

UŽITNÝ VZOR

(19)
ČESKÁ
REPUBLIKA



ÚŘAD
PRŮMYSLOVÉHO
VLASTNICTVÍ

(21) Číslo přihlášky: **2020-37431**
(22) Přihlášeno: **14.04.2020**
(47) Zapsáno: **07.07.2020**

(11) Číslo dokumentu:

34 171

(13) Druh dokumentu: **U1**

(51) Int. Cl.:

C12Q 1/40 (2006.01)
G01N 30/72 (2006.01)
C07K 14/32 (2006.01)
C07K 14/38 (2006.01)
C07K 14/435 (2006.01)
A23L 21/25 (2016.01)

- (73) Majitel:
Výzkumný ústav rostlinné výroby, v. v. i., Praha 6,
Ruzyně, CZ
- (72) Původce:
RNDr. Tomáš Erban, Ph.D., Praha 10, Záběhlice,
CZ
- (74) Zástupce:
Ing. Dobroslav Musil, patentová kancelář, Ing.
Dobroslav Musil, Zábrdovická 801/11, 615 00
Brno, Zábrdovice

- (54) Název užitného vzoru:
**Sada proteinových markerů pro určení
přítomnosti klíčových proteinů ze včel a
detekci kontaminace medu cizími
amylázami původem z hub druhu
Aspergillus niger a bakterií Bacillus
amyloliquefaciens a Bacillus licheniformis**

CZ 34171 U1

Sada proteinových markerů pro určení přítomnosti klíčových proteinů ze včel a detekci kontaminace medu cizími amylázami původem z hub druhu *Aspergillus niger* a bakterií *Bacillus amyloliquefaciens* a *Bacillus licheniformis*

5

Oblast techniky

10

Technické řešení se týká sady proteinových markerů pro určení přítomnosti klíčových proteinů ze včel (*Apis mellifera*) v medu a pro detekci kontaminace medu cizími amylázami původem z hub druhu *Aspergillus niger* a bakterií *Bacillus amyloliquefaciens* a *Bacillus licheniformis*. Tyto proteinové markery umožňují při aplikaci vysokokapacitní proteomiky využívající detekce/identifikace pomocí hmotnostního spektrometru exaktně prokázat přítomnost cizích amyláz, které byly do medu uměle dodány při jeho falšování. Zároveň je možné s jejich pomocí určit zastoupení proteinů vlastních včelám, a tyto využít jako srovnávací parametr k cizím amylázám (např. pro srovnání relativního zastoupení medu vlastní amylázy se zastoupením amylázy/amyláz jiného původu), případně jako ukazatel kvality medu-některé specifické proteinové markery by měly být detekovány ve všech medech, zatímco jiné mohou být detekované jen v některých medech a další jen vzácně.

20

Dosavadní stav techniky

25

Med je považován za pro člověka nejvýznamnější včelí produkt. Med je ve světě produkován zejména „západní“ včelou medonosnou (latinsky *Apis mellifera*) (viz Schmidt, 1997); za druhou nejvýznamnější v tomto ohledu je považována včela východní (latinsky *Apis cerana*) (viz Soares et al., 2018). Med byl donedávna považován za velmi dobře charakterizovaný, a to z důvodu jeho intenzivního studia kvůli jeho léčivým účinkům, ale i proto, že se jedná o často falšovanou komoditu (viz Soares et al., 2017). Falšování medu může být provedeno různými způsoby, zejména se využívá jeho ředění přidáváním vody, cukrů a sirupů, kdy je med jako dosti ceněná komodita v podstatě naředěn levnými přídavky. Dosud byla vyvinuta celá řada metodických postupů pro prokázání autenticity a kvality medu (viz Soares et al., 2018).

30

Jednou z důležitých přirozených složek medu jsou proteiny, ačkoliv jejich obsah v medu je poměrně malý – většinou v řádu pouze desetin hmotnostních procent a jen v některých případech přesahující procento (viz Erban et al., 2019). Spektrum včelích proteinů v medu zahrnuje např. proteiny, které do medu sekretují včelí dělnice-tyto proteiny se mohou vyskytovat také v mateři kašičce či jedu včel, ale i další proteiny, které mají významnou roli pro vlastnosti medu a vyjadřují jeho léčivý potenciál. Mezi významné proteiny sekretované do medu patří včelí alfa-amyláza (nebo jen amyláza či po staru diastáza). Velké spektrum proteinů v medu odhalila komplexní proteomická studie, která však ukázala také, že zastoupení hlavních včelích proteinů v medu je dosti podobné, zatímco celkový obsah proteinů se v jednotlivých medech může lišit až přibližně o řád. Tento faktor je nutno brát v potaz v jakýchkoliv analýzách, neboť obsah proteinů a logicky i enzymová aktivita včetně amylázové je tak nutně úměrně ovlivněna celkovým obsahem proteinů v medu (viz Erban et al., 2019). Další proteiny v medu pochází zejména z rostlinného nektaru a pylu (viz Di Girolamo et al., 2012). Vzhledem k tomu, že při falšování medu přídavkem jiných látek dochází ke změně aktivity těchto enzymů, je možné aktivitu těchto enzymů využít jako ukazatel pro určení autenticity a kvality medu. Kromě falšování medu však mohou být enzymové aktivity ovlivněny také skladováním či ohříváním medu (viz Soares et al., 2018), jelikož může docházet k denaturaci proteinů v čase nebo právě ohrevem. Klíčovou enzymovou aktivitou, která se zjišťuje podle směrnice Evropského parlamentu a Rady 2001/110/ES je amylázová aktivita. Podle směrnice 2001/110/ES musí být výsledná amylázová aktivita (podle Schadeovy stupnice) obecně nejméně 8 a pro medy s nízkým obsahem přirozených enzymů (například citrusové medy) a obsahem hydroxymethylfurfuralu (HMF) nejvýše 15 mg/kg nejméně 3.

55

Ačkoliv může být měřením enzymové aktivity určena relativní úroveň aktivity amylázy podle příslušné stupnice, není tento enzymatický přístup dostatečně specifický a nelze jím určit exaktně příslušnost detekovaných amyláz k různým organizmům, tj. z výsledku enzymové aktivity není jasné, zda je výsledkem určitého enzymu protein původem ze včel nebo z jiného zdroje - např. mikrobiálního, který se do medu dodal při jeho falšování pro kompenzaci nižší amylázové aktivity. Jinak řečeno, pokud je tedy hypoteticky ve vyšetřovaném vzorku několik různých amyláz (např. živočišná, rostlinná, bakteriální, houbová), není možné prostým měřením enzymové aktivity exaktne určit příslušnost těchto amyláz k daným organismům a odhalit tak falšování medu s použitím amylázy/amyláz bakteriálního nebo houbového původu, takže i takto upravený (falšovaný) med může vyhovovat požadavkům kladeným na amylázovou aktivitu dle směrnice 2001/110/ES (viz Voldřich et al., 2009). To komplikuje zjišťování falšování, respektive ověřování pravosti medu.

Tento nedostatek překonává metodický přístup, který je založený na aplikaci vysokokapacitní proteomiky využívající detekce/identifikace pomocí hmotnostního spektrometru. Specifickou identifikaci až tisíců proteinů z komplexního vzorku v jedné analýze umožňuje tzv. „shotgun“ proteomická analýza, kdy se směs proteinů nejprve enzymově rozštěpí na komplexní směs peptidů, která se poté separuje kapalinovou chromatografií (LC; obvykle je využito nanoLC instrumentace zajišťující malé průtoky) a identifikuje tandemovou hmotnostní spektrometrií (MS/MS) (viz Geiger et al., 2010). Právě tímto přístupem s nanoLC-MS/MS analýzou byla provedena zatím nejdetajnější charakterizace zastoupení včelích proteinů v medech. Proteomickou nanoLC-MS/MS analýzou 13 pravých nefalšovaných medů z ověřených zdrojů se identifikovalo dosud největší spektrum proteinů v medu - v publikaci bylo identifikováno celkem 119 proteinových záznamů, které byly pro finální interpretaci redukovány na 71 záznamů (viz Erban et al., 2019).

Cílem technického řešení je definice sady proteinových markerů pro určení přítomnosti klíčových proteinů ze včel a detekci kontaminace medu cizími amylázami původem z hub druhu *Aspergillus niger* a bakterií *Bacillus amyloliquefaciens* a *Bacillus licheniformis*, jehož použití při aplikaci vysokokapacitní proteomiky by podstatně zvýšilo pravděpodobnost odhalení falšování medu v souvislosti s přidáváním cizích amyláz za účelem kompenzace snížení amylázové aktivity v důsledku falšování.

Použitá literatura

- Di Girolamo F., D'Amato A., Righetti P. G. (2012). Assessment of the floral origin of honey via proteomic tools. *Journal of Proteomics* 75 (12): 3688–3693.
- Erban T., Shcherbachenko E., Talacko P., Harant K. (2019). The unique protein composition of honey revealed by comprehensive proteomic analysis: allergens, venom-like proteins, antibacterial properties, royal jelly proteins, serine proteases, and their inhibitors. *Journal of Natural Products* 82 (5): 1217–1226.
- Geiger T., Cox J., Mann M. (2010). Proteomics on an Orbitrap benchtop mass spectrometer using all-ion fragmentation. *Molecular and Cellular Proteomics* 9 (10): 2252–2261.
- Schmidt J. O. (1997). Bee products: chemical composition and application. In: Mizrahi A., Lensky Y. (eds.) Bee products. Springer, Boston, MA, pp. 15–26.
- Soares S., Amaral J. S., Oliveira M. B. P. P., Mafra I. (2017). A comprehensive review on the main honey authentication issues: production and origin. *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety* 16 (5): 1072–1100.

- Soares S., Grazina L., Mafra I., Costa J., Pinto M. A., Duc H. P., Oliveira M. B. P. P., Amaral J. S. (2018). Novel diagnostic tools for Asian (*Apis cerana*) and European (*Apis mellifera*) honey authentication. Food Research International 105: 686–693.
- 5 Voldřich M., Rajchl A., Čížková H., Cuhra P. (2009). Detection of foreign enzyme addition into the adulterated honey. Czech Journal of Food Sciences 27 (Special Issue): S280–S282.

Podstata technického řešení

10

Uvedené nedostatky odstraňuje technické řešení, které představuje sadu proteinových markerů (tvořící databázi), které byly vyselektované na základě vyhodnocení řady nanoLC-MS/MS analýz medů. Vybraná databáze zahrnuje celkem 1 sekvenci alfa amylázy z *Aspergillus niger*, 1 sekvenci amylázy z *Bacillus amyloliquefaciens*, 1 sekvenci amylázy z *Bacillus licheniformis* a případně ještě dalších 82 proteinových sekvencí odvozených z genomu včely medonosné-*Apis mellifera*, které se sekretují do medu. Databázi lze použít jako celek nebo lze použít jen její část, při druhé volbě lze použít libovolný výběr proteinových markerů, s výhodou výběru, který obsahuje alespoň sekvence amyláz s příslušností k *Aspergillus niger*, *Bacillus amyloliquefaciens* a *Bacillus licheniformis*.

20

Uvedená sada proteinových markerů se použije jako zdroj databáze (knihovna proteinových sekvencí) pro vyhodnocení dat z LC-MS/MS analýzy. Sada proteinových markerů podle technického řešení obsahuje proteinové sekvence tří různých alfa amyláz z *Aspergillus niger*, *Bacillus amyloliquefaciens* a *Bacillus licheniformis*, které identifikují konkrétní amylázy, které by se v nefalšovaných (pravých) medech neměly vyskytovat. Knihovna zároveň může obsahovat sadu referenčních proteinových sekvencí, které jsou medu vlastní a které zahrnují mimo jiné také včelí amylázu, a slouží pro srovnání různých vzorků medu, ale i pro charakteristiku medu.

30

Níže je uveden seznam proteinových markerů a jejich označení v databázi včetně jejich přístupového čísla v GenBank (NCBI), které je uvedeno na konci označení markeru a je zvýrazněno tučným písmem. Označení MicFu nebo MicBa značí cizí amylázy, zatímco označení Amm značí markery s příslušností k *Apis mellifera* (tj. markery odvozené z genomu včely medonosné-*Apis mellifera*, které se sekretují do medu), následuje číselné označení 001 až 003 pro MicFu a 001 až 082 pro Amm, a také je uvedeno editované pracovní označení charakterizující daný marker:

35

>MicFu|001|alpha-amylase_*Aspergillus niger*_**XP_001390778**

40

>MicBa|002|alpha-amylase_*Bacillus amyloliquefaciens*_**WP_013352208**

45

>MicBa|003|alpha-amylase_*Bacillus licheniformis*_**WP_017474613**

>Amm|001|defensin-1_**NP_001011616**

>Amm|002|hymenoptaecin_**NP_001011615**

>Amm|003|glucose oxidase_or_notatin_**BAA86908**

50

>Amm|004|glucose dehydrogenase_*GMCOX7*_**XP_006565048**

>Amm|005|glucose dehydrogenase_Gld2_**XP_016767722**

>Amm|006|glucose dehydrogenase_GMCOX14_**XP_003251149**

>Amm|007|glucose dehydrogenase_GMCOX12_**XP_394210**

5 >Amm|008|phenoloxidase-activating factor 2_**XP_016769186**

>Amm|009|carboxypeptidase Q_**XP_393632**

10 >Amm|010|venom serine protease Bi-VSP_or_CLIP_**XP_006560620**

>Amm|011|venom serine protease 34_or_CUB_Api m 7 analog_**XP_392669**

>Amm|012|hyaluronidase_Api m 2 allergen_**AAA27730**

15 >Amm|013|venom acid phosphatase Acph-1-like_Api m 3 analog_**XP_006569959**

>Amm|014|venom acid phosphatase Acph-1-like_Api m 3 analog_**XP_006569974**

>Amm|015|icarapin_Api m 10 allergen_**ABF21078**

20 >Amm|016|chitinase-like protein Idgf4_**XP_016769016**

>Amm|017|MRJP9_Api m 11 allergen_**AAY21180**

25 >Amm|018|transferrin 1_**NP_001011572**

>Amm|019|apolipophorin_**XP_026298285**

>Amm|020|Hsc70-3_or_Hsp70Ab_**NP_001153544**

30 >Amm|021|histone h4_**XP_006570863**

>Amm|022|ubiquitin-60S ribosomal protein L40_**XP_003251367**

35 >Amm|023|elongation factor 1-alpha_**CAA37066**

>Amm|024|actin_**XP_026296530**

>Amm|025|alpha-amylase_**BAA86909**

40 >Amm|026|alpha-amylase_**AAM20738**

>Amm|027|alpha-glucosidase III_**Q17058**

45 >Amm|028|alpha-glucosidase III_**BAE86928**

>Amm|029|MRJP1_**NP_001011579**

>Amm|030|MRJP2_**AQM49880**

50

>Amm|031|MRJP2_**NP_001011580**
5 >Amm|032|MRJP3_**ADC55524**
>Amm|033|MRJP4_**NP_001011610**
>Amm|034|MRJP4_**XP_026299317**
10 >Amm|035|MRJP5_**NP_001011599**
>Amm|036|MRJP5_**ADB96941**
>Amm|037|MRJP5_**XP_026299316**
15 >Amm|038|MRJP6_**NP_001011622**
>Amm|039|MRJP7_**NP_001014429**
20 >Amm|040|unch protein LOC408608_**XP_397512**
>Amm|041|apolipoporphin-III-like_**NP_001107670**
>Amm|042|unch protein LOC726323_**XP_026301350**
25 >Amm|043|Obp 14_**NP_001035313**
>Amm|044|unch protein LOC727028_or_takeout-like_**XP_001122741**
30 >Amm|045|ferritin heavy polypeptide-like 17_**XP_624076**
>Amm|046|ferritin subunit heavy chain_**XP_026300991**
>Amm|047|laccase-5_or_polyphenol oxidase_**XP_625189**
35 >Amm|048|esterase B1_**XP_016770320**
>Amm|049|pancreatic triacylglycerol lipase_**XP_026299639**
40 >Amm|050|lipase member H-A_**XP_026299638**
>Amm|052|unch protein LOC413627_or_regucalcin_**XP_026298038**
45 >Amm|053|glucosylceramidase-like_**XP_006570612**
>Amm|054|putative glucosylceramidase 4_**XP_393208**
>Amm|055|unch protein LOC102655185_**XP_026299771**
50 >Amm|056|xanthine dehydrogenase_**XP_016768886**
>Amm|057|lysosomal alpha-mannosidase_**XP_026296064**

