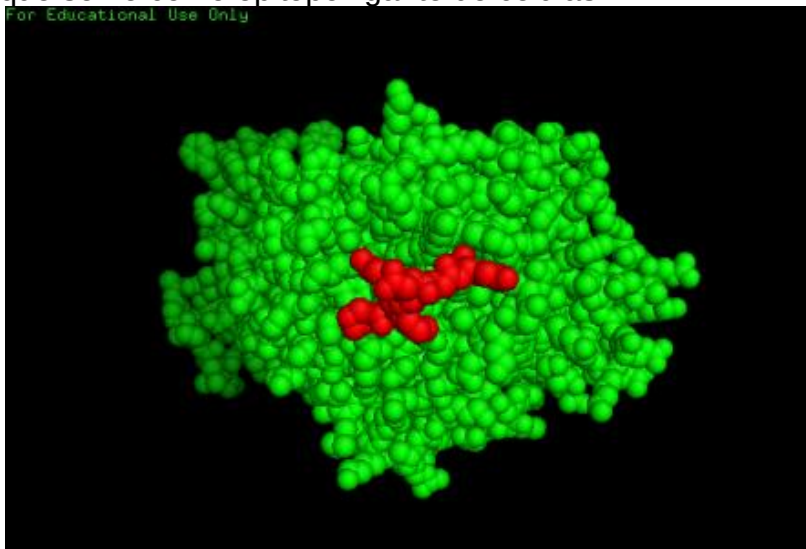
Figura 25: Domínio trans-membranar apresentado pela proteína CAAX prenyl protease 1, putative, metallo-peptidase, Clan M- Family M48, de acordo com o programa TMHMM.



Fonte: próprio autor.

Essa proteína foi analisada com o programa de bioinformática Phyre2, onde foi realizada a predição da estrutura 3D como mostra a figura abaixo, a região em vermelho corresponde com a sequência de aminoácido que atuam como epítipo ligantes de células B. Como mostra a figura 26. Assim, podemos observar que a região que serve como epítipo está exposta na superfície da proteína, e que essa proteína pode ser usada no diagnóstico do *T.evansi*.

Figura 26: Predição da estrutura 3D da proteína CAAX prenyl protease 1, putative, metallo- peptidase, Clan M-Family M48, identificada de acordo com o programa Phyre². A região em vermelho corresponde com a fração que serve como epítipo ligante de células B.



Fonte: próprio autor.

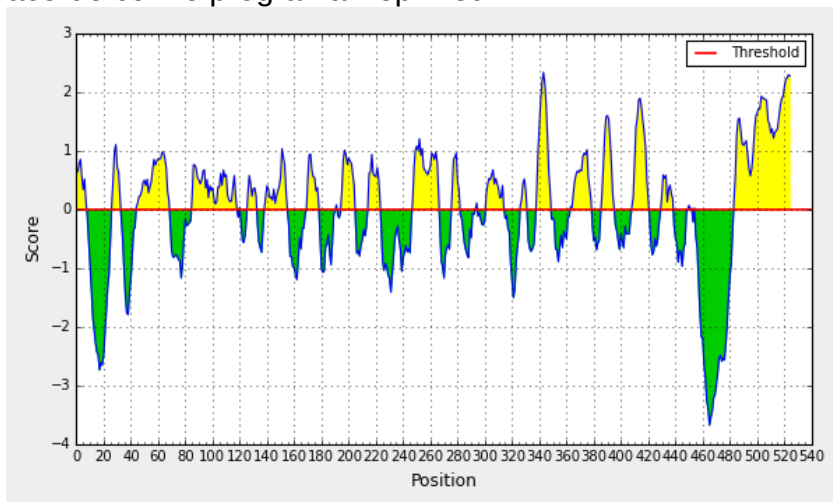
A proteína *membrane-bound acid phosphatase 1 precursor* (*Trypanosoma evansi*_strain_STIB_805) também foi identificada como uma possível proteína de membrana, porém não foram encontrados na literatura dados que confirmem esse dado. A sequência da proteína está apresentada a seguir:

TevSTIB805.11_01.13570 epitopo: ERREEEPVI
 MKERKGSWVNLAVVCVFFFTFLHIHSYAAQPTKTLHLVQLVH
 RHGARYPLVPHNATEICGGEPGSLTREGLTMLINTGKFLRE
 HYNNASSVPFFPSTSYNLSVSHTESTYVNRTIQSAEGLLKGL
 FPDENTFFPVVYTRYDRGNVLQRSYNPYTYAFLNLDVEW
 WRNVCNPTTDKFIKYDTLLSISKEVFSEGMCANPEDRCKCA
 QTLFDIGASMEADGRIAKHPLLLQHVKQLRNVTEFCFREEFG

YNSSDKTHVNMGSQGQDLAQRILFNAESRMNGTTTLKLYHY
 SAHDVTLAPLAATLGDSTFDGFLPPFGQLYAFELLYDDAANG
 YVVCVRRGAPGQTPSTKYLFQWDDFQLKCMDERNNSIYNAE
 NNTCPYHDFKRFVDFTKPKDPAGLCYLNDKYRKLFDSCGEK
 RESPNQACKALRRMCPEWACGSGYTLNSVTLECIQSLSGG
 RYFTMKWRLLLVFIVLVCVCVVVSLLCFSRNK**ERREEEPVIE**
 EGVASNEKEPPLGHPGRANRAREGSDGPVP
 Accession: EAN80258.1 GI: 70834756

A região em amarelo corresponde a fração que serve como epítipo ligante de células B. Regiões hidrofílicas e hidrofóbicas são apresentadas na figura 27 a seguir:

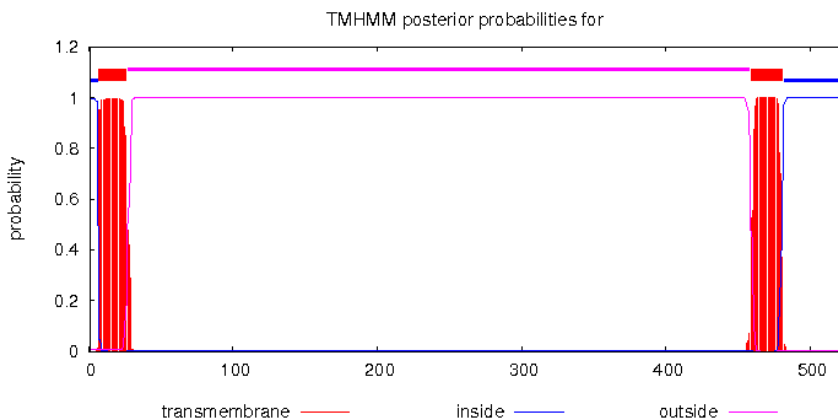
Figura 27: Regiões hidrofílicas e hidrofóbicas da proteína *membrane-bound acid phosphatase 1 precursor* de acordo com o programa BepiPred.



Fonte: próprio autor.

Os domínios trans-membranares são apresentados a seguir na figura 28.

Figura 28: Domínios trans-membranares da proteína membrane-bound acid phosphatase 1 precursor, de acordo com programa de bioinformática TMHMM.



Fonte: próprio autor.

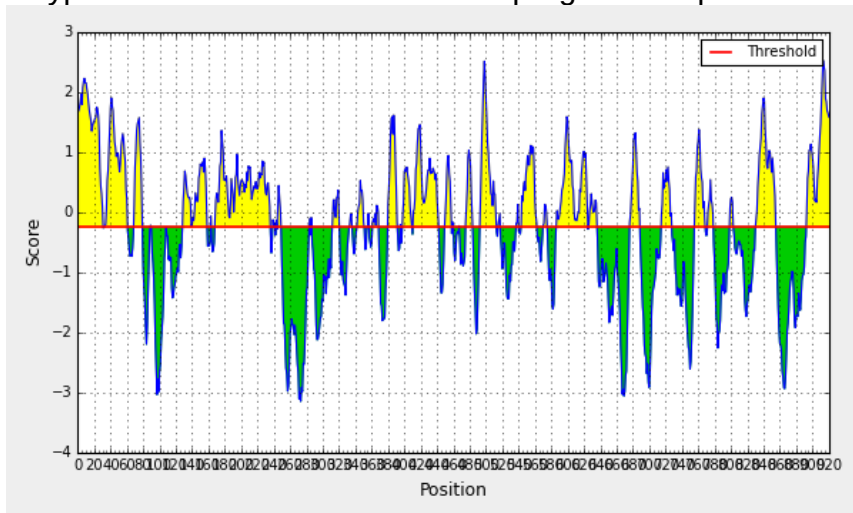
A proteína P-type H-ATPase, putative (*Trypanosoma evansi* strain STIB_805) foi também identificada como proteína de membrana. Sua sequência está apresentada a seguir. A região em amarelo corresponde com a fração que serve como epítipo ligante de células B.

TevSTIB805.10.13110 epítipo: HREGDDGSVPLL
 MGD TGPKGVPGTNDAGEVHKPQKPQRRQSVLSKAISE **HRE**
GDDGSVPLLPPSKGLTSAEAEELLKYGRNELPEKKTPSWLI
 FLRNLWGPMPIVLWIVIIIQFALQHFADGAVLLGIQLANALIGW
 YETIKAGDAVAALKNSLKPIATAYRDGTWQQIDAALLVPGDL
 VKLGSGSAVPADCTINEGVIDVDEAALTGESLPVTMGTEHM
 PKMGSNVVRGEVDATVQYTQGQSTFFGKTATLLQSVEADIGS
 IRIILMRVMVILSSFSFVLCLACFIYLMVNFQKQFRDALQFAVV
 VLVVSIPIALEIVVTTTLAVGSKKLSKHKIIVTRLTAIETMSGVN
 MLCSDKTGTLTLNKMEIQEQCFTFEKGHDLRSLLVLSALAAK
 WREPPRDALDTMVLGAADLDECDNYEQLEFVPFDPTTKRT
 AATLVDKRSGEKFSVTKGAPHVILQMVYNQDEINDSVVDIID
 KLASRGIRCLSAKTD SAGRWHLCGILTFDPPRPDTKETIR

RSRQYGVDVKMITGDHVLIAKEMCRMLDLDPNILTVEKLPKV
 DVNNMPSDLGEKYGDMMLSVGGFAQVFPEHKFLIVEALRQ
 RGYTCAMTGDGVNDAPALKRADVGIAVHGATDAARAAADM
 VLTDPGLSVVVDAMFVSRQVFQRMFLTYRISATLQLVCFF
 FIACFSLTPHDYGIEDPKFQVFYLPVMMFMLITLLNDGCLMTI
 GYDRVVPKLPQRWNIPVVFTSAIIMSVVACASSLLLLWMAL
 DAYDEKRYPNWFGKLNIPSLKEGKIVTLLYLKISISDFLTFS
 SRTGGRFFFFSMAPGTILLVGAVVSLVISTIAASVWKKSSSDG
 VPTEGLAVGGDTAAKLLPLWVWIYCILWWIVQDVVKVLAHM
 LMEAFDIFGCVSRSGRGADVECGSVCKDGEKGAPKEPTL
 Accession: XP_011778672.1 GI: 788020322

Regiões hidrofílicas e hidrofóbicas são apresentadas no gráfico a seguir de acordo como o programa BepiPred. Como mostra a figura 29.

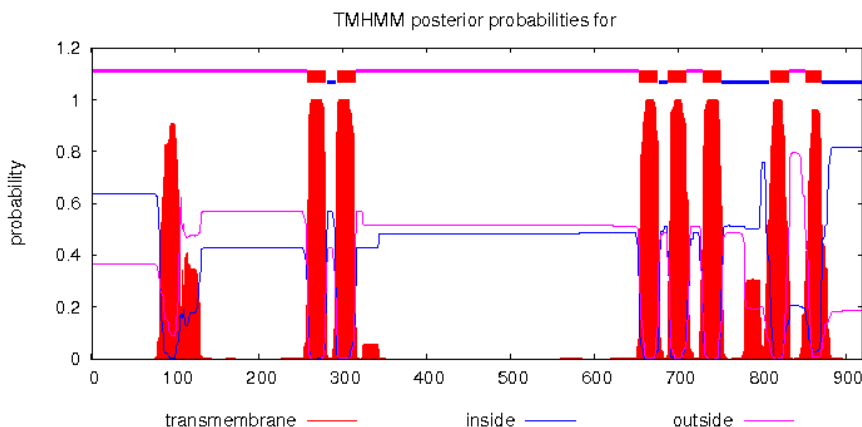
Figura 29: Regiões hidrofílicas e hidrofóbicas da proteína P-type H-ATPase de acordo com o programa BepiPred.



Fonte: próprio autor.

A presença de domínio transmembranar foi verificada através do programa TMHMM e o gráfico está apresentado a seguir na figura 30:

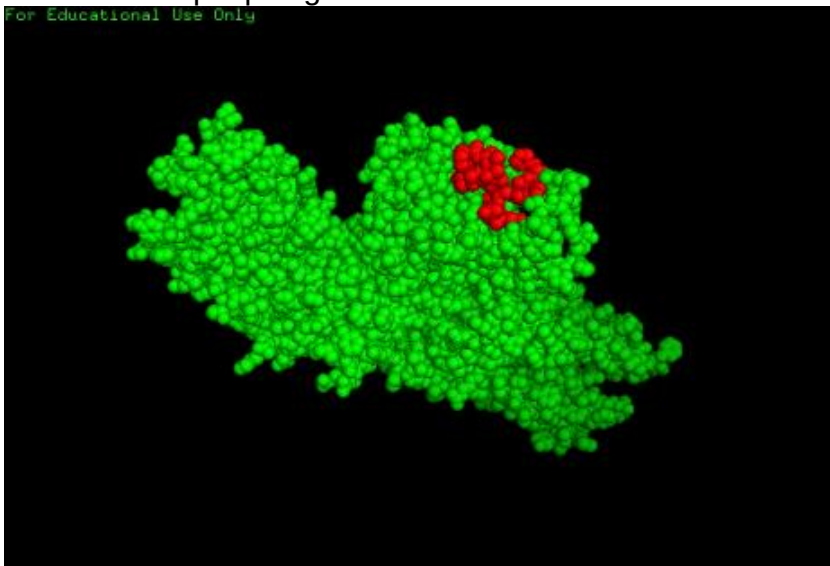
Figura 30: Domínio transmembranar da proteína P-type H-ATPase de acordo com o programa de bioinformática TMHMM.



Fonte: próprio autor.

Essa proteína foi analisada com o programa de bioinformática Phyre², onde foi realizada a predição da estrutura 3D como mostra a figura 31, a região em vermelho corresponde com a sequência de aminoácido que atuam como epítopo ligantes de células B. Na estrutura 3D podemos visualizar que a região que serve como epítopo ligante de células B se encontra na superfície, o que nos mostra que também poderia ser usada como um alvo para diagnóstico.

Figura 31: Predição da estrutura 3D da proteína P-type H-ATPase, identificada de acordo com o programa Phyre². A região em vermelho corresponde com a fração que serve como epítipo ligante de células B.



Fonte: próprio autor.

Todas as proteínas aqui descritas também foram encontradas em diferentes estirpes de *T.brucei*, conforme dados apresentados pelo programa TriTrypDB(<http://tritrypdb.org/tritrypdb/>). O resultado das análises está disponível no material de anexo.

A análise proteômica das proteínas da superfície das formas sanguíneas do *Trypanosoma brucei* (BRIDGES et al., 2008) identificou inúmeras proteínas que também foram encontradas nesse trabalho, dado que confirma a similaridade entre *T. brucei* e *T.evansi*.

O principal glicoconjugado expresso na maioria das espécies de Tripanossomas são as VSGs(CORDERO et al., 2009). Entende-se por VSG uma glicoproteína ancorada (GPI), que se apresenta predominantemente

em sua estrutura secundária, com uma sequência N-terminal altamente variável e mono-alelicamente expressa por um repertório de centenas de genes (MANNA et al., 2014). Apesar de ser descrito por diversos autores, como uma das mais abundantes proteínas de superfície presente em tripanossomatídeos (CORDERO et al., 2009; MANNA et al., 2014; SENGUPTA et al., 2014; VERLOO et al., 2000) apenas uma proteína pertencente a este grupo foi encontrada no trabalho, como apresentado no anexo I. Porém quando analisamos os resultados das primeiras amostras (analisadas com o banco de dados do *T.brucei*) foi possível identificar um número maior de proteínas ancoradas de acordo com análise feita pelo programa fraganchor como mostrado na tabela abaixo:

Tabela 4: Proteínas identificadas de acordo com banco de dados do *T.brucei* disponíveis no NCBI em 2013 e que apresentam domínio trans-membranar.

Descrição	Classificação	Sequência
hexokinase, putative [Trypanosoma	Probable	LLASVCCLGMQTFVL
monoglyceride lipase, putative	Highly probable	TIIFTLTCVVLALTLTSDG
amino acid transporter, putative	Probable	LVASVSCLLLCGV
signal recognition particle	Highly probable	FKICVLFVLVLIIGLLIALFLKAVT
Transitional endoplasmic reticulum	Probable	VAGGILALLSTGSAAQS
vacuolar-type Ca²⁺-ATPase,	Highly probable	SVFAALLLLLLTFIQSVCSILAL
endosomal trafficking protein	Probable	GYTGPSQVLGQLLPFSFLILVV
elongation factor 2, putative	Weakly probable	RGVSLPPFIPILVFFYNG

60S ribosomal protein L7a,	Highly probable	VVIRQEHLASIVAALLSFIIGTWFAKF
hypothetical protein, conserved	Probable	VALGFGAIGALFRMF
methionyl-tRNA synthetase,	Highly probable	NSVVPRLGLIAGFLSALLFLF
hypothetical protein, conserved	Probable	RRTWWKRAFFALFCLFSVLCII
importin alpha subunit, putative	Highly probable	VSHTTSPLLLLLVACAAAAAVVAA
hypothetical protein, conserved	Highly probable	SRVTGLGHGLVLTVLTLSAFFVL
aspartyl-tRNA synthetase, putative	Highly probable	VLASFFPPFVFSHAFVA
GTP binding protein, putative	Weakly probable	RGQTLVLLPCSFTLSLNQP
phenylalanyl-tRNA synthetase (beta	Highly probable	YGTVCLSALGCLPLLPGPRA
P-type ATPase [Trypanosoma brucei]	Probable	VAVLVALSLGLGLLAWRPGCLRALGGPV
alkyl hydroperoxide	Highly probable	LTPAQRGGAIAGTALLTVIL
metacaspase [Trypanosoma brucei]	Highly probable	AGDFVGPLPLCSLVIALNLKLLP
retrotransposon hot spot (RHS)	Highly probable	VSHTTSPLLPLLVVACAAAAAVVAA
alternative oxidase [Trypanosoma	Highly probable	ESFSPLSLTCTILLSLPAVLQALF
tryparedoxin, putative	Probable	VPIVEPEILVDGSLPVIGSSFLVFL
monoglyceride lipase, putative	Highly probable	TIIFTLTCVVLAALTLTSDG
amino acid transporter, putative	Probable	LVASVSCLLCGV
aspartyl-tRNA synthetase, putative	Highly probable	VLASFFPPFVFSHAFVA
importin alpha subunit, putative	Highly probable	VSHTTSPLLLLLVACAAAAAVVAA
endosomal trafficking protein	Probable	GYTGPSQVLGQLLPFSFLILVV
hypothetical protein, conserved	Probable	RRTWWKRAFFALFCLFSVLCII

vacuolar-type Ca²⁺-ATPase,	Highly probable	SVFAALLLLLLTFIQSVCSILAL
60S ribosomal protein L7a,	Highly probable	VVIRQEHLASIVAALLSFIIGTWFAKF
t-complex protein 1 gamma subunit,	Highly probable	FGLTAALFSLLSITMIFLVLRAIKNPL
hypothetical protein, conserved	Highly probable	SRVTGLGHGLVLTVLTLSAFFVL
methionyl-tRNA synthetase,	Highly probable	NSVVPRGLIAGFLSALLFLF
hexokinase, putative [Trypanosoma	Probable	LLASVCCLGMQTFVL
ATP-dependent DEAD-box RNA	Highly probable	LSLSHLFGALGGVLTIAISSPP
Transitional endoplasmic reticulum	Probable	VAGGILALLSTGSAAQS
phenylalanyl-tRNA synthetase (beta	Highly probable	YGTVCLSALGCLPLLPGPRA
nucleobase transporter	Highly probable	LMGIALLGASFASLIAIVVFLFP
nucleobase transporter	Highly probable	LDGTRAESSTAVTTASGIGATLSA
signal recognition particle	Highly probable	FKICVLFVLVLIIGLLIALFLKAVT
activated protein kinase c	Highly probable	VSHTTSLPLLLLACVAAAAVVAA
hypothetical protein, conserved	Probable	VALGFGAIGALFRMF
P-type ATPase [Trypanosoma brucei]	Probable	VAVLVALSLGLGLLAWRPGCLRALGGPV

A razão pela qual houve uma diferença tão significativa na quantidade de proteínas identificadas nos diferentes bancos de dados pode ser atribuída à diferença do genoma. Porém para confirmar essa hipótese é necessária uma análise detalhada no genoma de ambas as cepas por especialistas nesta área.

Diferentes proteínas de membrana foram identificadas nesse trabalho, o uso dessas proteínas como alvo terapêutico ou diagnóstico vai depender de uma série de estudos mais detalhados.

5 METAS ALCANÇADAS E PERSPECTIVAS FUTURAS

- Foram identificadas 439 proteínas na fração enriquecida com proteínas de membrana.
- Através da análise de bioinformática foram identificadas oito proteínas presentes na membrana do *T.evansi* que podem atuar como epítopo ligantes de células B.
- Foi produzido anticorpo policlonal contra *T.evansi* em ratos, na titulação de 1:2000.
- O anticorpo policlonal reconheceu proteínas presente na fração enriquecida com proteínas de membrana.
- No entanto para que essas proteínas possam ser usadas como alvo terapêutico ou diagnóstico é necessário um estudo mais detalhado de sua estrutura assim como da bioquímica.
- Existe uma série de dados que devem explorados, que podem contribuir para a obtenção de novos testes para fim de diagnóstico como terapêutico.

REFERÊNCIAS

ACOSTA-SERRANO, A.; HUTCHINSON, C.; NAKAYASU, E.S.; ALMEIDA, I.C.; CARRINGTON, M. Comparison and evolution of the surface architecture of trypanosomatid parasites. In **Trypanosomes: After the Genome**, Barry JD, Mottram JC, McCulloch R, Acosta-Serrano A (eds), pp 319–337. Norwich, UK: Horizon Scientific Press. 2007.

ALMEIDA, I.C.; CAMARGO, M.M.; PROCOPIO, D.O.; SILVA, L.S.; MEHLERT, A.; TRAVASSOS, L.R.; GAZZINELLI, R.T.; FERGUSON, M.A. Highly purified glycosylphosphatidylinositols from *Trypanosoma cruzi* are potent proinflammatory agents. **EMBO J.** 19, 1476–1485. 2000.

ARAUJO, R.O. Detection of antigen of *Trypanosoma cruzi* by enzyme immunoassay. **Annals of Tropical Medicine and Parasitology.** 76: 25–36. 1982.

BAJYANA, S.E.; HAMERS, R. A card agglutination test (CATT) for veterinary use based on an early VAT RoTat 1.2 of *Trypanosoma evansi*. **Annales de la Societe belge de medecine tropicale.** 68: 233–240. 1988.

BENCHIMOL, M. et al. Functional expression of a vacuolar-type H⁺-ATPase in the plasma membrane and intracellular vacuoles of *Trypanosoma cruzi*. **The Biochemical journal**, v. 332, n. 1998, p. 695–702, 1998.

BORDIER, C. Phase separation of integral membrane proteins in Triton X-114 solution. **Journal of Biological Chemistry**, v. 256, n. 4, p. 1604–1607, 1981.

BORST, P.; FASE-FOWLER, F.; GIBSON, W. C.
Kinetoplast DNA of *Trypanosoma evansi*. **Mol Biochem Parasitol**, v. 23, n. 1, p. 31–38, 1987.

BRIDGES, D. J. et al. Characterisation of the plasma membrane subproteome of bloodstream form *Trypanosoma brucei*. **Proteomics**, v. 8, n. 1, p. 83–99, 2008.

BROTHERTON, M. C. et al. Analysis of membrane-enriched and high molecular weight proteins in *Leishmania infantum* promastigotes and axenic amastigotes. **Journal of Proteome Research**, v. 11, n. 8, p. 3974–3985, 2012.

BRUN, R.; HECKER, H.; LUN, Z.-R. *Trypanosoma evansi* and *T. equiperdum*: distribution, biology, treatment and phylogenetic relationship (a review). **Veterinary Parasitology**, v. 79, n. 2, p. 95–107, 1998.

CARNES, J. et al. Genome and Phylogenetic Analyses of *Trypanosoma evansi* Reveal Extensive Similarity to *T. brucei* and Multiple Independent Origins for Dyskinetoplasty. **PLoS neglected tropical diseases**, v. 9, n. e3404, p. 1, 2015.

CORDERO, E. M. et al. Proteomic Analysis of Detergent-Solubilized Membrane Proteins from Insect-Developmental Forms of *Trypanosoma cruzi* Proteomic Analysis of Detergent-Solubilized Membrane Proteins from Insect-Developmental Forms of *Trypanosoma cruzi* **Esteban M . Cord.** p. 3642–3652, 2009.

DA SILVA, R. A. et al. Outbreak of trypanosomosis due to *Trypanosoma evansi* in horses of Pantanal Mato-

grossense, Brazil. **Veterinary parasitology**, v. 60, n. 1-2, p. 167–71, 1995.

DESQUESNES, M. et al. Trypanosoma evansi and Surra: A Review and Perspectives on Origin, History, Distribution, Taxonomy, Morphology, Hosts, and Pathogenic Effects\nMarc Desquesnes,^{1,2} Philippe Holzmüller,¹ De-Hua Lai,³ Alan Dargantes,⁴ Zhao-Rong Lun,³ and **Sathaporn Jittaplapo**. v. 2013, 2013a.

DESQUESNES, M. et al. Trypanosoma evansi and surra: a review and perspectives on transmission, epidemiology and control, impact, and zoonotic aspects. **BioMed research international**, v. 2013, p. 321237, 2013b.

DESQUESNES, M. et al. Trypanosoma evansi and surra: A review and perspectives on transmission, epidemiology and control, impact, and zoonotic aspects. **BioMed Research International**, v. 2013, 2013c.

DONELSON, J. E.; HILL, K. L.; EL-SAYED, N. M. A. **Multiple mechanisms of immune evasion by African trypanosomes**. v. 91, p. 51–66, 1998.

FALLIS, A M. Historical Column//Page d'histoire: GRIFFITH EVANS 1835-1935 DISCOVERER OF THE FIRST PATHOGENIC TRYPANOSOME. **The Canadian veterinary journal. La revue veterinaire canadienne**, v. 27, n. 9, p. 336–338, 1986.

FINBOW, M. E.; HARRISON, M. A. The vacuolar H⁺-ATPase: a universal proton pump of eukaryotes. **The Biochemical journal**, v. 324 (Pt 3, p. 697–712, 1997.

FRANKE, C. R.; GREINER, M.; MEHLITZ, D.

Investigations on naturally occurring *Trypanosoma evansi* infections in horses, cattle, dogs and capybaras (*Hydrochaeris hydrochaeris*) in Pantanal de Poconé (Mato Grosso, Brazil). **Acta tropica**, v. 58, n. 2, p. 159–169, 1994.

GIBSON, W. **Livestock Trypanosomoses and their Vectors in**. [s.l.: s.n.].

GILMORE, J. M.; WASHBURN, M. P. Advances in shotgun proteomics and the analysis of membrane proteomes. **Journal of Proteomics**, v. 73, n. 11, p. 2078–2091, 2010.

GONZÁLEZ DE LA VARA, L. E.; LINO ALFARO, B. Separation of membrane proteins according to their hydropathy by serial phase partitioning with Triton X-114. **Analytical biochemistry**, v. 387, n. 2, p. 280–6, 2009.

HE, L. et al. Integrated assessment of predicted MHC binding and cross-conservation with self reveals patterns of viral camouflage. **BMC Bioinformatics**, v. 15, n. Suppl 4, p. S1, 2014.

HERRERA, H. M. et al. Enzootiology of *Trypanosoma evansi* in Pantanal, Brazil. **Veterinary Parasitology**, v. 125, n. 3-4, p. 263–275, 2004.

HORTON, P. et al. **WoLF PSORT** : protein localization predictor. v. 35, n. 17, p. 585–587, 2007.

LAI, D.-H. et al. Adaptations of *Trypanosoma brucei* to gradual loss of kinetoplast DNA: *Trypanosoma equiperdum* and *Trypanosoma evansi* are petite mutants of *T. brucei*. **Proceedings of the National Academy of**

Sciences of the United States of America, v. 105, n. 6, p. 1999–2004, 2008.

LARSEN, J. E. P.; LUND, O.; NIELSEN, M. Improved method for predicting linear B-cell epitopes. **Immunome research**, v. 2, p. 2, 2006.

LEUNITA SUMBA, A.; MIHOK, S.; OYIEKE, F. A. Mechanical transmission of *Trypanosoma evansi* and *T. congolense* by *Stomoxys niger* and *S. taeniatum* in a laboratory mouse model. **Medical and Veterinary Entomology**, v. 12, n. 4, p. 417–422, 1998.

LIAO, D.; SHEN, J. Studies of quinapyramine-resistance of *trypanosoma brucei evansi* in China. **Acta Tropica**, v. 116, n. 3, p. 173–177, 2010.

LOSOS, G. J. *Veterinary Research Communications*, 4 (1980) 165--181. v. 4, 1980.

LUN, Z.; DESSER, S. S. Is the Broad Range of Hosts and Geographical Distribution of *T. brucei* attributable to the Loss of Mitochondrial Kinetoplast DNA? **Parasitology Today**, v. 11, n. 4, p. 131–133, 1995.

MANNA, P. T. et al. Life and times: synthesis, trafficking, and evolution of VSG. **Trends in Parasitology**, v. 30, n. 5, p. 251–258, 2014.

MCDONALD, W. H.; YATES, J. R. Shotgun proteomics and biomarker discovery. **Disease markers**, v. 18, n. 2, p. 99–105, 2002.

NUNES, J. T. S. et al. Occurrence of *Trypanosoma evansi* in Horses in the State of Minas Gerais, Brazil.

Journal of Equine Veterinary Science, v. 32, n. 4, p. 205–207, 2012.

PANIGRAHI, A. K. et al. A comprehensive analysis of trypanosoma brucei mitochondrial proteome. **Proteomics**, v. 9, n. 2, p. 434–450, 2009.

PATTON, W. F. Detection technologies in proteome analysis. **Journal of Chromatography B: Analytical Technologies in the Biomedical and Life Sciences**, v. 771, n. 1-2, p. 3–31, 2002.

PAYNE, R. C. et al. The effect of Trypanosoma evansi infection on the oestrous cycle of Friesian Holstein heifers. **Veterinary Parasitology**, v. 51, n. 1-2, p. 1–11, 1993.

PEREGRINE, A. S. Chemotherapy and delivery systems: haemoparasites. **Veterinary Parasitology**, v. 54, n. 1-3, p. 223–248, 1994.

REDPATH, M. B. et al. **ESAG11** , a new VSG expression site-associated gene from Trypanosoma brucei. v. 111, p. 223–228, 2000.

REID, S. A. et al. A Possible Role for Rusa Deer (Cervus timorensis russa) and Wild Pigs in Spread of Trypanosoma evansi from Indonesia to Papua New Guinea. **Memorias do Instituto Oswaldo Cruz**, v. 94, n. 2, p. 195–197, 1999.

RODRIGUES, A. et al. no Rio Grande do Sul : aspectos epidemiológicos , clínicos , hematológicos e patológicos. **Pesquisa Veterinaria Brasileira**, 1. v. 25, n. 4, p. 239–249, 2005a.

RODRIGUES, A. et al. Surtos de tripanossomíase por *Trypanosoma evansi* em equinos no Rio Grande do Sul: Aspectos epidemiológicos, clínicos, hematológicos e patológicos. **Pesquisa Veterinária Brasileira**, 2005b.

ROY, N. et al. Proteomics of *Trypanosoma evansi* infection in rodents. **PloS one**, v. 5, n. 3, p. e9796, 2010.

SANTONI, V.; MOLLOY, M.; RABILLOUD, T. Membrane proteins and proteomics: Un amour impossible? **Electrophoresis**, v. 21, n. 6, p. 1054–1070, 2000.

SENGUPTA, P. P. et al. Sero-diagnosis of surra exploiting recombinant VSG antigen based ELISA for surveillance. **Veterinary Parasitology**, v. 205, n. 3-4, p. 490–498, 2014.

SHIMOGAWA, M. M. et al. Cell surface proteomics provides insight into stage-specific remodeling of the host-parasite interface in *Trypanosoma brucei*. **Molecular & cellular proteomics : MCP**, v. 14, n. 7, p. 1977–1988, 2015.

SILVA, A. DA; OLIVEIRA, C. Ocorrência de *Trypanosoma evansi* em bovinos de uma propriedade leiteira no município de Videira-SC, Brasil. **Acta Scientiae ...**, v. 35, n. October, p. 373–376, 2007.

SILVA, R. A. M. S. . R. L. S. A. ETAL. *Trypanosoma evansi* e *Trypanosoma vivax*. **EMBRAPA**, n. 1 ed, 2002.

SINGH, V.; SHYMA, K. P.; GUPTA, J. A. Y. P. **Changing trends in diagnostics of trypanosomosis in animals**. v. 84, n. August, p. 811–818, 2014.

SPEERS, A. E.; WU, C. C. Proteomics of integral membrane proteins--theory and application. **Chemical reviews**, v. 107, n. 8, p. 3687–3714, 2007.

STANFICLD, R. et al. **Pellequer**, westhof,. n. X, p. 176–201, 1991.

STEVENS, J. R. et al. Isoenzyme characterization of *Trypanosoma evansi* isolated from capybaras and dogs in Brazil. **Acta Tropica**, v. 46, n. 4, p. 213–22, 1989.

SUDARTO, M. W.; TABEL, H.; HAINES, D. M. Immunohistochemical demonstration of *Trypanosoma evansi* in tissues of experimentally infected rats and a naturally infected water buffalo (*Bubalus bubalis*). **The Journal of parasitology**, v. 76, n. 2, p. 162–167, 1990.

TARLETON, R. L. Chagas Disease: A Solvable Problem, Ignored. **Trends in Molecular Medicine**, v. xx, p. 5–8, 2016.

TIBBETTS, R. S. et al. The DnaJ family of protein chaperones in *Trypanosoma cruzi*. **Molecular and Biochemical Parasitology**, v. 91, n. 2, p. 319–326, 1998.

TUNTASUVAN, D. et al. Chemotherapy of surra in horses and mules with diminazene aceturate. **Veterinary Parasitology**, v. 110, n. 3-4, p. 227–233, 2003.

UDENFRIEND, S.; KODUKULA, K. **Proteins Are Made**. p. 563–591, 1995.

VAN VINH CHAU, N. et al. A Clinical and Epidemiological Investigation of the First Reported Human Infection With

the Zoonotic Parasite *Trypanosoma evansi* in Southeast Asia. **Clinical Infectious Diseases**, p. ciw052, 2016.

VERLOO, D. et al. Comparison of serological tests for *Trypanosoma evansi* natural infections in water buffaloes from north Vietnam. **Veterinary Parasitology**, v. 92, n. 2, p. 87–96, 2000.

ZAIA, D. A. M.; ZAIA, C. T. B. V; LICHTIG, J.
Determinação de proteínas totais via espectrofotometria:
Vantagens e desvantagens dos métodos existentes.
Química Nova, v. 21, n. 6, p. 787–793, 1998.

ZILBERSTEIN, D. **Transport of nutrients and ions across membranes of trypanosomatid parasites**. [s.l: s.n.]. v. 32

ANEXOS

Anexo 1: Proteínas encontradas na fração enriquecida com proteínas de membrana.

I D	Descrição	TMD	Path way	Pos	Seq	Local 1	Local 2	Frang Anchor	PRE D
Tev STI B8 05. 1.1 490	vesicular-fusion protein nsf, putative,N-ethylmaleimide sensitive factor (NsF) (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				cytoso l	peroxi some		
Tev STI B8 05. 1.1 600	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				cytoso l nuclea r	nuclea r		
Tev STI B8 05. 1.1 70	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative,retrotransposon hot spot protein 1 (RHS1), putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				cytoso l nuclea r	nuclea r		
Tev STI B8 05. 1.2 020	calpain-like cysteine peptidase, putative,cysteine peptidase, Clan CA, family C2, putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				nuclea r	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 1.2 140	calpain-like protein fragment, putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				mitoch ondria	cytoso l		
Tev STI B8 05. 1.2 240	beta tubulin (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytosk eleton		
Tev STI B8 05.	alpha tubulin (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				Cytos ol	cytoso l		

1.2 250						nuclea r			
Tev STI B8 05. 1.2 480	coatomer beta subunit (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 1.3 000	soluble N- ethylmaleimide sensitive factor (NSF) attachment protein, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 1.3 070	40S ribosomal protein S11, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	nuclea r		
Tev STI B8 05. 1.3 740	glucose-6-phosphate isomerase, glycosomal (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 1.3 80	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative,retrotranspos on hot spot protein 5 (RHS5), putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 1.4 00	retrotransposon hot spot protein (RHS, pseudogene), putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				nuclea r			
Tev STI B8 05. 1.4 730	phospholipase A1 (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l nuclea r	cytoso l		
Tev STI B8 05.	expression site- associated gene 11 (ESAG11) protein, putative	0	Secr etor y	3 - 24	AVT -EQ	extrac ellular	endopl asmic reticul um	(class e 4)	X

1.5 010	(Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)								
Tev STI B8 05. 1.6 40	phosphoglycerate kinase (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 1.8 00	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0	Secr etor y	8 - 19	ASA -EY	extrac ellular	endopl asmic reticul um		
Tev STI B8 05. 10. 100 30	hypothetical protein (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	1	Secr etor y	1 - 22	TAA -CL	extrac ellular			
Tev STI B8 05. 10. 112 10	protein tyrosine phosphatase, putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	6	Secr etor y			extrac ellular	extrac ellular plasm a memb rane		
Tev STI B8 05. 10. 113 10	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	4				plasm a memb rane			
Tev STI B8 05. 10. 114 40	argonaute-like protein (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 10. 114 70	heat shock protein, putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				cytoso l	nuclea r		

Tev STI B8 05. 10. 116 0	T-complex protein 1, delta subunit, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	nuclea r	(class e 4)	
Tev STI B8 05. 10. 117 10	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	2	Secr etor y	8 - 29	ASA -AE	extrac ellular	extrac ellular plasm a memb rane		
Tev STI B8 05. 10. 118 80	paraflagellar rod component, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	extrac ellular		
Tev STI B8 05. 10. 118 90	intraflagellar transport protein IFT55/IFT57, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytosk eleton			
Tev STI B8 05. 10. 119 70	60S ribosomal protein L6, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				nuclea r	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 10. 120 80	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l mitoch ondria		
Tev STI B8 05. 10. 125 70	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0	Secr etor y	5 - 16	AEL -EN	extrac ellular	nuclea r		
Tev STI B8	intraflagellar transport protein IFT172, putative	0				cytoso l	mitoch ondria		

05. 10. 127 0	(Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)								
Tev STI B8 05. 10. 130 20	predicted S. cerevisiae Got1 homologue, predicted to be involved in ER-Golgi transport (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	3	Secretory			plasma membrane	lysosome		
Tev STI B8 05. 10. 131 10	P-type H ⁺ -ATPase, putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	7				plasma membrane			
Tev STI B8 05. 10. 133 30	heat shock protein, putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				cytosol	cytosol nuclear		
Tev STI B8 05. 10. 134 0	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	5				plasma membrane	endoplasmic reticulum		
Tev STI B8 05. 10. 134 40	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				cytosol	cytosol nuclear		
Tev STI B8 05. 10. 135 90	ras-related protein rab-5, small GTPase, putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				nuclear	cytosol nuclear		
Tev STI B8 05. 10.	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				cytosol	cytosol mitochondria	(class e 4)	

144 10									
Tev STI B8 05. 10. 144 80	glycogen synthase kinase 3 (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				plasm a memb rane	cytoso l		
Tev STI B8 05. 10. 144 90	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 10. 145 30	chaperone protein DNAj, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	1	Mito chon drio n			mitoch ondria	Golgi appar atus		
Tev STI B8 05. 10. 146 30	phosphatidic acid phosphatase, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	6	Secr etor y			plasm a memb rane			
Tev STI B8 05. 10. 148 70	pyruvate kinase 1 (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	mitoch ondria		
Tev STI B8 05. 10. 148 80	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l nuclea r	nuclea r		
Tev STI B8 05. 10. 149 10	aquaporin 9, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	6				plasm a memb rane	endopl asmic reticul um	(class e 4)	

Tev STI B8 05. 10. 149 40	syntaxin 5 (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	1				cytoso l	peroxi some	(class e 3)	
Tev STI B8 05. 10. 153 50	40S ribosomal protein S2, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 10. 154 40	syntaxin, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	1				cytoso l	cytoso l nuclea r	(class e 4)	
Tev STI B8 05. 10. 154 90	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0	Mito chon drio n			plasm a memb rane	endopl asmic reticul um		
Tev STI B8 05. 10. 156 50	C-terminal motor kinesin, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				nuclea r	cytoso l		
Tev STI B8 05. 10. 156 90	hypothetical protein, conserved,zinc finger protein family member, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l nuclea r	cytoso l		
Tev STI B8 05. 10. 157 60	intraflagellar transport protein IFT52, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8	methionyl-tRNA synthetase, putative	0				mitoch ondria	cytoso l		

05. 10. 161 0	(Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)						mitoch ondria		
Tev STI B8 05. 10. 162 0	NOT1 (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 10. 166 00	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				cytoso l nuclea r	nuclea r		
Tev STI B8 05. 10. 166 0	proteasome regulatory non-ATP-ase subunit 5,19S proteasome regulatory subunit (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				nuclea r	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 10. 166 90	peroxisome assembly protein, putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 10. 197 0	syntaxin, putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	1				cytoso l	cytoso l nuclea r	(class e 1)	
Tev STI B8 05. 10. 215 0	hexokinase;evidence=i nferred from sequence orthology(pseudogene) (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 10.	elongation factor 1- alpha,EF-1-alpha (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				cytoso l	mitoch ondria		

2260									
Tev STI B8 05. 10. 230	40S ribosomal protein S6, putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				nuclear	cytosol nuclear		
Tev STI B8 05. 10. 243 0	vacuolar protein sorting-associated protein 35, putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				cytosol	cytosol nuclear		
Tev STI B8 05. 10. 262 0	metacaspase MCA4, cysteine peptidase, Clan CD, family C13, putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				mitochondria	cytosol		
Tev STI B8 05. 10. 286 0	intraflagellar transport protein IFT81, putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				nuclear	cytosol nuclear		
Tev STI B8 05. 10. 300 0	eukaryotic translation initiation factor 5, putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				cytosol	cytosol mitochondria		
Tev STI B8 05. 10. 313 0	enolase (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				cytosol	cytosol nuclear		
Tev STI B8 05. 10. 314 0	importin beta-1 subunit, putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				cytosol	cytosol nuclear		

Tev STI B8 05. 10. 351 0	fatty acyl CoA synthetase, putative, Long-chain- fatty-acid--CoA ligase 4, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 10. 362 0	60S acidic ribosomal protein P2, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l nuclea r	nuclea r		
Tev STI B8 05. 10. 387 0	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	6	Secr etor y			plasm a memb rane	extrac ellular	(class e 4)	
Tev STI B8 05. 10. 389 0	aspartate aminotransferase (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				mitoch ondria	extrac ellular		
Tev STI B8 05. 10. 394 0	proteasome activator protein PA26 (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 10. 407 0	60S ribosomal protein L18a, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				nuclea r	cytoso l		
Tev STI B8 05. 10. 418 0	40S ribosomal protein S3A, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				nuclea r	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8	DHH1 (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				nuclea r			

05. 10. 426 0									
Tev STI B8 05. 10. 430 0	short-chain dehydrogenase, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	1	Secr etor y	7 - 18	VFA -AA	extrac ellular	endopl asmic reticul um		
Tev STI B8 05. 10. 474 0	stress-inducible protein STI1-like, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	extrac ellular		
Tev STI B8 05. 10. 485 0	elongation factor 2 (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	nuclea r		
Tev STI B8 05. 10. 490	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				nuclea r	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 10. 507 0	GPI inositol deacylase precursor (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0	Secr etor y			plasm a memb rane	extrac ellular plasm a memb rane		
Tev STI B8 05. 10. 523 0	serine/threonine protein kinase (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0		1 - 32	AKA -EA	cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 10. 543 0	protein kinase, putative,mitogen- activated protein kinase 2, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		

Tev STI B8 05. 10. 566 0	40S ribosomal protein S18, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	mitoch ondria		
Tev STI B8 05. 10. 570	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	10				plasm a memb rane			
Tev STI B8 05. 10. 579 0	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				nuclea r	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 10. 580	ATP-dependent DEAD/H RNA helicase, putative,DEAD box RNA helicase, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytosk eleton	cytoso l		
Tev STI B8 05. 10. 595 0	40S ribosomal protein S9, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	nuclea r		
Tev STI B8 05. 10. 596 0	fructose-bisphosphate aldolase, glycosomal (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 10. 612 0	valosin-containing protein homolog,Transitional endoplasmic reticulum ATPase, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05.	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		

10. 616 0									
Tev STI B8 05. 10. 619 0	translation elongation factor 1-beta, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 10. 630 0	protein kinase, putative,(OTHER) NEK family, HsNEK1- like (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 10. 636 0	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				nuclea r	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 10. 640 0	clathrin heavy chain (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 10. 676 0	chaperonin Hsp60, mitochondrial precursor (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0	Mito chon drio n			mitoch ondria	cytoso l		
Tev STI B8 05. 10. 698 0	chaperone protein DNAj, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	1				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 10. 701 0	COP-coated vesicle membrane protein erv25 precursor, putative,ER--golgi transport protein erv25 precursor, putative	2	Secr etor y			extrac ellular	endopl asmic reticul um		

	(Trypanosoma evansi strain STIB_805)								
Tev STI B8 05. 10. 710 0	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma evansi strain STIB_805)	11		2 - 33	ASA -AR	plasm a memb rane			
Tev STI B8 05. 10. 711 0	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma evansi strain STIB_805)	11				plasm a memb rane			
Tev STI B8 05. 10. 722 0	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma evansi strain STIB_805)	3				plasm a memb rane	mitoch ondria		
Tev STI B8 05. 10. 727 0	glyceraldehyde 3- phosphate dehydrogenase, cytosolic (Trypanosoma evansi strain STIB_805)	0				mitoch ondria	cytoso l mitoch ondria		
Tev STI B8 05. 10. 750 0	nucleoporin interacting component (NUP93), putative (Trypanosoma evansi strain STIB_805)	0				nuclea r	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 10. 753 0	alternative oxidase (Trypanosoma evansi strain STIB_805)	1	Mito chon drio n			mitoch ondria	cytoso l mitoch ondria		
Tev STI B8 05. 10. 780 0	40S ribosomal protein S24E, putative (Trypanosoma evansi strain STIB_805)	0				cytoso l	mitoch ondria		

Tev STI B8 05. 10. 810 0	hypothetical protein, conserved,transportin 2- like protein (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				plasm a memb rane			
Tev STI B8 05. 10. 853 0	adaptin complex 1 subunit, putative,beta- adaptin, fragment (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 10. 860	vesicle-associated membrane protein, putative,synaptobrevin , putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	1				peroxi some	plasm a memb rane	(class e 4)	
Tev STI B8 05. 10. 866 0	nuclear pore complex protein (NUP155), putative,nucleoporin, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 10. 868 0	T-complex protein 1, theta subunit, putative,CCT-theta, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 10. 878 0	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit 8, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l mitoch ondria		
Tev STI B8 05. 10. 894 0	40S ribosomal protein S12, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05.	glucose transporter, putative(pseudogene) (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	12				plasm a memb rane			

10.8970									
Tev STI B8 05. 10. 9260	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				cytosol	cytosol nuclear		
Tev STI B8 05. 10. 9760	isoleucyl-tRNA synthetase, putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0	Mitochondrion			mitochondria	cytosol mitochondria		
Tev STI B8 05. 10. 9940	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				mitochondria	cytosol mitochondria	(class e 4)	
Tev STI B8 05. 10. 9980	branch point binding protein, putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				mitochondria	cytosol		
Tev STI B8 05. 11_01. 10530	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	1				mitochondria	cytosol		
Tev STI B8 05. 11_01. 11010	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	1	Mitochondrion			mitochondria	nuclear		
Tev STI B8 05. 11_	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				cytosol	cytosol nuclear		

01. 111 10									
Tev STI B8 05. 11_ 01. 111 20	40S ribosomal protein SA, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	mitoch ondria		
Tev STI B8 05. 11_ 01. 116 90	unspecified product (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 11_ 01. 117 20	unspecified product (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l nuclea r	nuclea r		
Tev STI B8 05. 11_ 01. 119 10	unspecified product (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	2				cytoso l	extrac ellular		
Tev STI B8 05. 11_ 01. 119 60	unspecified product (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0	Secr etor y			cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 11_ 01. 120 60	unspecified product (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		

Tev STI B8 05. 11_ 01. 120 90	unspecified product (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	extrac ellular		
Tev STI B8 05. 11_ 01. 121 00	unspecified product (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	1	Secr etor y			extrac ellular	extrac ellular plasm a memb rane		
Tev STI B8 05. 11_ 01. 122 70	unspecified product (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0		2 - 23	CLA -QT	nuclea r	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 11_ 01. 124 90	RNA helicase, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				nuclea r	plasm a memb rane		
Tev STI B8 05. 11_ 01. 130 60	prefoldin subunit 2, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				extrac ellular	cytoso l		
Tev STI B8 05. 11_ 01. 134 20	unspecified product(pseudogene) (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	extrac ellular		
Tev STI B8 05.	calmodulin (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		

11_01.13440									
Tev STI B8 05.11_01.13510	elongation factor 1 gamma, putative(pseudogene) (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				extracellular	endoplasmic reticulum		
Tev STI B8 05.11_01.13570	membrane-bound acid phosphatase 1 precursor (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	2	Secretory			plasma membrane	extracellular plasma membrane		
Tev STI B8 05.11_01.13680	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	1		7 - 28	SYA-AQ	cytosol	cytosol nuclear	classe 4	
Tev STI B8 05.11_01.13920	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0	Secretory			cytosol	mitochondria		
Tev STI B8 05.11_01.13970	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	1				extracellular	extracellular plasma membrane		
Tev STI B8 05.11_01.14490	RNA-binding protein (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				nuclear	cytosol		

Tev STI B8 05. 11_ 01. 147 40	t-complex protein 1, epsilon subunit, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l plasm a memb rane		
Tev STI B8 05. 11_ 01. 148 20	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	nuclea r		
Tev STI B8 05. 11_ 01. 149 50	ADP-ribosylation factor GTPase activating protein 1, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				nuclea r	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 11_ 01. 156 30	paraflagellar rod protein(pseudogene) (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				nuclea r	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 11_ 01. 156 70	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				nuclea r	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 11_ 01. 159 00	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05.	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l nuclea r	cytoso l		

11_01.15950									
Tev STI B8 05.11_01.16300	GPI transamidase (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	2				plasma membrane	endoplasmic reticulum		
Tev STI B8 05.11_01.16430	60S ribosomal protein L27, putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				nuclear	mitochondria		
Tev STI B8 05.11_01.16450	não encontrado	0				plasma membrane			
Tev STI B8 05.11_01.16500	amino acid transporter, putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				peroxisome	cytosol		
Tev STI B8 05.11_01.16890	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	11				cytoskeleton			
Tev STI B8 05.11_01.17340	T-complex protein 1, alpha subunit, putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	1				nuclear	cytosol nuclear		

Tev STI B8 05. 11_ 01. 173 90	dynein light intermediate chain D1bLIC, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				nuclea r	cytoso l		
Tev STI B8 05. 11_ 01. 174 0	intraflagellar transport protein IFT88 (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 11_ 01. 191 0	T-complex protein 1, beta subunit, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 11_ 01. 202 0	arginyl-tRNA synthetase, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 11_ 01. 208 0	60S acidic ribosomal subunit protein, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 11_ 01. 237 0	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytosk eleton	nuclea r		
Tev STI B8 05.	phenylalanyl-tRNA synthetase (beta subunit), putative	0				mitoch ondria	cytoso l		

11_01.2410	(Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)								
TevSTI B8 05.11_01.2450	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				cytosol	cytosol nuclear		
TevSTI B8 05.11_01.2500	dynein heavy chain, putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				cytosol	mitochondria	classe 4	
TevSTI B8 05.11_01.2690	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0	Mitochondrion			mitochondria	cytosol mitochondria		
TevSTI B8 05.11_01.2720	heat shock protein 84, putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0	Secretory			plasma membrane	endoplasmic reticulum		
TevSTI B8 05.11_01.3300	metacaspase, cysteine peptidase, Clan CD, family C13 (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				cytosol	cytosol mitochondria		
TevSTI B8 05.11_01.3340	dynein heavy chain, putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	1				cytosol nuclear	cytosol		

Tev STI B8 05. 11_ 01. 341 0	ubiquitin-conjugating enzyme, putative,ubiquitin- conjugating enzyme- like, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				plasm a memb rane			
Tev STI B8 05. 11_ 01. 345 0	phospholipid- transporting ATPase 1-like protein, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				nuclea r	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 11_ 01. 360 0	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	10				mitoch ondria	cytoso l		
Tev STI B8 05. 11_ 01. 372 0	40S ribosomal protein S4, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0	Secr etor y			plasm a memb rane	endopl asmic reticul um		
Tev STI B8 05. 11_ 01. 375 0	nucleobase/nucleosid e transporter 8.1 (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r	TevST IB805. 11_01. 3750 (class e 1)	X
Tev STI B8 05. 11_ 01. 388 0	leucyl-tRNA synthetase, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	9				extrac ellular	cytoso l		
Tev STI B8 05.	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				nuclea r	cytoso l nuclea r		

11_01.4320									
Tev STI B8 05.11_01.4340	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				nuclear	cytosol nuclear		
Tev STI B8 05.11_01.4440	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				cytosol	extracellular		
Tev STI B8 05.11_01.4760	protein kinase A regulatory subunit (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				plasma membrane			
Tev STI B8 05.11_01.5560	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0	Secretory			extracellular	plasma membrane		
Tev STI B8 05.11_01.6160	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	7		1 - 22	VRA-AA	cytosol	cytosol nuclear		
Tev STI B8 05.11_01.630	ribosomal protein L21E (60S), putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	2	Secretory			extracellular	lysosome		

Tev STI B8 05. 11_ 01. 637 0	protein transport protein sec31, putative,cytosolic coat protein, putative(pseudogene) (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0	Secr etor y	0 - 21	VLG -TP	plasm a memb rane			
Tev STI B8 05. 11_ 01. 643 0	pretranslocation protein, alpha subunit, putative,SEC61-like (pretranslocation process) protein, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 11_ 01. 707 0	14-3-3-like protein, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	9				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 11_ 01. 760	protein phosphatase 2C, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				mitoch ondria	cytoso l mitoch ondria		
Tev STI B8 05. 11_ 01. 768 0	glycerol-3-phosphate dehydrogenase (FAD- dependent), mitochondrial (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0	Secr etor y			endopl asmic reticul um	extrac ellular		
Tev STI B8 05. 11_ 01. 786 0	glucose-regulated protein 78, putative,luminal binding protein 1 (BiP), putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0		2 - 23	VSA -AP	plasm a memb rane	endopl asmic reticul um		
Tev STI B8 05. 11_	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		

01. 809 0									
Tev STI B8 05. 11_ 01. 816 0	ribonucleoside- diphosphate reductase large chain (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	1				plasm a memb rane			
Tev STI B8 05. 11_ 01. 837 0	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0	Secr etor y			extrac ellular	mitoch ondria	(class e 4)	
Tev STI B8 05. 11_ 01. 845 0	ER lumen retaining receptor protein, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	9	Secr etor y			peroxi some	extrac ellular		
Tev STI B8 05. 11_ 01. 858 0	carbonic anhydrase- like protein (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	4		3 - 24	TTG -SS	plasm a memb rane	mitoch ondria		
Tev STI B8 05. 11_ 01. 904 0	glutathionylspermidine synthetase, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	1				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 11_ 01. 947 0	proteasome regulatory non-ATP-ase subunit 2 (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	2	Mito chon drio n			plasm a memb rane			

Tev STI B8 05. 11_ 01. 962 0	prenyltransferase, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 11_ 01. 969 0	ATP synthase, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	8				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 11_ 01. 982 0	14-3-3-like protein, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0	Secr etor y			plasm a memb rane	lysoso me		
Tev STI B8 05. 11_ 01. 987 0	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 11_ 01. 988 0	S- adenosylhomocystein e hydrolase, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	3	Secr etor y			cytoso l	nuclea r		
Tev STI B8 05. 2.1 030	expression site- associated gene (ESAG) protein, putative,expression site-associated gene 5 (ESAG5) protein, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0		3 - 24	CRA -TS	extrac ellular	lysoso me		
Tev STI B8	expression site- associated gene (ESAG) protein,	0				nuclea r	cytoso l		

05.2.10	putative,expression site-associated gene 5 (ESAG5) protein, putative (Trypanosoma evansi strain STIB_805)						nuclear		
Tev STI B8 05.2.1360	proteasome regulatory non-ATPase subunit 6 (Trypanosoma evansi strain STIB_805)	0				plasma membrane	peroxisome		
Tev STI B8 05.2.1770	65 kDa invariant surface glycoprotein (Trypanosoma evansi strain STIB_805)	0		0 - 21	LLA-TN	cytosol	cytosol nuclear		
Tev STI B8 05.2.1790	unspecified product (Trypanosoma evansi strain STIB_805)	1	Secretory			plasma membrane	peroxisome		
Tev STI B8 05.2.1810	65 kDa invariant surface glycoprotein(pseudogene) (Trypanosoma evansi strain STIB_805)	0		7 - 18	ISV-LL	nuclear	cytosol nuclear		
Tev STI B8 05.2.1880	D-alanyl-glycyl endopeptidase-like protein,cysteine peptidase, Clan CA, family C51, putative (Trypanosoma evansi strain STIB_805)	1				cytosol	cytosol mitochondria		
Tev STI B8 05.2.210	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative,retrotransposon hot spot protein 4 (RHS4), putative(pseudogene) (Trypanosoma evansi strain STIB_805)	1	Secretory			extracellular	extracellular plasma membrane		
Tev STI B8 05.2.2120	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma evansi strain STIB_805)	0				mitochondria	cytosol		

Tev STI B8 05. 2.2 780	GTP binding protein, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	1				cytoso l	cytoso l peroxi some		
Tev STI B8 05. 2.2 870	chaperone protein DNAj, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 2.3 420	glycosylphosphatidylin ositol-specific phospholipase C,VSG lipase (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 2.3 430	beta prime COP protein (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0	Secr etor y			plasm a memb rane			
Tev STI B8 05. 2.3 540	adenosine transporter 2, putative(pseudogene) (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	10				cytoso l	cytoso l nuclea r	(class e 4)	
Tev STI B8 05. 3.1 080	GTP-binding nuclear protein rtb2, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l nuclea r	nuclea r		
Tev STI B8 05. 3.1 230	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l nuclea r	cytoso l		
Tev STI B8 05. 3.2 120	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				plasm a memb rane	mitoch ondria		
Tev STI B8 05.	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	2				plasm a memb rane	nuclea r		

3.2 450									
Tev STI B8 05. 3.2 650	ATP-dependent DEAD/H RNA helicase, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 3.3 270	serine/threonine- protein kinase, putative,protein kinase, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				mitoch ondria	cytoso l		
Tev STI B8 05. 3.3 350	ATP-dependent phosphofructokinase (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				nuclea r	cytoso l		
Tev STI B8 05. 3.3 390	60S ribosomal protein L13, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				mitoch ondria	cytoso l		
Tev STI B8 05. 3.3 650	ADP-ribosylation factor-like protein 3A, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l plasm a memb rane		
Tev STI B8 05. 3.3 760	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0	Secr etor y			extrac ellular	endopl asmic reticul um		
Tev STI B8 05. 3.3 780	lipophosphoglycan biosynthetic protein, putative,heat shock protein 90, putative,glucose regulated protein 94, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	1	Secr etor y	0 - 31	ALG -DD	plasm a memb rane	endopl asmic reticul um		
Tev STI B8 05.	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	5		8 - 29	ARG -DD	cytoso l	cytoso l nuclea r		

3.4 040									
Tev STI B8 05. 3.4 280	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				plasm a memb rane			
Tev STI B8 05. 3.4 310	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	11	Secr etor y			plasm a memb rane			
Tev STI B8 05. 3.4 430	endosomal integral membrane protein, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	10	Secr etor y	4 - 25	TDA -FY	extrac ellular plasm a memb rane	plasm a memb rane		
Tev STI B8 05. 3.4 470	subtilisin-like serine peptidase,serine peptidase, clan SB, family S8-like protein (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	1		8 - 29	ALC -AS	cytoso l	mitoch ondria		
Tev STI B8 05. 3.4 960	RAB GDP dissociation inhibitor alpha, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 3.5 000	dynammin, putative,vacuolar sortin protein 1, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 3.5 080	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0	Secr etor y			plasm a memb rane	Golgi appar atus		
Tev STI B8 05. 3.5 190	signal peptide peptidase, putative,aspartic peptidase, clan AD, family A22B, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	8				extrac ellular	endopl asmic reticul um		

Tev STI B8 05. 3.5 330	60S ribosomal protein L4 (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				plasm a memb rane	mitoch ondria		
Tev STI B8 05. 3.5 370	tryparedoxin, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	1				nuclea r	cytoso l nuclea r	(Class e 1)	x
Tev STI B8 05. 3.5 640	Hsc70-interacting protein (Hip), putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0	Secr etor y			extrac ellular	mitoch ondria		
Tev STI B8 05. 3.5 70	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	1	Secr etor y	5 - 26	GRA -VN	extrac ellular	plasm a memb rane		
Tev STI B8 05. 3.5 730	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	3		6 - 37	VAA -AQ	cytoso l	cytoso l peroxi some		
Tev STI B8 05. 3.5 790	flagellar transport protein, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	plasm a memb rane		
Tev STI B8 05. 3.5 870	syntaxin, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	1				extrac ellular	nuclea r	(class e 4)	
Tev STI B8 05. 3.5 920	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	1				plasm a memb rane	cytoso l mitoch ondria		
Tev STI B8 05.	protein transport protein sec61 gamma subunit, putative	0				cytoso l	cytoso l nuclea r	(class e 2)	

3.9 10	(Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)								
Tev STI B8 05. 4.1 130	V-type ATPase, A subunit, putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	1	Secretory			extracellular			
Tev STI B8 05. 4.1 240	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				cytosol	nuclear	(class 3)	
Tev STI B8 05. 4.1 310	ruvB-like DNA helicase, putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	1				cytosol	cytoskeleton		
Tev STI B8 05. 4.1 340	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0	Secretory			endoplasmic reticulum	endoplasmic reticulum Golgi apparatus		
Tev STI B8 05. 4.1 860	ribosomal protein L3, putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				cytosol	cytosol nuclear		
Tev STI B8 05. 4.2 070	ruvB-like DNA helicase, putative, ATP-dependent DNA helicase, putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	1	Secretory			plasma membrane	extracellular		
Tev STI B8 05. 4.2 630	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				cytosol nuclear	cytosol		
Tev STI B8 05. 4.3 340	unspecified product (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	4				nuclear	cytosol nuclear		

Tev STI B8 05. 4.3 490	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0	Secr etor y			mitoch ondria	extrac ellular		
Tev STI B8 05. 4.3 640	60S ribosomal protein L13a, putative(pseudogene) (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0	Secr etor y			cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 4.3 680	translation elongation factor 1-beta, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 4.4 30	CAF 40 (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				extrac ellular	mitoch ondria		
Tev STI B8 05. 4.4 540	monoglyceride lipase, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0	Secr etor y			plasm a memb rane			
Tev STI B8 05. 4.4 560	vacuolar-type proton translocating pyrophosphatase 1, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0	Secr etor y	4 - 25	AVA -TT	plasm a memb rane	peroxi some		
Tev STI B8 05. 4.4 610	adenyl cyclase (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	14				plasm a memb rane	endopl asmic reticul um		
Tev STI B8 05. 4.5 010	amino acid transporter 10, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	1				plasm a memb rane		(class e 4)	
Tev STI B8 05.	amino acid transporter, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	11				plasm a memb rane	mitoch ondria	(class e 4)	

4.5 040									
Tev STI B8 05. 4.5 90	dynein heavy chain, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	11				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 4.8 00	gamma-adaptin 1, putative,AP-1 adapter complex gamma subunit, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				nuclea r	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 4.8 40	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0	Secr etor y			extrac ellular	plasm a memb rane		
Tev STI B8 05. 4.8 50	expression site- associated gene (ESAG) protein, putative,expression site-associated gene 5 (ESAG5) protein, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0		1 - 22	SLG -RI	plasm a memb rane	extrac ellular plasm a memb rane		
Tev STI B8 05. 4.9 00	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)					cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 4.9 70	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	1				plasm a memb rane			
Tev STI B8 05. 5.1 010	oligosaccharyl transferase subunit, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05.	ubiquitin-conjugating enzyme e2, putative,ubiquitin carrier protein, putative,ubiquitin-	10				nuclea r	cytoso l		