>Amm|058|serine protease inhibitor 88Ea_**XP_026298978**

>Amm|059|chymotrypsin inhibitor-like_**XP_006563421**

5 >Amm|060|chymotrypsin inhibitor_**XP_001120999**

 >Amm|061|chymotrypsin inhibitor_**XP_006563422**

 >Amm|062|ATP synthase subunit alpha_**XP_392639**

10 >Amm|063|hexamerin 110_**BAI82214**

 >Amm|064|hexamerin 70b_**NP_001011600**

15 >Amm|065|hexamerin 70a_**NP_001104234**

 >Amm|066|hexamerin 70c_**ABR45905**

 >Amm|067|14-3-3 protein epsilon_**XP_006559884**

20 >Amm|068|larval-specific very high density lipoprotein_**NP_001318046**

 >Amm|069|short-chain dehydrogenasereductase_**NP_001011620**

25 >Amm|070|unch protein LOC724993_**XP_006571730**

 >Amm|071|unch protein LOC552154_**XP_624536**

 >Amm|072|Melittin_Api m 4 allergen_**CAA26038**

30 >Amm|073|Phospholipase A2_Api m 1 allergen_**NP_001011614**

 >Amm|074|unch protein LOC408570_**XP_397511**

35 >Amm|075|unch protein LOC552283_or_Glutathione-S-trasnferase_**XP_026295805**

 >Amm|076|endoplasmin_or_Hsp90_**NP_001153536**

 >Amm|077|alpha-glucosidase II_**NP_001035349**

40 >Amm|078|peroxiredoxin-like_**NP_001164444**

 >Amm|079|vitellogenin_Api m 12 allergen_**CAD56944**

45 >Amm|080|abaecin_**NP_001011617**

 >Amm|081|apamin_**NP_001011612**

 >Amm|082|peroxiredoxin 1_**XP_003249289**

50

Aminokyselinové sekvence jednotlivých proteinových markerů jsou následující:

>MicFu|001|alpha-amylase_Aspergillus niger_XP_001390778

MMVAWWSLFLYGLQVAAPALAAATPADWRSQSIYFLLTDRFARTDGTTATCNTADQK
5 YCGGTWQGIIDKLDYIQQMGFTAIWITPVTAQLPQTTAYGDAYHGYWQQDIYSLNENY
GTADDLKALSSALHERGMYLMVDVVANHMGYDGAGSSVDYSVFKPFSSQDYFHPFCFI
QNYEDQTQVEDCWLGDNVSLPDLDTTKDVVKNEWYDWVGSLVSNSYSIDGLRIDTVK
HVQKDFWPGYNKAAGVYCIGEVLDGDPAYTCPYQNVMGVLNYPYIYPLLNAFKSTSG
10 SMDDLYNMINTVKSDCPDSTLLGTVENHDNPRFASYTNIDALAKNVAAFIILNDGIPIIY
AGQEQUHYAGGNPANREATWLSGYPTDSELYKLIASANAIRNYAISKDTGFVTYKNWPI
YKDDTTIAMRKGTDSQIVTILSNKGASGDSYTLSGAGYTAGQQLTEVIGCTTVGS
DGNVPVPMAGGLPRVLYPTEKLAGSKICSSS

>MicBa|002|alpha-amylase_Bacillus amyloliquefaciens_WP_013352208

15 MIQKRKRTVSFRLVLMCTLLFVSLPITKTSAVNGTLMQYFEWYTPNDGQHWKRLQND
EHLSDIGITAVWIPPAYKGLSQDNGYGPYDLYDLGEFQQKGTVRTKYGTKSELQDAIGS
LHSRNVQVYGDVVLNHKAGADATEDVTAVEVNPANRNQETSEEEYQIKAWTDFRFPGR
GNTYSDFKWHWYHFDGADWDESRKISRFKFRGEKGAWDWEVSSENGNYDYLMYAD
20 VDYDHPDVVAETKKWGIWYANELSLDGFRIDAAKHIKFSLRDWVQAVRQATGKEMF
TVAEYWQNNAGKLENYLNKTSFNQSVFDVPLHFNLQAASSQGGYDMRRLDGTVVS
RHPEKAVTFVENHDTQPGQSLESTVQTWFKPLAYAFILTRESGYPQVFYGDMYGTKGTS
PKEIPSLKDNEPILKARKEYAYGPQHDYIDHPDVIGWTREGDSSAAKSGLAALITDGP
SKRMYAGLKNAGETWYDITGNRSDTVKIGSDGWGEFHVNDGSVSIYVQK

25 >MicBa|003|alpha-amylase_Bacillus licheniformis_WP_017474613

MKQQKRLYARLLTLLFALIFLLPHSAAAAANLNGTLMQYFEWYMPNDGQHWKRLQND
SAYLAEHGITAVWIPPAYKGTQSADVGYYGAYDLYDLGEFHQKGTVRTKYGTKGELOSA
IKSLHSRDINVYGDVVINHKGGADATEDVTAVEVDPADRNRRVISGEHLIKAWTHFHFPG
RGSTYSDFKWHWYHFDGTDWDESRKLNRIYKFQGKAWDWEVSNENGNYDYLMYADI
30 DYDHPDVAAEIKRWGTWYANELQLDGFRLLDAVKHIKFSLRDWVNHVREKTGKEMFT
VAEYWQNDLGALENYLNKTNFNHSVFDVPLHYQFHAASTQGGGYDMRKLLNGTVVSK
HPLKSVTFVDNHDTQPGQSLESTVQTWFKPLAYAFILTRESGYPQVFYGDMYGTKGDSQ
REIPALKHKIEPILKARKQYAYGAQHDYFDHHDIVGWTREGDSSVANSGLAALITDGP
GAKRMYVGRQNAGETWHDITGNRSEPVVINSEGWGEFHVNGGSVSIYVQR

35 >Amm|001|defensin-1_NP_001011616

MKIYFIVGLLFMAMVAIMAAPVEDEFEPLEHFENEERADRHRRTCDLLSFKGQVNDSA
CAANCLSLGKAGGHCEKGVCICRKTSFKDLWDKRGF

40 >Amm|002|hymenoptaecin_NP_001011615

MKFIVLVLFCAVAYVSAQAELEPEDTMDYIPTRFRRQERGSIVIQGTKEGKSRPSLDIDYK
QRVYDKNGMTGDAYGGLNIRPGQPSRQHAGFEFGKEYKNGFIKGQSEVQRGPGRRLSP
YFGINGGFRF

45 >Amm|003|glucose oxidase_or_notatin_BAA86908

MAILNSMYNNVSPLQCTSPFLGGPQLTDVCSASNGELFLALLNFFVATSPVIGEPCQRVH
SSRIPDLSYDFIVVGGGAARAVVAGRLSEVSNWKVLLLEAGPDEPAGAEIPSNLQLYLGG
DLDWKYYTTNESHACLSTGGSCYWPRGKNLGGTTLHHGMAYHRGHRKDYERWVQQG
AFGWSWDEVMPYYLKSENNTESRVGTYHRSGLMNVERFPYQPPFAWKILKAAEEA
50 GFGVSEDLGDRINGFTVAQTISRNGVRLSSARAFITPFENRSNLHVIVNATVTKVRTLNK
RATGVNVLINGRRRIIFARREVILSAGSVNTPQLLMLSGIGPKEHLSLGIPVVVDLPGVG
ENLHNHQSFGMDFSLNEDFYPTFNQTNDQYLYNQTGPLSSTGLAQVTGIWHSNLTPD
DPDIQIFFAGYQAICKPKLKIADLSAHDKQAVRMSALNVQPTSKGRITLNSKDPLDPPVIW
SNDLATEHDRSVMIQAIRVVQKLVNTTVMRDLGVEFQKIELKQCDEFVEDSDDYWNCVI

QYNTRAENHQTGTAKMGPSYDPMAVVSPRLKVGIRGLRVADASVQPQVISGNPVASV
NMVGERAADFIKEDWGELLQLL

>Amm|004|glucose dehydrogenase_GMCOX7_XP_006565048

5 MYDFIVVGGGSAGAVVASRLSEVSNTVLLLEAGGDETEISDVPLLSGYMQLTDMDWK
YQTSPPTTSAYCLAMIGDRCNWPRGKVLLGGSSVLNAMVYVRGNRRDYDNWARLGNTG
WSYEDVLPYFLKSEDNRNPYLARTPYHATGGYLTQESPWRSPLSIAFLQAGQELGYAN
RDVNNGAYQTGFMLNQGTIRRGSRCSTAKAFLRPVKNRPNLHVAMKTQALRIVFNEGRR
10 ATGVEVLRYGRHHFIRTRREIVLSAGAINTPQLLMLSGIGPKEHLAEFGIPVISDLRVGDH
LQDHVGLGGLTFVIDEPVSLKRDRFQTLSVMMQYVLHERGPMTDSGVEGVAFVNTRYA
DKMDDYPDIQFHFLPSSINSDGEQIKKILGLRESVYNTMYKPLTGADTWSILPLLRPKSS
GWIRLKSRNPLVYPDINPNYFTRKEDVDVLVDGIRIAMSVSNTAFRRFGSRPHTIRMPG
CHRYPFDTYDYWECAIRHTFTIYHPVGTCKMGRSDPTAVVDPRLRVYGVKGLRVAD
GSIMPEIVSGNPNAPIIMIGEKASDMVKEDWMR

15

>Amm|005|glucose dehydrogenase_Gld2_XP_016767722

MSYNLSISPICPDPNLGPSLAQVC PGPFQFTM SFLNTFALAKEEV SLLCQR FEP VEP AEY
YYDFIVVGGGTAGSVV ASRLSE QREW KVLL LEAG PDEPPG TDVPSMVAMFLGSDIDWG
20 YRTTNEKNACLSGGSCFWPRGK NLGGTSSHNGMMYTRGHPKD YDDWAAMGNDGWS
WQDVLPYFMCSENTEIN RVGRKYHSTGGLNVERFSWRPD ISNDILAAAELGYPIEE
LNGDQFTGFTVAQMMSKDGVR RSTAFLRPFRNRSNLQVITNATVTKILLKEKKAVGV
QYYKNGELRVARASREII VSGGA VNSPQ ILLSGIGPKEH LEAVNVSVVHD LPGVGENLH
NHVSFTLPFTINRPNEFDLSWPSLLEYIAFTKGPIASTGLSQLTGIVSSIYTSEDDPDLQIFFG
25 GYQAACATTGQLGALMDGGGRHVSISPTNLHPRS RGS LRLASNDPFAKPVIHGNYLSDP
MDEAVLLHGIRIALSNTSALAR YNMT LANPPLPACSQHTYLSDDY WRCAMRQDTGPE
NHQAGSCKMGPVSDRMAVVDPRLRVHGV DGLR VAD T SIMPKVTSGNTAAPAIMIGERA
AAFKSDWGGAPAKCPRPEIDNSLDLLWGIKYIDWDQGDW

>Amm|006|glucose dehydrogenase_GMCOX14_XP_003251149

30 MESCMSRTCSSVIAQQSSPASIFTFLIQT LIASRC KLN PDEYPRDRVNDVLSNKEFDFVI
IGGGTAGSILARRL TEVKNWNVLLIERGGYPLPETAVPALFTS NLGFPQDYAYKIEYQKE
ACLSQVDKRCRWSKGK ALGGSSVINAMLHIFGNKRDYDTWENIGNPGWNYEQVLPYFR
35 KSLSCAPEFI AKYGT DYCGTDGPMRIRHYNTATDAE DILEAAHEAGYDVLEPLNGDRF
IGFGRAMGTLDNGQRENCAKAFLSPVKDRKNLYVMTSSRVDKILFERKRAVGVRITLDN
NQS VQVRATKEVILSAGSIASPQV LMLSGIGPKNHLKKMGIPLV DLPVGK NLQDHAIWL
GIYLA NNESVT SPPSEKS QLDDIYDYLEFNAGPLRVLPLDNGFVDVNDPHSKYPNVQF
MFVPYQRYTN NLLSLLQGYNMNDIIQEMQQAVKKMSLISICPVLIRPLSRGFVELRNTN
40 PADPVKIYANYFAEKEDFNNLLKSVNIVKAFLNTDILKKYNMTLYYPNISGCQHTEPGTD
EYWECNLEHLSTTLFHP CGTAMMGPANDSRAVVDSRLKVHGVQNLRIDASIMPEVTS
GNTNAPTMMAEKGADIIKQDWGVKIQI