5.1 130	protein ligase, putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)								
Tev STI B8 05. 5.1 230	threonyl-tRNA synthetase, putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0	Secr etor y			extrac ellular			
Tev STI B8 05. 5.1 320	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0	Secr etor y	7 - 28	SFA -SP	extrac ellular	endopl asmic reticul um		
Tev STI B8 05. 5.1 370	short-chain dehydrogenase, putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	1				plasm a memb rane			
Tev STI B8 05. 5.1 420	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	2				plasm a memb rane			
Tev STI B8 05. 5.1 470	vacuolar proton translocating ATPase subunit A, putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	11	Secr etor y			plasm a memb rane	endopl asmic reticul um		
Tev STI B8 05. 5.1 560	64 kDa invariant surface glycoprotein (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	6	Secr etor y	1 - 22	VAA -NE	plasm a memb rane	extrac ellular plasm a memb rane		
Tev STI B8 05. 5.1 580	64 kDa invariant surface glycoprotein (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	1		1 - 22	VVA -NS	plasm a memb rane	cytoso l		
Tev STI B8 05. 5.1 820	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	1	Secr etor y			extrac ellular	endopl asmic reticul um		

Tev STI B8 05. 5.1 830	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	1	Secr etor y			endopl asmic reticul um	endopl asmic reticul um Golgi appar atus		
Tev STI B8 05. 5.2 030	lysosomal/endosomal membrane protein p67 (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	1	Secr etor y	6 - 27	TLS- TP	extrac ellular	endopl asmic reticul um		
Tev STI B8 05. 5.2 160	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	2				mitoch ondria	extrac ellular		
Tev STI B8 05. 5.2 240	hypothetical protein (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	1				cytosk eleton	cytoso l		
Tev STI B8 05. 5.2 770	hydrolase, alpha/beta fold family, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 5.2 80	iron/ascorbate oxidoreductase family protein, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0	Secr etor y			plasm a memb rane	extrac ellular plasm a memb rane		
Tev STI B8 05. 5.2 90	hypothetical protein (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0		1 - 22	VFS -QV	cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 5.3 260	protein kinase, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	1				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8	stress-induced protein sti1, putative	0	Secr etor y			extrac ellular	endopl asmic		

05. 5.3 390	(Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)						reticul um		
Tev STI B8 05. 5.3 50	75 kDa invariant surface glycoprotein (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0		8 - 29	TW A- EE	cytoso l nuclea r	cytoso l		
Tev STI B8 05. 5.3 580	hypothetical protein (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	1				peroxi some	cytoso l		
Tev STI B8 05. 5.3 70	5 kDa invariant surface glycoprotein, putative(pseudogene) (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				plasm a memb rane	endopl asmic reticul um		
Tev STI B8 05. 5.3 900	calcium-translocating P-type ATPase,calcium pump (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	1				cytoso l	mitoch ondria		
Tev STI B8 05. 5.4 080	vesicle-associated membrane protein, putative,synaptobrevin , putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	10				plasm a memb rane	peroxi some	(class e 4)	
Tev STI B8 05. 5.4 240	sphingomyelin phosphodiesterase, putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	1				cytoso l	cytosk eleton		
Tev STI B8 05. 5.4 360	orotidine-5-phosphate decarboxylase/orotate phosphoribosyltransfer ase, putative,OMPDCase- OPRTase, putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	2	Secr etor y			plasm a memb rane	extrac ellular plasm a memb rane		
Tev STI B8 05.	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0		4 - 25	AAA -VA	nuclea r	cytoso l		

5.4 620									
Tev STI B8 05. 5.4 760	histone H4, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	2	Secr etor y			cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 5.5 050	ras-like small GTPase, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0	Secr etor y			plasm a memb rane	peroxi some		
Tev STI B8 05. 5.5 150	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0	Secr etor y			plasm a memb rane	endopl asmic reticul um mitoch ondria		
Tev STI B8 05. 5.5 170	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	2	Secr etor y			endopl asmic reticul um	plasm a memb rane		
Tev STI B8 05. 5.6 30	acidic phosphatase, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	2	Secr etor y	2 - 23	GFA -DE	extrac ellular	extrac ellular plasm a memb rane		
Tev STI B8 05. 5.6 50	acidic phosphatase, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	2	Secr etor y	2 - 23	KLA -ES	extrac ellular	lysoso me		
Tev STI B8 05. 5.9 90	selenoprotein, putative(pseudogene) (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	1	Secr etor y	7 - 28	GSA -TN	extrac ellular	lysoso me		
Tev STI B8 05. 6.1 100	cysteine peptidase precursor,cysteine peptidase, Clan CA, family C1, Cathepsin L-like (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	3				nuclea r	cytoso l nuclea r		

Tev STI B8 05. 6.1 360	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	1				cytoso l nuclea r	nuclea r		
Tev STI B8 05. 6.1 850	protein phosphatase 2C, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 6.1 930	aspartyl-tRNA synthetase, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0	Mito chon drio n			mitoch ondria			
Tev STI B8 05. 6.2 240	co-chaperone GrpE, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0	Secr etor y			cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 6.3 020	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 6.3 140	aldehyde dehydrogenase family, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				plasm a memb rane	endopl asmic reticul um		
Tev STI B8 05. 6.3 630	endosomal trafficking protein RME-8, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				mitoch ondria	cytoso l mitoch ondria		
Tev STI B8 05. 6.3 930	heat shock 70 kDa protein, mitochondrial precursor, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0	Secr etor y			plasm a memb rane	mitoch ondria		
Tev STI B8 05.	reticulon domain protein (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0	Secr etor y			extrac ellular	endopl asmic reticul um		

6.3 970									
Tev STI B8 05. 6.4 070	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	3		0 - 31	VNG -SD	mitoch ondria	cytoso l		
Tev STI B8 05. 6.4 150	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	3	Secr etor y			endopl asmic reticul um	extrac ellular		
Tev STI B8 05. 6.4 340	aldehyde dehydrogenase, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	mitoch ondria		
Tev STI B8 05. 6.4 410	glyceraldehyde 3- phosphate dehydrogenase, glycosomal (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 6.4 570	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	nuclea r		
Tev STI B8 05. 6.4 610	valyl-tRNA synthetase, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0	Secr etor y			extrac ellular	endopl asmic reticul um		
Tev STI B8 05. 6.4 630	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0		0 - 21	SLA -QP	cytoso l	mitoch ondria		
Tev STI B8 05. 6.4 860	60S ribosomal protein L9, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	1				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI	hypothetical protein, conserved	0				cytoso l	nuclea r		

B8 05. 6.4 930	(Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)					nuclea r			
Tev STI B8 05. 6.4 940	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	mitoch ondria		
Tev STI B8 05. 6.5 150	40S ribosomal protein S14 (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				plasm a memb rane			
Tev STI B8 05. 6.5 220	V-type ATPase, C subunit, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l mitoch ondria	cytoso l		
Tev STI B8 05. 6.5 290	60S acidic ribosomal protein P2, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	5				cytoso l	nuclea r		
Tev STI B8 05. 6.6 80	kinetoplastid-specific phospho-protein phosphatase, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	mitoch ondria		
Tev STI B8 05. 6.7 40	alanyl-tRNA synthetase, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0	Secr etor y			extrac ellular	Golgi appar atus		
Tev STI B8 05. 7.1 00	hypothetical protein (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0		1 - 22	TSG -AS	cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 7.1 010	40S ribosomal protein S16, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0	Mito chon drio n			mitoch ondria			

Tev STI B8 05. 7.1 310	10 kDa heat shock protein, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 7.1 320	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r	(class e 4)	
Tev STI B8 05. 7.1 770	60S ribosomal protein L7, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0	Secr etor y			extrac ellular	endopl asmic reticul um		
Tev STI B8 05. 7.2 260	unspecified product (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0		2 - 23	LLA- AV	plasm a memb rane	cytoso l		
Tev STI B8 05. 7.2 300	unspecified product (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	2				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 7.2 580	proteasome regulatory ATPase subunit 1 (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				plasm a memb rane	endopl asmic reticul um		
Tev STI B8 05. 7.2 590	endoplasmatic reticulum retrieval protein, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0	Mito chon drio n			nuclea r	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 7.2 740	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	3				nuclea r	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05.	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0	Secr etor y			extrac ellular	mitoch ondria		

7.3 180									
Tev STI B8 05. 7.3 420	expression site-associated gene (ESAG) protein, putative, expression site-associated gene 6 (ESAG6) protein, putative(pseudogene) (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0		7 - 18	THA -NY	cytosol	cytosol nuclear	(class e 1)	X
Tev STI B8 05. 7.3 610	I/6 autoantigen (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				cytosol	cytosol nuclear		
Tev STI B8 05. 7.3 620	I/6 autoantigen (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				cytosol	cytosol nuclear		
Tev STI B8 05. 7.3 720	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				cytosol	cytosol nuclear		
Tev STI B8 05. 7.3 800	tyrosyl-tRNA synthetase, putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0	Secretory			plasma membrane	extracellular		
Tev STI B8 05. 7.4 10	hypothetical protein (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0	Secretory	7 - 18	VFA -VV	plasma membrane	endoplasmic reticulum		
Tev STI B8 05. 7.4 470	fatty acid elongase, putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	2				plasma membrane	lysosome		
Tev STI B8 05.	fatty acid elongase, putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	5	Secretory			extracellular	plasma membrane		

7.4 480									
Tev STI B8 05. 7.4 550	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	5		7 - 28	GR C- AD	plasm a memb rane	endopl asmic reticul um		
Tev STI B8 05. 7.4 820	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	1				nuclea r	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 7.4 850	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	4	Secr etor y			plasm a memb rane	endopl asmic reticul um		
Tev STI B8 05. 7.5 290	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	mitoch ondria	(class e 4)	
Tev STI B8 05. 7.5 420	60S ribosomal protein L19, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	1				nuclea r	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 7.5 690	lanosterol synthase (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0	Mito chon drio n			plasm a memb rane	cytoso l		
Tev STI B8 05. 7.5 80	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	1				cytoso l	mitoch ondria	(class e 2)	x
Tev STI B8 05. 7.6 100	cell cycle associated protein MOB1-A (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	3	Secr etor y			endopl asmic reticul um	extrac ellular		
Tev STI	hypothetical protein, conserved(pseudogen	0				plasm a			

B8 05. 7.6 250	e) (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)					memb rane			
Tev STI B8 05. 7.6 410	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	1				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 7.6 60	heat shock 70 kDa protein, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	4	Secr etor y			plasm a memb rane	endopl asmic reticul um		
Tev STI B8 05. 7.6 630	receptor-type adenylate cyclase GRESAG 4, putative(pseudogene) (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0		7 - 38	VLC -DN	cytoso l nuclea r	nuclea r		
Tev STI B8 05. 7.6 670	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	1				cytoso l	mitoch ondria		
Tev STI B8 05. 7.7 040	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0	Secr etor y			extrac ellular		(class e 4)	
Tev STI B8 05. 7.7 190	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	1	Secr etor y	4 - 25	VRG -FS	extrac ellular	mitoch ondria		
Tev STI B8 05. 7.7 560	expression site- associated gene (ESAG) protein, putative,expression site-associated gene 5 (ESAG5) protein, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	1		7 - 28	GS G- QR	plasm a memb rane	nuclea r		
Tev STI B8	hypothetical protein, conserved	0				cytoso l	cytoso l		

05. 7.8 050	(Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)						nuclear		
Tev STI B8 05. 7.8 270	iron/ascorbate oxidoreductase family protein, putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	5	Secretory			plasma membrane	extracellular plasma membrane		
Tev STI B8 05. 7.8 340	receptor-type adenylate cyclase GRESAG 4, putative(pseudogene) (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				cytosol	peroxisome		
Tev STI B8 05. 8.1 020	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	2				plasma membrane	endoplasmic reticulum		
Tev STI B8 05. 8.1 100	vacuolar-type Ca ²⁺ - ATPase 2(pseudogene) (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	1				nuclear			
Tev STI B8 05. 8.1 420	ATP-dependent DEAD/H RNA helicase, putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	10	Secretory			plasma membrane			
Tev STI B8 05. 8.1 740	rhomboid-like protein,serine peptidase, Clan S-, family S54, putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				plasma membrane			
Tev STI B8 05. 8.1 770	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	6	Secretory			extracellular plasma membrane	extracellular		
Tev STI B8 05. 8.1 800	Golgi/lysosome glycoprotein 1 (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0	Secretory	0 - 21	VRA-LS	plasma membrane			

Tev STI B8 05. 8.1 870	endosomal integral membrane protein, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	1		8 - 29	VDC -LL	cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 8.1 900	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	9				cytoso l	mitoch ondria		
Tev STI B8 05. 8.2 200	unspecified product (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0	Secr etor y			extrac ellular	plasm a memb rane		
Tev STI B8 05. 8.2 400	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0		2 - 23	AVA -IH	mitoch ondria	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 8.2 700	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	5				nuclea r	mitoch ondria		
Tev STI B8 05. 8.2 810	hypothetical protein, conserved(pseudogen e) (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0	Secr etor y			extrac ellular	lysoso me		
Tev STI B8 05. 8.2 990	mannosyl- oligosaccharide 1,2- alpha-mannosidase IB, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0		2 - 33	AFG -DA	nuclea r	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 8.3 230	t-complex protein 1 gamma subunit, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				extrac ellular	mitoch ondria		
Tev STI B8 05.	glycerol-3-phosphate dehydrogenase [NAD , glycosomal	0	Secr etor y			endopl asmic reticul um	plasm a memb rane		

8.3 630	(Trypanosoma evansi strain STIB_805)								
Tev STI B8 05. 8.4 180	flagellum-adhesion glycoprotein, putative (Trypanosoma evansi strain STIB_805)	0		0 - 31	VIG-DQ	cytoskeleton	cytosol		
Tev STI B8 05. 8.4 470	small GTP-binding protein Rab11,Rab11A GTPase (Trypanosoma evansi strain STIB_805)	2	Secretory			plasma membrane	endoplasmic reticulum		
Tev STI B8 05. 8.4 500	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma evansi strain STIB_805)	0				nuclear	mitochondria		
Tev STI B8 05. 8.4 640	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma evansi strain STIB_805)	12				nuclear	cytosol nuclear		
Tev STI B8 05. 8.4 980	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma evansi strain STIB_805)	0	Secretory			plasma membrane			
Tev STI B8 05. 8.5 50	cation-transporting ATPase, putative (Trypanosoma evansi strain STIB_805)	0				cytosol mitochondria	cytosol		
Tev STI B8 05. 8.5 700	flagellar calcium-binding protein,24 kDa calflagin,24 kDa calcimedin (Trypanosoma evansi strain STIB_805)	8				mitochondria	cytosol		
Tev STI B8 05. 8.5 90	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase/rotamase, putative,PPlase, putative (Trypanosoma evansi strain STIB_805)	0				plasma membrane	peroxisome		

Tev STI B8 05. 8.6 380	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				mitoch ondria	nuclea r		
Tev STI B8 05. 8.6 740	inhibitor of cysteine peptidase (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 8.7 050	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	6	Secr etor y			plasm a memb rane	endopl asmic reticul um		
Tev STI B8 05. 8.7 380	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0	Mito chon drio n	5 - 26	TQC -GN	mitoch ondria	extrac ellular		
Tev STI B8 05. 8.7 90	small GTP-binding protein Rab1, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	mitoch ondria		
Tev STI B8 05. 8.8 600	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0	Secr etor y			extrac ellular	cytoso l		
Tev STI B8 05. 8.8 760	amino acid transporter, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	9		5 - 26	AAT -TS	plasm a memb rane		(class e 4)	
Tev STI B8 05. 9.1 006 0	vesicle-associated membrane protein, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8	calcium motive p-type ATPase, putative	8				plasm a			

05. 9.1 090 0	(Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)					memb rane			
Tev STI B8 05. 9.1 108 0	hypothetical protein (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	1	Secr etor y			extrac ellular	lysoso me	(class e1)	x
Tev STI B8 05. 9.1 211 0	variant surface glycoprotein (VSG, pseudogene), putative, variant surface glycoprotein (VSG), frameshifted and point mutation (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0	Secr etor y	6 - 27	ANG -TE	mitoch ondria	cytoso l		
Tev STI B8 05. 9.1 340	unspecified product (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	3	Secr etor y	7 - 28	AEA -NT	plasm a memb rane	mitoch ondria		
Tev STI B8 05. 9.1 920	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				plasm a memb rane			
Tev STI B8 05. 9.2 050	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				nuclea r	cytoso l		
Tev STI B8 05. 9.2 810	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	2				plasm a memb rane	nuclea r		
Tev STI B8 05. 9.2 850	syntaxin, putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	1				mitoch ondria peroxi some	mitoch ondria		
Tev STI	ribosomal protein S7, putative	0				nuclea r	cytoso l		

B8 05. 9.2 950	(Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)								
Tev STI B8 05. 9.3 060	fatty acyl CoA syntetase 1 (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0	Secr etor y			cytoso l	nuclea r		
Tev STI B8 05. 9.3 080	fatty acyl CoA synthetase 3 (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				cytoso l	mitoch ondria		
Tev STI B8 05. 9.3 430	eukaryotic initiation factor 4a, putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				nuclea r			
Tev STI B8 05. 9.3 710	cAMP-specific phosphodiesterase (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 9.3 800	proliferative cell nuclear antigen (PCNA), putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 9.4 180	60S acidic ribosomal protein, putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				cytoso l	mitoch ondria		
Tev STI B8 05. 9.4 230	tryparedoxin peroxidase (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0				cytoso l	extrac ellular		
Tev STI B8 05. 9.4 380	40S ribosomal protein S3, putative (Trypanosoma_evansi_strain_STIB_805)	0	Secr etor y			extrac ellular	mitoch ondria		

Tev STI B8 05. 9.4 470	arginine kinase (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 9.4 560	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	10				plasm a memb rane			
Tev STI B8 05. 9.4 620	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	2				plasm a memb rane			
Tev STI B8 05. 9.4 680	hypothetical protein (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				plasm a memb rane			
Tev STI B8 05. 9.4 690	protein kinase, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				nuclea r	cytoso l		
Tev STI B8 05. 9.5 130	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8 05. 9.5 440	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				mitoch ondria	cytoso l		
Tev STI B8 05. 9.5 560	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l nuclea r	nuclea r		
Tev STI B8 05.	hypothetical protein, conserved,predicted tetra tricopeptide repeat protein	0				cytoso l	nuclea r		

9.5 570	(Trypanosoma evansi strain STIB_805)								
Tev STI B8 05. 9.5 740	ubiquitin-conjugating enzyme e2, putative, ubiquitin carrier protein, putative, ubiquitin-protein ligase, putative (Trypanosoma evansi strain STIB_805)	0				cytosol	cytosol nuclear		
Tev STI B8 05. 9.5 800	60S ribosomal protein L10, putative, QM-like protein (Trypanosoma evansi strain STIB_805)	0				cytosol	nuclear		
Tev STI B8 05. 9.5 830	chaperone protein DNAj, putative (Trypanosoma evansi strain STIB_805)	8				plasma membrane			
Tev STI B8 05. 9.6 020	chaperone protein DNAj, putative (Trypanosoma evansi strain STIB_805)	0				cytosol	extracellular		
Tev STI B8 05. 9.6 310	actin A (Trypanosoma evansi strain STIB_805)	0				cytoskeleton			
Tev STI B8 05. 9.6 350	CAAX prenyl protease 1, putative, metallo-peptidase, Clan M-Family M48 (Trypanosoma evansi strain STIB_805)	5	Secretory			plasma membrane	endoplasmic reticulum		
Tev STI B8 05. 9.6 720	inositol phosphorylceramide synthase (Trypanosoma evansi strain STIB_805)	4				plasma membrane			
Tev STI B8 05. 9.6 890	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma evansi strain STIB_805)	3				plasma membrane			

Tev STI B8 05. 9.6 910	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				nuclea r	cytoso l		
Tev STI B8 05. 9.7 160	chaperone protein DNAj, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	3	Secr etor y			endopl asmic reticul um	plasm a memb rane		
Tev STI B8 05. 9.7 360	mitochondrial carrier protein, putative,mitochondrial phosphate transporter, putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	1				cytoso l	plasm a memb rane		
Tev STI B8 05. 9.7 700	poly(A)-binding protein 1 (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l nuclea r	nuclea r		
Tev STI B8 05. 9.8 080	T-complex protein 1, eta subunit, putative,t- complex protein 1 (eta subunit), putative (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				nuclea r			
Tev STI B8 05. 9.8 170	hypothetical protein, conserved (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	2	Secr etor y			endopl asmic reticul um	plasm a memb rane		
Tev STI B8 05. 9.8 260	Gim5A protein,glycosomal membrane protein (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	1		7 - 28	AVA -DQ	plasm a memb rane	extrac ellular	(class e 4)	
Tev STI B8 05. 9.8 680	6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating (Trypanosoma_evansi _strain_STIB_805)	0				cytoso l	cytoso l nuclea r		
Tev STI B8	ATP-dependent DEAD/H RNA helicase, putative	0				nuclea r			

05.9.8980	(Trypanosoma evansi strain_STIB_805)								
TevSTI B8 05.9.9020	glycerol kinase, glycosomal(pseudogene) (Trypanosoma evansi strain_STIB_805)	0				cytosol	cytosol nuclear		
TevSTI B8 05.9.9060	ubiquitin-activating enzyme e1, putative (Trypanosoma evansi strain_STIB_805)	0				nuclear	cytosol nuclear		
TevSTI B8 05.9.9370	QA-SNARE protein putative (Trypanosoma evansi strain_STIB_805)	1				cytosol	cytosol nuclear	(class e 2)	
TevSTI B8 05.9.9410	hypothetical protein, conserved,predicted heat shock factor binding protein (Trypanosoma evansi strain_STIB_805)	0				cytosol	nuclear		
TevSTI B8 05.9.9680	phosphoinositide-binding protein, putative (Trypanosoma evansi strain_STIB_805)	0				nuclear	cytosol nuclear		
TevSTI B8 05.9.9900	ADP-ribosylation factor, putative (Trypanosoma evansi strain_STIB_805)	0				mitochondria	cytosol		
TevSTI B8 05.9.9950	kinetoplastid membrane protein KMP-11 (Trypanosoma evansi strain_STIB_805)	0				cytosol	cytosol nuclear		

Anexo 2: Tabela de Identificação da proteína, região da proteína que serve como epítopo ligante de células B.

	Epítopo	Start	End	Score
TevSTIB805.1.2020	PDLST	1118	1123	149,9803333
TevSTIB805.1.2020	QPDEVP	1075	1080	148,902
TevSTIB805.1.2020	SNGESD	931	936	144,2765
TevSTIB805.11_01.3340	EDERSP	4415	4420	117,0288333
TevSTIB805.11_01.3340	DRPKVP	4266	4271	111,4475
TevSTIB805.11_01.3340	SEPPTG	4186	4191	108,1698333
TevSTIB805.11_01.3340	RDEKRA	4075	4080	90,47283333
TevSTIB805.1.2020	PTDPELGKK	724	732	89,76166667
TevSTIB805.11_01.2500	PGGEEKD	4286	4292	89,54185714
TevSTIB805.1.2020	DKRGSPEARE	998	1007	88,2319
TevSTIB805.10.1620	SELPAG	1915	1920	86,3355
TevSTIB805.10.1620	QNP NHL	1905	1910	85,06266667
TevSTIB805.1.2020	RPGQVDQ GEL	689	698	79,575
TevSTIB805.10.1620	QDDRPMS	2127	2133	79,04028571
TevSTIB805.1.2020	PGKNPRDKASG	850	860	75,49518182
TevSTIB805.11_01.2500	AMPPPNQ	3804	3810	74,42185714
TevSTIB805.10.490	AGKSGGTM	463	470	74,1985
TevSTIB805.11_01.3340	DEPWERSAK	4205	4213	73,55311111
TevSTIB805.5.3260	GESPPV	926	931	73,19
TevSTIB805.8.4500	SPSAKR	1152	1157	72,8705
TevSTIB805.10.490	ADDGSSA	363	369	72,19742857
TevSTIB805.8.1770	GLSSGTD	1785	1791	71,37785714
TevSTIB805.11_01.2500	TPEESLT	3665	3671	70,37528571
TevSTIB805.11_01.3340	QPEDKKD	3793	3799	70,33485714
TevSTIB805.8.1770	KGREATPL	1895	1902	68,0685
TevSTIB805.1.2020	TPYKQPDRWDP	448	458	67,949
TevSTIB805.11_01.3340	DYSNPD	3000	3005	67,30066667
TevSTIB805.11_01.14820	DDITPP	1065	1070	67,113
TevSTIB805.8.1770	VWWSPPPC	1849	1856	66,924625
TevSTIB805.1.400	RPQVKSS	1938	1944	64,75285714

TevSTIB805.10.490	DGGARGPRE	445	453	64,752
TevSTIB805.8.4500	GESEGN	1091	1096	63,9445
TevSTIB805.4.590	GADPSQ	3664	3669	63,69166667
TevSTIB805.11_01.2500	GESGEA	2891	2896	63,64033333
TevSTIB805.11_01.2500	GADPSQEV	3736	3743	63,31975
TevSTIB805.11_01.2500	GEEATP	2868	2873	62,32583333
TevSTIB805.11_01.2500	ALSAGQGNY	4058	4066	61,59633333
TevSTIB805.11_01.3340	AAKEEEK	3195	3201	61,54271429
TevSTIB805.11_01.2500	TNSAKGQ	3122	3128	60,93628571
TevSTIB805.10.5790	GVQDGKD	794	800	59,12585714
TevSTIB805.8.1770	SAAREKAA	1666	1673	58,421375
TevSTIB805.11_01.3340	PKKHAGGDSLSP	4375	4386	57,8365
TevSTIB805.11_01.3340	KKDENG	2486	2491	56,144
TevSTIB805.4.590	STPPEGKT	4131	4138	56,0845
TevSTIB805.9.8980	GRAGNKG	630	636	55,87228571
TevSTIB805.11_01.2500	GLPSDDL	3262	3269	55,7445
TevSTIB805.11_01.14820	ENGSGSGP	1265	1272	55,441625
TevSTIB805.11_01.3340	SSEGEEN	2829	2835	55,18828571
TevSTIB805.11_01.3340	QEVEDARQ	3165	3172	52,869625
TevSTIB805.11_01.2500	KAPPEPVK	3011	3018	52,249625
TevSTIB805.9.8980	DMPSSSE	465	471	52,16257143
TevSTIB805.11_01.14820	DETPDDKYY	1296	1304	51,00288889
TevSTIB805.8.1770	SVPPSVQM	1394	1401	50,938
TevSTIB805.9.2050	ESSTD	514	519	50,82116667
TevSTIB805.9.8980	GTPYPTR	402	408	50,76814286
TevSTIB805.11_01.3340	VPDPDRQ	2508	2514	49,59928571
TevSTIB805.10.11710	PPAPAE	1238	1243	49,20233333
TevSTIB805.10.1620	APQNQEDA	1697	1704	48,8155
TevSTIB805.10.11710	DEWGERQ	1431	1437	48,77914286
TevSTIB805.11_01.2500	RQPKES	2074	2079	48,58066667
TevSTIB805.1.400	GMQSTSNRNR	1986	1995	48,2463
TevSTIB805.11_01.6370	KSAESGIA	894	901	47,750375
TevSTIB805.11_01.3340	GNPAYGPEVN	3632	3641	47,4762
TevSTIB805.11_01.2500	PDTREW	2055	2060	47,40866667
TevSTIB805.11_01.6370	PRASTTDGR	941	949	47,31533333
TevSTIB805.11_01.2500	LPKPDRY	2392	2398	46,905
TevSTIB805.11_01.6370	NKPPCHC	875	882	46,683125

TevSTIB805.11_01.14820	SSDPNVREQDQ	1559	1569	45,86545455
TevSTIB805.11_01.3340	EGLPSDKVST	3512	3521	45,8239
TevSTIB805.5.3260	TKEGGDGASA	938	947	45,693
TevSTIB805.8.550	AGAEGE	1149	1154	45,62166667
TevSTIB805.10.490	SAGKAPPRSKA	347	357	45,16136364
TevSTIB805.11_01.2500	KGGKGSASPASGT	4200	4212	45,14323077
TevSTIB805.1.400	GKEPPRR	1354	1360	44,43285714
TevSTIB805.11_01.12490	AAAKGGP	1270	1276	43,98871429
TevSTIB805.1.400	RTSEPTKC	1608	1615	43,785375
TevSTIB805.11_01.2500	KVEEKQKEA	2928	2936	43,63966667
TevSTIB805.1.400	GRRNSPDTLRD	1973	1983	42,83972727
TevSTIB805.5.3260	GIPNSPAVV	804	812	42,31733333
TevSTIB805.3.4470	NREASSE	1366	1372	42,16014286
TevSTIB805.3.4470	EQGRPG	1223	1228	42,1585
TevSTIB805.8.1770	VTSEDDDYEV	1457	1466	42,1318
TevSTIB805.4.840	DGLIDG	2447	2452	42,08933333
TevSTIB805.10.1620	WKPGNAPPHRYQ	1832	1843	41,99541667
TevSTIB805.9.8980	YKEPTPVQ	309	316	41,921875
TevSTIB805.3.2650	SNGNGD	1160	1165	41,566
TevSTIB805.8.550	PEMNAP	980	985	41,544
TevSTIB805.3.2650	SFTAQEEGYSA	2113	2123	41,31718182
TevSTIB805.11_01.3340	MPAPDKYGT	2617	2625	41,06577778
TevSTIB805.10.11710	HPSPPSVE	1339	1346	40,967375
TevSTIB805.4.590	DWESGPYDAK	3780	3789	40,8944
TevSTIB805.3.4470	KGAQTHQ	1349	1355	40,84142857
TevSTIB805.10.5790	SEDEEQSVEE	763	772	40,6717
TevSTIB805.11_01.2500	EESKEQRDTA	2948	2957	40,6517
TevSTIB805.11_01.3340	TETEKPEEEKMPS	3911	3923	40,63369231
TevSTIB805.8.1770	DSTPPF	543	548	40,56316667
TevSTIB805.11_01.2500	VSPVSSSSPSSMPMP	4235	4249	40,56286667
TevSTIB805.4.590	GGGGGDTN	2961	2968	40,400875
TevSTIB805.6.3630	VCGDQAP	2141	2147	40,01157143
TevSTIB805.11_01.14820	PRPIPPSSPELD	1312	1323	40,00116667
TevSTIB805.11_01.3340	RGDPDIP	2108	2114	39,93628571
TevSTIB805.9.5570	PTTSDS	1226	1231	39,78183333
TevSTIB805.3.4470	VDTGNY	1146	1151	39,38983333
TevSTIB805.10.1620	PDDGSEMRKHPATD	2089	2102	38,95114286

TevSTIB805.9.2050	AATPSMS	456	462	38,747
TevSTIB805.4.590	KQPPPAVQ	2942	2949	38,714125
TevSTIB805.3.2650	DKSTEW	846	851	38,66483333
TevSTIB805.6.3630	DYLNTP	1596	1601	38,567
TevSTIB805.3.2650	PPPDTRT	1241	1247	38,49928571
TevSTIB805.11_01.2500	STSSSSADD	2584	2592	38,46955556
TevSTIB805.10.1270	RPANQDD	1717	1723	38,41614286
TevSTIB805.5.3260	VSPA EVP AE	739	747	38,366
TevSTIB805.11_01.3340	GYAGRTE	2024	2030	38,08585714
TevSTIB805.6.3630	GRSAGER	2003	2009	37,95871429
TevSTIB805.8.4180	QGPPGRSKQ	478	486	37,80055556
TevSTIB805.6.3630	TPAATD	1461	1466	37,46066667
TevSTIB805.11_01.2500	AGSANTEGNAASD	3604	3616	37,22023077
TevSTIB805.8.4500	EGNVNPGYQQT	1020	1029	37,2092
TevSTIB805.4.590	EAASDQKK	2879	2886	37,1515
TevSTIB805.10.15650	RLDKTGA	723	729	37,14871429
TevSTIB805.10.1270	QSPAGVT	1687	1693	37,04671429
TevSTIB805.8.550	DADMGGA	999	1005	36,98542857
TevSTIB805.8.1770	TGGGDSAN	646	653	36,94275
TevSTIB805.3.2650	VDTPAKA	1207	1213	36,90671429
TevSTIB805.11_01.3340	PLPGSDGRV	2445	2453	36,66833333
TevSTIB805.11_01.13970	ATNADA	724	729	36,53466667
TevSTIB805.11_01.17390	GGFGEP	385	390	36,33933333
TevSTIB805.11_01.3340	VPKKDKPE	2152	2159	36,3065
TevSTIB805.4.840	VDGSDG	2157	2162	36,25066667
TevSTIB805.9.4680	SGKLGDG	860	866	36,19471429
TevSTIB805.10.2430	SQQPKQ	822	827	36,15483333
TevSTIB805.3.4470	EPNDPS	1033	1038	36,03633333
TevSTIB805.9.4680	MSPDKR	672	677	36,016
TevSTIB805.10.11440	AKSDPS	629	634	35,97233333
TevSTIB805.9.4680	EKEQERRE	956	963	35,95775
TevSTIB805.11_01.15670	TQRPSG	526	531	35,82533333
TevSTIB805.10.5790	ATRSPE	347	352	35,67233333
TevSTIB805.10.490	RGAAGEGSKEDGEEN	380	394	35,5172
TevSTIB805.7.2740	QDYEEE	505	510	35,37366667
TevSTIB805.9.9060	DDDDANV	1192	1198	35,32742857
TevSTIB805.11_01.2500	ADTDPV	1614	1619	35,0925

TevSTIB805.5.1230	AEQEGQ	759	764	34,88816667
TevSTIB805.10.1620	IRADPG	976	981	34,84533333
TevSTIB805.5.5150	EDDEEDR	784	790	34,38414286
TevSTIB805.9.4690	PQQQQPQQPEKDP	674	686	34,37423077
TevSTIB805.6.680	QNGEGDDY	670	677	34,3065
TevSTIB805.11_01.14820	QEPNTT	759	764	34,06966667
TevSTIB805.10.11710	DFPPAPD	949	955	33,98
TevSTIB805.10.15650	SYNASESN	792	799	33,880875
TevSTIB805.10.5790	SIDNPAV	477	483	33,71442857
TevSTIB805.6.680	RDSPKG	499	504	33,58416667
TevSTIB805.11_01.13970	GGSVGS	689	694	33,498
TevSTIB805.1.400	AREGNVDVPGKGE	1789	1801	33,34484615
TevSTIB805.10.1620	ADSGTAASN	1493	1501	33,17755556
TevSTIB805.9.5570	NEPPAYT	1182	1188	32,94642857
TevSTIB805.8.1770	RPFSGDEGASTTEGCE	1831	1846	32,86025
TevSTIB805.8.1770	KVAPNDLPGKKQGTV	1765	1779	32,77273333
TevSTIB805.4.590	LPKPDKY	2331	2337	32,49371429
TevSTIB805.10.13440	DAGPNS	969	974	32,39333333
TevSTIB805.10.6400	GPAQPM	1663	1668	32,04383333
TevSTIB805.11_01.15900	GDYEST	972	977	31,87433333
TevSTIB805.7.4850	VGGGSDN	450	456	31,72771429
TevSTIB805.11_01.1740	VQSSGDEI	788	795	31,62425
TevSTIB805.10.15650	RKDTDES	604	610	31,61514286
TevSTIB805.10.1270	QRPPEE	1443	1448	31,61083333
TevSTIB805.10.6360	TKRPRDI	1024	1030	31,50942857
TevSTIB805.4.840	GKPENV	2031	2036	31,46683333
TevSTIB805.10.1270	PTVTD PQG	1670	1677	31,441625
TevSTIB805.8.1100	FGEDENG	879	885	31,29242857
TevSTIB805.11_01.12490	GGKGGNRT	1072	1079	31,210375
TevSTIB805.10.11710	SSGTPRPDCT	1278	1287	31,1526
TevSTIB805.11_01.12490	SPPDERA	858	864	31,13785714
TevSTIB805.11_01.8580	NEKVDA	399	404	30,95416667
TevSTIB805.7.2740	DGDVER	295	300	30,83933333
TevSTIB805.7.8050	TIDRDPSM	517	524	30,757875
TevSTIB805.4.590	LPDPKNP	2188	2194	30,55357143
TevSTIB805.1.400	GESTPD	626	631	30,55083333
TevSTIB805.10.14490	NGTTQP	661	666	30,4745

TevSTIB805.9.10900	IDRSDEE	981	987	30,12728571
TevSTIB805.5.3260	YPSPAQ	494	499	29,93766667
TevSTIB805.8.1770	GEIREGGDTEQG	997	1008	29,83908333
TevSTIB805.8.1770	IPEPATPQAE	762	772	29,54463636
TevSTIB805.9.2050	CRPGGTPV	395	403	29,38
TevSTIB805.6.4930	GENDPAP	744	750	29,133
TevSTIB805.11_01.1740	REGDDS	597	602	28,88816667
TevSTIB805.9.10900	DGFNDS	697	702	28,87966667
TevSTIB805.10.11440	EREPYAE	567	573	28,81242857
TevSTIB805.5.5170	EDDEEDRV	795	802	28,652125
TevSTIB805.3.4470	APTEETKA	1071	1078	28,60425
TevSTIB805.10.11710	TGNPNSPADC	1153	1162	28,5903
TevSTIB805.11_01.2720	PNSEEV	699	704	28,54333333
TevSTIB805.10.15650	EKDRGS	452	457	28,5045
TevSTIB805.4.840	KKESTPN	2051	2057	28,47128571
TevSTIB805.10.1270	SDPQKA	1280	1285	28,42183333
TevSTIB805.3.2650	VKKPDISSDE	1364	1373	28,4206
TevSTIB805.8.550	PPAPSADA	925	932	28,39325
TevSTIB805.7.2740	TTDSRDK	376	382	28,27714286
TevSTIB805.8.1770	APGSKSSANTPEAAED	1551	1566	28,181625
TevSTIB805.11_01.15900	GEEEEA	835	840	28,11433333
TevSTIB805.9.4680	PYEVGS	502	507	27,84183333
TevSTIB805.11_01.12490	HGPSTQL	644	650	27,71728571
TevSTIB805.11_01.13970	LQGPKGG	673	679	27,67185714
TevSTIB805.11_01.14820	RPTGTSAARP	848	857	27,5562
TevSTIB805.11_01.3880	AQKKRG	929	934	27,48916667
TevSTIB805.11_01.15670	GKSSGAM	454	460	27,25185714
TevSTIB805.10.15650	VYPPHAP	537	543	27,24514286
TevSTIB805.1.400	CADDPDDVKRE	1330	1340	27,201
TevSTIB805.10.8660	RSPEGS	1197	1202	27,1085
TevSTIB805.10.1620	QMAPGAAAPTAMR	1662	1675	27,0405
TevSTIB805.10.13440	QGDNYV	817	822	27,0255
TevSTIB805.8.4180	GYNDVPGGTNVS	446	457	26,99525
TevSTIB805.9.10900	APPATGL	799	805	26,75085714
TevSTIB805.11_01.12490	INDPSKSWES	1182	1191	26,7111
TevSTIB805.11_01.13970	PAPRAPSP	700	707	26,629125
TevSTIB805.10.7500	ASPADV	793	798	26,55716667

TevSTIB805.5.3260	RKGGKEDGNDTNKD	785	798	26,51392857
TevSTIB805.8.1100	GDGTNDA	720	726	26,26757143
TevSTIB805.11_01.12490	DDGSPYA	602	608	26,202
TevSTIB805.9.4680	TDGDADLT	634	641	26,16775
TevSTIB805.1.400	QLTPQQSGFR	940	949	26,1229
TevSTIB805.8.550	KVPSDD	801	806	26,11383333
TevSTIB805.11_01.12490	FQHPPKGK	735	742	25,988875
TevSTIB805.6.3630	PSRDEN	1062	1067	25,8535
TevSTIB805.11_01.3450	RDTADE	1064	1069	25,743
TevSTIB805.11_01.13970	APSGKT	500	505	25,63183333
TevSTIB805.6.3630	ATGATQQ	1313	1319	25,59742857
TevSTIB805.7.8050	MTGDEAEGGEVH	583	594	25,51716667
TevSTIB805.9.4680	HEDVECKGG	806	814	25,48755556
TevSTIB805.10.1620	AHEPPRAPKEY	1363	1373	25,47045455
TevSTIB805.6.4930	GAPAKSE	466	472	25,444
TevSTIB805.10.7500	NEPTSE	725	730	25,3595
TevSTIB805.10.5790	ERAREKEEA	441	449	25,30844444
TevSTIB805.11_01.2500	AGKGYGGRSK	1822	1831	25,2271
TevSTIB805.7.8050	MSPRTGAAD	348	356	25,16744444
TevSTIB805.7.5690	DNPSGSQV	802	809	25,092875
TevSTIB805.1.400	DATPAVDIPPEPPP	1651	1665	25,052
TevSTIB805.8.4500	QSAGGDEGPSGLY	945	957	25,00261538
TevSTIB805.4.590	PTNPNYEPQCR	2729	2739	24,93836364
TevSTIB805.3.2650	DPSAKNRAA	811	819	24,93244444
TevSTIB805.10.11710	REAASTPQ	858	865	24,8975
TevSTIB805.10.6360	ALEGDQPI	826	833	24,887875
TevSTIB805.7.8340	KKPPGVDAAW	1154	1162	24,81566667
TevSTIB805.11_01.2720	AKQDRQ	468	473	24,79166667
TevSTIB805.10.11440	ESGSED	152	157	24,7145
TevSTIB805.3.4470	NTPDSSLETS	1314	1324	24,64309091
TevSTIB805.5.370	GGAKSKNTK	461	469	24,45222222
TevSTIB805.10.11440	LKQNPSQ	350	356	24,36128571
TevSTIB805.10.8660	IQPGDER	1291	1297	24,35185714
TevSTIB805.11_01.14820	VTGGGRRRNDDEV	922	935	24,28371429
TevSTIB805.9.5570	YDESSE	919	924	24,249
TevSTIB805.8.1800	DDPNPRM	535	541	24,23657143
TevSTIB805.8.1100	RQRETDGTSD	1013	1022	24,23

TevSTIB805.4.590	MNPPGSMGRH	2374	2383	24,1239
TevSTIB805.10.7500	PDTVATA	809	815	24,03071429
TevSTIB805.5.650	KDRKEDVA	376	383	23,948125
TevSTIB805.11_01.14820	TPSQSSSRKRKAHSGK	990	1005	23,9459375
TevSTIB805.6.3630	LESSEPDPN	1359	1367	23,87411111
TevSTIB805.7.5690	NTDGGWGE	783	790	23,870375
TevSTIB805.4.4610	KKPPGMDAW	1149	1157	23,72522222
TevSTIB805.9.6020	PVGTQQ	257	262	23,38016667
TevSTIB805.11_01.2500	KKESGGP	836	842	23,37185714
TevSTIB805.11_01.3450	VSQGDKA	1084	1090	23,27928571
TevSTIB805.3.4470	TCTSPES	829	835	23,27642857
TevSTIB805.11_01.9470	NPAEGKPK	948	955	23,2375
TevSTIB805.10.11710	GMGHAGSTETEERTRE	1508	1523	23,11675
TevSTIB805.10.11440	SPQSESSQ	478	485	23,054
TevSTIB805.11_01.15900	RNPDPSTP	945	952	23,015875
TevSTIB805.8.1800	AAVNSAGT	600	607	22,970625
TevSTIB805.8.4980	TPGGEVDA	598	605	22,96725
TevSTIB805.9.10900	VPGPDDDRDV	994	1003	22,8933
TevSTIB805.10.11710	EMSPSAPL	692	699	22,813875
TevSTIB805.10.1270	RSGQKQEDV	1526	1534	22,693
TevSTIB805.11_01.1740	YESGERY	467	473	22,64342857
TevSTIB805.11_01.2500	ADNGGNAASEKQ	1913	1924	22,5965
TevSTIB805.9.10900	DGPKGENCN	857	865	22,539
TevSTIB805.9.9060	EVSKDETTKE	932	941	22,3883
TevSTIB805.11_01.3450	FDPKSA	696	701	22,326
TevSTIB805.4.840	VAGGEASPFAE	2435	2445	22,28354545
TevSTIB805.10.13110	DGVNDA	597	602	22,18666667
TevSTIB805.3.4470	GEKRRD	725	730	22,17966667
TevSTIB805.9.9060	PKDAKKKN	822	829	22,12125
TevSTIB805.11_01.13970	PTDSERAT	592	599	22,031
TevSTIB805.6.680	GDPSNPK	242	248	22,03085714
TevSTIB805.2.210	AQNGTK	525	530	21,934
TevSTIB805.8.550	EESKKSRETAE	962	972	21,88354545
TevSTIB805.11_01.1740	ETPSAS	265	270	21,77916667
TevSTIB805.10.11710	TSPDGKI	539	545	21,75285714
TevSTIB805.11_01.12490	YESGGPRFNTN	1035	1045	21,74645455
TevSTIB805.2.210	ERHPTATD	723	730	21,73275

TevSTIB805.10.11710	DGRWSPA KDH	900	909	21,6705
TevSTIB805.7.8050	ERPGAA	136	141	21,59833333
TevSTIB805.9.5130	KGKPVE	265	270	21,577
TevSTIB805.9.5570	MGDEDRNE	1091	1098	21,570125
TevSTIB805.8.4980	IPPPEKKE	543	550	21,536625
TevSTIB805.11_01.12490	DHSDDEV	358	364	21,49014286
TevSTIB805.9.6020	HRPNQNK	274	280	21,41414286
TevSTIB805.11_01.12490	SSDDAPKKKDG SAD	1235	1248	21,40878571
TevSTIB805.5.1010	YPPAKE	784	789	21,3005
TevSTIB805.10.15650	EKSKSTTYEVK	632	642	21,24136364
TevSTIB805.11_01.17390	PPKAGGGRAQ	362	371	20,9937
TevSTIB805.9.9060	PEYKPGSVEG	910	919	20,9897
TevSTIB805.6.4930	CQPNERWHD	603	611	20,98244444
TevSTIB805.6.4930	NQQPPDLR	395	402	20,923
TevSTIB805.4.4610	RNTSGSGGSFE	1182	1192	20,88209091
TevSTIB805.8.1100	SCNDKE	488	493	20,79566667
TevSTIB805.10.1620	AEPFKPKDS MVP	1165	1176	20,70775
TevSTIB805.10.6400	VESADPK	1558	1564	20,68771429
TevSTIB805.11_01.3450	ESGGGNG	719	725	20,61071429
TevSTIB805.8.1770	GTASEDERTTK	360	370	20,60890909
TevSTIB805.8.1100	YGQGDAN	571	577	20,60214286
TevSTIB805.7.8340	WAAHPEQ	890	896	20,59071429
TevSTIB805.7.5690	DDSDAA	336	342	20,57271429
TevSTIB805.9.5130	RDKTDS	254	259	20,56966667
TevSTIB805.11_01.15670	RWNPPRVR	384	391	20,478125
TevSTIB805.9.4680	KAAAGGSSYAEP	847	858	20,45683333
TevSTIB805.3.4470	IPDNKTQ	759	765	20,44385714
TevSTIB805.4.4560	GDPLKDTSG	787	795	20,41566667
TevSTIB805.1.380	PDTVPS	504	509	20,40366667
TevSTIB805.6.3630	GEKRDPV	985	991	20,38014286
TevSTIB805.8.1800	EDRFGP	351	356	20,37733333
TevSTIB805.4.840	PSRREVS EDPNDPFS	2513	2527	20,37073333
TevSTIB805.4.4610	WAAHPEQ	884	890	20,33857143
TevSTIB805.5.650	VHQKGMPST	387	396	20,3303
TevSTIB805.4.840	KAQESQ	1184	1189	20,24183333
TevSTIB805.4.590	EDAIRD	1514	1519	20,2195
TevSTIB805.6.1930	CPNDER	465	470	20,17583333

TevSTIB805.5.3260	PSVKPNAEHRD	563	574	20,17275
TevSTIB805.10.15650	IRVNDPAGR	520	528	20,13622222
TevSTIB805.10.15760	NADTNAA	519	525	20,00885714
TevSTIB805.10.7500	TGESNE	461	466	19,96783333
TevSTIB805.5.1010	NRVCDP	769	774	19,96066667
TevSTIB805.10.15760	SPRNRD	480	485	19,82083333
TevSTIB805.6.3630	HPDKNPDGRD	1333	1342	19,8114
TevSTIB805.9.4680	SSIPKPEAPC	549	558	19,7825
TevSTIB805.6.680	LSAPPPGSPAAS	562	574	19,77153846
TevSTIB805.8.4640	DDAQGK	246	251	19,7295
TevSTIB805.2.10	SSSGED	405	410	19,71333333
TevSTIB805.5.4620	TTNPTA	604	609	19,707
TevSTIB805.8.1100	DKGNKT	465	470	19,70366667
TevSTIB805.9.9060	QKHEPRLNDP	877	886	19,6883
TevSTIB805.5.5150	FPDPPF	530	535	19,639
TevSTIB805.5.3260	ATNGSENRNPSVTR	677	691	19,62786667
TevSTIB805.10.15650	GGGAAA	367	372	19,623
TevSTIB805.1.400	RRHPDSHPPAPI	814	825	19,53983333
TevSTIB805.1.170	SGYDEE	220	225	19,52033333
TevSTIB805.10.13440	WNGGSGGP	750	757	19,514375
TevSTIB805.6.4930	PEQKDDPL	367	374	19,491875
TevSTIB805.10.14490	GVNTKEGED	604	612	19,39877778
TevSTIB805.8.4500	DYLPDDGYPPGVAV	829	842	19,39664286
TevSTIB805.1.170	RTDRDEGQNNE	778	788	19,37872727
TevSTIB805.3.4470	RGECDENSG	870	878	19,37422222
TevSTIB805.10.7500	AGGGSND	644	650	19,34542857
TevSTIB805.10.11470	EADENDKA	626	633	19,306
TevSTIB805.10.11480	EADENDKA	626	633	19,306
TevSTIB805.10.11500	EADENDKA	626	633	19,306
TevSTIB805.10.11520	EADENDKA	626	633	19,306
TevSTIB805.10.11530	EADENDKA	626	633	19,306
TevSTIB805.10.15650	NKNRSEGQTMNE	673	685	19,26976923
TevSTIB805.5.3260	AAAGGGGGASGGQK	617	630	19,26314286
TevSTIB805.10.7100	NMPKNP	289	294	19,24683333
TevSTIB805.10.16600	VEEFDA	210	215	19,0255
TevSTIB805.10.6160	DHGADSG	309	315	19,00228571
TevSTIB805.5.5150	VAPTQPSNGYA	657	667	18,91718182

TevSTIB805.4.4560	SNTGGAWD	747	754	18,891875
TevSTIB805.9.5130	SGDGNE	187	192	18,82566667
TevSTIB805.11_01.2690	DSNHEA	519	524	18,77733333
TevSTIB805.5.5150	TETQNMEPPYDR	677	688	18,75508333
TevSTIB805.10.7500	CTRSDP	442	447	18,75233333
TevSTIB805.11_01.17390	KGSNTPDK	209	216	18,7175
TevSTIB805.5.5170	FPDPPF	541	546	18,705
TevSTIB805.9.4690	DTASTD	390	395	18,69833333
TevSTIB805.11_01.4440	EDGTADP	353	359	18,68328571
TevSTIB805.10.11710	GGVPASSTKNDARY	977	990	18,63628571
TevSTIB805.11_01.1740	TLSGADEDIVGE	765	777	18,61523077
TevSTIB805.9.2050	SRSGSRGESSSEGDSA	466	481	18,54975
TevSTIB805.9.4680	EDSSGRGNGTEKTTE	900	914	18,46366667
TevSTIB805.3.4280	PPAEPAV	281	287	18,45571429
TevSTIB805.5.350	ANAKSKNTKTA	506	516	18,45009091
TevSTIB805.10.6400	QKAQSR	1261	1267	18,28928571
TevSTIB805.7.100	SAVNNPPAT	261	269	18,26055556
TevSTIB805.1.170	KWSPPVAKEK	489	498	18,2525
TevSTIB805.11_01.12490	ETGSGKTTQ	426	434	18,23088889
TevSTIB805.3.3350	SRYPDS	366	371	18,21516667
TevSTIB805.11_01.4340	RKDAKGAGCDEE	1108	1120	18,19592308
TevSTIB805.10.6160	KTTNPADSSV	399	408	18,1779
TevSTIB805.10.1270	VGSDNDET	914	921	18,070625
TevSTIB805.11_01.3880	WPDDSKW	704	711	18,066
TevSTIB805.7.4850	LPPKSKF	162	168	18,05185714
TevSTIB805.1.170	KRAHQT	191	196	18,04816667
TevSTIB805.10.9760	SKRPGMP	589	595	18,01871429
TevSTIB805.3.3760	TAPNQENE	611	618	17,997875
TevSTIB805.11_01.4440	SGSTDDPA	389	396	17,964
TevSTIB805.4.590	KVNPSPEEIF	1850	1859	17,9624
TevSTIB805.7.8050	NDSQQGSQNTQM	331	342	17,94025
TevSTIB805.4.840	EPGGPGAL	1365	1372	17,92925
TevSTIB805.10.7100	SQAQDS	241	246	17,90183333
TevSTIB805.10.15760	IRPPGEREYP	595	604	17,8964
TevSTIB805.11_01.15900	QVGENDEDE	821	829	17,85455556
TevSTIB805.3.4470	ADQTDSQ	676	682	17,81785714
TevSTIB805.11_01.3450	SSQSSDREDK	1099	1108	17,8166

TevSTIB805.5.5170	VAPTQPSNGYA	668	678	17,79036364
TevSTIB805.10.13110	KSSSDGVPT	835	843	17,74977778
TevSTIB805.10.15490	TEKNEE	260	265	17,7365
TevSTIB805.11_01.14820	SHSPDGET	481	488	17,724625
TevSTIB805.5.5170	TETQNMEPPYDR	688	699	17,72216667
TevSTIB805.3.2650	FEPDRTIGKSEG	770	781	17,71233333
TevSTIB805.8.4500	CGEGEGEGEGGGMD	789	802	17,695
TevSTIB805.4.840	RDPNTSQETQ	1860	1869	17,6865
TevSTIB805.1.400	LDADPPAEGKSW	732	743	17,6015
TevSTIB805.1.400	RASPPNTKGE	590	599	17,5824
TevSTIB805.9.3080	VGSIDP	544	549	17,5395
TevSTIB805.11_01.14820	RVASGSTAGPPVPTR	828	842	17,44306667
TevSTIB805.9.10900	DPPRPESRP	594	602	17,43666667
TevSTIB805.11_01.3880	KFPSDEG	582	588	17,408
TevSTIB805.6.740	PESEEW	716	721	17,31466667
TevSTIB805.9.4690	TEKKEAVKE	445	453	17,28466667
TevSTIB805.3.4280	GGAGKGESQE	519	528	17,2635
TevSTIB805.2.210	VPRDKTR	469	475	17,261
TevSTIB805.5.2240	GHGQSGAA	211	218	17,252
TevSTIB805.4.4560	PISDNAG	568	574	17,24928571
TevSTIB805.10.8660	GSAEESKSD	1042	1050	17,24733333
TevSTIB805.11_01.7860	NPNAEKEE	611	618	17,23725
TevSTIB805.11_01.7910	NPNAEKEE	611	618	17,23725
TevSTIB805.11_01.3880	CRPGEPSVAFP	1060	1070	17,22863636
TevSTIB805.10.6400	ESTSNDN	1177	1183	17,201
TevSTIB805.10.8660	GAGYLPQD	766	773	17,1965
TevSTIB805.7.8340	VVNPVT	810	815	17,19633333
TevSTIB805.10.4850	AGTGGQA	790	796	17,16885714
TevSTIB805.7.5690	GGWASYEPTC	658	667	17,1167
TevSTIB805.1.380	EWRDND	382	387	17,1
TevSTIB805.1.400	VEENPGPSL	440	448	17,04422222
TevSTIB805.2.10	REDGQDNEGE	776	785	17,0258
TevSTIB805.10.4850	PDNRGP	642	647	17,016
TevSTIB805.11_01.2720	VWESDGT	269	275	17,01471429
TevSTIB805.10.6120	QDIDPV	709	714	17,0125
TevSTIB805.11_01.2500	GGNPYGPAGTGKTE	1712	1725	17,00078571
TevSTIB805.11_01.3340	FSDNPNPQAGPKD	1690	1702	16,99515385

TevSTIB805.8.1100	EGREEPLT	553	560	16,926375
TevSTIB805.10.4860	AGTGGQA	789	795	16,85242857
TevSTIB805.9.5570	AIDPDNS	750	756	16,84085714
TevSTIB805.8.4500	HNAPEETDKKEKA	747	759	16,76723077
TevSTIB805.11_01.11010	AESNSS	352	357	16,75716667
TevSTIB805.10.8530	LPAAPPKPVVQ	675	685	16,67027273
TevSTIB805.1.2480	DGKGDNG	914	920	16,66957143
TevSTIB805.10.4860	PDNRGP	641	646	16,64683333
TevSTIB805.10.8780	PRGTEA	587	592	16,63116667
TevSTIB805.9.10900	DAPRNKL	462	468	16,63057143
TevSTIB805.9.10900	PDSEDA	435	440	16,6225
TevSTIB805.11_01.15670	EGRWETPTRPR	419	429	16,62054545
TevSTIB805.8.4640	EGPKNSNADYDPK	568	580	16,60361538
TevSTIB805.7.5690	GGFGQHTE	307	314	16,60175
TevSTIB805.10.6360	TPPQDI	453	458	16,59666667
TevSTIB805.11_01.13970	GASKESLEDR	570	579	16,4805
TevSTIB805.10.15490	ARSGGWG	306	312	16,468
TevSTIB805.10.1620	HKQVQQPQQAAQPQ	1136	1149	16,46521429
TevSTIB805.10.14410	AKIDPR	232	237	16,41133333
TevSTIB805.8.1800	MAPNPEN	422	430	16,33888889
TevSTIB805.11_01.3340	KQPGSIDPDAS	1430	1440	16,30772727
TevSTIB805.11_01.9470	EDNQKE	554	559	16,30733333
TevSTIB805.6.4610	YETKVPAD	938	945	16,305625
TevSTIB805.2.210	RDGTAPPTTP	702	711	16,3034
TevSTIB805.11_01.13510	SNNDTRT	267	273	16,295
TevSTIB805.9.2050	DQPMIPPKTNNAGSS	366	380	16,2818
TevSTIB805.11_01.7860	KSSGKK	519	524	16,27466667
TevSTIB805.11_01.7910	KSSGKK	519	524	16,27466667
TevSTIB805.1.380	NERAGRT	478	484	16,23328571
TevSTIB805.10.5430	VHRQPSG	429	435	16,19742857
TevSTIB805.8.550	KKGNGEDEV	759	767	16,18133333
TevSTIB805.11_01.3340	GGAPAGPAGTGKTETT	1914	1929	16,1679375
TevSTIB805.10.8660	AVPPMAED	727	734	16,1475
TevSTIB805.10.11470	DDAEEEEAQAP	675	685	16,12427273
TevSTIB805.10.11480	DDAEEEEAQAP	675	685	16,12427273
TevSTIB805.10.11500	DDAEEEEAQAP	675	685	16,12427273
TevSTIB805.10.11520	DDAEEEEAQAP	675	685	16,12427273

TevSTIB805.10.11530	DDAEEEEAQAP	675	685	16,12427273
TevSTIB805.8.4640	LPEDEAEQ	259	266	16,1165
TevSTIB805.1.380	AEGGGHQNEA	586	595	16,1083
TevSTIB805.10.9260	GNQEKA	539	544	16,0985
TevSTIB805.10.4850	ENRPGTP	762	768	16,083
TevSTIB805.4.970	FDKDPNTGG	238	246	16,07155556
TevSTIB805.7.8340	TNGVSS	775	780	16,06833333
TevSTIB805.3.5640	TVDYDE	195	200	16,04266667
TevSTIB805.10.2430	TQIDEKSAE	557	565	15,98911111
TevSTIB805.5.5150	NATTPKQ	496	502	15,94042857
TevSTIB805.8.4640	GDNEPAG	221	227	15,91114286
TevSTIB805.6.1100	STNPPTK	435	441	15,82714286
TevSTIB805.6.1110	STNPPTK	435	441	15,82714286
TevSTIB805.10.4860	ENRPGTP	761	767	15,76657143
TevSTIB805.3.3780	QADSPVPD	675	682	15,673375
TevSTIB805.11_01.3340	ISENEG	916	922	15,673
TevSTIB805.7.3800	APNEDAN	599	605	15,64485714
TevSTIB805.10.15760	NGNKDATPFD	544	553	15,5953
TevSTIB805.11_01.15670	GYATNPARRP	368	377	15,5252
TevSTIB805.9.10900	GSGNPTE	445	451	15,491
TevSTIB805.10.6360	FAGKGGVSPQTGNQRS	1050	1065	15,479
TevSTIB805.5.1010	TDGGKTQ	725	731	15,43342857
TevSTIB805.1.2480	YPEEDDE	902	908	15,35371429
TevSTIB805.10.8780	DEAKKP	520	525	15,33966667
TevSTIB805.9.10900	FPIPDDDTF	563	571	15,33122222
TevSTIB805.3.4470	PNGCSGHGTC	790	799	15,3089
TevSTIB805.8.4640	ESAPSK	138	143	15,27916667
TevSTIB805.11_01.9470	DTSDDDR	626	632	15,27614286
TevSTIB805.8.8600	KSEEEKAK	205	212	15,258625
TevSTIB805.10.13110	REPPRD	383	388	15,23433333
TevSTIB805.3.2650	PTHGRTTNKDRDD	737	749	15,227
TevSTIB805.11_01.4320	KSPLRP	424	429	15,226
TevSTIB805.9.4680	SATKEPHDCDGL	514	525	15,22141667
TevSTIB805.7.8050	HQHGGHQGSavgY	307	319	15,206
TevSTIB805.11_01.2500	NPHSERN	277	283	15,19828571
TevSTIB805.3.5920	NKPPASI	827	833	15,19771429
TevSTIB805.6.680	GVTEQPSV	183	190	15,16425

TevSTIB805.5.2240	FGTQPRSGADRQN	310	322	15,15446154
TevSTIB805.5.5170	NATTPKQ	507	513	15,13985714
TevSTIB805.7.8340	AEEEEEDNGTGSITS	1095	1108	15,10407143
TevSTIB805.10.7500	QPPQKW	280	285	15,07916667
TevSTIB805.10.1610	VPPGTRLGPA	746	755	15,0582
TevSTIB805.11_01.3340	MGDDEGGETG	1179	1188	14,9918
TevSTIB805.6.4570	AVDAPTGPKT	199	208	14,9861
TevSTIB805.9.4680	DRTESP	192	197	14,97883333
TevSTIB805.11_01.13970	GYNEGSGTS	379	387	14,885
TevSTIB805.10.11470	AANSSTGASGMEE	690	702	14,86138462
TevSTIB805.10.11480	AANSSTGASGMEE	690	702	14,86138462
TevSTIB805.10.11500	AANSSTGASGMEE	690	702	14,86138462
TevSTIB805.10.11520	AANSSTGASGMEE	690	702	14,86138462
TevSTIB805.10.11530	AANSSTGASGMEE	690	702	14,86138462
TevSTIB805.11_01.9470	TDQRKA	369	374	14,8345
TevSTIB805.11_01.12490	PTPAPCES	302	309	14,810875
TevSTIB805.11_01.3340	ADGAKT	818	823	14,794
TevSTIB805.3.4280	KPNNGDGKEE	303	312	14,7599
TevSTIB805.11_01.1740	AEGEDEIEEG	342	351	14,7459
TevSTIB805.9.9060	SYTKSPQE	513	520	14,74475
TevSTIB805.10.1270	IERGNG	575	580	14,73683333
TevSTIB805.10.15760	AGPRNSSAS	505	513	14,73666667
TevSTIB805.10.1610	FSDDGDYS	587	594	14,70725
TevSTIB805.5.650	AGENSSSPCT	237	246	14,6616
TevSTIB805.11_01.3880	PADSPDD	394	400	14,64657143
TevSTIB805.8.1770	LVHPDPNAGF	132	141	14,6248
TevSTIB805.11_01.2690	NGDENEPQP	533	541	14,60144444
TevSTIB805.6.740	EKATEAGRA	840	848	14,53233333
TevSTIB805.11_01.9470	WNSSDDAPPPEPFTW	962	976	14,47193333
TevSTIB805.4.590	KGGNPS	843	848	14,47016667
TevSTIB805.11_01.11690	EEKGTGK	494	500	14,44728571
TevSTIB805.1.380	EAAQASGTTG	544	553	14,4308
TevSTIB805.8.6380	SGDASEA	414	420	14,34371429
TevSTIB805.2.10	AYGWSPPVAK	482	491	14,3376
TevSTIB805.5.3390	ASSLDP	253	258	14,332
TevSTIB805.4.4610	WGDKNTE	692	698	14,32814286
TevSTIB805.8.4640	RQSDDEE	179	185	14,315