>Amm|007|glucose dehydrogenase_GMCOX12_XP_394210

MESCARGTCSSALQSSPASIFTMLI QT LIASRC QLSNTNKYPTSNEEKILNSKMEFDFVIVG
45 GGSAGSVLARRL TEVEDWNVLLIERGV DPLPETIPPGLYNNNLGGPQDY YYTLEPQESSC
LSNKDKRCVWSRGK ALGGSSVINGMIHIFGNRRDFDG WASQGNPGW NFEEVLPYFRKSI
SCSPEYIAENGDKYCGTDGPLRV RYYNYTVTDFEDV VLEAAREAGHPILK AVNGDRYLG
FGRVLGTLDEGRRQTC SKAFLTPVRDRKNLYVITSTRANKILFEGKRAVG VQITLSNNET
AEVRATKEVILSTGT MVSPQ LMLSGIGPKEHLKKLGIPV LVDL PVGK NLQDHVIWFGLY
50 YSFVNESVT SAPSEKDQLD SAYEY LEFNTGPLSTLANDLVAFINPVDPKSIYPEVQLLFSQI
QRYDKNGLK TLLHSY NANDEILQIMTDVIMKRS LIIAYASLMRPLSRGVIELRNADPAEQ
VKIYSNYYTVPDDWKLAKA VPTLK SLLNTT ILQKYKANFHTYDVPQCRNLTADTEY
YE CNI RHTTGTNFHACCTNRMGPANDSRTVVDARLRVHGVTNL RVIDASIMP NITSANIN
APTIMIAEKGADLIKQDWGIQV

55

>Amm|008|phenoloxidase-activating factor 2_XP_016769186

MAMRKIFLIGIASCRIAAPQNNNLDSSLITNIFGTPQNPQISDPSSTTSDEILGTENRPKQPE
 TNCECVPYYLCHNGSILENGTIDIRALGQCENYLDVCKPPDRIEKVTPPPVEKKGTCG
 QRHPQGVGFRITGDVNGEAQFGEFPWMVAIIKEENIGEEKLNVYQCGGSLIHKAQVLTA
 AHCVQGKQASELRIRAGEWDTQTNEIFPHQDRNVQNVIHENFAGGTLYNDFAILILSE
 PLNLMEVDLVCLPERNTVFDGTRCFASGWGDKFGKEGHYQVILKKINLPVPHNQC
 QDLLRKTRLGKYFVLDSSFICAGGESDKDTCKGDGGSPLVCPSNSNPNIYLQAGIVAWGI
 GCGEGGIPGVYANVASVRDWIDEQMAFYNLDNTVYQAQKIN

10 >Amm|009|carboxypeptidase Q_XP_393632

MLLSTKLLIVVWLLRLHSILAAVVVNRQVDNVSSCNLPEPLLKEIDSYEIIARAIMNEALN
 GSFKGTTWTGLSYFTEKFGPRLSGSQPLERSIDYVLKESADYGLENVHGENVTVPFWVR
 GEESATLLSPRQMDIAILGLGTSIATPLPEGITAEEAVVNSFEELIDRKNEVPGKIVVYNQEF
 VSYGETVRYRTNGATEASKYGAVALIRSVPYSYTPHTGHQSYYGENVTKIPVASITVE
 DATLLRAMANRNELIINLKMQAVNLPPTISRNVVADFRGSTNPEKIVVVSGHIDSWDVG
 LGAMDDGGGAFISWYAVKLLKYLNYRPRRTVRLIMWTAAEMGYVGALDFIKNHKSEQ
 NNLQFVMESDSGTFTPLGIEYTGTDIVGCILERIMTLLSPMGNLTVRSPNQGPDISTWINE
 GVPGGSLWNQDDKYFYYHHTKADTMLVENSDSDLKGTAFAAVAYILADLSIDLPRHK

20 >Amm|010|venom serine protease Bi-VSP_or_CLIP_XP_006560620

MLIVCLTLIGLLQPLIHVVYAQDQCTTPNQEEGVCINLRSCQFLITLLEKEGLKVKNYLKQ
 SLCRYENNDPFVCCPKNSGRESKIERENSYGPLPPQCGFNNISHTRVVGHIPAKLGAWP
 WLTVLGFRSSLNPSQPRWLCGGLSISARHVLTAACAVRKDLVVVIRGDLDSLRSRDDGA
 HPIQVEIEDKLIHPDYSTTFVNDIAVLRLAQDVQFTEYVYPICLPVEDNLRNNNFVRNYP
 25 FVAGWGSTETRGPASDILLEIQLPVINNEQCKQAYSFKAAEIDNRVLCAAYRQGGKDA
 CQGDSGGPLMLPQHWYYYQIGVVSYGYKCAEPGFPGVYTRVTAFLDFIISALK

>Amm|011|venom serine protease 34_or_CUB_Api m 7 analog_XP_392669

MALVNNITTFRDIVRKVTAALLIFYGSIMLSAKLIEGQCNYNQNLIPTTYIYNPNYPYS
 30 YRGSESCVWTVSSDYRVNLCTDFEIPWSYNCQDSLTQVINSTTSHRYCGDGGFNVVSS
 SNSMVVTLSSPIWSQGGRFLCEIRAVKRQDSTNCQCGWNNPSRIVGGMDTGVNEFPM
 MAGIVDADERAVFCGSIISVRYVLTAAHCMTNRNYTRLGVLVGDHDISSGTDTNATML
 YRVKKVIVHPNYAHDNFNDVALLKTRTKMEFGNEVGPACLPFQHSPDTFAGSFVQLLG
 35 WGTTSFGGPPSDILQKVTVSVLTNLQCTKFYPDLTPQQMCTYAKDKDACQMDSGGPVL
 WQNPTTKRFVLVGIISMGIGCGDTAGVNTRVGAYIDWIVSETADSTYCIIE

>Amm|012|hyaluronidase_Api m 2 allergen_AAA27730

MSRPLVITEGMMIGVLLMLAPINALLGFVQSTPDNNKTVREFNVYWNVPTFMCHKYG
 LRFEEVSEKYGILQNWMDKFRGEEIAILYDPGMFPALLKDPNGNVVARNGGPQLGNLT
 40 KHLQVFRDHЛИNQIPDKSFPGVGVIDFESWRPIFRQNWAQLQPYKKLSVEVRREHPFWD
 DQRVEQEAKRRFEKYQLFMEETLKAKRMRPAANWGYAYPYCYNLTPNQPSAQCE
 ATTMQENDKMSWLFSEVEDVLLPSVYLWNLTSGERVGLVGGRVKEALRIARQMUTSRK
 KVLPYYWYKYQDRRTDLSRADLEATLRKITDLGADGFIIWGSSDDINTKAKCLQFREY
 LNNELGPAVKRIALNNNANDRLTVDVSDQV

45

>Amm|013|venom acid phosphatase Acph-1-like_Api m 3 analog_XP_006569959

MMSIMVWTLRFIVCLLCCRTSLAELKLLQTIFRHNKPSTINFYPNDPYINYTYEPAGK
 GGLTNIGKMTMYKVGVQFFRKRYENFLGEIYTKENIWFRSDEVDRVTAMSVQLVTTGLYPP
 SKQQRWNPDLNWQPIPWTVPFTMDCLYNSQFSAKFYTLRNMVEETDKDVIQFKKDNR
 DVYEYLSKHTGGNITQSKVFLLYQYLFQQRNIGLELPFWTKSVFPHGKLDELAVYDILIR
 TRTLESQKISAGIWIREWLNRVNDHISKDKTRKAFCMYAAHDPNIACILSALDNFDNEIPY
 YGNSLMFELHEENSEYYVQMLYKNKDDIRVLKFPNCNMCPDEFKKFKPLISINTDEI
 CGQK

55

>Amm|014|venom acid phosphatase Acph-1-like_Api m 3 analog_XP_006569974
 MMGITVWTLRFIVCLLCCQASLAELKLVQTIFRHGNKMPSQVNIPNDPYVNVTYEPAG
 KGGLTNVGKTNMYKVGQFFRERYEDFLGKIYTKENIWFRADEVDRTVMSGQLVAAGL
 YPPSEEQRWNPNLNWQPIPWTIPATMDCLYTPFSSKFHTMRNLVEETDEDVIQFEKDN
 5 KDIYKYLSEHTGGNVTQSKVFSLYQYLFQAQKDIGLELPFWTKSVFPHGKLDDELVIYDILIR
 TRTLELKQILGGLWIREWLHNWNDHISKKDTRKAFCMYAAHDLNIAYILSALDNFDNEIPY
 YGNSLMFELHEDDNEYVQVLYKNKDNIRVLKFSNCDTMCPLDEFKKFKPLISINMEEI
 CEQK

10 >Amm|015|icarapin_Api m 10 allergen_ABF21078
 ERDQMMAATFDFPSLSFEDSDEGSNWNTLLRPNFLDGWYQTLQTHMKVKREQMA
 GILSRPEQGVVNWNKIPEGANTTSTTKIIDGHVVTINETTYTDGSDDYSTLIRVRVIDVRP
 QNETILTTVSSEADSDVTLPTLIGKNETSTQSSRSVESVEDFDNEIPKNQGDVLTA

15 >Amm|016|chitinase-like protein Idgf4_XP_016769016
 MVTKMKVLIFA AVAVFCVQSVFTVDTHEHNKVVCYWNNTAFERQGPGKFQLDDVQSA
 LSLCTHLIYGFAGINAETFEVVPLKPSLDTGVGYSYYKLVTQLKRTFPNLKIYLGIGGNAD
 PDDETHKYLVL TETSQRSRKFIN SVNRLNDYDFDGIDLAWQFPPAKVKKERGTFGSIWH
 GIKKTFGYGKFKDDKEVEHRDGFTILVRDLKAQLRPLKDLTIGVLPHVNSTVYYDARL
 20 LAPNIDAVHLLFTFDQKTPERNPREGDYPAPIYESYGRVPQDNVDSTARYWLEHGTPGSKI
 VVGIPTYARTWKLTSESQISGVPIVTDGPAGAEQPHNTPGLLSYAEVCSRITESAVGRLR
 RVGDPSKKYGSYAYQPYNENTGADGIWVGYEDPDTAGNKAAYAKGLGGVAIYDLS
 LDDFRGVCTGDKYPII RAAKYKL

25 >Amm|017|MRJP9_Api m 11 allergen_AAY21180
 MSFNIWWLILYFSIVCQAKAHYSLRDFKANIFQVKYQWKYFDYNFGSDEKRQAAIQSGE
 YNYKNNVPIDVDRWNGKTFVTILRNDGPVSSLNVISNKIGNGGPLLEPYPNWSWAKNQN
 CSGITSVYRIAIDEWTRLWVLDNGISGETSVCPSQIVVFDLKNSKLLKQVKIPHDIAINSTT
 GKRNVVTPIVQSF DYNNNTWVYIADVEGYALIYNNADDSFQRLTSSTFVYDPRYT KYTIN
 30 DESFSLQDGILGMALSHKTQNL YYSAMSSHNLNYVNTKQFTQGKFQANDIQYQGASDIL
 WTQASAKAISETGALFFGLVSDTALGCWNENRPLKRRNIEIVAKNNDTLQFISGIKIUKQIS
 SNIYERQNNEYIWI VSNKYQKIANGDLNFNEVNFRILNAPVNQLIRYTRCENPKTNFFSIF
 L

35 >Amm|018|transferrin 1_NP_001011572
 MMLRCNIWTLAVNVLVFN SFLVIAAQDSSGRIFTICVPEIYSKECDEMKKDSAVKGIPVS
 CISGRDRYECIEKVGKEADVVAVDPEDMYLAVKDNKLASNAGYNVIEQVRTKEEPHA
 PYRYEAVAVIHKDLPINNVQGLRGLKSCHTGVRGVNGYKIPITKLTAMGVVNNLHDPEY
 SARENELRALSSLFSKGCLVGTWSPDPAINRRLKETYSNM CALCEKPEVCDYPDIYSGYE
 40 GALRCLAHNGGEIAWTKVIYVKRFFGLPVGVTA APISENPADYRYFCPDGSKV PIDANT
 KPCTWAARPWQGYMTNNGVNNVEAVQKELTDLGKLGEEKADWWKDIMLLNEKTLA
 VPAPPVL PENHLKNAKYLDVIERNSGATDKIIRWCTWSEG DLEKCKALTRAAYS RDVRP
 KYDCTLEKSQDDCLKAIKENNADLT VVSGGSVLRATKEYNTVPIAESY GSGSTNFNERP
 AVAVVSKSSSINKLEDLRNKKSC HSGYKDSFAGWTAPIYTLKRKG LIKSENEAADFFSGS
 45 CAPGAPLDSKLCQQCVGNLASNNDRIRQVTKCATNEETYRGGKGALSCLLDGKG DVA
 FVPLTALSEEGVQSKDLALICPDGGRAEINEWERCNLGLEPPR VILSSGAKSPTVLEELTH
 GTLA LASTLYSKRPDLLHLFGWSNRPNLLFKDEAKDLVSVNKS WNKWNDWQETQNNY
 GAA

50 >Amm|019|apolipophorin_XP_026298285
 MGHPPLRMLGTALACFLFFAVAESAPRPTCVTGRGMHQSKAYQEGR TYVYNLEG LSV
 TSITDAQGDASLKL SATVELSVKPDCINQLRLKVN KINGAPPLIPEIEQYAVQF NYHDGHI
 DTQLCTEPGDSQASLN KRAV VSMFQS A IMQDSG STIHHETDVMGTC PTEF NFRKEGDSL
 IVNKNRNLASCAFRENVNQGLVSGNTDAEAGVKS PLLGSQQSIEQRFKRG ILNKA VSKE
 55 QYTLRPF SNGHAGANTNVETT TLKSEKADNPTVTSQPKSII FESPQPV RLSS ADAVAN