TevSTIB805.8.1800	ANTEDV	268	273	14,30716667
TevSTIB805.8.1800	LDTRPRR	316	322	14,30185714
TevSTIB805.9.10900	DGTGSG	262	267	14,27233333
TevSTIB805.10.7500	DDTPNSV	295	301	14,243
TevSTIB805.11_01.2690	PGFPNRDDSQQ	579	589	14,19645455
TevSTIB805.8.4640	ENNVNK	119	124	14,141
TevSTIB805.10.1610	PVPGNPD	462	468	14,13914286
TevSTIB805.6.3930	DKATGKT	510	516	14,13871429
TevSTIB805.7.2300	TPENTD	354	359	14,11183333
TevSTIB805.9.10900	PITDDDRQE	527	535	14,11044444
TevSTIB805.4.4560	VAAGTKEPDY	681	690	14,0856
TevSTIB805.7.2260	NESSSE	219	224	14,07266667
TevSTIB805.7.8050	NRGANDENDPLAS	292	304	14,04161538
TevSTIB805.4.590	PKTVDTP	1044	1050	14,00257143
TevSTIB805.11_01.3340	GSPLVSR	870	876	13,98742857
TevSTIB805.10.14490	KNGGNVGGG	303	311	13,97722222
TevSTIB805.9.1920	LSSPMPPV	963	970	13,975625
TevSTIB805.2.2870	KQEEPAPPEAT	349	358	13,9637
TevSTIB805.3.4470	HDESAPVRTDTGDTA	984	998	13,91806667
TevSTIB805.1.170	KDHPAPVKPPAG	426	437	13,918
TevSTIB805.11_01.7860	KLDPNDKAA	588	596	13,91744444
TevSTIB805.11_01.7910	KLDPNDKAA	588	596	13,91744444
TevSTIB805.10.14880	ETSGGGL	143	149	13,89714286
TevSTIB805.11_01.3600	RAADGNSK	744	751	13,88925
TevSTIB805.6.3930	NPTKDELSA	597	605	13,88355556
TevSTIB805.11_01.2690	ESEQQQN	453	459	13,88
TevSTIB805.8.1100	TDGAVPEEEPEG	589	600	13,84258333
TevSTIB805.7.5690	SGHWPNDY	238	245	13,8355
TevSTIB805.8.7050	GVGSKE	438	443	13,83283333
TevSTIB805.5.290	KAAPKEASAA	377	386	13,8284
TevSTIB805.10.13440	GDAADGPVNI	501	510	13,8243
TevSTIB805.5.3390	AQEKKDE	362	368	13,81271429
TevSTIB805.11_01.3450	KNWEDSYKT	599	607	13,80655556
TevSTIB805.9.4680	FGSTEDINE	297	305	13,76811111
TevSTIB805.5.290	NWTTSKP	218	224	13,72671429
TevSTIB805.5.2240	TGSGAPPF	149	156	13,714625
TevSTIB805.11_01.8580	VGANQTEEEKDGK	350	362	13,71246154

TevSTIB805.7.5690	HADHQHEGD	274	282	13,69488889
TevSTIB805.10.3130	SGETED	373	378	13,693
TevSTIB805.11_01.2720	HTEKYGGGRM	388	397	13,6513
TevSTIB805.11_01.11010	AGSEGS DI	392	399	13,64525
TevSTIB805.10.15760	PTH RDPMQ	423	430	13,644625
TevSTIB805.6.3020	CDPTSE	473	478	13,628
TevSTIB805.6.3930	NAETQANT	558	565	13,625375
TevSTIB805.11_01.5560	SVASAPGQW	637	645	13,53566667
TevSTIB805.10.8660	NETPSQE	570	576	13,52914286
TevSTIB805.4.4610	EAE EEDNVTGSITS	1089	1103	13,48593333
TevSTIB805.7.660	RDATKEEYDAK	585	595	13,46354545
TevSTIB805.9.4620	NSAAEPDTV V	372	381	13,4589
TevSTIB805.8.2810	HFERENGGLPGA	474	485	13,4545
TevSTIB805.3.5920	EDWDPWRPG	875	883	13,44966667
TevSTIB805.10.2260	GKELEK	372	377	13,41716667
TevSTIB805.10.2270	GKELEK	372	377	13,41716667
TevSTIB805.10.15650	GEGEAA	259	264	13,378
TevSTIB805.11_01.4340	KNPEEGESR	890	898	13,37155556
TevSTIB805.8.2990	VGANDKG	565	571	13,35857143
TevSTIB805.9.7700	PRMRQP	383	388	13,35466667
TevSTIB805.11_01.3600	KGAKEA	540	545	13,27533333
TevSTIB805.5.3900	DPPREE	600	605	13,25083333
TevSTIB805.10.13110	PPRPDTKET	495	503	13,23822222
TevSTIB805.9.6020	GGTGETGR	150	157	13,22875
TevSTIB805.5.650	WESKKPKKAG	220	229	13,2216
TevSTIB805.6.1360	ASDADDP	756	762	13,165
TevSTIB805.4.4560	LRDKSKGKGSPQH	765	777	13,13007692
TevSTIB805.3.2650	VTDADGER	606	613	13,123125
TevSTIB805.7.2300	KGGRSGYD	500	507	13,093625
TevSTIB805.1.380	GGGGVG	219	224	13,0915
TevSTIB805.8.1770	GNGHNGEVRAADDEED	299	314	13,0848125
TevSTIB805.5.650	DNTHHRGSP	201	209	13,08011111
TevSTIB805.11_01.3880	KTGVDPS	342	348	13,075
TevSTIB805.6.740	EDGAAAP	574	580	13,04485714
TevSTIB805.4.970	DAGSQDRKRQ	193	202	13,0404
TevSTIB805.11_01.14820	EEPTPVKEPPSSSERF	648	662	13,0314
TevSTIB805.11_01.2500	DVGSEKGGV	350	358	13,02988889

TevSTIB805.2.10	DHHAPVKPPV	422	431	13,0254
TevSTIB805.7.4850	TWEPSSTAQ	127	135	13,01433333
TevSTIB805.10.15760	ADEPDIT	334	340	13,00528571
TevSTIB805.6.1930	SRREDE	191	196	13
TevSTIB805.1.1490	DDAGKS	572	577	12,9655
TevSTIB805.7.2580	PDTLDPA	328	334	12,95028571
TevSTIB805.2.1770	QSSESH	244	249	12,94233333
TevSTIB805.2.1780	QSSESH	244	249	12,94233333
TevSTIB805.6.3930	PPAPRGV	483	489	12,87
TevSTIB805.11_01.3340	SYSEEAEENNE	984	993	12,8579
TevSTIB805.3.3780	GNVSEE	411	416	12,85416667
TevSTIB805.7.660	FAEEDRANA	525	533	12,84811111
TevSTIB805.2.210	RVPERP	247	252	12,822
TevSTIB805.11_01.15670	ESGCTTPEP	115	123	12,80422222
TevSTIB805.11_01.15900	DETVGS	332	337	12,78566667
TevSTIB805.10.3140	EDCQPT	480	485	12,7425
TevSTIB805.10.5070	CPRPQDAPTP	367	376	12,7275
TevSTIB805.7.4850	FANGSPSEYPKSSGDT	307	322	12,696875
TevSTIB805.3.5080	QQHDET	586	591	12,6895
TevSTIB805.5.5150	DSYVDP	384	389	12,59733333
TevSTIB805.1.400	QTAGGAELP	199	207	12,54677778
TevSTIB805.5.3260	AEEPPPRQPA	433	442	12,5069
TevSTIB805.6.1930	LDPTDDINT	421	429	12,49377778
TevSTIB805.11_01.12490	HYPSPDPN	220	227	12,468625
TevSTIB805.11_01.15900	EEDEEDSP	470	477	12,44975
TevSTIB805.2.2870	TAANDDDDDAGQH	378	390	12,43846154
TevSTIB805.5.5170	DSYVDP	384	389	12,40866667
TevSTIB805.5.4620	VESGSPVGI	583	591	12,38033333
TevSTIB805.10.3510	QFPGSL	473	478	12,34083333
TevSTIB805.10.11710	PAYSRGNGTERKQE	595	608	12,32314286
TevSTIB805.11_01.12490	GDDDTDD	190	196	12,31728571
TevSTIB805.5.4620	TPGADCP	339	345	12,27671429
TevSTIB805.8.2810	AASGGPTSD	435	443	12,26977778
TevSTIB805.9.4690	ETQPSQPQKPTDDL	467	481	12,25626667
TevSTIB805.9.3080	GGPLST	438	443	12,2485
TevSTIB805.2.210	KPGEEGRV	366	373	12,221875
TevSTIB805.10.13440	GGDGSTSVSGTGQYS	858	872	12,2096

TevSTIB805.5.3390	SGQSEDGDEV	482	491	12,1863
TevSTIB805.7.3800	EANGGDVAYK	627	636	12,1831
TevSTIB805.6.4610	IPPEEEAAV	874	883	12,1801
TevSTIB805.11_01.2500	NLSPGKAPESI	381	391	12,17127273
TevSTIB805.10.2860	EAADAAEK	604	611	12,170125
TevSTIB805.8.2990	KEAEDPA	533	539	12,159
TevSTIB805.5.650	LEGNDTDCPEEGENS	310	324	12,1516
TevSTIB805.10.15490	DTKDARSV	234	241	12,1465
TevSTIB805.5.1470	DQRTSE	568	573	12,1245
TevSTIB805.8.2810	QVPTPKRA	423	430	12,10575
TevSTIB805.10.12080	SGGMDDEVATEDAW	278	291	12,0955
TevSTIB805.9.5570	NIQEPEKSI	734	742	12,09488889
TevSTIB805.11_01.2720	SQGESSGA	224	232	12,09366667
TevSTIB805.9.9060	NEENKAA	411	417	12,09257143
TevSTIB805.11_01.12270	SDEDDEV	519	525	12,06542857
TevSTIB805.10.6300	PKQRPC	284	289	12,0635
TevSTIB805.10.6400	ALPESEVTE	993	1001	12,05344444
TevSTIB805.3.5920	GKKAKT	465	470	12,0285
TevSTIB805.11_01.4320	SPVPEEP	356	362	11,98671429
TevSTIB805.9.8980	RAQQQPPREGLM	104	115	11,95208333
TevSTIB805.4.4560	NIPEDDARN	334	342	11,92133333
TevSTIB805.11_01.13970	NPYKEAPQ	221	228	11,85175
TevSTIB805.5.650	YNNESDGGK	185	193	11,85022222
TevSTIB805.9.6020	SGFQDSGS	113	120	11,812375
TevSTIB805.10.570	SVTEEEK	144	150	11,80628571
TevSTIB805.10.4850	QYPGDPLDPKSQ	807	818	11,748
TevSTIB805.5.2240	EETGPNR	108	114	11,72928571
TevSTIB805.7.6630	DDPGLDDEGSSPSL	1101	1114	11,7225
TevSTIB805.11_01.12270	RDGSSVAGEGEEYYP	738	752	11,70953333
TevSTIB805.11_01.7860	QSAGGGDKPQPMDD	639	652	11,70535714
TevSTIB805.11_01.7910	QSAGGGDKPQPMDD	639	652	11,70535714
TevSTIB805.6.740	ARKAQEGGKA	766	775	11,6719
TevSTIB805.10.13440	CDGMGAE	235	241	11,66228571
TevSTIB805.3.5000	SQGEKSNMGA	540	549	11,6554
TevSTIB805.6.1930	ITSTSQ	158	163	11,6485
TevSTIB805.8.1100	TNPGDPSST	409	417	11,64477778
TevSTIB805.11_01.14490	SPAKTSPKPDPHEG	141	154	11,60378571

TevSTIB805.9.5570	PAYQSEPDVGEG	817	828	11,58991667
TevSTIB805.10.5070	RYEPDVGDP	297	305	11,56922222
TevSTIB805.10.4860	QYPGDPLDPKSQ	806	817	11,56341667
TevSTIB805.5.3900	DGVNDAPAL	702	710	11,56277778
TevSTIB805.3.4470	SHGPTYDGR	545	553	11,56022222
TevSTIB805.5.1580	SHEKGKKTIV	250	258	11,558
TevSTIB805.10.15350	EVS RDPTDE	244	252	11,55255556
TevSTIB805.10.15460	EVS RDPTDE	244	252	11,55255556
TevSTIB805.3.5920	RPPATTGR	629	636	11,53325
TevSTIB805.8.2200	DDGKPEDE	97	104	11,52175
TevSTIB805.11_01.1740	FDPTGQGR	111	118	11,49775
TevSTIB805.11_01.16500	LTSDEED	251	257	11,49328571
TevSTIB805.11_01.3750	TPGLET	396	401	11,45133333
TevSTIB805.9.4690	TAAQESGDN	368	376	11,41677778
TevSTIB805.8.6380	DEGKEPKD	333	340	11,4085
TevSTIB805.11_01.11690	IPPAPRGV	467	474	11,37575
TevSTIB805.7.2740	RDDGDGEWSE	158	167	11,3652
TevSTIB805.10.6360	PTDERDES	410	417	11,36275
TevSTIB805.10.1610	GEWPSPAAYTEE	626	637	11,349
TevSTIB805.10.3510	APLSPA	440	445	11,3465
TevSTIB805.11_01.8580	SLTTPPCT	240	247	11,325
TevSTIB805.8.6380	QEPADYY	258	264	11,31514286
TevSTIB805.11_01.11690	KYEAEDKAQR	527	536	11,3077
TevSTIB805.6.4610	WPAETG	507	512	11,28133333
TevSTIB805.10.1620	TGTPGVY	334	340	11,27542857
TevSTIB805.9.4680	EEKPNPPTTP	232	241	11,2387
TevSTIB805.11_01.7860	IPPAARGV	490	497	11,21775
TevSTIB805.11_01.7910	IPPAARGV	490	497	11,21775
TevSTIB805.10.6300	SKYTGSNA	446	453	11,211375
TevSTIB805.11_01.12270	KANDGA	427	432	11,2015
TevSTIB805.4.850	RGNSSN	471	476	11,19566667
TevSTIB805.6.3020	PPGTGK	306	311	11,18816667
TevSTIB805.10.14490	PWCEDGEDGQ	269	278	11,1752
TevSTIB805.4.590	GGNPYGPAGTGKTE	1643	1656	11,17107143
TevSTIB805.3.5790	PPFPPE	327	332	11,16566667
TevSTIB805.9.8680	RVDKDGRES	464	472	11,16122222
TevSTIB805.11_01.3600	GAPTQPVPD	635	643	11,155

TevSTIB805.5.2030	IRPSGGSNSW	604	613	11,14
TevSTIB805.7.660	IPPAPRGKP	464	472	11,12955556
TevSTIB805.5.4240	IGDTSQQRG	468	476	11,11633333
TevSTIB805.10.2430	AEAGSST	343	349	11,11057143
TevSTIB805.9.4620	DGEVPSELG	360	370	11,10554545
TevSTIB805.11_01.4760	SQQPNYE	477	483	11,09857143
TevSTIB805.6.1850	GPAPGN	363	368	11,0965
TevSTIB805.9.3710	ADQSSD	800	805	11,085
TevSTIB805.10.2260	KKDGSGGKV	431	439	11,05488889
TevSTIB805.10.2270	KKDGSGGKV	431	439	11,05488889
TevSTIB805.10.11470	TEEEKKQREEKA	529	541	11,04846154
TevSTIB805.10.11480	TEEEKKQREEKA	529	541	11,04846154
TevSTIB805.10.11500	TEEEKKQREEKA	529	541	11,04846154
TevSTIB805.10.11520	TEEEKKQREEKA	529	541	11,04846154
TevSTIB805.10.11530	TEEEKKQREEKA	529	541	11,04846154
TevSTIB805.10.13110	ELPEKKT	71	77	11,02057143
TevSTIB805.10.1160	ASGNKN	481	486	11,00383333
TevSTIB805.9.3060	GKDTPF	406	411	10,9825
TevSTIB805.9.9060	DGSEESQ	367	373	10,95642857
TevSTIB805.2.10	FEKNPNDYDI	275	284	10,9485
TevSTIB805.9.8170	VPNSGG	291	296	10,94716667
TevSTIB805.10.3140	NVTDDPDNE	733	741	10,94166667
TevSTIB805.8.1420	RAGQRG	413	418	10,91633333
TevSTIB805.10.12080	SKRSSKPRVAASKS	225	238	10,91392857
TevSTIB805.11_01.8580	RHPKTSNGQGV	303	313	10,912
TevSTIB805.7.100	PREPEEIREGTASR	237	250	10,90607143
TevSTIB805.3.570	RKPPEKGF	255	262	10,905125
TevSTIB805.6.3930	STAADNQ	447	453	10,886
TevSTIB805.8.1800	PSSPPLF	230	236	10,879
TevSTIB805.4.4610	NFTEQDT	345	351	10,86485714
TevSTIB805.6.4610	NGEKMSK	563	569	10,82028571
TevSTIB805.7.6630	PSVPPIAE	811	818	10,81275
TevSTIB805.4.840	IAEEEEV	778	784	10,78328571
TevSTIB805.5.630	TPYQNV	212	217	10,7595
TevSTIB805.11_01.15900	IQSPDWKQ	364	371	10,75575
TevSTIB805.9.7700	RARPGPQRPPM	446	456	10,73745455
TevSTIB805.4.4610	RAEDDSYTPPTASLD	963	978	10,7229375

TevSTIB805.6.4610	FPNGIPEC	614	621	10,72275
TevSTIB805.10.7110	NMPKNP	290	295	10,721
TevSTIB805.5.2240	DEQQQQQQQ	122	130	10,72055556
TevSTIB805.4.1130	RDPQEGEEA	581	589	10,70733333
TevSTIB805.9.9060	KTTSYSDGGAADTTG	691	705	10,68893333
TevSTIB805.11_01.2370	HSPDSHPMP	1029	1037	10,67388889
TevSTIB805.8.1420	GADPSKT	426	432	10,66471429
TevSTIB805.2.1770	NSSKDVDTGKAEGG	415	428	10,63992857
TevSTIB805.3.4470	IGNDGNAK	420	427	10,638125
TevSTIB805.10.11710	FTPRSADPSNESS	415	427	10,63669231
TevSTIB805.10.8780	LKDEKGDE	478	485	10,61675
TevSTIB805.10.3130	DPYDQDD	292	298	10,60442857
TevSTIB805.3.5790	AKQNQDKN	414	421	10,576125
TevSTIB805.5.2240	PHRPSSRAGRYG	178	189	10,56741667
TevSTIB805.2.2870	TFQGEDQI	222	230	10,56322222
TevSTIB805.2.1780	NSSKDVDTGKAEGG	415	428	10,54971429
TevSTIB805.9.5830	VPGEHQQRKQG	415	425	10,54427273
TevSTIB805.10.6360	ANGSTPSRASGGAW	637	650	10,544
TevSTIB805.7.8340	FTERDT	345	350	10,5385
TevSTIB805.10.11890	GKSGKEDTGIP	202	212	10,53772727
TevSTIB805.8.4180	ERPSPASQ	287	294	10,509375
TevSTIB805.7.8340	SHDTSTT	510	516	10,50857143
TevSTIB805.4.590	TYDPDTG	756	762	10,47371429
TevSTIB805.10.11470	TRDPKDVTK	273	282	10,4614
TevSTIB805.10.11480	TRDPKDVTK	273	282	10,4614
TevSTIB805.10.11500	TRDPKDVTK	273	282	10,4614
TevSTIB805.10.11520	TRDPKDVTK	273	282	10,4614
TevSTIB805.10.11530	TRDPKDVTK	273	282	10,4614
TevSTIB805.7.3800	GAAPPL	365	370	10,4595
TevSTIB805.6.680	SANVSSVTSPPRC	201	213	10,44684615
TevSTIB805.7.6630	AEEEEGYTPPTAH	976	988	10,42169231
TevSTIB805.10.15650	VTDSRKS	171	177	10,39714286
TevSTIB805.8.1800	EDCDASAAGGV	332	342	10,38481818
TevSTIB805.10.14490	GQSGEQITN	230	238	10,37611111
TevSTIB805.11_01.2370	GGEGSVPL	952	959	10,366
TevSTIB805.7.2260	NGETEQP	159	165	10,35728571
TevSTIB805.9.4680	SDEEEASK	165	172	10,348375

TevSTIB805.2.2870	MPIPGTGGTER	306	316	10,34127273
TevSTIB805.11_01.3340	VRWQDGDE	763	770	10,329375
TevSTIB805.11_01.6370	PSTGERN	299	305	10,31542857
TevSTIB805.6.4930	HGRSRPPQVTEEQR	331	344	10,30385714
TevSTIB805.4.3680	KKDAAAK	160	166	10,27571429
TevSTIB805.3.5640	RRRKEEEREAK	220	230	10,27054545
TevSTIB805.10.6400	TGENTKD	578	584	10,23128571
TevSTIB805.5.290	TAGEPPCTPLD	232	242	10,22872727
TevSTIB805.10.8780	GFGRRGGGDFRGA	712	724	10,22315385
TevSTIB805.9.6910	WSPSKGE	246	252	10,22085714
TevSTIB805.3.4280	ADPTTFRD	125	132	10,219875
TevSTIB805.8.1100	DGEPRATP	271	278	10,21
TevSTIB805.10.2430	VNTQKGDGV	384	392	10,20622222
TevSTIB805.7.3800	PLPEQSA	374	380	10,181
TevSTIB805.3.4040	DSATGASAEDEVQ	261	273	10,17930769
TevSTIB805.3.3760	VPVAPSNRTKPV	519	531	10,16407692
TevSTIB805.3.4280	PFTTDEKKM	160	168	10,15211111
TevSTIB805.11_01.12490	DPLALPPEEPSSTT	332	345	10,13657143
TevSTIB805.10.14490	SPVKSXSGRPSASQP	397	411	10,12386667
TevSTIB805.11_01.8580	PLPPRQAS	206	213	10,10625
TevSTIB805.9.6310	EYDESGP	362	368	10,10071429
TevSTIB805.2.1770	LESAGSD	231	237	10,09042857
TevSTIB805.2.1780	LESAGSD	231	237	10,09042857
TevSTIB805.10.6400	SPCYDPERT	766	774	10,087
TevSTIB805.8.2200	PDATQEDIDDV	157	167	10,07754545
TevSTIB805.9.6020	KGEAGVRNGPPGN	194	206	10,07223077
TevSTIB805.1.1490	RPGSGKS	526	532	10,06442857
TevSTIB805.7.2740	KSGRRSERRQGGA	181	193	10,05223077
TevSTIB805.3.5920	ETSFPDVA	495	502	10,04975
TevSTIB805.9.8080	HASDQSG	467	473	10,04928571
TevSTIB805.9.6310	VAPPER	331	336	10,03083333
TevSTIB805.10.1610	TDEHGQK	286	292	10,02528571
TevSTIB805.10.9940	APSPAAT	495	501	10,021
TevSTIB805.5.2030	PTTDNQPPF	565	573	9,997111111
TevSTIB805.4.3490	QPRPTVTSNPRLT	506	518	9,989230769
TevSTIB805.10.3890	YSTPPV	285	290	9,970833333
TevSTIB805.2.2780	GKQHQEG	365	371	9,953857143

TevSTIB805.11_01.6370	DAPTEDEDPFETM	451	464	9,934714286
TevSTIB805.10.8970	GASKEEA	238	244	9,907285714
TevSTIB805.7.2740	MRSAGKSGRS	141	150	9,8961
TevSTIB805.10.8970	AISGGPTANQDKG	457	469	9,893769231
TevSTIB805.10.8660	SWYEGPGPDDGT	592	603	9,886833333
TevSTIB805.10.3510	GKETPY	410	415	9,875333333
TevSTIB805.9.4680	AQSREPQGNESCSH	348	362	9,8596
TevSTIB805.6.4610	PEVSGWQDSQV	801	811	9,856636364
TevSTIB805.3.5080	YAQPREE	514	520	9,855428571
TevSTIB805.11_01.4760	RDDDGNE	413	419	9,840428571
TevSTIB805.11_01.13680	QKQAGG	189	194	9,827333333
TevSTIB805.11_01.17390	AGGNTSGKGKTKVK	109	122	9,826285714
TevSTIB805.7.4850	RPGDSSAYSV	98	107	9,8157
TevSTIB805.11_01.2690	GRAGSGAR	254	261	9,796625
TevSTIB805.9.9060	RLAPPPPTPL	440	450	9,791909091
TevSTIB805.9.3080	YKHTDEPDPR	499	508	9,7682
TevSTIB805.5.290	TLDPPEGEI	186	194	9,739666667
TevSTIB805.10.7100	GEGNNQE	44	50	9,725857143
TevSTIB805.11_01.760	AETPSDPRSD	370	379	9,6679
TevSTIB805.8.1800	ECSTSTG	215	221	9,620714286
TevSTIB805.7.3720	DIAGNEGREGE	169	179	9,616363636
TevSTIB805.11_01.5560	KWTGGVKEGMR	335	345	9,586545455
TevSTIB805.11_01.7860	GINPDEA	389	395	9,585714286
TevSTIB805.11_01.7910	GINPDEA	389	395	9,585714286
TevSTIB805.3.5790	PEDPSI	310	315	9,5505
TevSTIB805.1.170	DVSHTPETMNEPLP	246	259	9,541357143
TevSTIB805.10.6120	VETPNVT	458	464	9,54
TevSTIB805.5.5150	PAPVGYP	354	360	9,535142857
TevSTIB805.10.1270	ARSSGGATDGY	676	686	9,518545455
TevSTIB805.6.3020	EKSASQ	243	248	9,502666667
TevSTIB805.10.16690	LTIPRPPEW	316	324	9,500888889
TevSTIB805.1.380	DKGEQPPARL	255	264	9,493
TevSTIB805.11_01.8580	LGNRRPTQPLN	282	292	9,473090909
TevSTIB805.5.4240	EKNGSSGKV	371	379	9,446777778
TevSTIB805.5.5150	SNRKGN	249	254	9,445333333
TevSTIB805.7.6670	NEKKKKE	584	590	9,423428571
TevSTIB805.8.8600	AGTRGGGPSAGC	179	190	9,403666667

TevSTIB805.4.3490	NRSKPEDKSDEE	468	479	9,38
TevSTIB805.5.5170	PAPVGYG	354	360	9,373428571
TevSTIB805.7.6630	RDNANAPKEPTD	869	880	9,370916667
TevSTIB805.4.1310	VRSPHGI	346	352	9,349428571
TevSTIB805.2.1810	NSSQDVDTGKAEGGVS	415	430	9,323625
TevSTIB805.4.840	ADAATPNVPGL	994	1004	9,300636364
TevSTIB805.6.4340	KGDTSF	416	421	9,283333333
TevSTIB805.10.16690	VPPGTPDPQPGV	330	341	9,28075
TevSTIB805.3.5790	HPDPSKQENTSK	645	656	9,271416667
TevSTIB805.1.400	DVSHTPETMKEPLP	249	262	9,266928571
TevSTIB805.3.3780	PSNVSKE	273	279	9,261142857
TevSTIB805.7.6630	KGPGSSS	686	692	9,258571429
TevSTIB805.2.2870	CGGKGTDIK	179	187	9,257111111
TevSTIB805.8.2810	RSQNDEE	309	315	9,187142857
TevSTIB805.10.1160	VQPPSE	365	370	9,180666667
TevSTIB805.10.3510	YRHTDKPEPR	500	509	9,1555
TevSTIB805.7.3420	SAEPAR	360	365	9,119333333
TevSTIB805.6.1930	IEEDTEPTDTY	380	390	9,113090909
TevSTIB805.5.280	PQKQGT	186	191	9,108333333
TevSTIB805.2.1810	TGYEENYD	204	211	9,101625
TevSTIB805.10.2620	SKDGSGS	236	242	9,098142857
TevSTIB805.5.3900	SSPLEQ	406	411	9,098
TevSTIB805.10.3000	QDTREAP	204	210	9,092714286
TevSTIB805.4.1130	GPKREG	392	397	9,077833333
TevSTIB805.10.11710	PGEPAAWG	172	179	9,074875
TevSTIB805.11_01.9620	AQHEGEG	430	436	9,057857143
TevSTIB805.5.630	EVEGQVEKKGKEEL	404	418	9,042866667
TevSTIB805.7.3420	ESNPAAH	372	378	9,041714286
TevSTIB805.9.9060	TGDPPNT	308	314	9,018285714
TevSTIB805.7.8340	RNARDNNNAPKEPTD	860	874	9,009133333
TevSTIB805.9.7700	QQQSHPQIPQPPVAQG	463	478	9,002875
TevSTIB805.9.3060	YKHTDKPFP	496	504	8,994888889
TevSTIB805.11_01.4340	QPNVSTPGSQP	725	735	8,943636364
TevSTIB805.10.1270	FEKAGEQKEREKGH	760	773	8,9405
TevSTIB805.7.3180	RQNKQNPSDSHS	269	280	8,918583333
TevSTIB805.9.6910	NPSKTGS	235	241	8,906285714
TevSTIB805.5.5150	SVRVDPDTWE	391	400	8,9044

TevSTIB805.4.4610	RNARDNNNAPKEPTD	854	868	8,891466667
TevSTIB805.8.6380	STAENGKI	219	226	8,87
TevSTIB805.7.660	SDPDVQQNISQEDQQ	554	568	8,856466667
TevSTIB805.4.4560	GSGGSDDDL	227	236	8,8427
TevSTIB805.4.1860	KKEKSQ	431	436	8,838666667
TevSTIB805.10.8780	PPGQREAV	359	366	8,8295
TevSTIB805.9.5440	KESPSDEEA	327	335	8,809
TevSTIB805.7.6670	QMPTKGKVSQR	735	745	8,804545455
TevSTIB805.5.5170	SVRVDPDTWE	391	400	8,7912
TevSTIB805.8.5700	DKDAES	44	49	8,7845
TevSTIB805.11_01.15670	VKSPSSLGPSNELTDE	169	184	8,7680625
TevSTIB805.4.800	SKPAPAPQA	650	658	8,764666667
TevSTIB805.10.6980	GRKETPPVC	254	262	8,762
TevSTIB805.8.1870	APLPAD	225	230	8,7615
TevSTIB805.10.6120	RGHSGDGGAS	575	584	8,7539
TevSTIB805.6.3630	EEPPPEDEMEKGPT	690	702	8,722
TevSTIB805.11_01.2370	FEPTPGRS	823	830	8,72025
TevSTIB805.5.630	DEIEDH	150	155	8,706333333
TevSTIB805.11_01.5560	CGGESRN	131	137	8,697285714
TevSTIB805.10.6360	LGPIPKDDRKAQE	500	513	8,682071429
TevSTIB805.7.3180	SAPKTPEGQG	243	252	8,6744
TevSTIB805.11_01.12270	EPRASSEPVPLSDPDS	633	648	8,6720625
TevSTIB805.7.8270	AQKEGS	186	191	8,6565
TevSTIB805.6.1360	NGEATNS	467	473	8,650714286
TevSTIB805.7.2260	GTKGDGYDPDYV	231	242	8,619
TevSTIB805.10.8660	VEGGVS	446	451	8,6185
TevSTIB805.11_01.11690	NDPNVAGKLDDADKN	557	571	8,6178
TevSTIB805.9.3080	RGDLAE	355	360	8,598
TevSTIB805.10.4740	PGNQSV	239	244	8,589833333
TevSTIB805.10.3000	ADETTKTER	288	296	8,572333333
TevSTIB805.3.5000	DGGASDA	342	348	8,520428571
TevSTIB805.7.6630	YGPYGTEGC	772	780	8,509888889
TevSTIB805.5.370	EAEATEKAAEKQAKD	339	353	8,5062
TevSTIB805.7.2740	GVSPQSELKS	122	131	8,4831
TevSTIB805.5.3900	VTGSPASS	500	507	8,474
TevSTIB805.10.13440	KSPEHTD	111	117	8,464
TevSTIB805.6.3930	FRGVNPD	382	388	8,442428571

TevSTIB805.4.4610	PLAKDDGY	302	309	8,43625
TevSTIB805.8.1740	TTADTAATQ	298	306	8,413111111
TevSTIB805.8.1420	GTPKGP	185	190	8,3945
TevSTIB805.9.5570	QASNQRNP	390	397	8,38725
TevSTIB805.3.4960	PLDDGT	391	396	8,3575
TevSTIB805.10.12080	TSRTSTSRNTS	172	182	8,337363636
TevSTIB805.10.6980	NERASRGS	214	221	8,31
TevSTIB805.5.370	AEKAKEAGQPVE	315	327	8,303538462
TevSTIB805.11_01.3600	TTNAVPQ	413	419	8,283428571
TevSTIB805.9.6720	ERDDSAGL	321	328	8,25975
TevSTIB805.9.4620	YSGVGSNDGRQIA	346	358	8,242615385
TevSTIB805.9.3080	DGKDSPLYW	408	415	8,240875
TevSTIB805.9.3800	AKGKDGP	217	223	8,229
TevSTIB805.9.7700	PMRPMGPTPMNQ	433	444	8,227083333
TevSTIB805.11_01.6370	DVSSAPAPGAS	344	354	8,215363636
TevSTIB805.10.1610	ITDGVDKDGNP	376	386	8,175181818
TevSTIB805.10.1270	SITSEGEQQ	450	459	8,1516
TevSTIB805.5.1580	PIDCKGTG	189	196	8,148125
TevSTIB805.10.3000	HNEGKPPSKVDP	346	357	8,146
TevSTIB805.9.6720	REVTEDS	298	304	8,125428571
TevSTIB805.10.15760	SDEAEHNGRR	279	288	8,1235
TevSTIB805.10.14530	PMPKEPRKPPPKPL	219	233	8,1174
TevSTIB805.2.2870	ARGEAKP	96	102	8,115714286
TevSTIB805.8.1740	GSTEDEAQ	274	281	8,11025
TevSTIB805.9.7700	PSVDDE	193	198	8,099833333
TevSTIB805.1.2250	MEEGEFSE	413	420	8,088125
TevSTIB805.1.2270	MEEGEFSE	413	420	8,088125
TevSTIB805.1.2290	MEEGEFSE	413	420	8,088125
TevSTIB805.1.2310	MEEGEFSE	413	420	8,088125
TevSTIB805.10.15650	GKDNGGDSDEYS	272	284	8,06
TevSTIB805.1.2480	SGVDESTMKE	582	591	8,0588
TevSTIB805.10.3130	KSPEPTWV	262	269	8,04925
TevSTIB805.11_01.7680	TVPEEPI	481	488	8,0255
TevSTIB805.11_01.8580	PSGATGA	129	135	8,011714286
TevSTIB805.11_01.12100	VGTGDPWGL	475	483	8,007888889
TevSTIB805.5.1130	DYPFKP	60	65	7,995333333
TevSTIB805.2.3430	HDSTPEE	501	507	7,991

TevSTIB805.10.8530	TQSSDPDIR	525	533	7,988333333
TevSTIB805.9.4470	TAGEHSDSPDGI	333	344	7,976333333
TevSTIB805.8.2400	GSNDEE	267	272	7,948
TevSTIB805.10.9940	TPDGKM	438	443	7,9075
TevSTIB805.10.13440	TQPDSNDVN	141	149	7,887444444
TevSTIB805.8.4980	EKGGYPAS	217	224	7,860875
TevSTIB805.7.8050	QQAPPQQFQQ	79	88	7,8569
TevSTIB805.9.7160	PNTDEN	297	302	7,853833333
TevSTIB805.10.3130	ETYDEKK	248	254	7,852
TevSTIB805.11_01.2720	PEEYPREEGDEA	164	175	7,839333333
TevSTIB805.11_01.12270	FEEDPE	244	249	7,8185
TevSTIB805.3.2650	KAKRPIPDGYGA	576	587	7,814583333
TevSTIB805.3.5920	SAEEETAF	411	418	7,803375
TevSTIB805.10.1270	KAEDEGEF	239	246	7,802375
TevSTIB805.10.1620	GREPTKVQ	270	277	7,79775
TevSTIB805.9.12110	AQPKTA	130	135	7,786
TevSTIB805.11_01.8160	ELPKPDKQSKEE	781	792	7,776833333
TevSTIB805.9.8080	NAGHDSTD	450	457	7,775
TevSTIB805.10.8780	GGHGNDFRGGRGQGY	692	706	7,764
TevSTIB805.10.4850	GANAGSEADPKT	607	618	7,74275
TevSTIB805.9.7360	ASNVGK	257	262	7,737333333
TevSTIB805.11_01.13570	ERREEEPVI	485	493	7,733777778
TevSTIB805.3.3350	SRGPQDPKE	172	180	7,709888889
TevSTIB805.5.1230	DELPDPFNK	500	508	7,698111111
TevSTIB805.6.4070	AQDVGTH	213	219	7,686714286
TevSTIB805.5.1230	RPENKLG	470	476	7,680142857
TevSTIB805.9.10900	NEIPDPGNSC	211	220	7,6634
TevSTIB805.11_01.6370	NASDPSGMSGGDPVA	393	407	7,655533333
TevSTIB805.10.5230	PAPDNADIQ	381	389	7,654444444
TevSTIB805.2.1770	TGYEENYD	203	210	7,652875
TevSTIB805.2.1780	TGYEENYD	203	210	7,652875
TevSTIB805.5.650	DAKRSKEA	134	141	7,65175
TevSTIB805.6.740	GVSPTDSDSAK	476	485	7,5924
TevSTIB805.8.2700	SQGTGSSKVHR	346	356	7,590545455
TevSTIB805.10.4860	GANAGSEADPKT	606	617	7,558166667
TevSTIB805.10.2620	DFYESGKDSGG	278	288	7,549909091
TevSTIB805.6.740	DSNYDTD	257	263	7,547571429

TevSTIB805.11_01.9880	DGPFPK	427	432	7,542333333
TevSTIB805.7.410	PALFPPD	161	167	7,541428571
TevSTIB805.11_01.13970	DSAKSGPQVE	139	148	7,5183
TevSTIB805.5.650	GEEAKGTDSK	147	156	7,5178
TevSTIB805.4.590	NDSDQDT	227	233	7,493142857
TevSTIB805.2.2780	GTKAPQAA	323	330	7,48675
TevSTIB805.11_01.2020	GGYTYD	423	428	7,469833333
TevSTIB805.11_01.12490	HFNPNSG	66	72	7,460285714
TevSTIB805.9.2050	LTPSTEPPVIQG	217	228	7,458083333
TevSTIB805.3.3780	ERGNTLG	208	214	7,44
TevSTIB805.6.4930	AQGEVSGE	165	172	7,4385
TevSTIB805.5.630	DGAKGA	137	142	7,433666667
TevSTIB805.7.6670	IEEEEADKHKA	685	695	7,401090909
TevSTIB805.9.5570	TEPPDPTVSKADP	463	475	7,394615385
TevSTIB805.5.2030	GMDDDGN	489	495	7,391857143
TevSTIB805.8.1870	EAPCAQ	209	214	7,385833333
TevSTIB805.1.640	GDSASA	376	381	7,3735
TevSTIB805.7.2300	REAEEDQLQ	208	217	7,3573
TevSTIB805.11_01.11110	DPSRSG	151	156	7,356166667
TevSTIB805.10.14880	GPKSEPDKERD	64	74	7,336727273
TevSTIB805.10.14870	KSGEDKDKE	447	455	7,331222222
TevSTIB805.9.7700	LDDKESPL	244	251	7,318375
TevSTIB805.6.3630	PHPNNQ	78	83	7,3035
TevSTIB805.8.1800	DSTKGGVS	195	202	7,300875
TevSTIB805.11_01.13570	EKRESPNQ	411	418	7,298375
TevSTIB805.11_01.9040	HDNGGSQP	184	191	7,29475
TevSTIB805.2.2870	NGSGSKDPKV	136	145	7,2902
TevSTIB805.4.4540	GAGASE	93	98	7,29
TevSTIB805.8.4180	TGESDIGKS	237	245	7,278666667
TevSTIB805.4.850	KPPEGDPI	365	372	7,27
TevSTIB805.3.3350	QDWGRGSGGYDASG	329	342	7,269642857
TevSTIB805.1.3740	ANAPPEQ	361	367	7,265142857
TevSTIB805.10.9260	GSPPEQLDA	458	466	7,261111111
TevSTIB805.6.4610	AVPSTHED	446	453	7,25725
TevSTIB805.5.1130	DPNPDDPLV	113	121	7,252777778
TevSTIB805.10.9980	ARITAP	182	187	7,248333333
TevSTIB805.1.1600	NFGSETDGV	1003	1011	7,243

TevSTIB805.10.6400	PIPGQQA	408	415	7,237
TevSTIB805.5.650	ESQGKNKAPSQHC	168	180	7,230769231
TevSTIB805.11_01.13680	REEVPGQ	175	181	7,209285714
TevSTIB805.5.2240	QSQGDGGAAY	90	99	7,207
TevSTIB805.9.3710	QDAYQD	475	480	7,205666667
TevSTIB805.11_01.6370	PREPQR	160	165	7,194666667
TevSTIB805.5.280	SPSNPPKYPPV	289	299	7,191545455
TevSTIB805.3.4280	RFTMTKPAPPIEENSR	213	228	7,1779375
TevSTIB805.10.6980	LTPDPERG	184	191	7,17325
TevSTIB805.5.1560	SHEKGKKTTHD	249	258	7,1558
TevSTIB805.9.4470	TDKQPPKDFG	118	127	7,1522
TevSTIB805.10.9760	PKKKGDGKKGTETS	337	350	7,139285714
TevSTIB805.10.2860	ERQKPGEDGS	337	346	7,1308
TevSTIB805.10.4260	PIPAEVD	394	400	7,123428571
TevSTIB805.1.2250	YPSPQV	172	177	7,095666667
TevSTIB805.1.2270	YPSPQV	172	177	7,095666667
TevSTIB805.1.2290	YPSPQV	172	177	7,095666667
TevSTIB805.1.2310	YPSPQV	172	177	7,095666667
TevSTIB805.5.1580	KEDNANNQ	164	171	7,091625
TevSTIB805.10.12080	DQRKHDPDSDGD	71	81	7,064818182
TevSTIB805.5.350	EAEATEKAAEKQAKD	374	388	7,0628
TevSTIB805.6.4940	EVSPRDTP	557	564	7,0575
TevSTIB805.10.14870	TAKGKYP	334	340	7,057285714
TevSTIB805.10.2860	ADPADA	175	180	7,049
TevSTIB805.11_01.11010	EKSSKRAYP	288	296	7,048888889
TevSTIB805.7.2300	AEDPAKV	61	67	7,042142857
TevSTIB805.5.3260	MCSPANSPVSPSRL	404	417	7,034428571
TevSTIB805.10.7110	TASNKGDS	239	246	7,032
TevSTIB805.7.580	VSGGKHGSG	282	290	7,030777778
TevSTIB805.11_01.17340	LEPQPSK	466	472	7,025714286
TevSTIB805.8.2810	EEGEHDDG	278	285	7,01475
TevSTIB805.9.8680	AKDKDGS	244	250	7,013285714
TevSTIB805.3.3780	NTTNSTSGSKKKGP	422	435	7,003285714
TevSTIB805.1.2250	QPPTVVPG	358	365	6,99825
TevSTIB805.1.2270	QPPTVVPG	358	365	6,99825
TevSTIB805.1.2290	QPPTVVPG	358	365	6,99825
TevSTIB805.1.2310	QPPTVVPG	358	365	6,99825

TevSTIB805.10.3140	EEGQEEGD	329	336	6,9925
TevSTIB805.6.1360	VNPLPPEVRDD	553	563	6,990909091
TevSTIB805.11_01.1910	RAKTTPGK	423	430	6,978125
TevSTIB805.5.2030	DLNPPGNATE	515	524	6,97
TevSTIB805.10.7500	QATSSQ	89	94	6,957166667
TevSTIB805.11_01.11690	KADEGK	188	193	6,953
TevSTIB805.2.210	VDITPDPANL	235	244	6,9508
TevSTIB805.5.5170	GGGSKGNV	248	255	6,9425
TevSTIB805.3.5870	ESQQRSG	230	236	6,942428571
TevSTIB805.1.380	TLEQKPERT	100	108	6,919
TevSTIB805.2.2870	EKGVES	71	76	6,906833333
TevSTIB805.10.6760	PKDDAPAAGGMG	539	550	6,880583333
TevSTIB805.10.6880	PKDDAPAAGGMG	539	550	6,880583333
TevSTIB805.11_01.2690	TTRVDSKGEK	170	179	6,8787
TevSTIB805.7.3180	TASPGMPSI	179	188	6,8539
TevSTIB805.7.6670	EQSEGA	468	473	6,851666667
TevSTIB805.10.9260	AAKEKDGSSSGNN	508	520	6,850230769
TevSTIB805.11_01.7680	ENAEGSDT	406	413	6,839125
TevSTIB805.10.11710	DNNDTSTHT	156	164	6,801222222
TevSTIB805.10.15690	TGSANGQNT	194	202	6,798666667
TevSTIB805.4.2070	REEGKG	285	290	6,789666667
TevSTIB805.7.8340	PLAKDDGY	302	309	6,784375
TevSTIB805.11_01.3340	EKGIHPG	222	228	6,768285714
TevSTIB805.10.8680	GVEDGTT	476	482	6,766
TevSTIB805.7.3610	RAEAQRPPPPKQKAG	229	243	6,757733333
TevSTIB805.9.7360	KEEYSK	217	222	6,7295
TevSTIB805.11_01.4340	RQTD PQED	440	447	6,728625
TevSTIB805.2.1030	VEDDGN	342	347	6,719333333
TevSTIB805.4.1130	PADGGYP	364	370	6,717571429
TevSTIB805.3.4310	NRCNEPADEMSG	549	560	6,71625
TevSTIB805.10.11890	PSTIDNP	61	67	6,707428571
TevSTIB805.9.5740	GPPQSSY	40	46	6,707285714
TevSTIB805.11_01.11010	DSSPTPPSPSDLDS	315	328	6,683142857
TevSTIB805.5.1470	EDERHEGSEDDYED	643	657	6,671866667
TevSTIB805.6.3930	TNGDTHL	241	247	6,659857143
TevSTIB805.3.5000	QAARDD	247	252	6,659
TevSTIB805.7.8270	SPSNPPKYPPV	289	299	6,648181818

TevSTIB805.5.350	AEKAKEAGQPVE	350	362	6,638076923
TevSTIB805.10.9940	DVASDGS AV	475	483	6,623444444
TevSTIB805.10.5790	ERSPED	72	77	6,614666667
TevSTIB805.9.4690	PDPEKR	279	284	6,590166667
TevSTIB805.8.7050	GVNDKEKI	385	392	6,577
TevSTIB805.11_01.3340	DSSPED	210	215	6,575166667
TevSTIB805.10.5430	SGAPTRGT	355	362	6,573
TevSTIB805.5.1010	EHRPTT	395	400	6,572666667
TevSTIB805.10.4850	ITDDGESHPH	470	479	6,5644
TevSTIB805.4.1860	EPNQAT	348	353	6,558666667
TevSTIB805.10.13330	QRKDSNA	488	494	6,557714286
TevSTIB805.9.5740	PNPDDPLDNE	114	123	6,5447
TevSTIB805.3.5920	VPDGEGGT	370	377	6,533125
TevSTIB805.11_01.3720	RTTQAHS	261	267	6,528714286
TevSTIB805.9.5830	SEESKDE	261	267	6,521285714
TevSTIB805.5.650	ENETRDDL	114	121	6,505
TevSTIB805.10.2260	EATPGDN	289	295	6,502285714
TevSTIB805.10.2270	EATPGDN	289	295	6,502285714
TevSTIB805.1.2240	GAGNNW	96	101	6,497333333
TevSTIB805.1.2280	GAGNNW	96	101	6,497333333
TevSTIB805.1.2300	GAGNNW	96	101	6,497333333
TevSTIB805.11_01.2370	KKPPSAAS	741	748	6,48
TevSTIB805.7.2260	RGGSTPTF	67	74	6,47775
TevSTIB805.8.4500	LDNPCKG	634	641	6,4735
TevSTIB805.9.12110	NQASATPAA	156	164	6,468222222
TevSTIB805.10.9260	HATDGE GA	192	199	6,467625
TevSTIB805.1.5010	RKRKGTADDDVI	327	339	6,456076923
TevSTIB805.10.1620	GSAPTDTN	253	260	6,4545
TevSTIB805.6.4070	PLDGGKP	196	202	6,450285714
TevSTIB805.8.550	RASENNG	388	394	6,444714286
TevSTIB805.8.1100	SVTGENDLKKK	219	229	6,412545455
TevSTIB805.10.2150	ETRAPED	139	145	6,409857143
TevSTIB805.10.2150	AVTKDPAVA	245	253	6,407777778
TevSTIB805.8.2810	VPPKTAGSSEKAD	343	355	6,406307692
TevSTIB805.11_01.13440	DVDGDGQI	130	137	6,405625
TevSTIB805.11_01.13450	DVDGDGQI	130	137	6,405625
TevSTIB805.11_01.13460	DVDGDGQI	130	137	6,405625

TevSTIB805.11_01.15900	VNTDEDDLDED	320	330	6,402363636
TevSTIB805.5.1580	RKKPKSDGEPVNNN	219	232	6,393571429
TevSTIB805.4.1310	ANAKPNQGQ	249	257	6,373555556
TevSTIB805.4.840	DKGGSCQG	500	507	6,369625
TevSTIB805.6.4930	TCPHTGR	68	74	6,353571429
TevSTIB805.4.4540	ALEPDPKIA	165	173	6,343555556
TevSTIB805.10.4860	ITDDGESPHP	469	478	6,3429
TevSTIB805.5.3260	FPAPQKGER	341	349	6,342777778
TevSTIB805.4.3490	SRRDNHSGPGGKEK	419	432	6,326857143
TevSTIB805.7.2580	VGGARGGGDGDDE	286	298	6,320076923
TevSTIB805.11_01.11690	TNGDTHLG	224	231	6,31
TevSTIB805.8.8760	QKGQDD	38	43	6,262166667
TevSTIB805.7.410	CNDGRDGGMQKP	283	294	6,250583333
TevSTIB805.8.1100	EDPKPL	35	40	6,2475
TevSTIB805.1.5010	KTDQPVELT	214	222	6,226777778
TevSTIB805.6.1100	VGGPTPPPPPPPPSAT	339	354	6,2148125
TevSTIB805.6.1110	VGGPTPPPPPPPPSAT	339	354	6,2148125
TevSTIB805.8.2700	EFENDEA	295	301	6,212142857
TevSTIB805.8.1100	PEPGHEKVD	118	126	6,205111111
TevSTIB805.3.4470	RQNEDHPSRPL	329	339	6,201363636
TevSTIB805.10.11890	EGATDGDENYGIGDE	166	180	6,196666667
TevSTIB805.2.1880	WENAAWPGPYH	229	239	6,179727273
TevSTIB805.8.7050	EGSVPPDGSLPG	397	408	6,172583333
TevSTIB805.11_01.14740	EGKNPYA	479	485	6,159571429
TevSTIB805.9.3060	PKEEGET	304	310	6,156428571
TevSTIB805.6.1100	DLPQDED	242	248	6,155285714
TevSTIB805.6.1110	DLPQDED	242	248	6,155285714
TevSTIB805.11_01.14950	GEGHGSTGSGGGKE	170	183	6,1545
TevSTIB805.3.5870	ATAGSA	150	155	6,1365
TevSTIB805.10.15650	SKTTGE	133	138	6,135333333
TevSTIB805.9.5830	EQPNQQASQK	300	309	6,1299
TevSTIB805.10.16690	NTGGASPSHANS	302	313	6,124166667
TevSTIB805.11_01.2020	EKGDRAGHTKE	522	533	6,1205
TevSTIB805.9.3430	SGAGKT	72	77	6,106333333
TevSTIB805.10.1970	QREEQA	138	143	6,094166667
TevSTIB805.11_01.3600	QVAGQSTDNLTP	487	498	6,0765
TevSTIB805.11_01.3450	EANEEYGY	34	41	6,06775

TevSTIB805.11_01.6370	IMPDSAQPA	168	176	6,055555556
TevSTIB805.7.5690	NELGKA	148	153	6,037333333
TevSTIB805.10.14910	PNNSPAKG	228	235	6,035625
TevSTIB805.10.15690	EIGGEDTSAGPNSE	206	219	6,031285714
TevSTIB805.10.8530	RPGDDRF	246	252	6,018714286
TevSTIB805.1.3000	ESNEEK	243	248	5,983833333
TevSTIB805.3.4310	EKLGTKPECKN	501	511	5,979727273
TevSTIB805.10.15440	KKDGGGHVDPY	189	199	5,968727273
TevSTIB805.3.3780	KSDDDEK	184	190	5,965285714
TevSTIB805.11_01.3300	DFVEGASGSGGA	280	291	5,964916667
TevSTIB805.9.9020	WDPSAR	364	369	5,958
TevSTIB805.7.6630	YGGDCPD	404	410	5,936714286
TevSTIB805.10.1160	PPKTDME	242	248	5,925571429
TevSTIB805.10.4850	ESNPDEK	358	364	5,900571429
TevSTIB805.11_01.760	GFKDGPPANLEGK	343	355	5,892923077
TevSTIB805.7.2740	MSGVSPQSELKS	89	100	5,885916667
TevSTIB805.11_01.5560	SIGEDGYSD	61	69	5,867111111
TevSTIB805.10.5960	RADDDKDS	355	362	5,853375
TevSTIB805.7.660	KEPNRSINPD	357	366	5,8356
TevSTIB805.11_01.2020	GEEGNE	347	352	5,833166667
TevSTIB805.8.6020	VPPPSDKPR	236	244	5,832444444
TevSTIB805.1.1490	GATRDSTGV	322	330	5,826333333
TevSTIB805.10.3870	YATGGKPI	104	111	5,82625
TevSTIB805.4.1130	VSPPGGDFSDPVT	405	417	5,817923077
TevSTIB805.8.2990	GFSSSESSVA	272	281	5,8015
TevSTIB805.10.3510	GDPRDDET	307	314	5,793125
TevSTIB805.10.1270	SEDAGGGSG	186	194	5,789777778
TevSTIB805.2.1770	ENAGKSDNC	172	180	5,783111111
TevSTIB805.2.1780	ENAGKSDNC	172	180	5,783111111
TevSTIB805.6.1850	LPGPPYPR	288	295	5,764875
TevSTIB805.5.4620	DTKWEWSSGNTRK	299	311	5,761769231
TevSTIB805.6.2240	PTAEAPPGH	187	195	5,760888889
TevSTIB805.11_01.5560	PSAGSNSGKDSKLQQ	206	220	5,759333333
TevSTIB805.10.6190	KKDAAAK	100	106	5,736
TevSTIB805.7.3720	SNNQRNENSQPSKLPP	150	165	5,7329375
TevSTIB805.11_01.12490	EEGKSLTPEEGDS	154	166	5,713384615
TevSTIB805.11_01.2410	EVPPTRPDVL	363	372	5,6767

TevSTIB805.10.15760	APFGNRGAPTT	191	201	5,640181818
TevSTIB805.11_01.8160	TGKEDQR	328	334	5,635
TevSTIB805.2.3430	ESPKAVQW	462	469	5,6265
TevSTIB805.9.4690	TERPEGWEPQ	312	321	5,6087
TevSTIB805.11_01.3300	DDEAAADLPN	268	277	5,5976
TevSTIB805.10.6120	PKREKAQGE	300	308	5,587
TevSTIB805.7.3610	RAEAEAEARAE	189	199	5,584272727
TevSTIB805.10.4860	ESNPDEK	357	363	5,584142857
TevSTIB805.11_01.11110	SSNPKT	70	75	5,575333333
TevSTIB805.10.6360	EEPTAPVIV	44	52	5,564444444
TevSTIB805.5.3260	GAKPPSPI	323	330	5,56325
TevSTIB805.9.3080	GTTGDPKG	275	282	5,55975
TevSTIB805.11_01.3340	YQGDSSAAYPNI	569	580	5,551416667
TevSTIB805.11_01.15900	APSVAP	262	267	5,534666667
TevSTIB805.10.3940	AESGKTKGGSQS	165	176	5,523166667
TevSTIB805.11_01.16300	HPEMPVPEGVRG	290	301	5,509583333
TevSTIB805.3.5080	GNQNGNANAGK	373	383	5,507727273
TevSTIB805.2.2780	TADINI	63	68	5,505833333
TevSTIB805.11_01.15900	PAIPDDWDVK	309	318	5,5036
TevSTIB805.11_01.13920	QAREKKDGSS	167	176	5,5009
TevSTIB805.11_01.7860	QRQSTKDAG	183	191	5,492777778
TevSTIB805.11_01.7910	QRQSTKDAG	183	191	5,492777778
TevSTIB805.10.7500	APWDTQASDE	136	145	5,483
TevSTIB805.7.3180	QYSVPPPLGP	138	147	5,4713
TevSTIB805.9.5570	SQNGEPMO	172	179	5,45925
TevSTIB805.11_01.15900	SEPKTARK	283	290	5,439125
TevSTIB805.8.1420	KSPTPI	95	100	5,435166667
TevSTIB805.7.3420	WTEDPN	269	274	5,435
TevSTIB805.3.4310	NEVKPLPQ	316	323	5,41925
TevSTIB805.6.4930	ASDQQQORYDDDEEQA	260	275	5,417125
TevSTIB805.3.5080	NPTPSDET	327	334	5,391375
TevSTIB805.4.800	EGEGSP	463	468	5,3725
TevSTIB805.6.4610	PAHDPNDF	302	309	5,3665
TevSTIB805.2.1880	NATSANSKP	183	191	5,354888889
TevSTIB805.11_01.12100	TADINGDGA	268	276	5,351777778
TevSTIB805.10.2860	APTDEA	65	70	5,333833333
TevSTIB805.2.2120	VGSGNKSR	206	214	5,313777778

TevSTIB805.5.1560	DKKKPGKINT	218	227	5,3118
TevSTIB805.5.2030	PGTAPPLG	389	396	5,30125
TevSTIB805.10.6300	QYDPLPPETSPE	260	271	5,29475
TevSTIB805.9.3060	TLTDDTARPRG	343	353	5,285636364
TevSTIB805.10.5430	GTASGTSEEKENA	369	382	5,266142857
TevSTIB805.5.290	KDMPENARN	121	129	5,266111111
TevSTIB805.10.2260	GNTKNDPPKEAAD	315	327	5,262769231
TevSTIB805.10.2270	GNTKNDPPKEAAD	315	327	5,262769231
TevSTIB805.3.3390	AREAPRKVTEEST	170	183	5,246071429
TevSTIB805.3.3400	AREAPRKVTEEST	170	183	5,246071429
TevSTIB805.7.3420	NEESTSRGQ	342	350	5,244333333
TevSTIB805.6.4070	RPDGPV	129	134	5,2315
TevSTIB805.11_01.9620	HQPEKDAASN	376	385	5,2181
TevSTIB805.7.6670	SCEAAEQRR	554	563	5,2104
TevSTIB805.10.13110	HREGDDGSVPLL	38	49	5,184916667
TevSTIB805.11_01.2020	GKKIKTRSGES	490	500	5,168090909
TevSTIB805.3.3760	GGDEGLPT	381	388	5,16625
TevSTIB805.7.2300	DTPQGTTS	41	48	5,165625
TevSTIB805.10.1270	SSPDGNK	163	169	5,159285714
TevSTIB805.1.1600	RDSSSS	453	458	5,156
TevSTIB805.10.6300	AKKDPQN	100	106	5,149428571
TevSTIB805.10.3000	NKKGAP	118	123	5,140833333
TevSTIB805.4.4610	GKESDDSSF	216	224	5,129
TevSTIB805.9.10900	PSVGVPSSDVS	53	63	5,112727273
TevSTIB805.1.1490	AEEAAKGD	295	302	5,08475
TevSTIB805.3.570	VGAGNNPQGATDQRA	229	243	5,071533333
TevSTIB805.10.11890	NFEPPGQFDDPNAT	88	101	5,060928571
TevSTIB805.5.1130	IGPEDSPY	39	46	5,032875
TevSTIB805.5.1580	GLDDEGQNS	142	150	5,028222222
TevSTIB805.11_01.2080	NTGMEP	134	139	5,025833333
TevSTIB805.11_01.2090	NTGMEP	134	139	5,025833333
TevSTIB805.5.370	APAHQAAPAGR	199	209	5,021909091
TevSTIB805.9.7700	DEKGESR	130	136	5,011714286
TevSTIB805.11_01.9470	PSQVQQ	287	292	5,01
TevSTIB805.2.1360	YHSGGTGTSGSGDVT	421	435	5,005533333
TevSTIB805.5.1560	KGENANNQ	164	171	4,98875
TevSTIB805.11_01.4760	GEGIDPERA	208	216	4,986666667

TevSTIB805.10.1610	VEGKGAADPTDA	149	160	4,985333333
TevSTIB805.1.2480	PSNKTQEDAEGNDS	533	546	4,984428571
TevSTIB805.3.5790	CPPEDP	160	165	4,984
TevSTIB805.10.15650	AGPPQV	98	103	4,979333333
TevSTIB805.5.3260	AGAGAAGATPCGVSG	355	369	4,959333333
TevSTIB805.4.4560	SSPQGEGKDGRPPVA	166	180	4,954266667
TevSTIB805.9.8680	AKADDGR	164	170	4,953714286
TevSTIB805.10.9940	PAPEEW	325	330	4,945166667
TevSTIB805.10.2260	PVRPSDK	226	232	4,944714286
TevSTIB805.10.2270	PVRPSDK	226	232	4,944714286
TevSTIB805.4.4540	APPRDVP	47	53	4,924571429
TevSTIB805.7.4550	KDKHDPR	144	150	4,923428571
TevSTIB805.2.1810	PEAEKEAR	122	129	4,921
TevSTIB805.11_01.7070	AHPEGRDDGTA	237	247	4,916181818
TevSTIB805.10.7500	KAGSGGGRGGSNRNSI	206	221	4,916
TevSTIB805.11_01.4340	SEKSSKTLGGAGESTV	687	702	4,9023125
TevSTIB805.10.3890	PTGVDPSKDQ	185	194	4,9016
TevSTIB805.8.7050	VKAEDLEDE	364	372	4,884222222
TevSTIB805.9.5560	AAAPDASASGGAST	119	132	4,881571429
TevSTIB805.4.3490	ENKDDKQQDAKGP	286	298	4,875692308
TevSTIB805.1.2250	EDAANN	97	102	4,871333333
TevSTIB805.1.2270	EDAANN	97	102	4,871333333
TevSTIB805.1.2290	EDAANN	97	102	4,871333333
TevSTIB805.1.2310	EDAANN	97	102	4,871333333
TevSTIB805.8.1020	TSTNEA	45	50	4,8685
TevSTIB805.8.6380	EVDGGD	142	147	4,862
TevSTIB805.11_01.3300	RAEEDKEEE	173	181	4,848333333
TevSTIB805.4.800	GGTAPAGGAPKGA	625	637	4,843846154
TevSTIB805.6.3930	RQATKDAG	176	183	4,84275
TevSTIB805.11_01.4320	EATRDPAAPADSQEN	320	334	4,824733333
TevSTIB805.10.14630	ENLPPAPSF	138	146	4,815
TevSTIB805.8.4640	SAPAPGTAESPVSSYP	67	82	4,81325
TevSTIB805.9.5440	TPETPE	148	153	4,804833333
TevSTIB805.11_01.13440	QDSDSEEE	78	85	4,804375
TevSTIB805.11_01.13450	QDSDSEEE	78	85	4,804375
TevSTIB805.11_01.13460	QDSDSEEE	78	85	4,804375
TevSTIB805.10.5960	GKESGVE	326	332	4,787142857