ALKAARAEVAGGVKPDAASRFADLVKVLRVSGKNDIMSVYQKVRSQDKEDQKLFLDA
 LFRARTGEAAEVGVELIKNKELTNVQTLFYAGSLALIRHVHLPSTAIASLLDQPDLPR
 GYLGVGVIGRYCQQNSCENVAEIKQAVHKIREKVGNKGAKSREQENSIISALKALGNS
 QFLDDATLQKLANIAADKNVRNRVRAAIQALPTRCSMKWKNVMFKVLADREEDSEIR
 5 INTYLSVACPCPHAANQLKEVLDKETVNQVGSIQTHLRNLRASTDPDKLNAKNQFGLI
 KPRVKFPEDFRKYSFNNELSYKIDSLGLGSTLDSNVVYSQNSFVPRSANLNMTVELFGKN
 FNFLELNTRVENLDRLEHYLGPKGKIWEKDLEEDLKSGANEVNKLKYARERFEKVV
 GKREVRQGDLDRFAKNVHLRSNEVDQQLDIDLSQLVKGVEYAYLSYQGEGSKLSPEAVI
 DKLLDGLEKGFDVTKNLKSLENYLQFLDNELVYPTNLGTALSLGLSGTSALRLKTQGK
 10 FDLKSALKDPKNTNFRLAVEPSVSIRLAGSMTVQAPGVESGMKIIGTLHTSTDVSVLL
 DGTGIDVNIGIPKKQEVISVSSEVFSTPKGDVAPKFGKSKEYADCFEQFSSYLGTVCG
 KISPYDDSSSIDQKPLFPLNGPAEFAVKVENNDVNKYHFKIFANNNAEANKRSFEILDT
 PNSKMNRRMALLLESSMQHPNMYVKGSQDTPFKKASAEAVLKDTAQERTLTVTKHD
 15 QMEYYGRGVVLASGSKYKPIMEYKVPEHIEKLASSKTGLPSGQQYLDGSVDVDNQD
 GKKFNLEKVAFLNGQKLIVIDGPVTWTNSNVDTNIYGDKNLAFKLDGQCSKDDH
 RLVVSAMPSSDPNIGFNLNWLKKTDDNNLENKFYFVHGPDPNSQTNRSLTQKAVYKL
 NNKEFFLSVSNELTYPIVNLKLKYEGELTQKSVSSDLEFKYKEFNFGTELSAKVGTEPG
 DYEVFEAQLMENGIELKAKRKILDGQKSQFSNSLELKPSGKYTADA VVLYSIASKSNIN
 FELDGDANLNGKKVKINTALESNPQSFNALLNAKVNDVTYVEFDLKNRSPNPSGVVL
 20 NLKNYLTANGQYSYQNGKGNAKLDVDVPKIDRKIQATGSLTVSGSKHVGEVLVLYDAG
 KDPNKRVKLSTTDITKTSVDTKNILEVVDKRLELNGKGSMQGTLNNGQLEVEMDVLP
 NGRHLVYKGKRNSVKKDTKYDIQVASKLTDYEQKGGPSRSLSYNGNVQDLDVNAITFQ
 GNGQLKFVNKNNGNDVQISVIGKNLNLPDNKKQREVNIELGGSSIPKKLQFQYRNQGSDN
 EGSHNVKSSFGDDVSLMSNVNMRKGNNIDKPYKVDGVFDMKLPSENLKNLKELVSSL
 25 LDSDEKDLFKSSGAVKLTYNNDRKIELSKELEIGMKNLEGPSEGKGKLNMMNILDSPV
 QLSGSYKYDPTPEKKSATLVDGQYGSKTFSLRSDNVYLPSPATVTLAKGNLKFEKLD
 NVDLQLLYKRFKDENKLIINSQIDADGAKHSLVSEIQYLDNNLFYVMTVCPTGKTEILS
 KFQKLNKEYKGEWKVDTPKGFAKADAHVNLESVDNFVIKANFDSDKAHRNIHAEIA
 NQPTAKNGKSIITVSDGKNIVTGSTS YKHRDEDGKIVVEGSGNLKVGDNTRSSSFKYT
 30 RQRLTHEKDGEAGVAIVLNANLGPSAIVGELKLSNKELHLFNSYCEQNKDCAQFKLQSIL
 NVEKKTLLKHQVTVEVDLKKFNVPEFGLKTNEFKNPIDHTTNLYLHSSKDKTEETY
 QAYIHPKEAATILTLPSPREVALILYDVPKTRQTAAYKLDVSLYLDRLKNPSEKTSLSAIG
 DINVDKNSLSLSGETKFTYPTQHKDMMSMGYLHYGGDKLLDANLDIDVFAKRSQKISIV
 ANVQRQQIPNGQNVTSVLEVNNSRGQQQLKLDLKSHLAISKKQIGFTFTYNNVKQKPKT
 35 LGALYSADLNHVSLLITLPDKQLIRDNWKFDIRNTQKVHRELSSLNTPQVLFNEANDF
 NRFKLETYLKNNPNNAVLNGQMVLGQLAEIHAHWFKDGVKHHFLHALVNLDEKQFL
 KPDFGYNTENIAELGKVIKNKNLDVIKDAKDVTGYGYVLDETS AEGSDFVDHLVKAKPSFQ
 SLVEYYEKELNKLKEEMNADETIQEIQVTLICGHQMAEKILDILRKYFGTLEIL TETMKR
 IAHGLEKLKESLNNLISNVKQAVNSMYPKLKESYDKIFHQMLEILDAVIKLANTYLQAVL
 40 NLINEHQKEIKDMLNVISGMSQDIVKILFKGLEQIKLNLDQFCFHLLINQLKALPAYETIKE
 RLEELKNFQIPDNILNSLEELCKLGKNILPTEELRHFDITCEYIILKVKRQKINDMNEKK
 IYSSLVAAVQSVIALAQKQSSLENIWGLISIQTPLGLLSKLPTISALKLSVWNLLRNREL
 TLEDLYYTYRPTPLFRKSGVVTDGGHFFTDFGRHLLTMAGSCTYILAQDMQDGNSVVA
 NFNNGLILISVLTTEPKESIAKNNGNILVNNKPADYPAHTKNLHAYLFPPYGNIKSDYGV
 VSCTSKAPMICAVHVGFYHGKLRGILGDANNEPYDDYTLPSGKITESGTEFGNAYKLKS
 45 ECPEATAVEQHNERTPVCTDYFTGENSPLKSCFNIVKPSLYRDACDHIAAGTPAGACIIA
 MAYHYACYAQGMSTYIPSSCTNCVGGNKIDMGDSFSVKVPKKEADVIFVIEQQIPND
 KVKYKEMITPLMSELREELKQQGVTDVHIGLIGYSEMMKWPQHFTLNGDTNIDGEVKNM
 KFEEGKPIISYQEAKEGNTEKKIDYLHQRMDVELGTFKLTDAYEAAIRYPFRPGAARAVV
 50 GVIANPCEKSPFPISLQLRLLLGLKIYRDLGLYYHSYPKELLVSGKPQKNIVAYDQD
 NVYTFADSKKKPLTGSTDMKSNLVPAIKDVCADFAVFSGGAAFSSNNFLDAKSNQKKQF
 VQVAKRIADSLVNVEFEKDCSCLYEYGMIGRSKCKIVGRKEVPRSAKGKKG
 55

>Amm|020|Hsc70-3_or_Hsp70Ab_NP_001153544
MSKAPAVGIDLGTTYSCGVVFQHGKVEIIANDQGNRTTPSYVAFTDTERLIGDAAKNQV
AMNPNNNTIFDAKRLIGRRFDDTTVQSDMKHWPTVMNDGGPKIKVSYKGETKTFFPEE
VSSMVLTKMKETAEAYLGKIVTNAVITVPAYFNDSQRQATKDAGAIAGLNVLRINEPTA
5 AAIAYGGLDKKTAGEKNVLFDLGGTDFVSILTIEDGIFEVKSTAGDTHLGGEDFDNRMV
NHFVQEKRKYKKDLSSNKRALRRLRTACERAKRTLSSSTQASIEIDSLFEGIDFYTSITRA
RFEELCADLFRSTLEPVKEKALRDAKMDKAHVHSIVLVGGSTRIPKIQKLLQDFFNGKELN
KSINPDEAVAYGAAVQAAILHGDKSQEVQDLLLLVTPLSLGIETAGGVM TTLIKRNTTI
PTKQTQFTTYSDNQPGVLIQVYEGERAMTKDNNILGKFELTGIPPAPRGVPQIEVTFDID
10 ANGILNVSAIEKSTGKENKITITNDKGRSLSKEDIERMVNEAERYRNEDEQQRERITAKNA
LESYCFNMKSTMEDEKIKDKIDSTEKEKVINKCNEVISWLDANQLAEKEEFTDKQKELES
VCNPVVTKLYQGGATPGGFHPGAAGGGGGAGGPTIEVD

>Amm|021|histone h4_XP_006570863
15 MTGRGKGGKGLGKGAKRHRKVRDNIQGITKPAIRRLARRGGVKRISGLIYEETRGVL
KVFLENVIRDAVTYTEHAKRKTVTAMDVVYALKRQGRTLYGFGG

>Amm|022|ubiquitin-60S ribosomal protein L40_XP_003251367
20 MQIFVKTLTGKTITLEVEASDTIENVKAKIQDKEGIPPDQQLIFAGKQLEDGRTLSDynI
QKESTLHLVRLRLGGVIEPTLRILAQKYNCDKMICRKCYARLHPRATNCRKKCGHTNN
IRPKKKLK

>Amm|023|elongation factor 1-alpha_CAA37066
25 MGKEKIHINIVIGHVDSGKSTTGHLIYKCGGIDKRTIEKFEKEAQEMGKGSFKYAWVL
DKLKAERERGITIDIALWKFETAKYYVTIIDAPGHRDFIKNMITGTSQADCAVLIVAAGIG
EFEAGISKNGQTREHALLAFTLGVKQLIVGVNKMDMTDPPYSEARFEEIKKEVSSYIKKI
GYNTASVAFVPISGWHGDNMLEPSPKTPWYKGWKVERKDGNADGKTLIEALDAILPPS
RPTDKALRLPLQDVYKIGGIGTVPVGRVETGILKPGMLVTFAPAALTTEVKSVEMHHEA
30 LTEALPGDNVGFNVKNISVKELRRGYVAGDSKNQPPRGAADFTAQVIVLNHPQISNGY
TPVLDCHTAHIACKFAEIKEKCDRRTGKTTEENPKSIKSGDAIAVMLQPTKPMCVEAFQE
FPPLGRFAVRDMRQTVAVGVIKSVTFKDTQGKVTKAAEKAQKKK

>Amm|024|actin_XP_026296530
35 MCDDDVAALVVDNGSGMCKAGFAGDDAPRAVFPSIVGRPRHQGMVGMGQKDSYVG
DEAQSKRGILTLYPIEHGIITNWDDMEKIWHHTFYNELRVAPEEHPVLLTEAPLNPKAN
REKMTQIMFETFNSPAMYVAIQAVSLYASGRTGIVLDSGDGVSHVPIYEGYALPHAI
40 LRLLLAGRDLTDYLMKILTERGYSFTTAEREIVRDIKEKLCYVALDFEQEMATAAASTS
LEKSYELPDGQVITIGNERFRCPEALFQPSFLGMESCGIHETVYNSIMKCDVDIHKDLYAN
TVLSGGTTMYPGIADRMQKEITALAPSTIKIIAPPERKYSVWIGGSILASLSTFQQMWIS
KQEYDESGPGIVHRKCF

>Amm|025|alpha-amylase_BAA86909
45 MMPAIVLLLALLTLAAGEIAHNDPHFAPGHDAIVHLFEWKWNDIAKECEQFLGPVGFGG
VQVSPVQENIVIDKRPWWERYQPISYKWITRSGTREQFIDMVARCNKAGVRIYVDVIMN
HMSGDRNDAHGTGNSRANTYNFDYPQPYTVKNFHPRCAVNYYNDPSNVRNCELVGL
HDLDQSQEYVRSKLVDLFLNDLVAIGVAGFRVDAAKHMWPSDLRTIYSRVRNLRTHGF
50 PNDAQPYIFQEVIDYGNEAISKREYNGIGAVIEFKYSYEISNAFRGNNNLKWLWNWGEQ
WGFLPSKDSLTVFDNHDTQRDNPQILTYKYSKRYKMAVAFMLSHPFGTPRIMSSDFQS
KDQGPPNDGNGNILSPSIHDNICSNGWICEHRWRQIYNMVRFRNLVKGTKIDNWWDNG
SNQIAFSRGCSGFVAFNGDQYDLKKNLKVCLPPQYCDVISGNLEKGRCTGKIVTVGSD
GNANIEIGAGEEDGVLAHVAKMA

>Amm|026|alpha-amylase_AAM20738
55 MMPAIVLLLALLTLAAGEIAHNDPHFAPGHDAIVHLFEWKWNDIAKECEQFLGPVGFGG
VQVSPVQENIVIDKRPWWERYQPISYKWITRSGTREQFIDMVARCNKAGVRIYVDVIMN

HMSGDRNDAHGTGNSRANTYNFDYPQVPTVKNFHPRCAVNYYNDPSNVRNCELVGL
 HDLDQSQEYVRSKLVDFLNDLTVGVAGFRVDAAKHMWPSDLRTIYSRVRLNRTHGF
 PNDARPYIFQEVIDYGNEAISKREYNGMAAVIEFKSYEISNAFRGNNNLKWLVNWGEQ
 5 WGFLPSKDSLVFVDNHDTQRDNPQILTYKYSKRYKMAVAFMLSHPFGTPRIMSSFDFQS
 KDQGPPNDGNGNILSPSIHDNICSNGWICEHRWRQIYNMVRFRNLVKGTKIDNWWDNG
 SNQIAFSRGCSGFVAFNGDQYDLKKNLKVCLPPGQYCDVISGNLEKGRCTGKVVTVGSD
 GNANIEIGAGEEDGVLAHVAKMA

>Amm|027|alpha-glucosidase III_Q17058

10 MKAVIVFCLMALSIVDAAWKPLPENLKEDLIVYQVYPRSFKDSNGDGIGDIEGIKEKLDH
 FLEMGVDMFWLSPIYPSPMVDFGYDISNYTDVHPIFGTISLDNLVSAAHHEKGLKIILDFV
 PNHTSDQHEWFQLSLKNIEPYNNYYIWHPGKIVNGKRPPTNWVGVFGGSAWSWREER
 QAYYLHQFAPEQPDLNYYNPVVLDDMQNVLRFLRRGFDGFRVDALPYICEDMRLFDE
 15 PLSGETNDPNKTEYTLKIYTHDIPETYNVVRKFRDVLFEPQPKHMLIEAYTNLSMTMKY
 YDYGADFPNFAFIKNSRDSNSSDFKKLVDNWMTYMP PSGIPNWVPGNHDQLRLVSR
 FGEEKARMITMSLLLPGVAVNYYGDEIGMSDTYISWEDTQDPQCGCAGKENYQTMSR
 DPARTPFQWDDSVSAGFSSSSNTWLRVNENYKTVNLAAEKKDKNSFFNMFKKFASLKK
 SPYFKEANLNTRMLNDNVFAFSRETEDNGSLYAILNFSNEEQIVDLKAFNNVPKKLNMF
 20 YNNFNNSDIKSISNNEQVKVSALGFFILISQDAKFGNF