TevSTIB805.10.15760	GKNVPGVTGY	169	178	4,7785
TevSTIB805.11_01.7680	ASGTSS	101	106	4,767666667
TevSTIB805.7.2580	PPRVDP	160	165	4,766833333
TevSTIB805.9.2050	SRGDAPGLKRGSPRT	194	208	4,763066667
TevSTIB805.9.9370	PDEGTD	120	125	4,759333333
TevSTIB805.2.3420	PGSHPD	274	279	4,757333333
TevSTIB805.6.1360	YGDEEYP	311	317	4,755142857
TevSTIB805.11_01.9040	NSIKGEGSME	121	130	4,7478
TevSTIB805.8.6380	STGEQTQGA	165	173	4,746333333
TevSTIB805.3.4470	ASTDSGDGPVT	271	281	4,741363636
TevSTIB805.5.1230	GPHLPDTG	232	239	4,704
TevSTIB805.11_01.4340	CEDDENG	300	307	4,698125
TevSTIB805.8.1900	TLSNEDKDE	374	382	4,697444444
TevSTIB805.10.16600	DLEDDDEDDDEENS	92	106	4,696933333
TevSTIB805.3.2650	VETTNASSGVNS	285	296	4,690916667
TevSTIB805.10.4180	EVPTSAEGE	236	244	4,684
TevSTIB805.7.1320	TTRKPTIPA	152	161	4,6825
TevSTIB805.2.2120	QDPHEGAE	127	134	4,679125
TevSTIB805.11_01.3600	ESASST	333	338	4,679
TevSTIB805.9.5560	NSATNNDAEV	103	112	4,674
TevSTIB805.10.14480	NAKATP	265	270	4,6615
TevSTIB805.7.2740	KSTRELS	40	46	4,658714286
TevSTIB805.4.4610	TTNDGK	99	104	4,654666667
TevSTIB805.10.1620	AGGAGGAN	183	190	4,64675
TevSTIB805.10.8970	KCSEGSDPSDCK	99	111	4,644615385
TevSTIB805.5.5150	GAGKPQSCE	197	205	4,643555556
TevSTIB805.11_01.9820	APEGDQ	163	168	4,638833333
TevSTIB805.11_01.9880	DTGKYPRG	376	383	4,637625
TevSTIB805.8.6380	AGSASYRGPDR	194	206	4,627538462
TevSTIB805.9.1920	DASGGDSF	423	430	4,6075
TevSTIB805.11_01.15630	ESYGPY	276	281	4,601333333
TevSTIB805.5.4360	TQAKDPRA	234	241	4,599
TevSTIB805.9.5440	NPPPEEADAAGNVG	281	294	4,5725
TevSTIB805.6.1360	EVKPESEASQP	441	451	4,564272727
TevSTIB805.11_01.3880	KGKRGKAGPAK	134	144	4,553
TevSTIB805.8.4180	NVTRYGPQDLNK	151	162	4,532833333
TevSTIB805.11_01.15670	SYHPEPTDVPSA	51	62	4,532666667

TevSTIB805.7.6630	HLTDDDD	348	354	4,530428571
TevSTIB805.2.3430	GIPADVT	329	335	4,52
TevSTIB805.6.3140	AVGGEADE	332	339	4,51775
TevSTIB805.11_01.3720	YPDPRTSR	146	153	4,504375
TevSTIB805.10.2430	QQRTGDQQRTQQRAR	221	235	4,4926
TevSTIB805.7.3180	TTPYDSRSP	128	136	4,491444444
TevSTIB805.10.5790	KEGGSAG	33	39	4,480142857
TevSTIB805.7.410	GAEDEGPTY	114	122	4,468333333
TevSTIB805.9.12110	KNKLGGSSE	98	106	4,462444444
TevSTIB805.9.5440	GCPDEARKA	188	196	4,459444444
TevSTIB805.10.2620	GTRANARDDDDCE	165	176	4,457583333
TevSTIB805.10.14870	SNRPRTAE	305	313	4,454222222
TevSTIB805.11_01.8580	CTKPPQPLE	75	83	4,453444444
TevSTIB805.9.9020	WKTVSPSGSAM	478	488	4,434090909
TevSTIB805.3.3270	EPIPSTVP	241	248	4,42825
TevSTIB805.10.1660	SSPKELE	283	289	4,414428571
TevSTIB805.5.4620	SSVERRSASDRG	218	229	4,397166667
TevSTIB805.11_01.11010	AETPSPPTNTTP	198	209	4,394166667
TevSTIB805.10.14910	AEAQEKPV	49	56	4,38875
TevSTIB805.11_01.13570	GAPGQTPS	339	346	4,36825
TevSTIB805.8.4980	GEPENSN	108	114	4,343428571
TevSTIB805.10.3510	GTTGDPKG	276	283	4,331625
TevSTIB805.9.5830	NSEDGSSE	217	224	4,33
TevSTIB805.2.1810	ENARGQDLDDDTAK	143	156	4,328214286
TevSTIB805.10.3130	TPNKGK	98	103	4,308333333
TevSTIB805.11_01.7070	DVLDEEQH	209	216	4,306875
TevSTIB805.8.2990	GTGKNTM	90	96	4,285571429
TevSTIB805.11_01.3410	HYPKRPP	68	74	4,283285714
TevSTIB805.7.5690	VAPSPNF	114	120	4,279714286
TevSTIB805.10.14480	TTKLPSGNPL	317	326	4,277
TevSTIB805.8.1800	KDSKSGEQVTE	98	108	4,264
TevSTIB805.9.4560	DGWDEESEEEE	253	263	4,263545455
TevSTIB805.3.1230	RQSQSGDDSSWN	52	64	4,262153846
TevSTIB805.10.4850	SPKKAQS	342	348	4,259571429
TevSTIB805.3.4310	PVRPTDMD	289	296	4,258625
TevSTIB805.8.4500	DTAENQSPDN	618	627	4,2381
TevSTIB805.7.2740	LKSDRKSTRELS	66	77	4,22775

TevSTIB805.10.6980	MRRGGGGGDGI	169	179	4,221363636
TevSTIB805.10.7110	PDASGEEEE	86	95	4,2175
TevSTIB805.9.6310	PMNPKQNRE	110	118	4,209
TevSTIB805.11_01.12100	TETSKD	178	183	4,2035
TevSTIB805.11_01.12060	EEVPGRRG	299	306	4,194875
TevSTIB805.9.9060	YETPEGQTPGAF	264	275	4,1875
TevSTIB805.9.11080	EMETTAEKA	240	248	4,186333333
TevSTIB805.10.13440	GSTAAGATATGA	89	100	4,183833333
TevSTIB805.9.7160	FEEEEAKN	191	198	4,180125
TevSTIB805.8.1870	DNVKQNGGE	181	189	4,179666667
TevSTIB805.10.4260	ERPSPVQE	52	59	4,179125
TevSTIB805.10.9760	SEGKKPYTFYDGPPFA	104	119	4,1681875
TevSTIB805.7.3420	GGSPTA	228	233	4,158333333
TevSTIB805.9.8080	DPNAEEG	143	149	4,157
TevSTIB805.8.2400	KGSEDDQSG	230	238	4,156444444
TevSTIB805.7.2590	SAGKPKFV	172	179	4,15625
TevSTIB805.5.4620	GGGKRE	81	86	4,155666667
TevSTIB805.3.4310	PAPPRR	223	228	4,139
TevSTIB805.7.3720	LAQRGPSNVGSGSTAA	118	133	4,1335
TevSTIB805.10.9260	MPPGSRHRQR	141	150	4,1201
TevSTIB805.11_01.760	DYKANPSGGQ	184	193	4,1152
TevSTIB805.11_01.4320	FAAPEDNQPIE	189	199	4,113454545
TevSTIB805.7.6670	KTNKAY	218	223	4,110833333
TevSTIB805.5.2160	EKRTEEDDK	198	206	4,107333333
TevSTIB805.10.4300	GGDEPV	248	253	4,093166667
TevSTIB805.11_01.3340	SRVGDGPF	179	186	4,09225
TevSTIB805.3.5920	QKSNPK	183	188	4,0575
TevSTIB805.3.4960	DPNVPKTH	150	157	4,032375
TevSTIB805.5.630	LDEKSN	93	98	4,007166667
TevSTIB805.6.4070	TATSVS	99	104	3,999
TevSTIB805.11_01.15670	FGAASDKSA	39	47	3,998111111
TevSTIB805.8.4470	NLSPSNSNQPAGKASG	198	213	3,9934375
TevSTIB805.2.1880	VDPHAV	116	121	3,960166667
TevSTIB805.6.4610	VHPDDERY	256	263	3,9585
TevSTIB805.3.5790	GSNTEGNEARSV	239	250	3,9585
TevSTIB805.10.7530	LRPTKNDVP	232	240	3,952555556
TevSTIB805.8.1900	VPTEEWK	254	260	3,952428571

TevSTIB805.7.8340	PKNDSD	84	89	3,948666667
TevSTIB805.5.5170	GGAGKPQNCE	196	205	3,9477
TevSTIB805.6.5150	VTPVPTDSTRRKGSR	125	139	3,947066667
TevSTIB805.10.4860	SPKKAQS	341	347	3,943142857
TevSTIB805.7.4480	EGGRGCGV	244	251	3,942875
TevSTIB805.2.1880	TPQPATFGS	144	152	3,934666667
TevSTIB805.11_01.13920	EPKNTPPHT	94	102	3,934333333
TevSTIB805.10.16690	PAATDSRA	126	133	3,931125
TevSTIB805.10.5070	AHDKDGDRF	169	177	3,923111111
TevSTIB805.9.5570	DGDTAAN	92	98	3,919857143
TevSTIB805.4.850	PSPGGGSNSSA	254	264	3,915636364
TevSTIB805.5.2160	TVQPGK	181	186	3,909666667
TevSTIB805.8.550	PHGQSDTER	351	359	3,905666667
TevSTIB805.10.3130	VNVGDEGGFAP	203	213	3,904636364
TevSTIB805.3.4430	VLEDGEEES	321	329	3,878777778
TevSTIB805.11_01.11120	HEEADEGYG	226	234	3,878666667
TevSTIB805.11_01.11240	HEEADEGYG	226	234	3,878666667
TevSTIB805.9.8170	AGNHSAGEDDGNNQ	229	242	3,876785714
TevSTIB805.9.3710	HNPNDDEL	122	129	3,872625
TevSTIB805.10.12570	KTPEKVDEK	121	129	3,869777778
TevSTIB805.11_01.12270	TKSNNESNKR	114	123	3,8687
TevSTIB805.10.1160	DVEAGDGT	85	92	3,86025
TevSTIB805.6.4630	GGKKTEK	115	121	3,845428571
TevSTIB805.11_01.13680	DDNGTGGRGSK	151	161	3,842636364
TevSTIB805.3.3350	PRPRDEPSSNPV	63	75	3,833692308
TevSTIB805.9.6910	SAKEGPPSPGKV	56	67	3,825166667
TevSTIB805.10.16690	KDAQVAGESQSGS	192	204	3,821
TevSTIB805.10.8530	TTNPSP	113	118	3,821
TevSTIB805.10.15690	VSQQTG	142	147	3,799166667
TevSTIB805.2.1770	PEAKKAGEE	122	130	3,798222222
TevSTIB805.2.1780	PEAKKAGEE	122	130	3,798222222
TevSTIB805.5.2240	GHASPIQLPPPNVAS	64	78	3,7976
TevSTIB805.7.1320	PKFKREGT	92	99	3,796625
TevSTIB805.10.230	KEGKKDRF	167	174	3,79425
TevSTIB805.7.7040	ATGDRRE	112	118	3,792285714
TevSTIB805.5.3390	KDKAAS	116	121	3,780833333
TevSTIB805.4.5040	IPPGGI	40	45	3,775166667

TevSTIB805.4.5060	IPPGGI	40	45	3,775166667
TevSTIB805.9.1920	SYSEQCP	394	400	3,772571429
TevSTIB805.2.3430	YPGGDK	193	198	3,771666667
TevSTIB805.9.6310	GRPKNE	37	42	3,770833333
TevSTIB805.10.5430	KPQDEPSAPAP	307	317	3,769090909
TevSTIB805.11_01.14740	FEPPKPKTK	251	259	3,759444444
TevSTIB805.5.5170	GPTGGL	113	118	3,756
TevSTIB805.4.1860	DRPGSKVN	112	119	3,747125
TevSTIB805.5.4080	AGQSGGEL	95	102	3,74225
TevSTIB805.11_01.15950	APESDSNQ	184	191	3,74175
TevSTIB805.8.7050	PPGLDPKFL	352	360	3,735444444
TevSTIB805.10.6400	TNTPTDPR	208	215	3,7205
TevSTIB805.11_01.11690	QRQATKDAG	155	163	3,716666667
TevSTIB805.8.4640	PLRHQAAPSPSAG	49	61	3,709
TevSTIB805.11_01.8160	VDQGGGKR	296	303	3,69875
TevSTIB805.11_01.2370	ANGLPPN	201	207	3,693285714
TevSTIB805.10.15440	KERNEGAARH	65	74	3,6932
TevSTIB805.9.8170	EYGGSGSV	155	162	3,679375
TevSTIB805.10.8660	KSEGGYSPDSVT	395	406	3,662
TevSTIB805.7.1770	APPAGGM	223	229	3,658571429
TevSTIB805.7.1780	APPAGGM	223	229	3,658571429
TevSTIB805.5.2030	ARAPADE	190	196	3,656285714
TevSTIB805.6.4940	LHEEQSSEPST	506	517	3,65525
TevSTIB805.8.3230	MPDGDYWGVDGTTG	473	486	3,646285714
TevSTIB805.3.5080	LSPEDQ	125	130	3,634833333
TevSTIB805.8.2400	GYWGPV	140	145	3,605
TevSTIB805.5.4240	DCPGADAK	287	294	3,602625
TevSTIB805.5.3900	LPSEPPTP	47	54	3,600375
TevSTIB805.4.4610	PMDDSK	84	89	3,599666667
TevSTIB805.11_01.3600	DGVVDG	266	271	3,589
TevSTIB805.10.3890	PEDTPVYV	118	125	3,57775
TevSTIB805.5.290	GKDSDDPYGT	96	105	3,5725
TevSTIB805.7.660	QRQATKDAG	153	161	3,568333333
TevSTIB805.11_01.11120	EEALKQ	211	216	3,5635
TevSTIB805.11_01.11240	EEALKQ	211	216	3,5635
TevSTIB805.10.4740	KTDNN	102	107	3,557833333
TevSTIB805.8.790	NRPATNSGGQKS	194	205	3,55025

TevSTIB805.10.4300	KDDEKPNETSTNESER	328	343	3,5440625
TevSTIB805.4.590	LPGDSPPI	105	112	3,53925
TevSTIB805.10.3940	SGEKSGSGGAPTP	127	139	3,523846154
TevSTIB805.4.1310	AEETDNPLGG	143	152	3,5056
TevSTIB805.1.800	RGGDDTDA	90	97	3,503125
TevSTIB805.2.3540	AVTAGPF	147	153	3,483285714
TevSTIB805.5.650	RGDPDSDDDAKK	93	104	3,475666667
TevSTIB805.11_01.14820	SEQQQR	292	297	3,469333333
TevSTIB805.11_01.4440	SVAPPPEEVKSVPT	140	153	3,459785714
TevSTIB805.9.7160	HPDHNKT	162	168	3,452428571
TevSTIB805.5.630	KDIDQGEATAQ	116	126	3,447727273
TevSTIB805.5.3260	DPKQRPDA	278	285	3,440875
TevSTIB805.9.2050	QHSTSVGTNDDKPAA	173	187	3,411533333
TevSTIB805.5.1580	EFGEEAGKR	119	127	3,405777778
TevSTIB805.10.8680	PSTETK	244	249	3,3985
TevSTIB805.11_01.2450	GTGNTS	63	69	3,387285714
TevSTIB805.4.1310	PPGTGK	74	79	3,387
TevSTIB805.10.9940	GGQLGP	258	263	3,383833333
TevSTIB805.11_01.11010	QKQRENQ	141	147	3,378
TevSTIB805.7.6100	VFPSEDARNPYPPDFA	116	130	3,373666667
TevSTIB805.11_01.13440	DQDGSGTI	57	64	3,364625
TevSTIB805.11_01.13450	DQDGSGTI	57	64	3,364625
TevSTIB805.11_01.13460	DQDGSGTI	57	64	3,364625
TevSTIB805.11_01.3600	KPAEASNTPSLRTN	363	376	3,360714286
TevSTIB805.10.860	DGGSSDDKV	140	148	3,358222222
TevSTIB805.10.11710	LGGSGEGYTEESGG	135	148	3,355071429
TevSTIB805.9.1340	VDRGCG	90	95	3,338666667
TevSTIB805.10.14530	DSNGGTDGAGGTTNAN	107	122	3,33275
TevSTIB805.3.4040	LAAPPEPPSDL	50	60	3,327545455
TevSTIB805.6.4930	YDPAQPPAPDA	36	46	3,323090909
TevSTIB805.8.4980	NVPSSEGLSEEEVEQ	162	176	3,3162
TevSTIB805.5.350	APAHQAAPAGR	234	244	3,313
TevSTIB805.11_01.17340	QREGAKGKNAGS	432	443	3,3075
TevSTIB805.4.840	NAPDDRPRR	33	41	3,303111111
TevSTIB805.8.4180	QRGNKDGPKGDA	107	118	3,302
TevSTIB805.7.6630	GSPYGR	338	344	3,296428571
TevSTIB805.10.570	AKDSLNGRDR	55	64	3,2837

TevSTIB805.5.990	ELREQQKG	127	134	3,28225
TevSTIB805.11_01.11110	IHDEPDRL	34	41	3,266875
TevSTIB805.6.4410	RNPADL	92	97	3,2535
TevSTIB805.6.4430	RNPADL	92	97	3,2535
TevSTIB805.1.2480	QEDFDSHKGGQQKP	500	513	3,247714286
TevSTIB805.10.13440	PTLDPGATATA	68	78	3,245909091
TevSTIB805.7.2300	ETTPTASSP	27	35	3,231
TevSTIB805.9.7360	TSPSGTFP	153	160	3,22775
TevSTIB805.4.5010	ALPANEGEQEQS	58	69	3,22525
TevSTIB805.4.3490	QGESAGDSKHQE	124	135	3,221083333
TevSTIB805.10.14630	AANRGGASVR	123	132	3,2203
TevSTIB805.8.1420	PQERCSD	44	50	3,213142857
TevSTIB805.11_01.8580	AEIPEPEWS	35	43	3,198888889
TevSTIB805.10.580	EKPTDGQR	100	107	3,198
TevSTIB805.2.3540	TGPVSGNRYADEKE	244	257	3,193571429
TevSTIB805.3.570	VTEDEGSQGSTNRRNA	201	216	3,188125
TevSTIB805.10.14410	TDNKDETQR	122	130	3,186333333
TevSTIB805.11_01.12490	GRAAAPAPTAPS	25	36	3,185916667
TevSTIB805.2.1770	GPKGRKD	87	93	3,185571429
TevSTIB805.2.1780	GPKGRKD	87	93	3,185571429
TevSTIB805.6.5150	GVGTKSPGPGAQ	95	106	3,171833333
TevSTIB805.7.2580	KPDVTYNDVGGAKE	175	188	3,170642857
TevSTIB805.9.8080	HEVG DG	87	92	3,1615
TevSTIB805.11_01.8370	QGKRNSELD	270	278	3,136333333
TevSTIB805.2.2870	PDKNKEPGANE	35	45	3,136090909
TevSTIB805.9.4620	QSSQAAE	167	173	3,123285714
TevSTIB805.6.1850	HKPTAGEER	145	153	3,119222222
TevSTIB805.10.2620	EDVPGRTGEPT	126	136	3,117545455
TevSTIB805.10.7110	QGDGDDKE	42	49	3,115125
TevSTIB805.11_01.2450	AKKNKPVSECPS	142	153	3,109166667
TevSTIB805.3.5000	GDQPKDI	144	150	3,100857143
TevSTIB805.4.4560	RGKVDSPAPGDAV	49	62	3,100571429
TevSTIB805.9.9680	SQSATRT	90	96	3,092
TevSTIB805.5.2770	GSSKRVP	158	164	3,086
TevSTIB805.9.2950	TSSSPRH	53	59	3,082714286
TevSTIB805.8.6380	ESSSDNS	86	92	3,065857143
TevSTIB805.7.5420	KERERARRDDAAA	183	195	3,062923077

TevSTIB805.7.5440	KERERARRDDAAA	183	195	3,062923077
TevSTIB805.9.11080	QSARDNA	138	144	3,06
TevSTIB805.10.15650	GVPEKQE	56	62	3,050857143
TevSTIB805.5.1420	ETFASPHRP	456	464	3,044555556
TevSTIB805.3.570	KPGNAAS	141	147	3,041285714
TevSTIB805.10.16690	PPVPPL	112	118	3,040285714
TevSTIB805.10.4180	KTQNEDDA	75	82	3,03325
TevSTIB805.9.5570	KDTEGL	75	80	3,029833333
TevSTIB805.7.3800	MSKSDPD	231	237	3,007142857
TevSTIB805.9.8170	KHPGNN	104	109	3,001333333
TevSTIB805.11_01.6370	INPDRNTEE	109	117	2,997222222
TevSTIB805.9.6720	TPVDKCQDPPKIEN	170	183	2,994928571
TevSTIB805.10.4740	NEKASPASCRTPE	125	137	2,994692308
TevSTIB805.1.5010	TQDKQKN	53	59	2,989857143
TevSTIB805.7.660	YDDPDLQ	77	83	2,981428571
TevSTIB805.10.8100	SALDDNHG	398	405	2,9785
TevSTIB805.9.6720	SGEPELP	107	113	2,966142857
TevSTIB805.10.2260	SKDGQT	128	133	2,949833333
TevSTIB805.10.2270	SKDGQT	128	133	2,949833333
TevSTIB805.10.6300	MNEGDKNRA	69	77	2,942888889
TevSTIB805.6.1100	PYVSGNGEQPQC	215	226	2,942166667
TevSTIB805.6.1110	PYVSGNGEQPQC	215	226	2,942166667
TevSTIB805.9.4560	LTDGDSSTK	232	240	2,933888889
TevSTIB805.11_01.4320	QAPNEAGDAG	109	118	2,9289
TevSTIB805.1.640	EGSKKAKD	140	147	2,9185
TevSTIB805.5.630	TKVSGE	54	59	2,914666667
TevSTIB805.11_01.3410	LGPPGTT	47	53	2,914
TevSTIB805.11_01.4760	AQEKEEERA	169	177	2,904888889
TevSTIB805.4.1130	RTPRPVASKESG	207	218	2,904083333
TevSTIB805.11_01.2500	DFPDNIDEVSDQ	109	120	2,887916667
TevSTIB805.11_01.15900	ADAETQ	77	82	2,887333333
TevSTIB805.7.5290	QGNEHNSNKV	149	158	2,8828
TevSTIB805.11_01.7860	KNQLPQNPH	84	92	2,876555556
TevSTIB805.11_01.7910	KNQLPQNPH	84	92	2,876555556
TevSTIB805.9.7700	RDPSKRRS	86	93	2,856125
TevSTIB805.8.6020	EKEEEENVY	109	117	2,852222222
TevSTIB805.3.5330	LQPKRPSRYRQPTNG	305	319	2,85

TevSTIB805.7.6250	SRSHSHGKD	374	382	2,844222222
TevSTIB805.9.5830	KTDGTTT	40	46	2,841857143
TevSTIB805.6.740	EGDPANGIEADEE	142	154	2,841461538
TevSTIB805.11_01.12490	GRGGRCG	17	23	2,840142857
TevSTIB805.1.3000	EDNREVGSAE	201	210	2,8378
TevSTIB805.11_01.3720	KPRKDGKY	72	79	2,827875
TevSTIB805.11_01.2410	DEPTPDGTKEEVTPN	300	314	2,8228
TevSTIB805.9.4680	SDPNEKWGNDNPLQ	88	101	2,811071429
TevSTIB805.5.4620	PTEASR	64	69	2,807833333
TevSTIB805.4.1340	AANQPEDN	131	138	2,793625
TevSTIB805.10.5230	KRDPDQAESTSVA	208	220	2,780769231
TevSTIB805.9.9370	SRDEGRE	80	86	2,777571429
TevSTIB805.8.2810	GPATGSGGSSSPV	148	160	2,774461538
TevSTIB805.3.2650	NGGKPPAGG	78	86	2,758555556
TevSTIB805.9.10060	YQKPEEQ	136	142	2,755857143
TevSTIB805.6.1360	GKDEPANRT	208	216	2,747777778
TevSTIB805.7.3180	AYGEDGGSWS	55	63	2,738444444
TevSTIB805.8.590	SQRSDCGSYASG	60	71	2,738083333
TevSTIB805.7.5690	VIPPPPRG	40	47	2,73525
TevSTIB805.10.620	FDPKPGDE	131	138	2,727625
TevSTIB805.4.800	TDGSTKAG	279	286	2,709875
TevSTIB805.11_01.11110	ARGPNT	18	23	2,704833333
TevSTIB805.11_01.13570	YNSSDK	249	254	2,699
TevSTIB805.10.14870	PAYEKVG	114	120	2,694142857
TevSTIB805.11_01.11720	GNPDRHSS	44	52	2,686777778
TevSTIB805.11_01.13440	QNPTEA	42	47	2,678666667
TevSTIB805.11_01.13450	QNPTEA	42	47	2,678666667
TevSTIB805.11_01.13460	QNPTEA	42	47	2,678666667
TevSTIB805.11_01.2080	AEGNKATD	67	74	2,67325
TevSTIB805.11_01.2090	AEGNKATD	67	74	2,67325
TevSTIB805.10.11710	PRDPRDPAWD	111	120	2,6543
TevSTIB805.9.12110	TKGGQATTTK	52	61	2,647
TevSTIB805.10.7270	PSKDDT	122	127	2,645833333
TevSTIB805.8.6740	RAPHDNH	61	67	2,643
TevSTIB805.1.1490	DDQIDAQ	183	189	2,640571429
TevSTIB805.10.3000	VEGSGN	29	34	2,638
TevSTIB805.11_01.12090	TPTQSGGDGGR	74	84	2,63

TevSTIB805.5.1230	ETNRPVTEA	157	165	2,627
TevSTIB805.11_01.7070	TNTEEQKD	142	149	2,623625
TevSTIB805.8.4180	QADGESA	53	59	2,608571429
TevSTIB805.6.4630	DGTTTRTK	70	76	2,598
TevSTIB805.11_01.1910	TQDDEVGDGTT	89	99	2,590363636
TevSTIB805.9.3060	WREDHNGK	100	107	2,584625
TevSTIB805.5.4080	VEDKDGG	47	53	2,583142857
TevSTIB805.7.6670	VDETKAK	115	121	2,566142857
TevSTIB805.10.11880	KEPSGTGSKEGTE	100	112	2,565923077
TevSTIB805.10.13590	TSQSGGGGAVAN	62	73	2,563916667
TevSTIB805.11_01.17340	QGMPTS	180	185	2,552166667
TevSTIB805.11_01.4340	GGVATPPYET	151	160	2,5437
TevSTIB805.6.4570	EYPAGDYGP	108	116	2,540888889
TevSTIB805.10.9980	YNSEGQRTNTPDE	71	83	2,535615385
TevSTIB805.10.13330	LGETEDKG	195	202	2,524375
TevSTIB805.10.6760	DLAGDGTT	90	97	2,52075
TevSTIB805.10.6880	DLAGDGTT	90	97	2,52075
TevSTIB805.5.2160	GEYPPP	65	70	2,506333333
TevSTIB805.7.3180	SDGTTT	47	52	2,487666667
TevSTIB805.5.5050	QNKVTD	156	162	2,481428571
TevSTIB805.9.8680	SGGEEGARK	131	139	2,476333333
TevSTIB805.3.5920	PPSSESF	76	82	2,472142857
TevSTIB805.9.5800	SYGKPNG	118	124	2,465428571
TevSTIB805.9.6030	SYGKPNG	118	124	2,465428571
TevSTIB805.10.7530	DESSEDRPTW	56	65	2,4583
TevSTIB805.3.4470	RPTGNTTSR	70	78	2,443666667
TevSTIB805.10.3130	PSGAST	36	41	2,443333333
TevSTIB805.7.6630	NPLAKD	311	316	2,440833333
TevSTIB805.5.2240	GTKFSWDPYSGASVD	33	47	2,4256
TevSTIB805.10.7010	SPSGSVT	78	84	2,425571429
TevSTIB805.2.3540	GGTSEGG	117	123	2,415
TevSTIB805.10.15490	YSRRDP	55	60	2,408
TevSTIB805.7.3620	GKVGST	100	105	2,4045
TevSTIB805.11_01.2720	PAGEKVPEAADNAD	61	74	2,396714286
TevSTIB805.1.3070	FDPKPGDE	131	138	2,387625
TevSTIB805.8.1800	PVDTTNAKDMGSG	65	77	2,387153846
TevSTIB805.11_01.760	TEDHKPNNADE	144	154	2,355818182

TevSTIB805.10.14530	HPDAPGGSHE	77	86	2,3527
TevSTIB805.11_01.15630	KGPVKEKTF	202	210	2,349
TevSTIB805.9.6890	PTDSSSR	102	108	2,340714286
TevSTIB805.10.14910	NVDNSSNERWD	30	40	2,325909091
TevSTIB805.2.1030	SSRVVPPDDVVP	256	267	2,31625
TevSTIB805.5.4240	KRPEEGMS	226	233	2,312125
TevSTIB805.9.5440	ASTNATAVP	121	129	2,304222222
TevSTIB805.7.6410	EKAASKP	42	48	2,303857143
TevSTIB805.10.1970	SNLDRGPAEGSHG	115	127	2,301923077
TevSTIB805.5.2770	DNQPTP	79	84	2,295333333
TevSTIB805.4.2070	PSVNPAAEKGR	148	158	2,294272727
TevSTIB805.11_01.14950	QPFDESSWTPPEW	125	137	2,293
TevSTIB805.8.790	QGANSBATAG	176	185	2,2652
TevSTIB805.9.4680	PFGSDDE	24	31	2,255875
TevSTIB805.3.3780	KEPVNKDGEAP	95	105	2,245636364
TevSTIB805.3.3270	AKKNDPVVP	111	119	2,241111111
TevSTIB805.3.5870	TGDGSDVDDFDEE	129	141	2,239153846
TevSTIB805.6.5150	DRDESSP	58	64	2,202571429
TevSTIB805.9.8260	QASRGAGAGDDKKV	151	164	2,180142857
TevSTIB805.10.13440	ADGREGR	35	41	2,177714286
TevSTIB805.5.1420	GATPEQ	71	76	2,144833333
TevSTIB805.6.680	RQPTGSPAENEG	63	74	2,137416667
TevSTIB805.8.3230	DEEVGDG	88	94	2,130142857
TevSTIB805.8.2810	TTSPVP	136	141	2,127833333
TevSTIB805.1.2140	PTVEGDE	18	24	2,125
TevSTIB805.5.3390	VDPSSAC	100	107	2,114125
TevSTIB805.8.7050	PSSKDRG	98	104	2,107571429
TevSTIB805.2.2120	AENEDPTAGSESS	78	90	2,098307692
TevSTIB805.1.3000	TSASGLR	174	181	2,094875
TevSTIB805.11_01.6160	AAPDPAPGGTTEK	22	34	2,082769231
TevSTIB805.10.14940	ASSGSE	134	139	2,080166667
TevSTIB805.10.5660	RDPKTGKT	89	96	2,079125
TevSTIB805.10.5670	RDPKTGKT	89	96	2,079125
TevSTIB805.10.2150	HDIPPVRDGGGSGRE	46	60	2,078
TevSTIB805.9.2050	REEYRGETGYQRQ	141	153	2,070769231
TevSTIB805.9.3710	GFTPTSATPP	70	80	2,052545455
TevSTIB805.7.6100	RDPPEYPKATKVS	83	95	2,046923077

TevSTIB805.4.1240	TTGDGASPQ	152	160	2,039333333
TevSTIB805.9.6310	FSGDDAPR	22	29	2,016625
TevSTIB805.10.2860	MRQNPPKEPSEE	1	12	2,0135
TevSTIB805.3.4960	GKGTPPEAL	56	64	2,008555556
TevSTIB805.11_01.4320	DGTKNP	60	65	2,007666667
TevSTIB805.11_01.12100	IETGGPLNY	133	141	1,997555556
TevSTIB805.10.11890	MSEETQPQSTEPKGSG	1	16	1,995875
TevSTIB805.5.1560	PEAEKYGEEAK	115	125	1,983909091
TevSTIB805.10.1620	WTPPQTE	59	65	1,978714286
TevSTIB805.10.6160	KRENSGAKTANDEE	129	142	1,973428571
TevSTIB805.2.3420	SPDQENK	103	109	1,966857143
TevSTIB805.3.2120	RKSRDPPPAPRR	66	77	1,959416667
TevSTIB805.10.6980	NGGMGHRAPGHGAY	92	105	1,952
TevSTIB805.11_01.14950	GVPKAP	96	101	1,9515
TevSTIB805.10.14630	QLPEPSSNSIT	102	112	1,941454545
TevSTIB805.6.3930	DAWVQDGNGKQYSPS	124	138	1,9408
TevSTIB805.7.3610	GKVGST	101	106	1,940333333
TevSTIB805.5.1370	GASTRAP	237	243	1,936571429
TevSTIB805.10.8530	SNDKSRQ	42	48	1,921714286
TevSTIB805.10.2620	AKESKGF	60	66	1,921142857
TevSTIB805.7.100	TDDETC	81	86	1,918833333
TevSTIB805.7.4470	PQPDGPQTC	223	231	1,918555556
TevSTIB805.11_01.9470	QKPEGAREE	118	126	1,917333333
TevSTIB805.7.2590	QLPHTAASPDEEF	91	103	1,916615385
TevSTIB805.10.5950	PFGNGRPG	162	169	1,91425
TevSTIB805.8.1010	PFGNGRPG	162	169	1,91425
TevSTIB805.3.3650	GEDPTTTQAT	38	47	1,908
TevSTIB805.10.4070	ETPSEKNPQPT	15	25	1,907909091
TevSTIB805.5.350	TGERAKA	124	130	1,897428571
TevSTIB805.7.5290	GGDDAS	85	90	1,891
TevSTIB805.5.1130	LERDPPANTSGGPVN	13	27	1,877133333
TevSTIB805.10.3940	YGRAQAEKS	55	63	1,873888889
TevSTIB805.2.2780	MPPKKKDDKSQ	1	11	1,853545455
TevSTIB805.6.4070	PKPPGDG	58	64	1,853375
TevSTIB805.10.860	ATSSGSAA	62	69	1,85225
TevSTIB805.11_01.9820	RESTKEKS	96	103	1,829125
TevSTIB805.9.6350	PIPKDGE	214	220	1,825857143