>Amm|028|alpha-glucosidase III_BAE86928

25 MKAVIVFCLMALSIVDAAWKPLPENLKEDLIVYQVYPRSFKDSNGDGIGDIEGIKEKLDH
 FLEMGVDMFWLSPIYPSPMVDFGYDISNYTDVHPIFGTISLDNLVSAAHHEKGLKIILDFV
 PNHTSDQHEWFQLSLKNIEPYNNYYIWHPGKIVNGKRPPTNWVGVFGGSAWSWREER
 QAYYLHQFAPEQPDLNYYNPVVLDDMQNVLRFLRRGFDGFRVDALPYICEDMRLFDE
 30 PLSGETNDPNKTEYTLKIYTHDIPETYNVVRKFRDVLFEPQPKHMLIEAYTNLSMTMKY
 YDYGADFPNFAFIKNSRDSNSSDFKKLIDNWMTYMP PSGIPNWVPGNHDQLRLVSRF
 GEEKARMITMSLLLPGVAVNYYGDEIGMSDTYISWEDTQDPQCGCAGKENYQTMSRD
 PARTPFQWDDSVSAGFSSSSNTWLRVNENYKTVNLAAEKKDKNSFFNMFKKFASLKK
 PYFKEANLNTRMLNDNVFAFSRETEDNGSLYAILNFSNEEQIVDLKAFNNVPKKLNMFY
 NNFNNSDIKSISNNEQVKVSALGFFILISQDAKFGNF

>Amm|029|MRJP1_NP_001011579

35 MTRLFMLVCLGIVCQGTTGNILRGESLNKSLPILHEWKFFDYDFGSDERRQDAILSHEYD
 YKNNYPSDIDQWHDKIFVTMLRYNGVPSSLNVISSKKVGDGGPLLQPYPDWSFAKYDDC
 SGIVSASKLAIDKCDRLWVLDSGLVNNTQPMCSPKLLTFDLTTSQLKQVEIPHDAVNA
 TTGKGRLSSLAVQSLDCNTNSDTMVYIADEKGEGLIVYHNSDDSFHRLTSNTFDYDPKFT
 KMTIDGESYTAQDGISMALSPMTNNLYYSPVASTSLYYVNTEQFRTSDYQQNDIHYEG
 VQNILDQTSSAKVSKSGVLFFGLVGDSALGCWNEHRTLERHNIRTVAQSDETLQMIAS
 40 MKIKEALPHVPIFDYINREYILVLSNKMVKMVNNDFNFDVNFRIMMANVNELINTR
 CENPDNDRTPKISIHL

>Amm|030|MRJP2_AQM49880

45 MTRWLFMVA CLGIACQGAIVRENSPRNLEKSLNVIHEWKYFDYDFGSEERRQAAIQSGE
 YDHTKNYPFDVDQWRDKTFVTILRYDGVPSTLNVISDKTGKGRLLPYPDWSFAEFKD
 CSKIVSAFKIAIDKFDR LWVLDSGLVNRTVPVCAPKLHVFDLKTSHNLKQIEIPHDAVNA
 TTGKGGLVSLAVQAIDLANTLVYMADHKGDALIVYQNADD SFHRLTSNTFDYDPRYAK
 MTIDGESFTLKGICGMALSPVTNNLYYSPFLASHGLYYVNTAPFMKSQFGENNQYQGS
 EDILNTQSLAKAVSKNGVLFGVGNSAVGCWNEHQSLQRQNLEMVAQNDRTLQMIAS
 50 GMKIKEELPHVGSNKPVKDEYMLVLSNRMQKIVNDDFNFDVNFRILGANVKELIRNT
 HCVNNNQNDNIQNTNNQNDNNQKNNKNANNQKNNNQNDN

>Amm|031|MRJP2_NP_001011580

55 MTRWLFMVA CLGIACQGAIVRENSPRNLEKSLNVIHEWKYFDYDFGSEERRQAAIQSGE
 YDHTKNYPFDVDQWRDKTFVTILRYDGVPSTLNVISGKTGKGRLLPYPDWSFAEFKD

5 CSKIVSAFKIAIDKFTRLWVLDSGLVNRTVPVCAPKLHVFDLKTSNHLKQIEIPHDIAVNA
 TTGKGGLVSLAVQAIDLANTLVYMADHKGDALIVYQNADDSFHRLTSNTFDYDPRYAK
 MTIDGESFTLKNGICGMALSPVTNNLYYSPLASHGLYYVNTAPFMKSQFGENNQYQGS
 EDILNTQSLAKAVSKNGVLGVGNSAVGCVNEHQSLQRQNLEMVAQNDRTLQMA
 GMKIKEELPHFVGNSKPKVKDEYMLVLSNRMQKIVNDDFNFDVNFRILGANVKELRNT
 HCVNNNQNDNIQNTNNQNDNNQKNNKKANNQKNNNQNDN

>Amm|032|MRJP3_ADC55524

MTKWLLLTVVCLGIACQDVTSAAVNHQRKSANLAHSMKVIYEWHIDFDGSDERRD
 10 AAIKSGEFDTKNYPFDVDRWRDKTFVTIERNNGPSSLNVVTNKKGGPLLRLPYPD
 WSFAKYEDCSGIVSAFKIAVDKFTRLWVLDSGLVNNNQPMCSPKLLTFLKTSKLKVQV
 EIPHNIAVNATTGMGELVSLAVQAIDRTNTMVYIADEKGEGLIMYQNSDDSFHRLTSNTF
 DYDPRYTKLTVAGESFTVKNGICGIALSPVTNNLYYSPLSSHGLYYVDTEQFRNPQEEN
 15 NVQYEGSQDILNTQSFGVKVSNGVLFLGLVGNSGIACVNEHQVLQRESFDVVAQNEET
 LQMIVSMKIMENLPQSGRINDPEGNEYMLALSNRMOKIINNDFNFNDVNFRILGANWDD
 LMRNTRCGRYHNQNAGNQNADNQNADNQNANNQNADNQNANKQNGNRQNDRNQ
 DNKQNGNRQNDNKQNGNRQNDNKQNGNRQNDNKQNGNRQNDNKRNGNRQ
 NDNQNNQNDNNRNDNQVHHSSKLH

20 >Amm|033|MRJP4_NP_001011610

MTKWLLLTVVCLGIACQNRGGVVRENSSGKNLTNTLNVIHWKYLDYDFDNERRQA
 AIQSGEYDRTKNYPLDQWQWHNKTFLAVIRNGPSSLNVVSDKTGNGGRLQPYPDW
 SFAKYEDCSGIVSAHKIAIDEYERLWVLDSGLVNNTQPMCSPKLAFDLNTSQLKQVEI
 PHDVATTGKGEVLSTVQAMDSTNTMVYMDNKNTLIIYQNAQDDSFHRLSSHTLNHNS
 25 DKMSDQQENLTKEVDNKVYGMALSPVTHNLYYNSPSENLYVNTESLMKSENQGN
 DVQYERVQDFDSQLTVKAWSKNGVLLFGLANNTLSCWNEHQSLDRQNIDVVARNE
 DT LQMVVSMKIKQNPQSGRVNNTQRNEYLLALSDRNQNVLNNDLNLEHVNQILGANV
 NDLRNSRCANFDNQDNNHYNHNNQARHSSKSDNQNNNQHNDQAHSSKSNNRHNN
 ND

30 >Amm|034|MRJP4_XP_026299317

MTKWLLLTVVCLGIACQNRGAVERENSSRKNLNTLNVIHEWKYLDYDFGNDEKRQA
 AIQSGEYDRTKNYPLDQWQWHNKTFLAVIRNGPSSLNVVSDKTGNGGRLQPYPDW
 SFVKYEDCSGIVSAHKIAIDEYERLWVLDSGLVNNTQPMCSPKLAFDLNTSQLKQVEI
 PHDVATTGKGEVLSTVQAMDSTNTMVYMDNKNTLIIYQNAQDDSFHRLSSHTLNHNS
 35 DKMSDQQENLTKEVDNKVYGMALSPVTHNLYYNSPSENLYVNTESLMKSENQGN
 DVQYERVQDFDSQLTVKAWSKNGVLLFGLANNTLSCWNEHQSLDRQNIDVVARNE
 DT LQMVVSMKIKQNPQSGRVNNTQRNEYLLALSDRNQNVLNNDLNLEHVNQILGANV
 DLIRNSRCANFDNQDNNHYNHNNQARHSSKSDNQNNNQHNDQAHSSKSNNRHNN
 40 D

>Amm|035|MRJP5_NP_001011599

MTTWLLLTVVCLGIACQGITSVTVRRENSPRKLANSMNVIHEWKYLDYDFGSDERRQAAM
 QSGEYDHTKNYPFDQWRGMTFVTVPYKGVPSLNVISEKIGNGGRLQPYPDW
 45 ANYKDCSGIVSAYKIAIDKFTRLWILDGIIINNTQPMCSPKLHVFDLNTSHQLKQVVM
 PHDIAVNASTGNGGLVSLVVQAMDPVNTIVYMADDKGDALIVYQNSDESFHRLTSNTFDY
 DPKYIKMMDAGESFTAQDGIFGMALSPMTNNLYYSPLSSRSLYVNTKPFMKSEYGAN
 NVQYQGVQDIFNTESIAKIMSKNGVLFFGLMNNSAIGCWNEHQPLQRENMDMVAQNEE
 TLQTVVAMKMMHLPQSNKMRMHRMNRVNRVNRMDRMDRIDRMDRMDRMDTMDT
 50 MDRIDRMDRMDRIDRMDRMTDMTMDRTDKMSSMDRMDRMDRMDRMDRMDTMDRTDKMSR
 DKMSSMDRMDRMDRMDRVDTMDTMDTMDRMDRMDRMDRMDRMDTMDRTDKMSR
 IDRMDKIDRMDRMDRMDRTNRMDRMNRQMNEYMMALSMKLQKFINNDYNFNEVNF
 RILGANVNDLIMNTRCANSNDQNNNQKHNN

>Amm|036|MRJP5_ADB96941

MTTWLLL VVCLGIACQGITSVTVRENSPRKLANSMNVIEWKYLDYDFGSDEERRQAAIQ
 SGEYDHTKNYPFDQWRGMTFVTVPRTKGVPSLNVISKKIGNGGRLLQPYPDWSWA
 NYKDCSGIVSAYKIAIDKFDRLWILDSGIINNTQPMCSPLKLVFDLNTSHQLQVVMHD
 5 IAVNASTGMGGLVSLVVQAMDPVNTIVYMADDKGDALIVYQNSDDSFHRLTSNTFDYD
 PKYIKMMAAGESFTAQDGIFGMALSPMTNNLYYSPLSSRSLYVNTKPFMKSEYGANN
 VQYQGVQDIFNTESIAKIMSKNGVLFFGLMNNSAIGCWNEHQPLQRENMDMVAQNNEET
 LQTVVAMKMMHLPQSNKMNRMHRMNRVNRVNRMDRMDRIDRMDRMDRMDTMDT
 10 MDRIDRMDRMDRIDRMDTMDTMDTMDRMDRMDRMDRMDTMDRTDKMSR
 DKMSSMDRMDRMDRVDTMDTMDTMDRMDRMDRMDRMDTMDRTDKMSR
 IDRMDRIDRMDRMDRTNRMDRMRNMNRQMNEYMMALSMKLQFINNDYNFNEVNFR
 ILGANVNDLIMNTRCANSNDQNNNQNKHNN

>Amm|037|MRJP5_XP_026299316

MTTWLLL VVCLGIACQGITSVTVRENSPRKLANSMNVIEWKYLDYDFGSDEERRQAAIQ
 SGEYDHTKNYPFDQWRGMTFVTVPRTKGVPSLNVISKKIGNGGRLLQPYPDWSWA
 NYKDCSGIVSAYKIAIDKFDRLWILDSGIINNTQPMCSPLKLVFDLNTSQQLQVVMHD
 ITVNASTGMGGLVSLVVQAMDPVNTIVYMADDKGDALIVYQNSDDSFHRLTSNTFDYD
 15 PKYIKMMAAGESFTAQDGIFGMALSPMTNNLYYSPLSSRSLYVNTKPFMKSEYGANN
 VQYQGVQDIFNTESIAKIMSKNGVLFFGLMNNSAIGCWNEHQPLQRENMDMVAQNKKT
 LQMIISMKILKDL

>Amm|038|MRJP6_NP_001011622

MTNWLLLIVCLSIAQCQDVTSIAHQRKSSKNLEHSMNVIHEWKYIDYDFGSDEKRQAAIQS
 25 GEYDYTKNYPFDQWHNKTFLAVIRYDGVPSSLNVISEKIGNGGCLLQPYPDWSWAN
 YKDCSGIVSAYKIAIDKFDRLWVLDGLINNIQLMCSPKLLAFDLNTSKLLQIEIPHIAV
 NASTGMGGPVSLVVQAMDPMNTVYIADDRGDALIIYQNSDDSFHRLTSKTFDNDLRYS
 ELAVAGESFTVHDGIFGMALSPVTNNLYYSPLTSHSLYYVNEPFMKSQYEENNIEYEGI
 30 QDIFNTQSSAKVMSKNGVLFFGLVNNSAIGCWNEHQPLQRQNMDMVAQNEKTLQMIIS
 VKIIQNLAYSGRMNRIHKNEYMLALSNRMQKIVNNDFNFDEVNFRILGANVNNLIKNT
 CAKSNNQNNQNQKYKNQAHLD

>Amm|039|MRJP7_NP_001014429

MTRWLFMVACLGIAACQGAILRENSARNLKNLKVMEWKYIDYDFGSEEKRQAAIQSD
 35 EYDHTKNYPFDQWRDKTFVTVLRYDGVPSSLNVISEKTGNGGRLQPYPDWSWTKY
 KDCSGIVSAYSIAIDKFDRLWVLDGLVNNTQPMCFPKLLVFDLNSSLIKQVDIPHEIAV
 NTTTEQGRSLAVQAISSVNTLVYIADNKGDGLIVYQNSDDSFHRLTSNTFYDPRYTK
 MTVEGESFTVQDGIVYGMALSPMTNNLYYSPLASRDLYYVNTKPFIKSEYGENKVQYNG
 40 VQDVFTQTTAKAVSKNGILFFGLVNNTAVGCWNEHQTLQRENTDMVAQNEETLQMI
 VGMKIKQLLPHIVIIDNIINDEYMLVLTNRMQKILNNNDLFNDINFRILIGGVSDLLENT
 RCTNFNIQNDDSDENNDDSDIRITIDASFN

>Amm|040|unch protein LOC408608_XP_397512

MQLRVLFFFVATISYAIADSSSSSESKETAVDALKNIGKSADNIVKQFGKGFAAVAK
 45 GNLGTVNLTKVLKSVEDRLKLPTLSKYSKEAKSQIVAAREQVANALLEGSSDLIGALKD
 AVELAIRASTPIENLIEIFDTIKDVFHVAVNNNSIAIGLNIIEDGVPLICQVIVETMKVALKV

>Amm|041|apolipophorin-III-like_NP_001107670

MKIILTIIFSIILISEAKVAPTSTTNSQGTPDVQLSELISQAQANINNLAKQIQEQWNIPDQDT
 50 IVKTVKDQSANFVNNIQDYIKNVTEEVKTKPELERSWNDVKTMLNKVVDDISSGIPNA
 QQVVAELQSKFQQGVQTLLKESDKAAKSLSQHSQHGKIQEDLAKFTKQAVDIAVQATQNL
 NNQLQTAATQKS

>Amm|042|unch protein LOC726323_XP_026301350
 MGTNWLRDLHENINALNRNLQQNMYQLQQRIHNTVQRNLEAHRLTENLDSNSNMIQ
 MIGGNSVIVTNNDGTKIVQSGRTSDGKPYIRESTDKIIGDTLRHIERIYDPITNTSKMHGYT
 LNLKDPSAKPVPLNDTV

5 >Amm|043|Obp 14_NP_001035313
 MKTIVLIFGFCCVGALTIEELKTRLHTEQSVCCTETGIDQQKANDVIEGNIDVEDKKVQ
 LYCECILKNFNILDKNVFKPQGIKAVMELLIDENSVKQLVSDCSTISEENPHLKASKLVQ
 CVSKYKTMKSVDFL

10 >Amm|044|unch protein LOC727028_or_takeout-like_XP_001122741
 MLPQRRITICAVIFGLFCIGESPVSCDKEQSRNAALNEPDFEIPEYILPCSRSDPKIDVCFQN
 TLNHLQPYLLKGISELDLPPIELPIPELGMENGQGAVRVRALFSNITVIGAGNYSLTKSRV
 DLKTYRLDVHLAFPKIELQGRYEVGVNVLLFPIQSHGEFWALFGDVQAVARIQGAEEIRD
 15 GVRYLKVVRMLVDFGLGRARFRVVDQNGDNIGQAMNQFLNQNAKEIIEMRPAASA
 SIAKHFKNFLGKALNKVPLKVWLRDT

>Amm|045|ferritin heavy polypeptide-like 17_XP_624076
 MLFLGILFIFLATASAEYCTDEVNKFCSTTKHEIGIESNCATYGNIHELLVPLQSYAYG
 20 NIEYSFRFLLMSTYLNYENQREGFKLYRKYSDEMWENGIDLKYITKRGGSMNFGQE
 PKFTPMIKTLELNEFASLATALEIQKSFANQALKIHEKANKKQDSAIAHYMEEKFEPQA
 DRVRELAGHIRDMKRFIDESSHLSIFLFQDQYLQQSV

>Amm|046|ferritin subunit heavy chain_XP_026300991
 25 MKLLYVLFIVFVYINGSLGNDSATRSCIISNIAADENATKHLDMDKNCIKSLESQVNVEI
 KAAMTYLAMGAHFALDVINRPGFSKFFFESATEEREHAIKVLEYLLMRGQLTNINEDNV
 LLRFPLEAEIENWNSGYKALKKALKLETSVTKIRELIKTCCEHPNDINLVDYHLVDYLTG
 EFLTEQYKGQRDLAGKISSLGKMIQTHGMLGEFLFDKLLNNEI

30 >Amm|047|laccase-5_or_polyphenol oxidase_XP_625189
 MFKNIMKFHIFFILLIYTQFSYSYRSWKHSNYSIFSSPEECVRNCTDNEQPKICYYFFHIEF
 YTTVGPACDIQGSNQCILADGIEKTLIPINRQLPGPIEVCLNDRVVVDVQNAAMGMEATI
 HWHGLFQNGFQYYDGVPYVTQPCIASSSTFRYDFVVKNSGTHFYHSHISTHMLDGQIGS
 FIVKDPPRKNPHRDLYDKDEIVIFLSDWIHELSFERYPGYYRYNVLGQTAENILINGNY
 35 TNASGNTTNGSLKVFTVKKGERHRIRMINSFSTVCLTELRIEKHKLIQADGENVKPKPV
 DKIVTSTGERVDFILVANQSVDSYWIQARGLGECAATFMQQLAILKYENGPSRPSTPLLN
 YNDTIDGVIYNGLNGTLCNTNITEPVLCINQLESLESENDLLKVEPDERHILPFWFNYTD
 TSKNRLFNSSSYLPFFNANDRSQLLSIFNDIAYENPASNLLTQSSSYRAICKKNQLSTCTEP
 40 CTCAQIICKLNNVVELVMYDAIPQTLDHPFHGFAFQVFSVGQFWPIRNISRQDINE
 VIQEHTERLRRGEYKNPPGKDTAKIPMGGYVIVRFKADNPGWWLLHCHFSWHHITGME
 LVILVGDENDLPPIPKNFPKCDNWKPPVRIANDYLFPPQS

>Amm|048|esterase B1_XP_016770320
 45 MNGITLSIFFSVLTLNNADIQRTSVVQTNSGPVQGAALTIVWNGIEYSSFKGIPYASPIIG
 NRRFRPPVPPQPWNETLDAIEEANECPQEMSNSVYSGNEDCLYLSVFTPQTKFNDKELKTL
 KPVMVWIYGGSFLRGSNNASLYGPDFFMEQDVVLVTFNYRLGALGFLYKHENAAGNA
 AMRDQLMVLEWRDNIAFGGGDPNRVTLFGESAGGASVNYHVLSEKSRLFHQAIEQS
 GTSATYLYKTQKAQFTACKLASELGFESDDPNELLKFFLEADAKDLVATTNRAFPLGT
 DFSVPFAPIKENPDLVDPKDMFLSECPTLAANQKFNKMPVMLGFTHDEVLDFSGELYQII
 50 NTTADILNELFNLKLDLQGPYEEVKELSVVLSDFIMKGPIPDAQRLLVDGNDYPVYYY
 QLSYVSNYALHAQDGIPERGIAHFDDIGLLFNVESLNAPTDPRHPFNQFRQKLVTLWANF
 AKYGNPTPANANPLNDVIWKPSGEAGQLDMGDNFQMIDRKQAINERALITEKYLYVS
 MPITSDCNEISYANYFSLF

>Amm|049|pancreatic triacylglycerol lipase_XP_026299639
 MRHQAMHAVSYYDLIDSSFFRLYNRNGSYIDTNENASVLLPYIEKNNSLVLYLTGYTY
 DIDSENVKLITGVYLNNTQHNLALDYRNITRTDYLTAZYAINDLGKLVDALNSLVNG
 GVHSELIHIIGHSLGAQLAARIARNVFVISRITGLDPAGPLFYFLNFLTSSDARFVDIHT
 5 DIGVYGLALKTGNVDFFPNYGHRPQPNCPFLSPILSQMDLCSHSKSFEFYAESVKNHTSLI
 GKCYSLSEC GGVEYIPMGYATPSNATGYYFITNGESPFGRGLAGATFTPLKVIPIL

>Amm|050|lipase member H-A_XP_026299638
 MIKNRFCIFIACLYFSWTVFASDLTENVFLRLYKRNGSYIDENIRNANLLISHMDKNNKIV
 10 IFLSGWNEEINSEDVQLITNAYLENTEDNILALDYRVNSTEFYLFAVPDLYKVGKSAAA
 LDNMIEGINSKNIHIIGHSLGAQLAGIIGRNMNYKIGRITGLDPAGPLYYLLNNHLSISDA
 DFVDVIHTDMGIFGIALKIGHVDFFPNYGSRPQPGCLLSSDDFCSHRSYKFYAESVKNH
 NAFIAKCDLLNECNGVEYIPMGYVTPTNATGNYYFSTNSKSPFGRGLTGATFNPLRIMPV
 15 L

>Amm|051|pancreatic triacylglycerol lipase_XP_623663
 MLNITYFYFFF AFFNFLLAVNADVTQNVFLRLYNRNGSHIDENIRNASIFLPYIQKNNFLIIIFI
 NGLNNDINSLSDKLISSAYLDTTEVNVFGLDYRNVTQFYPFAVADISTVGKFVANALDD
 20 MVENGINPKKIHIIGHSLGAELAGSIGRQMKVKISRITGLDPAGPLYYLLNNHLSISDADF
 VDVIHTDMGFAGLALKIGTVNFFPNYGRRPQPGCSIETSSCSHRSYEEYYAESIRNHEAF
 IGKCYSLNKCSGAEVSMGYATPSNATGNYFLITNSKSPYQGFGAGATFNPFLVTPIA

>Amm|052|unch protein LOC413627_or_regucalcin_XP_026298038
 MQNICIILFLGLYFDFFVHGIEVDINLKHNSDLVIEPIIIGRFDHSEGPHWDHSIQKLYFVDIE
 25 AQKIYRFDPVTKDLSCIFIENGPIGVIPVEGEPHKFVAGCGTDFILVTWDEHRNATKSIPQ
 VLSIVDNDRNGTRWNDGKADSLGRFWGGTIGPEINDVVPNQASLYRIDSDLKPKKELSP
 VTNSNGLAWNLDQNTFYYIDTPLQVAAFDFEPINGTISNKRIAFDLQKNNISGIPDGMTI
 DKNGNLWIALYGGGGVINVNPyTGEIIRLIELPVTKVTCTFGGPLLDTLFVTTSSRDLTK
 KELTEKPYSGYVFAIKGLGVYGLVANSFKIIKKMSEITLEPLVGPYDLGEGPHWDPIQSQK
 30 LYVDIYAQKVFRDPASGIVTSVFIENGPGVGVPLEGCTDKFVAGCGIDFVLFSWNSE
 KSLENCTAQVLVSADSDRIETRLNDGKDSSGRLWAGTMGHEKNGIFPPNIGSLYSIGND
 FMLKKQISPVSISNGLAWNPNNNDIFYYIDSLSYQIVAYNNSQTGIISNKKIVFDFLKNNIP
 GLPDGMTIDTNGNLWVAVYGGGGILNINPKTGEELLRFVKINNAKNITSVAFFGPNLIDLY
 VTSARTGLNENQLKEQLHAGYLFAIKGLVCGFPANSFKLPKIN

>Amm|053|glucosylceramidase-like_XP_006570612
 MWKAVLLIAILSAATNKSVANDCVPRSGTNNIVCVCNSTYCDSTPEPKPSSPEKGTFHW
 YVSSRDGLRLSLSKGQMGRQCQNDGSLTLNIDTSKRYQTILGFGGAFTDSAGMNIKNLSE
 40 ATQDQLIRAYFDPKDGSRYTLGRIPIGGTDSTRAYTLDDYDDATLQHFALAPEDVEYK
 IPYARKAELNPDLRFSAAWSAPTWMKTNHKINGFGFLKTEYYQTFANYILKFIEEYKK
 NGVDIWGVSTGNEPFDAYIPFERLNSMGWTPELVGDWIANNLGPTLANSEYNATHIFVL
 DDQRLGLPWFVNEIFKNEIARNYVYgiaVHWYADILIPPVLDQTHNNFPDKNLLMTEA
 CEGSFPLEKKVVLGSWERGKRYILSITQYMNHWGVGVWDWNIALNKGDDGPTYINNNV
 DSPIIVNPENDEFYKQPMYYALKHYSRFVDRGSVRIFITDTIEIKAACAFITPSNEIVVVAYN
 45 DNNEKTNVVLNDVTSEDYICLELPPHSMMNTVIYINK

>Amm|054|putative glucosylceramidase 4_XP_393208
 MNTKHWAKLLFLISFFF RKSIA NDCA PYRVDNEIIACVCNATYCDGIPDNIPEVPTEGNSY
 WYVSNKQGLRMNVSEVKFDRCENFVADTTITVDSKKYQKII GFGGAFTDATGINIAKL
 50 SRATQEQLIRAYYDPKKGSRYTLGRIPIGSTD FSTRIYTYDDAPGDKLLKNFSLAPEDNY
 KIPYVKLAELNPEVLLFAAAWTAPLWMQFDNNITYLKEEHYETYVNYLIKFLDKYER
 NGVNIWGITPSNEPLLGFMIDNPNI SMTWIPKTQANWIANYFGPILASSPFNKTLLTYDD
 NRIKAIEYVKAIAEIGGKYIAGIGIHWYKDSTYPATIIDRIHEKYPDKFILMTEASIFNPIWN
 CSSKLKSEAWQRGEKYILSIIDYMNHWSVGWDWNMVL DKTGGPTVVNNLD APIIVN

PETDEFYKQPLYYAIKHVSFVDRDSFRISIIDNNNSINSTAFLTPSGETVVVLYNGATSTKH
IILKDLQKDSKLCLELSPQSMNTLK

>Amm|055|unch protein LOC102655185 XP_026299771

5 MAKFALLFCLIIIFTAYANSQFIPSFLNPTKKVEQYEKHVIEKINNIINKGNTIFLQRKEQAK
KLVEEMKKSERINTDARNFVN NILKTMGFELKNLKKYLKGMSDCNAKEKELDHLFDQ
FIDSTNNCTSRLNEAIQLTVEINTKSENLLNDLNISTNAAKCTTINKFPFEIMNCLNDAL
NRAIRYSLVDILETSKQNDYIITLIJKLKISLNKCNIDEVKDISHQITALRKEIKDCYKNLYT
10 SSPKYTTSAWQPTTVTKPDILTSTTSTEQSSSTEGPSNTSSTEQSISSTEQSSGTTVRPFT
SSTSFTSDSTGWSSSSTQQSSSSTEQPGSSSTTQSSSTGGWSSISTEQPSSGSTERPPGSST
STSSSTEQSSSTGLPSSSTGGSSGTNTQSSSTNEQPGSSSTAQSSSTGGSSSTGLPSSST
GGSSGTNTQQSSSSTEQPGSSSTAQSSGTAGWSSASTEQPSSGTERPSGSSTPSTSDSTG
15 GSSSTGLPSSSTGGSSGTNTQSSSSTEQPGSSSTAQSSSTEQPGSSSTAQSSSTGGWSS
TEQPSSGSTEQPGSSSTAQSSSTGGWFTSSTEQPGSSGTERPPGSSTPSTSGSTGGSSSTGL
PSSSTGGSSGTNTQQSSSSTEQPGSSSTAQSSSTGGFSSTTQGPSSGTTVRPGSSTPST
SGSTGGSSSNTEQPSSRSTETPGSSSTAQSNSPGGSSSTEQSSSSTERPSGSSTPSTSGSTG
GSSSNTEQPSSRSTERPGSSSTAQSSSPGGSSSTEQSSSSTERPSGSSTPSTSGSTGE
20 STEQPGSSGTERPGSSTPSTSGSTGGSSSTGLPFSNSTGGSSSTQQSSSSTEQPGSSSTAQSSGGWSS
QPSSGTERPGSSTPSTSGSTGGSSSTGLPFSNSTGGSSSTQQSSSSTEQPGSSSTAQSSGGWSS
SSTGGWSSSTEQPGSSGTERPGGSSTAQSSSTGGSSSTEQPGSSSTAQSSSTGG
SSSSNTEPTSTGTDVTIYTDKFTNSTIEVSTDVTASSNNTKVSTDITEGLPSITPVSN
LPPCVCFSYGY