TevSTIB805.11_01.2020	SPPIKT	60	65	1,799
TevSTIB805.1.1600	NSGTEANPSA	192	201	1,7902
TevSTIB805.6.1100	AVTPVKDQGQ	137	146	1,7845
TevSTIB805.6.1110	AVTPVKDQGQ	137	146	1,7845
TevSTIB805.11_01.13420	KEGIPPD	33	39	1,782142857
TevSTIB805.9.3080	PVPGSETSD	35	43	1,779111111
TevSTIB805.11_01.15950	GTLPARPSFE	106	115	1,7719
TevSTIB805.9.9060	ATADSSDASSA	53	63	1,771
TevSTIB805.2.1030	RTEVSG	139	144	1,7575
TevSTIB805.9.9020	HTQHTPHPGWL	33	43	1,755272727
TevSTIB805.5.280	NVDPTKPF	90	98	1,750666667
TevSTIB805.7.3720	QSAGAG	52	57	1,744
TevSTIB805.7.4550	DYSTPGEPFGK	36	46	1,742909091
TevSTIB805.1.170	RANSPAAPQGNENQQ	3	18	1,735875
TevSTIB805.5.1470	TTPFSEGEK	182	190	1,718
TevSTIB805.11_01.12060	IPIDDGPPVL	126	135	1,714
TevSTIB805.7.660	QGNRTTP	32	38	1,712571429
TevSTIB805.7.7040	VPVVPGDQSS	95	104	1,7098
TevSTIB805.9.3800	ENGERS	104	109	1,708833333
TevSTIB805.11_01.13680	TTARGEDVSDVN	75	86	1,70875
TevSTIB805.11_01.14740	SQDSEIGDG	93	101	1,698222222
TevSTIB805.7.1010	RCEPKKW	129	135	1,694714286
TevSTIB805.7.1020	RCEPKKW	129	135	1,694714286
TevSTIB805.2.3430	NPKDPSTF	150	157	1,686875
TevSTIB805.11_01.12270	DRYDSEEDDEESL	6	18	1,684923077
TevSTIB805.2.1880	AENSKDTVST	49	58	1,6823
TevSTIB805.11_01.11910	RASDPATSKK	152	161	1,6694
TevSTIB805.4.430	QAAAKQPPVSE	17	28	1,655416667
TevSTIB805.4.1860	SFPKDDPSQKP	82	92	1,639333333
TevSTIB805.11_01.15670	LSDGGGSPKSLNG	15	27	1,631307692
TevSTIB805.7.8340	TNGKSPSGG	67	75	1,626777778
TevSTIB805.2.1790	ENSSKDNEK	91	99	1,626555556
TevSTIB805.8.4470	EFSQDTPAT	31	39	1,624666667
TevSTIB805.11_01.4440	NGGGDANNTGMEAK	82	95	1,623928571
TevSTIB805.1.800	SSPQGDNDL	62	70	1,622
TevSTIB805.11_01.2500	IPIGGEEEAR	44	53	1,6219
TevSTIB805.8.1740	VSPRSPAFP	136	144	1,618333333

TevSTIB805.3.3350	LPGADYPNPSKKYS	34	47	1,616357143
TevSTIB805.6.4930	MSEPTTPIE	1	9	1,612222222
TevSTIB805.4.5040	VDPKSQEQRE	15	24	1,6067
TevSTIB805.4.5060	VDPKSQEQRE	15	24	1,6067
TevSTIB805.10.6760	GAPKIT	52	57	1,603666667
TevSTIB805.10.6880	GAPKIT	52	57	1,603666667
TevSTIB805.10.15440	AGRTDEPKEIETTGD	30	45	1,6029375
TevSTIB805.10.230	GSDKEG	56	61	1,5965
TevSTIB805.11_01.1910	ASEEKG	15	20	1,592666667
TevSTIB805.9.7700	NPADAEKA	59	66	1,586125
TevSTIB805.5.2030	GAEPS	97	102	1,582833333
TevSTIB805.4.4610	TNGNTPSGA	67	75	1,581222222
TevSTIB805.10.4300	PDVYTPGFE	223	231	1,577111111
TevSTIB805.9.8080	TDASQ GK	13	19	1,574
TevSTIB805.11_01.7860	AAPESGGKV	22	30	1,572
TevSTIB805.11_01.7910	AAPESGGKV	22	30	1,572
TevSTIB805.7.1320	GPKIGENEGESNE	60	72	1,569230769
TevSTIB805.10.490	ATGSKVSAN	27	35	1,569111111
TevSTIB805.9.5570	QGQPNEA	40	46	1,568857143
TevSTIB805.9.2950	ANPSQEEE	16	23	1,565
TevSTIB805.3.5790	RPTTTSGGGT	13	22	1,5649
TevSTIB805.11_01.16430	DTRNKERP	29	36	1,558625
TevSTIB805.11_01.16450	DTRNKERP	29	36	1,558625
TevSTIB805.11_01.8580	DPTTGSSSYTT	19	29	1,552272727
TevSTIB805.10.3890	KAAPEPK	24	30	1,550285714
TevSTIB805.3.1230	PSGDTASGSGESTAS	10	24	1,548277778
TevSTIB805.8.4980	PEPPYPGF	17	24	1,547375
TevSTIB805.3.2450	WYQNEDPDQRWC	79	90	1,545666667
TevSTIB805.5.2240	GTPNTGPRVLSP	20	31	1,54225
TevSTIB805.7.8270	NVDPTKPF	90	98	1,537555556
TevSTIB805.9.2050	NGIPPP	98	103	1,536
TevSTIB805.1.3740	PASGGS	16	21	1,534166667
TevSTIB805.8.1020	SKRDGATGGVAKTK	11	24	1,525571429
TevSTIB805.11_01.13920	MEQGQPATP	1	9	1,525555556
TevSTIB805.11_01.3750	GKEDAEP	47	53	1,522714286
TevSTIB805.7.5690	SGNSTPS	23	29	1,513142857
TevSTIB805.10.8940	QVEKQVEPT	6	14	1,512888889

TevSTIB805.10.1160	KKANENKKDTNTQ	4	16	1,506076923
TevSTIB805.11_01.6430	ARPGQAS	52	58	1,501714286
TevSTIB805.6.5290	KTPSKA	15	20	1,5
TevSTIB805.4.3490	QSAGETSA	14	21	1,4905
TevSTIB805.5.1320	KKPLSEEGKREI	74	85	1,49025
TevSTIB805.10.620	ENYART	6	11	1,48
TevSTIB805.10.9940	SEGSKVTT	239	246	1,4725
TevSTIB805.9.9410	MDYEPPGQAT	1	10	1,4683
TevSTIB805.7.8050	QQQMSPPGNMQ	4	14	1,464727273
TevSTIB805.7.410	AAPKESNGSNTI	26	37	1,463
TevSTIB805.4.1150	KAGTPLPPKKVSN	120	132	1,456846154
TevSTIB805.10.570	MGNEPDEARVGGVPE	1	15	1,456666667
TevSTIB805.10.4260	KAPTKDVRKKTEDVE	12	26	1,454333333
TevSTIB805.6.4630	LAQPDP	19	24	1,447
TevSTIB805.10.3000	VDPDKR	8	13	1,4455
TevSTIB805.11_01.630	KAGTPLPPKKVST	120	132	1,444384615
TevSTIB805.10.6300	EATAKEQ	23	29	1,442714286
TevSTIB805.5.3900	NLPTDPAAM	5	13	1,437666667
TevSTIB805.11_01.11720	PQTPETA	22	28	1,436142857
TevSTIB805.10.11970	VSRKSPEYS	16	24	1,433444444
TevSTIB805.10.6980	DKNKHKN	49	55	1,432714286
TevSTIB805.9.1920	YSSPDPSIR	17	25	1,427333333
TevSTIB805.11_01.13060	AATNSPTE	2	9	1,4205
TevSTIB805.9.4690	EAKSSKKSSKK	19	29	1,412727273
TevSTIB805.4.4560	EEQTAPKPIENATT	28	41	1,401857143
TevSTIB805.10.3510	EREDASP	40	46	1,400714286
TevSTIB805.10.12570	PDDDGKVERNKEADVE	53	68	1,3973125
TevSTIB805.9.3430	GKVEPQDQDSFLD	5	17	1,396538462
TevSTIB805.9.12110	NTAAGDNTA	28	36	1,395444444
TevSTIB805.8.790	AKESN	152	157	1,395
TevSTIB805.3.2650	EADASYE	46	52	1,394285714
TevSTIB805.9.3060	AEGENC	39	44	1,393
TevSTIB805.11_01.11110	MGPSEYD	1	7	1,392714286
TevSTIB805.10.4740	VDPQSEG	32	38	1,391714286
TevSTIB805.4.840	ESPRSSRPFGD	5	15	1,391545455
TevSTIB805.1.640	RSTGGVPGF	78	86	1,391444444
TevSTIB805.8.1420	RGGGGGYRN	6	14	1,387444444

TevSTIB805.11_01.8160	DGSVEPY	12	18	1,384857143
TevSTIB805.11_01.12490	MGPNRQRKP	1	9	1,384444444
TevSTIB805.3.4310	TTSDDEKN	157	165	1,383444444
TevSTIB805.6.4430	TTKSKPSVA	65	73	1,382555556
TevSTIB805.5.290	ARASETQTNEAED	26	38	1,375538462
TevSTIB805.6.4570	MPTPTE	1	6	1,3705
TevSTIB805.5.4760	KGKKSGEAKGSQK	3	15	1,368142857
TevSTIB805.11_01.3880	LKGEETQ	32	38	1,365428571
TevSTIB805.10.5430	PTAEEIRS	236	243	1,363875
TevSTIB805.11_01.13510	GRENETEEY	38	46	1,361555556
TevSTIB805.4.970	SDELPANGELDQ	4	15	1,359416667
TevSTIB805.3.5870	MDDPSWQ	1	7	1,357857143
TevSTIB805.3.3760	KSDETH	28	33	1,357333333
TevSTIB805.5.5150	VEGETNGYPNTTRL	60	73	1,352357143
TevSTIB805.11_01.17340	KEVG DG	41	46	1,348833333
TevSTIB805.9.1340	RPFPTRP	2	9	1,343625
TevSTIB805.10.7010	DSL PYP	64	69	1,3325
TevSTIB805.4.3680	KPSEEDV	62	68	1,330857143
TevSTIB805.9.9950	KPDEATLS	34	41	1,329375
TevSTIB805.10.3140	GSPDPSVRIP	12	21	1,3215
TevSTIB805.11_01.9880	YGPSKPLK	36	43	1,319875
TevSTIB805.11_01.3720	PRPRAGP	26	32	1,318857143
TevSTIB805.11_01.13440	DGDGTI	23	28	1,317666667
TevSTIB805.11_01.13450	DGDGTI	23	28	1,317666667
TevSTIB805.11_01.13460	DGDGTI	23	28	1,317666667
TevSTIB805.11_01.2720	PVSTDGNRN	37	45	1,316222222
TevSTIB805.4.1130	MSSDRNPYKTE	1	11	1,315
TevSTIB805.1.380	MNQNGGSVGD	1	10	1,3064
TevSTIB805.9.5830	NATPQE	19	24	1,295333333
TevSTIB805.7.3420	VPSGEKD	77	83	1,293714286
TevSTIB805.10.11470	KNNEDDAYTWESSAG	138	152	1,286533333
TevSTIB805.10.11480	KNNEDDAYTWESSAG	138	152	1,286533333
TevSTIB805.10.11500	KNNEDDAYTWESSAG	138	152	1,286533333
TevSTIB805.10.11520	KNNEDDAYTWESSAG	138	152	1,286533333
TevSTIB805.10.11530	KNNEDDAYTWESSAG	138	152	1,286533333
TevSTIB805.9.6910	QSEEPVAQAEPV	10	21	1,284769231
TevSTIB805.8.1870	CRPKEPISK	69	77	1,284222222

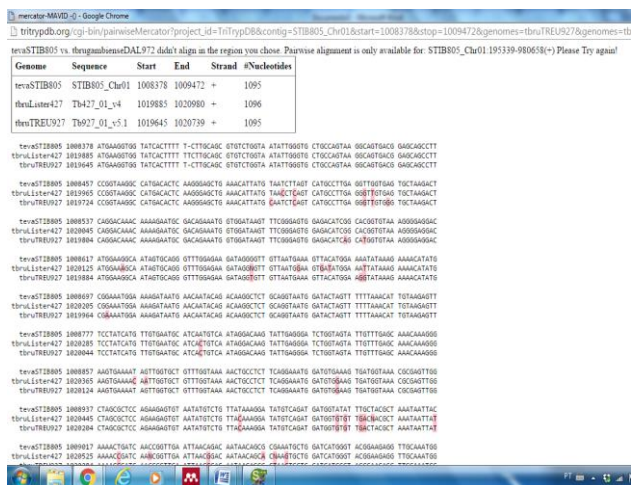
TevSTIB805.7.1770	AVPAPESA	20	27	1,277
TevSTIB805.7.1780	AVPAPESA	20	27	1,277
TevSTIB805.7.5420	HEGTGRREGTREARM	75	89	1,2756
TevSTIB805.5.990	GSATNVDNEATDY	25	37	1,271384615
TevSTIB805.11_01.3410	AGEKGTGVS	16	24	1,257555556
TevSTIB805.9.11080	VKPLEE	29	34	1,255333333
TevSTIB805.9.7360	YANPDIPH	12	19	1,25525
TevSTIB805.8.1800	ENEYTGGLP	29	38	1,254090909
TevSTIB805.7.3180	YAGAEQ	32	37	1,253
TevSTIB805.2.10	RANSPAAPQGNNANQQ	3	18	1,251809524
TevSTIB805.10.11710	QNGFDG	50	55	1,250833333
TevSTIB805.4.1310	GVAKPTAD	33	40	1,247125
TevSTIB805.5.4620	RDVPQQPY	32	39	1,244375
TevSTIB805.8.6380	RVPSNNEN	48	55	1,2345
TevSTIB805.3.4280	PLTDEERKA	4	12	1,233777778
TevSTIB805.10.1270	GERRDKFPTKAADGKN	47	62	1,229058824
TevSTIB805.10.4180	SKGGKRGKKKA	10	20	1,228363636
TevSTIB805.11_01.2450	CGGSKPNAVSR	3	13	1,227727273
TevSTIB805.9.5130	MEGSTAHGG	1	9	1,225444444
TevSTIB805.6.3140	MPAGVPENTS	1	10	1,2187
TevSTIB805.5.3580	DSSVGS	15	20	1,217333333
TevSTIB805.3.3390	MPKGNN	1	6	1,2035
TevSTIB805.7.7190	KEVSDAANS	80	88	1,201777778
TevSTIB805.7.6250	REKKKEGK	77	84	1,20175
TevSTIB805.11_01.9690	QEKADE	19	24	1,197166667
TevSTIB805.7.2590	EDLGSE	84	89	1,196666667
TevSTIB805.10.7530	KSDAKTP	25	31	1,195285714
TevSTIB805.10.13440	MGAKPES	1	7	1,190285714
TevSTIB805.10.9980	MGENRRPSRWS	1	11	1,188090909
TevSTIB805.11_01.8450	KTTYDH	85	90	1,1865
TevSTIB805.8.6020	AVDEEGR	30	36	1,175142857
TevSTIB805.8.2700	GSQDGRSRRGGGGTV	43	57	1,171578947
TevSTIB805.10.2150	GNDGET	16	21	1,170166667
TevSTIB805.10.13590	TPYKRQ	6	11	1,169
TevSTIB805.5.370	TGERAKA	89	95	1,162857143
TevSTIB805.10.3130	RGNPTV	15	20	1,159
TevSTIB805.4.5010	PTTNKEQV	24	31	1,145

TevSTIB805.9.8170	ASKPDAT	48	54	1,140777778
TevSTIB805.3.4470	AEGRNHK	35	41	1,140714286
TevSTIB805.10.14480	AADDRSY	8	14	1,138714286
TevSTIB805.10.2430	LTPQQE	21	26	1,137833333
TevSTIB805.2.1810	DNRVPGDKKLT	25	35	1,133923077
TevSTIB805.11_01.2080	SVSQEKRDY	3	11	1,131111111
TevSTIB805.11_01.2090	SVSQEKRDY	3	11	1,131111111
TevSTIB805.9.4620	GVSSGNSGA	152	160	1,126909091
TevSTIB805.9.9900	NDKERV	95	100	1,126166667
TevSTIB805.9.9910	NDKERV	95	100	1,126166667
TevSTIB805.9.9920	NDKERV	95	100	1,126166667
TevSTIB805.8.4180	MGGRTES	1	7	1,115714286
TevSTIB805.10.14490	EKEKHE	14	19	1,111
TevSTIB805.1.400	RANSPAAPQGNENQQ	3	18	1,11096
TevSTIB805.10.6190	FTPSKE	20	25	1,108714286
TevSTIB805.4.4540	ATPDREPPDPEL	17	28	1,092954545
TevSTIB805.5.650	AESSSDAQHV	22	31	1,0927
TevSTIB805.11_01.2370	SQQKGKK	2	8	1,087428571
TevSTIB805.2.2870	GVPPNASEDD	12	21	1,075714286
TevSTIB805.5.5050	PERFQE	100	105	1,075666667
TevSTIB805.10.9760	RAQTSFPS	17	24	1,062875
TevSTIB805.9.2810	MSESSA	1	6	1,0605
TevSTIB805.10.1970	DPFDES	6	11	1,047333333
TevSTIB805.8.1900	KEAKEGRR	112	119	1,043444444
TevSTIB805.1.2240	HGVDPTGTYQGD	28	39	1,022157895
TevSTIB805.11_01.9040	AKGSDY	2	7	0,9895
TevSTIB805.1.5010	AVTEQPSG	21	28	0,931583333
TevSTIB805.9.4180	KPAPTAD	16	22	0,905833333
TevSTIB805.6.4940	YSPDSAEFEFG	101	110	0,901533333
TevSTIB805.11_01.5560	TTAAGR	7	12	0,89525
TevSTIB805.10.1660	EEDHSEA	15	21	0,890363636
TevSTIB805.10.8660	VRDDNPSRIED	3	13	0,888375
TevSTIB805.9.6720	MPDPKVTKP	52	60	0,882785714
TevSTIB805.11_01.11690	QGNRTTP	33	39	0,873416667
TevSTIB805.11_01.3300	RPPKGGVD	52	59	0,836466667
TevSTIB805.10.5230	SDVPKSQVGT	2	11	0,829928571
TevSTIB805.6.4410	TTKSKPSVA	65	73	0,829533333

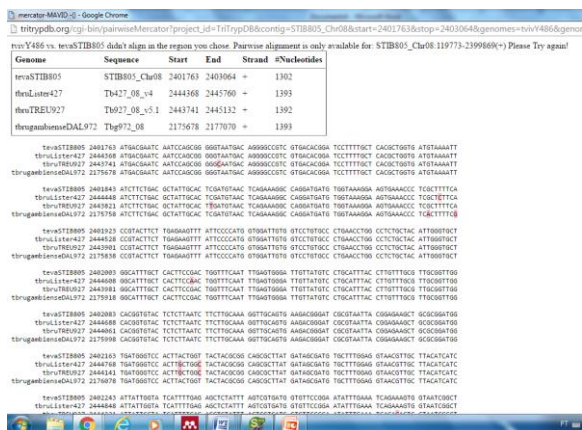
TevSTIB805.10.15650	MSAEQPEQ	1	8	0,797071429
TevSTIB805.3.5190	MPSPSE	1	6	0,779333333
TevSTIB805.10.7220	TAYDSPVGTSNDSNPM	163	178	0,768064516
TevSTIB805.7.2300	AKNDEKEDLT	10	19	0,752277778
TevSTIB805.9.9960	KPDEATLS	34	41	0,709
TevSTIB805.9.9970	KPDEATLS	34	41	0,709
TevSTIB805.11_01.3340	MAKGDKEEAPV	1	11	0,707681818
TevSTIB805.5.5170	DGTTDGSS	61	68	0,684117647
TevSTIB805.8.590	RNPVSRRTGDSTADV	18	32	0,683034483
TevSTIB805.11_01.9870	TDEGDA	133	138	0,6489
TevSTIB805.1.2280	HGVDPTGTYQGD	28	39	0,626483871
TevSTIB805.1.2300	HGVDPTGTYQGD	28	39	0,626483871
TevSTIB805.5.630	FADEESYGK	21	29	0,596722222
TevSTIB805.9.2850	LPADGGAN	29	36	0,5809375
TevSTIB805.7.7560	QRSSSPFTEPALKP	28	41	0,558411765
TevSTIB805.10.11880	ATTTSRS	37	43	0,5535625
TevSTIB805.11_01.14610	ETPSEKNPQPT	15	25	0,552289474
TevSTIB805.1.2250	QPDGAMPSD	31	39	0,5475
TevSTIB805.1.2290	QPDGAMPSD	31	39	0,5475
TevSTIB805.1.2310	QPDGAMPSD	31	39	0,5475
TevSTIB805.7.5440	HEGTGRREGTREARM	75	89	0,517135135
TevSTIB805.10.11310	TEPAQGYVRG	10	19	0,496730769
TevSTIB805.3.3400	MPKGNN	1	6	0,4814
TevSTIB805.1.2270	QPDGAMPSD	31	39	0,469285714
TevSTIB805.10.7110	QYGTETNR	4	11	0,392347826
TevSTIB805.4.2070	GPGTGK	76	81	0,385625
TevSTIB805.3.4040	ARGDDPRRN	26	34	0,309808511
TevSTIB805.9.9680	EERKGG	14	19	0,3009
TevSTIB805.4.3340	SAEEKYT	25	31	0,257068966
TevSTIB805.10.14910	MQSQPDNVA	1	9	0,229803922
TevSTIB805.8.2990	NGARGGNSQGYNTD	38	51	0,110786885

Anexo 3: Apresentação das sequências do material genético do *T.evansii* comparado com outros Tripanossomas.

TevSTIB805.1.5010



TevSTIB805.8.876



TevSTIB805.11_01.8580

mercator-MAVIO - Google Chrome
 tritrypdb.org/cgi-bin/pairwiseMercator?project_id=TrITrypDB&config=STIB805_Chrl1_01&start=2257367&stop=2258635

Genome	Sequence	Start	End	Strand	#Nucleotides
tevaSTIB805	STIB805_Chrl1_01	2257367	2258635	+	1269
thruLister427	Tb427_11_01_v4	2263581	2264849	+	1269
thruTREU927	Tb027_11_v5.1	2321078	2322346	+	1269
thrugambienaeDAL972	Thg972_11	2296137	2299405	+	1269
trvY486	TvY486_11	2433779	2435057	+	1279

```

tevaSTIB805 2257367 ATGAACACCA TTTCGCCCT TTTCCTGTTA TCGTGCAC TTATGCGAT CTCAGATCCC ACTACTGCGT CTAGACGC--
thruLister427 2263581 ATGAACACCA TTTCGCCCT TTTCCTGTTA TCGTGCAC TTATGCGAT CTCAGATCCC ACTACTGCGT CTAGACGC--
thruTREU927 2321078 ATGAACACCA TTTCGCCCT TTTCCTGTTA TCGTGCAC TTATGCGAT CTCAGATCCC ACTACTGCGT CTAGACGC--
thrugambienaeDAL972 2296137 ATGAACACCA TTTCGCCCT TTTCCTGTTA TCGTGCAC TTATGCGAT CTCAGATCCC ACTACTGCGT CTAGACGC--
trvY486 2433779 ATGAACACCA TTTCGCCCT TTTCCTGTTA TCGTGCAC TTATGCGAT CTCAGATCCC ACTACTGCGT CTAGACGC--

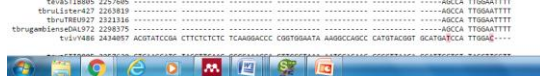
tevaSTIB805 2257445 -TACACACG SCAGAGATGG GCGCGCGCGA GATACCAAGG CCGAGATGGA GTTACTCCAA CTTTCGCGCA TGGCCACG--
thruLister427 2263595 -TACACACG SCAGAGATGG GCGCGCGCGA GATACCAAGG CCGAGATGGA GTTACTCCAA CTTTCGCGCA TGGCCACG--
thruTREU927 2321156 -TACACACG SCAGAGATGG GCGCGCGCGA GATACCAAGG CCGAGATGGA GTTACTCCAA CTTTCGCGCA TGGCCACG--
thrugambienaeDAL972 2296135 -TACACACG SCAGAGATGG GCGCGCGCGA GATACCAAGG CCGAGATGGA GTTACTCCAA CTTTCGCGCA TGGCCACG--
trvY486 2433817 TTATCTACE GCGGATTC AGCGCGCGA AGTGAAGAT CCTAGTGGG GTTACTCCBA CTTTCGCGCA TGGCCACG--

tevaSTIB805 2257524 TATGTCATAC AGGATATGAC CAAGGCCCA TCTCTCTCAA GAATCTTAGG CCGTCAAGG TCGGTGTAC CAAGCTCTCG
thruLister427 2263738 TATGTCATAC AGGATATGAC CAAGGCCCA TCTCTCTCAA GAATCTTAGG CCGTCAAGG TCGGTGTAC CAAGCTCTCG
thruTREU927 2321237 TATGTCATAC AGGATATGAC CAAGGCCCA TCTCTCTCAA GAATCTTAGG CCGTCAAGG TCGGTGTAC CAAGCTCTCG
thrugambienaeDAL972 2296284 TATGTCATAC AGGATATGAC CAAGGCCCA TCTCTCTCAA GAATCTTAGG CCGTCAAGG TCGGTGTAC CAAGCTCTCG
trvY486 2433907 TGTGATCTC TGGGCGCGG CAGGCCCGG TTCTCTCAA GAATCTTAGG CCGTCAAGG TCGGTGTAC CAAGCTCTCG

tevaSTIB805 2257604 C-----
thruLister427 2263818 C-----
thruTREU927 2321115 C-----
thrugambienaeDAL972 2296274 C-----
trvY486 2433977 CGGGCATTGG CATTTCAAA GGGTTGACG TGGTGCAGG AGAGGCGTC TCTGTCAAT GATTAATGAGG TCGATGAT

tevaSTIB805 2257685 -----
thruLister427 2263839 -----
thruTREU927 2321116 -----
thrugambienaeDAL972 2296275 -----
trvY486 2434087 AGTATCCGA CTCTCTCTC TCAAGGACCC GGTGGGATA AGAGGCGAC CCTATAGGT GATATGCA TGGG-----

```



TevSTIB805.9.7160

mercator-MAVIO - Google Chrome
 tritrypdb.org/cgi-bin/pairwiseMercator?project_id=TrITrypDB&config=STIB805_Chrl09&start=1453377&stop=1454849

Genome	Sequence	Start	End	Strand	#Nucleotides
tevaSTIB805	STIB805_Chrl09	1453377	1454849	-	1473
thruLister427	Tb427_09_v4	1533433	1534905	-	1473
thruTREU927	Tb027_09_v5.1	1583566	1585038	-	1473
thrugambienaeDAL972	Thg972_09	1257841	1259313	-	1473
trvY486	TvY486_09	1235236	1236711	-	1476

```

(tevaSTIB805) 1454849 ATGTGTGAAA GTGGATTTGG TGGAGTGTAT GAAAGCTCA TTTCATCTG CTCGCCATT GTGTGTGTTA TGTAACTAT
(thruLister427) 1534905 ATGTGTGAAA GTGGATTTGG TGGAGTGTAT GAAAGCTCA TTTCATCTG CTCGCCATT GTGTGTGTTA TGTAACTAT
(thruTREU927) 1585038 ATGTGTGAAA GTGGATTTGG TGGAGTGTAT GAAAGCTCA TTTCATCTG CTCGCCATT GTGTGTGTTA TGTAACTAT
(thrugambienaeDAL972) 1259313 ATGTGTGAAA GTGGATTTGG TGGAGTGTAT GAAAGCTCA TTTCATCTG CTCGCCATT GTGTGTGTTA TGTAACTAT
(trvY486) 1236711 ATGTGTGAAA GTGGATTTGG TGGAGTGTAT GAAAGCTCA TTTCATCTG CTCGCCATT GTGTGTGTTA TGTAACTAT

(tevaSTIB805) 1454769 CCGTATACAT CCTTGGGTGA TCAGACAGT GCGAGTATC ATTGATATT ATACACACG GAGTAAAGG CAAAGATGA
(thruLister427) 1534825 CCGTATACAT CCTTGGGTGA TCAGACAGT GCGAGTATC ATTGATATT ATACACACG GAGTAAAGG CAAAGATGA
(thruTREU927) 1584978 CCGTATACAT CCTTGGGTGA TCAGACAGT GCGAGTATC ATTGATATT ATACACACG GAGTAAAGG CAAAGATGA
(thrugambienaeDAL972) 1259323 CCGTATACAT CCTTGGGTGA TCAGACAGT GCGAGTATC ATTGATATT ATACACACG GAGTAAAGG CAAAGATGA
(trvY486) 1236631 CCGTATACAT CCTTGGGTGA TCAGACAGT GCGAGTATC ATTGATATT ATACACACG GAGTAAAGG CAAAGATGA

(tevaSTIB805) 1454689 TGACACACCT ACTGAGAGT ATTGTGAAT CATCATATA CTGCTCTCT GTGCAGCGA AGATCTATC AGAACCTCG
(thruLister427) 1534783 TGACACACCT ACTGAGAGT ATTGTGAAT CATCATATA CTGCTCTCT GTGCAGCGA AGATCTATC AGAACCTCG
(thruTREU927) 1584718 TGACACACCT ACTGAGAGT ATTGTGAAT CATCATATA CTGCTCTCT GTGCAGCGA AGATCTATC AGAACCTCG
(thrugambienaeDAL972) 1259303 TGACACACCT ACTGAGAGT ATTGTGAAT CATCATATA CTGCTCTCT GTGCAGCGA AGATCTATC AGAACCTCG
(trvY486) 1236651 TGACACACCT ACTGAGAGT ATTGTGAAT CATCATATA CTGCTCTCT GTGCAGCGA AGATCTATC AGAACCTCG

(tevaSTIB805) 1454609 ATCTACTCT TGGTGTCCCG TATCTGCAT AAGGAGAAC ATTTTTCCT CACTTCTTCA CTCCTCGCT TCGCTCGTT
(thruLister427) 1534665 ATCTACTCT TGGTGTCCCG TATCTGCAT AAGGAGAAC ATTTTTCCT CACTTCTTCA CTCCTCGCT TCGCTCGTT
(thruTREU927) 1584798 ATCTACTCT TGGTGTCCCG TATCTGCAT AAGGAGAAC ATTTTTCCT CACTTCTTCA CTCCTCGCT TCGCTCGTT
(thrugambienaeDAL972) 1259073 ATCTACTCT TGGTGTCCCG TATCTGCAT AAGGAGAAC ATTTTTCCT CACTTCTTCA CTCCTCGCT TCGCTCGTT
(trvY486) 1236471 ATCTACTCT TGGTGTCCCG TATCTGCAT AAGGAGAAC ATTTTTCCT CACTTCTTCA CTCCTCGCT TCGCTCGTT

(tevaSTIB805) 1454629 CATCTACCG CGAGAGATT TTATCTCTG GCTTTGGGT GTTCTATT TTCTCGCAT GTAGCTACA TTAGCTCG
(thruLister427) 1534585 CATCTACCG CGAGAGATT TTATCTCTG GCTTTGGGT GTTCTATT TTCTCGCAT GTAGCTACA TTAGCTCG
(thruTREU927) 1584718 CATCTACCG CGAGAGATT TTATCTCTG GCTTTGGGT GTTCTATT TTCTCGCAT GTAGCTACA TTAGCTCG
(thrugambienaeDAL972) 1258993 CATCTACCG CGAGAGATT TTATCTCTG GCTTTGGGT GTTCTATT TTCTCGCAT GTAGCTACA TTAGCTCG
(trvY486) 1236393 CATCTACCG CGAGAGATT TTATCTCTG GCTTTGGGT GTTCTATT TTCTCGCAT GTAGCTACA TTAGCTCG

```