25 >Amm|056|xanthine dehydrogenase_XP_016768886

MTSAQENIRDSKNIIQLIINEQSYIVKEDIPPDTSLNTFIRDYAKLRTKAMCLEGGCGACI
VSVKINDEDISVNSCLVPILICNGWIICKTIEGLGNKNGYHTLQTGLAGKNGSQCGFCSPG
MIMNMYSLLKKNLTMKQIENSFGSNICRCTGYRPILDTFKAFANDAEENVKDIQDIEE
LFNIKACKRINALYENSCNCCTVIQKTEHKIDMKLDNSEFHKILSIDDLFALFQKNPNAS
30 YILHGGNTAHGVYRSKIPDLIIDINDISDLRNIRKDNDLTIGGNVSLTVAMETFEKYSKEP
GFKYLQHLAKHIDLIAVPVRNIGSVAGNLMIKYEHREFPSDLFILETAGAQLHIVEAGG
KKTPMTLLKFLNCNMKHKIIYSIILSALSEEYEYRSYKIMPRSQNAHAAVNAALFKLDG
SGKVLEKPNIIMGGINKNFLHASKTENFLFGKFIFEENIVKQALDILDAEIQPDYVLPDYSP
KFRKILAESLFYKFILSIKPENVNPTLRTGGSILERGLSSGKQNYDTNKNLWPLNQPLPKM
35 EAIYQTSGEAIHYTNDFPPFPNEVFCAFVLTvangkiknidaseALKMKGVIAFYTA
GKNVFIGDAQLLFLNFDEVLFDVTNIEYAGQPIGVIVATTFTIANQAAQIVNVSYIDFIPE
KILLTIEDVLA LNDNTRIYESVNSIAQTGNDVKHIIKGTRNGSQQYHFTMETQTCVCVPI
EDGIDVFAATQWMDLTQVAIAQCLNIKNN SININVRRLLGGAYGAKISRATQIACACALV
CYKLNRPVRFIMSIESNMLAIGKRYDTRQEYEIGVNDGQIQYLN SKHWGNNSNFNEY
40 HAPIVVEQMKN CYDFSTWTYQGFEVKTDLPSNTFCRAPGSTEGIAIIENIMEHIAKTVGK
DPLEVRYANMSEDHKKILQPMIEELCQNADYDTRKRSVDIFNAENRWKKKGISLIPMMF
PLTIFGQFHALVSIYARDGTVSVTHGGIECGQGINTKVAQVAHTLGIDLSLTVKASNN
LTSPNNIVTGGSVTSESCAYATMMACKELLQRLEPIKKELKNFSWQKLIFTAYSKDVL
ARYMFTVKDDIKSYPVYGA TIAEVEIDVLTGQHITRRVDLIEDVGRSMNP
45 AFIMGIGYWIYEQLIYDQKTGQLTNYRTWNYKPPGAKDIPVDFRVYFRKNSTNPLSVLR
KATGEPLCMSYAIPIAIHNALNSARKNAGNNDTWYNREYPLTIEKILLDSLTTKEQLVL

>Amm|057|lysosomal alpha-mannosidase_XP_026296064

50 MSWLEFLLISFFLFFTHGASIPKRQTQVCGYEACPITDSKKNLNIHLVAHTHDDVGWLKTV
DQYYFGSRPTIQKAGVQYILD SVI Q ALLANPERKFIYVETAFLWKWWLRQSEKTKQDVR
DLINQGRLEIIGGGWTMNDEAVTHYHSIDQYT WGFRLNDT FGS CARPHIGWQIDPFG
HSREQASLFAQLGFDMFFGRLDYQDKNKRLR
DKTMEFIWKGSSNLGSRADLFTVVL YNN SPPPFCYD VLCNDEPIN DDLES PDYNVDD
RVNRFLQYAVHQSEVYRTNNVIL TMGGDFTYQQAE MYFSNMDILIRYVRERNSSDVNIF
55 YSTPSCYLKAVHD AKLQWTTKDDDFFPYASDPHSYWTGYFSSRPTIKFFERMGNNLLQI

SKQLSALTQLKGYEKELEHFREAMGVLQHHDAVSGTEKQLVADDYARILYNGMEQGT
 NIAYKALRKWMLKENSQFLKEHIHSCMQLNISSCTYTEGNDLFILVIYNPLSQNVVSPIRP
 VQEDAYKVIDFSDGEEVISQIVPIPNSVHAIPGRKSNAMELVFLASLPPGYKSYTIKRA
 ESARQEAMEEISIGNEFYNIWVNQYNHVVEWKKEKNMRLTQSFHYYEGMEGNMMEFK
 5 NRSSGAYIFPRPRNMVFVKNFVTPTFKVYKGPLVEEIHQYINDWVSQVIRVYNGMEYVEF
 DWLVGPIPKDMIGKEIITRYYSNLNSSGEFYTDNSGREMLKRKRDYRPTWKVNLQEEVS
 GNYYPITSKISLKDEERRLKLSSLTDRAQGGTSMKDGEIEMMVHRRLLKDDAFGVGEAL
 NESAYGEGLVVRGSHYIIGGSIKNLDELAIKEKNLALQLLRPWPFISNESNFSTYAQHFS
 QYATSQNIGLAKALPPNVHILTLEPWKEDSLLRLEHIFEIDETENLSKPVTINIQDLFKT
 10 TIVSVKETTLGGNQWYKDMNRLKWDATNDILYSEEQQYQPVEIKDGIINIILKPMIERTFI
 LKIVPKRLNKIL

>Amm|058|serine protease inhibitor 88Ea_XP_026298978
 MMGAGSKKAIIDSKFRFALETLKKISLFEQDNIYSPYSIHQAFTLAYFGSRGTTEEALKR
 15 ALQLPADISKVDVQRYSFENTLKKQINGQNDVSSNYEFNSANRLWISDKKKVRECILSL
 FGNQLEMIDFKTNPNAVRDQINNWVSNMTKGHIRDLLPPNSITTDLVLANAVYFKGL
 WKSRFNPNNSKKDIFYSSKSQHSMVKYMRQQGFNFHVICEILGAHVLELPYKGNEISMFI
 LLPPFVTKISNDSAQNGERDSIYHLIERLSTEAGYTEIRDLLTSDSLPQPVEIILPRFEVEKEL
 20 QITLLDAIGAGELVMPDVANLKGVEDGEESVHLGAAVHRARIEVTEEGTTAAAATAI
 YTFRSGRPLVPTVFNANHPFVYFIYEPKRTILFAGIYRNPNQTQKNAAAETA

>Amm|059|chymotrypsin inhibitor-like_XP_006563421
 MSRAILFVLLVVAYICISNVNACGQNEQFKECGGCDQRCGVERIECLEVCQPGCACIKGF
 IRNAANKCVLPKHC
 25

>Amm|060|chymotrypsin inhibitor_XP_001120999
 MSRYIFTCLMIATLLAVYVDAQNNEENIRCGENEKPYIC GSLCEPSCNAPHNRIFCPRIEC
 TWSLTGCRCEQGYLRNNNGVCVPSSQC

>Amm|061|chymotrypsin inhibitor_XP_006563422
 MSRIIFILLAAMAIFSSSGEECGPNEVFTCGSACAPTAQPKTRICTMQCRIGCQCQEGF
 LRN GEGACVLPENC

>Amm|062|ATP synthase subunit alpha_XP_392639
 35 MALLSLRLVSSIARQLPNTTIQVKWPLSISSCKYHVSCSRRSAEISSILEERILGASP KANLE
 ETGRVLSIGDIARVYGLKNIQADEMVEFSSGLKGMALNLEPDNVVVFGNDRHIKEG
 DIVKRTGAIVDPVGEEELLGRVVDALGNPIDGKGGPLNSKLRFRIGTKAPGIIPRVSVREPM
 QTGIKAVDSLVPIGRGQRELIIGDRQTGKTALAITDIINQKRFNDAGEEKKKLYCIYVAIG
 QKRSTVAQIVKRLTD SGAMDYTIIVSATASDAAPLQYLAPYSGCAMGEFFRDNGKHALII
 40 YDDLSKQAVAYRQMSLLLRRPPGREAYPGDFVYLSHRSRLERAAMMNESLGGSLTALP
 VIETQAGDVSAYIPTNVISITDGQIFLETLYKGIRPAINVGLSVSRVGSAATKAMKQV
 AGSMKLELAQYREVAFAAQFGSDLDAATQQLLNRGVRLTELLKQGQYVPMAIEEQVAV
 IYCGVRGYLDKMEPTKITAFEKEFLAHIRTSQRDLLNTIAKDNTISEASDAKLKVVTDFL
 ASFSG
 45

>Amm|063|hexamerin 110_BAI82214
 MRYFIILLALVALGVCAPNVKQRAADQDLLNKQQDVIQLLQKISQPIPNQELQNLGASYD
 IESNSHQYKNPIIVMYYAGAVKAGLVQPQGTTFSNSISQLKEVSLLYRILLGAKDYQTFL
 KTAAWARVHVNEGQFLKAFVAAVLTRQDTQGVIFPPVYEILPQHLD SRVIQE AQNIAIQ
 50 NTQGKNNQQNILIPVNYSALLSHDEQQLSYFTQDIGLAAYYAQVNLAGYIQEQQQQQQ
 QPLTQQQYQQQIVGKYLQQQAGQQDQQANIGRGAQYLYLHQQLLARYELNRLSNGLG
 PIKDIDYENVQSLYQPHRLGLNGLEFAGRPNQLQLQSQRNQLIQYVATLEKRLRDAIDSG
 NVITPQGVFLSLYQPQGMNILGDLIEGTGRSVNPRYYGSLQAAARKLLGNAPEVENWD
 YTPSSLELGEVAVHD PVFYQLYKKVMNL YQQYQQSLPVYQYNDLILPGVTIQNVDVSQL
 55 VTLFTDFYVLDLAVTGHQSQQQEEQTQSRVRAHLKRLDHQPYQYKIAVHSEQNVPGA

VVRVFLGPKHDHQGRPISISKNQHLFVELDQFIQNLHAGENTIIRNSQQAPGQSPDWSTS
 QIQRGVNAIRSQEFPYITEPHQIFSFPARSLPKGQPQGPLQFLVVISSNPLNPYGPVI
 PEQSLTYQDQQYQVVSVQEYQQLKEQQISQVGQGIQQNVEVLPELVNAQQQVQAVR
 5 NYANLYTKYHGQYPNTQIQNPVGQGQDMTYSVQGVGVNVAGWLGQQGNSWSQQ
 QQSVLQGLGVQGVQQGVQGVTAQGVQGVQGVQGVQGVQGVQGVPGPLLQGVQQV
 FGQGVQGMNVPYGMQRGQSQQTWSNSQVQGVAVPGSGIVASGQQHAGGWQSIYAQ
 PQTVDQIVSEYYQNKPISEVIGGAISLDGKPLGFPLDRPLSLGALSVPNIFVKDVLVFHQ
 GQPTNDITQ

10

>Amm|064|hexamerin 70b_NP_001011600
 MIVIMKAGFLFLASLCLLVQAVPNKVADKTYVTRQKNIYELFWHVDQPTVYHPELYQK
 ARTFNLVENLDNYNDKEAVNEFMQLLKHMPLRGQVFTMMNKEMRHQAQVLFRLLY
 SAKTFDFYNTAVWARFNVNEQMYLYALSAVIHRPDTKLMKLPMPYEVMPHLYFND
 15 EVMQKAYNIAMGDTADMKKTYNNDYYLLAANYTGWLTKHNVPERRQLNFTEDVG
 LNHFYFMLNHNYPPFMLSNSLNFPQIRGEFYFFLHKQVLNRYYLERLSNDMGEVSYVSL
 DHPIPTGYYPTMFRNGLAFPQRETGATVPLHMQKYVQMIHDLHTRISTAIDLGYVVDS
 YGNHVKLYTKQGLNVLGNIVQNGDSVNQLYGQLDLLVRKVVLGFGYESNVKYQVVP
 20 SALQMWSLSDLRDPVFFSIYKTILDYYHKYKENLPKYTTEELNFPGSIESVTVDKLITYFD
 HFESMLNNGVSIQSHAKAKNTMIKARQYRLNHKPFTYHIVVNSDKNVKGMRIFLGPK
 YDEFGHEVDLVHNYMFNMQMDEFVVLKSGSNTIERNSHESVFPVDEVPSDVLYNRL
 VVSEDGSETFKYSSQPYGPERLLLPGKKEGMPYNVLVVSPFDDSNVQIDSPVWGR
 HIYDGRAMGFPLDKPVDPLLLVLNSIHVKEVLVHHREMEELNVAL

25

>Amm|065|hexamerin 70a_NP_001104234
 MFIPSHQVWLVGLLAFSLVGAEEYDTKTADKDFLLKQKKVYNLLYRVAQPALANITWY
 NEGQAWNIEANIDSYTNAAAVKEFLSIYKHGMLPRGELFSLYYPQLLREMSALFKLFYH
 AKDFDIFFKTALWAKNNINEAQYIYSLYTAVITRPDTKFIQLPPLYEMCPYFFFNSEVLQK
 ANHALIFGKLDKTSGKYKEYIIPANYSGWYLNHDYNLENKLIYFIEDIGLNTYYFFLRQ
 30 AFPFWLPSKEYDLPDYRGEELYSHKLLNRYYLERLSNDLPHLEEFDWQKPFYPGYYP
 TMTYSNGLPFPQRPIWSNFPIKYKYIREIMNKESRISAAIDSGYILNNNDGKWHNIYSEKG
 LNILGNIIEGNADSNTFYGSIDLARKILGYNLEAASKYQIVPSALEIFSTSMKDPAFYRI
 YKRIIDYYHSYKMHQKPYNKDEIYPNLKIESFTVDKLITYFEQFDTTINNGLLEEQRND
 DKPFLIKIRQYRLNHKPFNFHITINADKPMKAIRIFIGPKYDSSHKLIEIPEDLKYFYEIDN
 35 WMLDLNSGLNKITRNSLDCFFTMDNLEPSEIFYEKIETSLNSDKPFTYNERIFGFPGRLLP
 RGKKEGMPFQLFLYVSPVSEYNQYNSRIWGGYKFDKRSFGFPLDKPLYDFNYEGPNML
 FKDILYHKDEFDMNITY

>Amm|066|hexamerin 70c_ABR45905

40

MLSKVVLLVALAAICGAQGASYAGRHTADMDFLHKQKKIFDLLLTVRQADLSDAEWY
 DVGRNYDMESNMDMYKDKNNVQKFLWWYKQGMFLSRNAIFTPLNSEQKYEVRMLFE
 LLYNAKDFQTFYKTAAWARLRMNSGMFTTAFSIAVLYRPDTKYMKFPAIYEIYPNYFFD
 SSVIEEAQNLKMSRGSSVVTGMNNIETYIVNTNYSSKYMREYNDPEYKLDYFMEDVELN
 AYYYYMREMLPYWMSSQYHMPKEIRGQLYYFLHKQLMTRYFLERMSNDLGKTAEDF
 45 WNKPINSGFYTIMYSNGVTFPQRNRSSLPPYYKYKYLNVINALEMRLMDAIDSGYLIDE
 YGKKIDIYTP EGLNMLGNVIEGNSDSINTKFYGMYDILARDILGYNDFQNKNNLIPSALQ
 SYSTMRSRDPAFYMLYQKILSYFLRYKKLQPQYSQSELQMPGVKFESVNIDKLYTYFDKC
 DTLINNAVAVENFKGGMYLRLKARRACMNYERFTYKININSDKETKGMMRIFLGPAFDE
 IKHDMVYLQKFYLFMEMDRFAVTLRPGNSIERQSSESPFTTSTIMPSDIFYDKLNKAIG
 50 GSEPFTYSEKMLGFPERLILPRGKPEGMRYKMFFLSSMDESNTKSYEIPLYGKMTLDDK
 VFGFPLDRPMWAWNFTIPNMYFKDVFIFIYRNPNESMNY

>Amm|067|14-3-3 protein epsilon_XP_006559884

55

MSEREDNVYKAKLAEQAERYDEMVEAMKKVASLDVELTVEERNLLSVAYKNVIGARR
 ASWRIISSIEQKEENKGAERKLEMIRQYRSQVEKELKDICADILGVLDKHLPCASTGESK

VFYYKMKGDYHRYLAEFAVGNDRKEAAENSLVAYKAASDTAMTDLPPTHPIRLGLALN
 FSVFYYEILNSPDRACRLAKAAFDDAIAELDTLSEESYKDSTLIMQLLRDNLTLWTSDMQ
 GDGEQEQQKEQLPDVEDQDVS

5 >Amm|068|larval-specific very high density lipoprotein_NP_001318046
 MNTLIVLLGILTTVIAVPAPFPHGKLVTYKYIADVKAGVDPPLSASNYGIECLLNQVHVT
 DTNSKNYYYVLNTNVKYRLYNGFSKHYESLSVMESIPDVADAILNPFLVVYDENGHLKG
 VKFVENEAGWSRNMKKGIVSMLQLDMTNIRVQTPMKSHSFITTHEETVHGTCQVAYNVH
 PLDHVGSNKEFVTKIQESKNCTRFSYHETNHFDESEKCHVDEWDDMTASRRIFVVESQ
 10 DNEVLIKLLIGHGMINYLPWTAESEAHLLTNQLHLKDVSVSESRLSDVARLNPSIIEN
 VIYDEPTTSYVPQADVDVTHGRHIVKLDDLILKLRMLDEVAGYLKESQTEKKQSDWK
 HDQTINRILHVMGYMDVASLERVYSEIQNGKDANEIAKRNIFLGILSSVGTAPAACLFRN
 VVRTKSVPKWNAITMLGNLAMHVVKPSKLLVQMEELLNLDDSVSVEVKEASIFCFAT
 LIRKTFEHEETGAIDPLLDKYLHHFMEHIRNEPTHMVKVYMMAMKNVRLTQILKFEP
 15 IIRGDEVVSDKPHNIRAQAIWIMRNVVFEHPRYCYNLLWPVLTDVILPTAVRIAADFVLM
 NETPQSERFINVYWLMVYEKNEHLYNYYVDTIKGLATSDPCLMQARELAKKLLKIVR
 VRNVTGPLSRKFYVDYVDNKYEYNERVKGSILVDHASGLPYIGSIEHVASKARKPVTK
 LGIHWNIDGLSEIVKDIENVFGNVVQAIKNDNVKNVLISAAKIMPKIKDVNVNVILTMN
 DNVVSIFHCTKNNWQKILNELKQWKRLITEYMDVNWQTVLYHDYHEMHVTDLGVP
 20 AILSTKIPSLFSLVGSFEVSEDKNLLILKPKIKYQQWMHGEHTMSIYNPADVWHSVHKT
 SSFDIVAPCEMTIGWNWTKSLKVTWPRPLPTDFSVAGISIHGKNYITVLNDQHDLLKKS
 CFTCHHYEVVTNNVNLRTYENTFDSDKDIGTRFKMQYHCDNDIFPVSLLDEWLIGLSESK
 TIENSMMQAVIAFRHKIMNDIILGQGKSCSLVYKVEPSIYPTSVIDLIGKVSIQDFHETQK
 MDLLRSKRDIRGNLNAKAASTNESIRQWDMNLNIVLSQGHVNNSMRIMITRTIPEEKNL
 25 KICIEAQNEYPEITDDLLTVNGKETNTKMTITMGQTKE DKCVRDEMVTIIMKGEMLE
 EQKNQMSYDSMYIECYNQSQNPLFHTKSSKVPKTKECIEEDILHSTLRKYTLDMTVRKV
 PQQIMSVVNIVHDKLRAVFFDHMKHTWNHVQPGNAKIVLEFPYLTSLVNAAVTTPTHSY
 ELVQLPFGNPVWNMWMNNIHYSTSILNDYFNEKIRLCTIYPRLLNPTINDAITIWNGVIQ
 FIRSDEWILMSGDHIHTYSIFVKLVQNKKLALRVYIGEHENEIMPLEAKVSVKIDNIID
 30 DYQKGITVSENESHYPMLTTAYNYVVIDSQTIPVHIFYKVDSVTVSLHTDLQSRVTGIC
 GNMDVMHKDEVPDVHSVSYL

>Amm|069|short-chain dehydrogenasereductase_NP_001011620
 MEQNWIDEVALVTGANSGIGKCLIECLVGKGMKVIGIAPQVDKMKTLVEELSKPGKLV
 35 PLQCDLSNQNDILKVIEWVEKNLGAIIDLINNATINIDVTLQNDEVLDWKKIFDINLLGLT
 CMIQEVLKLMKKGINNGIIVNINDASGLNLLPMNRNPAYLASKCALTTLDCLRSELA
 QCESNIKVISISPDLVETDMAQWLKENSRLALKPKDVSNCVLFALQTPDNVLIKELVVT
 PNRETI

40 >Amm|070|unch protein LOC724993_XP_006571730
 MATCHAETRSFLQKCVLLALFAIHVTGREICDKTKCGGVLYYDALGCTPVYKNPNDC
 CAESYNCVHLDNLRSRKCYVNGHEYSDGETLRSEHANPCDVACKCMLFNDEANFVCAG
 FDCAFISGGENCCHRSTHDSCCPNTEPTCLKEGEKRATCEVDGKVFLDGEYFSPKSDPSL
 DCYCMPPGYAGENIEPFCKKIKHPHCSPFLTNHSIRRNCAFPFYDDQNPRTDSCYVSRQC
 45 NSDDVVIHNDHTKSISEEEDKVCKFGNMTMHIGDELDKGSNYDSLKVCKCVCEVPIPT
 CRRLPDSECDVNYAYPFLR

>Amm|071|unch protein LOC552154_XP_624536
 MMLVPLAVVLFAALVVAQPAINEIRPQSNRPGRFLSLPIPQKCANRPKEFNYRGHNYFYS
 50 GHIPAHANQRVDWLDARNICREYCMDLVSMETQDENNLIFRLIQQQNDVPIWTSGRLCD
 FKGCENRDLEPKALYGWFWSANRKKMSPTNQIPEGWSNPWSQTGHKKVRQPDNAE
 FDINGTSESCMSVLNNVYKDGISWHDVACYHQKPFVCEDSEELLNYVASTNPNIRL

>Amm|072|Melittin_Api m 4 allergen_CAA26038
 MKFLVNVALVFMVVYISIYAAPEPEAPEPEAEADAEP EAGIGAVLKVLTTGLPALI
 SWIKRKERRQQG

5 >Amm|073|Phospholipase A2_Api m 1 allergen_NP_001011614
 MQVVLGSLFLLLSTSHGWQIRDRIGDNELEERIIYPGTLWCGHGNKSSGPNELGRFKHT
 DACCRTHDMDCPDVMMSAGESKHGLNTASHTRLSCDCDDKFYDCLKNSADTISSYFVGK
 MYFNLIDTKCYKLEHPVTGCGERTEGRCLHYTVDKSKPKVYQWFDLRKY

10 >Amm|074|unch protein LOC408570_XP_397511
 MTSSAFSKMSIRLVLLCLVVTVCNGVPVPEETDEVTTIKSTTITASIDPEIKGHSMDDILP
 GTKTPPPSPVIFVDVPEHIETELGSSVLLACRTANPVAECQWSWQPLPPVHLPLPDISETPAT
 TTTVSMIQTTTPTTNPLPVRFPAFGNNNSNDCSVRSSTKHEQTGYWTCAARTSTNDPF
 15 TSTEPAKLSIVNEHQSPLIVFSKLDNIVEVPAGSSAQIMCQMKSPVRECQWSWRQLNQSQ
 PWNLEVKRFFAEGNDSTDCSIKFKNVLPEQEYWTGARIDPNSSFTQSNPRLFSEVEF
 VQLSRGIQVASGESVLLRCLVNKPVQCEWSKASNSSQEPLLVKKFNPNKDADHDCS
 VRFKNILYEEEGLWTCGVRLSPDGILHEAPPATVSSLPTAKVNFVEMPTDTSPVGTEAM
 LKCVTSSRVEKCTFWWKPLHGNEPEJIVIEYPSNGDLGRDCSFTFPKVYIEKQQWACQ
 VSIGSLNTILTSPYAKLTVFEQDDVKFSELSKDIQITAGGSVFLHCVTSSAVEQCRWSLTP
 20 VNSNTTVVVKQFPAAGSEARDCSVRLTHALAEQEGLWTCGARIRGRQNYTDAPPAKLS
 LLEPEPVTVVLWAAPHQMVTLSCKVETMLSEVQCHWIHPPKIHIYQNGTKRHNIQMNN
 NTGVCTLEFKPNYSDLGKWICKFTVPHDEEIGNASLILLNSIGDEKLGWIVGALTTLF
 LMIIIVLVVCKTRLFVRKSSRVLETISTSEKKQTSQLNNGHYIENQTKLDRQVSEQHDQN
 MTNIESILPNRSPNLYERVGKYRRSSKYENIRI

25 >Amm|075|unch protein LOC552283_or_Glutathione-S-trasferase_XP_026295805
 MTERQPLYKLIYFNARGRAEHIRYIFAYAGIDYVDERILKECWPELKSMPPYGMPLVLEI
 NGKPIAQSNNAVARYLARKHNLTGRDEWEAMMCDVLVDTLGLKQFISQYRIEEDLFKK
 KEKKMKLLKETIPFYLNKFEQIISENGSYTGTNTWADFVFAVALENFENIFGTMALEN
 30 YPGLRALKKRVHEIPSIVNWLSKRPHTEFGRVLLFHFTNLIRNFYLYSKMSTYKLTYPV
 KGLGEPIRFLLSYAGISFEDERFDRDDWPKIKPTPFGQVPVLDVDGKKIAQSV AISRYLA
 KKSLAGKDDWEALEIDSIVDTIHDRVRLAAFHYEEENEIKAAKRKIADEVVPYYLERL
 DAQVKNNNGGYFVGGAWSADLSVALLDYLNFMNGSDLIEKYDNLKQLKEKVLNLPAI
 KSWLDKRPHSDF

35 >Amm|076|endoplasmin_or_Hsp90_NP_001153536
 MPEDVTMANAGEVETFAFQAEIAQLMSLIINTFSNKEIFIRELISNASDALDKIRYESLTD
 PSKLDTCKEFIKIVPNKNDRTLTIIDSGIGMTKADLVNNLGTIAKSGTKAFMEALQAGA
 DISMIGQFGVGFYSAYLVADKVVVISKHNDDEQYVWESSAGGSFTVRPDNGEPIGRGKTI
 40 ILHIKEDQTEYLEESIKEIVKKHSQFIGYPIKLVVEKERDKELSEDEEEEEPAKEEGEDT
 GKPKIEEVGGDEDDEDKPKEDEKKKKKTIKEKYTEDEELNKTAKPWI TRNPDDISQEEYGEF
 YKSLTNDWEDHLAVKHF SVEGQLEFRALLFIPRRAFPFDLFENKKRKNKLYVRRV FIM
 DNCEDLIPEYLNFIKGVVDSEDLPLNISREMLQQNKILKVKRN L VKKCLELFEELSEDKE
 45 SYKKCYEQFSKNIKLG IHEDSQRKKSELLRYHTSASGDEMCSLKD YVGRMKENQKHI
 YYITGESREQVANSSFVERVKRGFEVVYMT EPIDEYVVQQLKEFDGKQLVS VTKEGLE
 LPEDEEEKKKREEDKAKFENLCKVMKDILDKKVEKV VVS NRLV DSPCCIVTSQYGWTA
 NMERIMKAQALRDASTMGYMAAKKHLEINPDHPIMENLRQKA EADKHDKS VKDLVML
 LFETALLSSGFALEDPVQVHASRIYRMIKLGFD DDPNVEDEKMDTEVPPLEDDTEEA
 SRMEEVD

50 >Amm|077|alpha-glucosidase II_NP_001035349
 MFRATIVTVACLLAASPIDCVDANWYKNALVYQIYPRSFQDS DGDGIGDLNGITARM
 HIADIGADALWLSPYKSPQVDFGYDISNFTDVDPVYGT LADFDR L VRRAKSLGLKVILD
 FVPNHSSHEHPWFKKSVQR IKPYDEYYVWRDARIVNGTRQPPNNWLSVFWGS AWQWN
 55 EERKQYYLHQFATGQPDLNYRSAALDQEMKNVLT FW MNRGVDGFRIDA NHMFEDAR

LLDEPSANRTDLSKDDYESLVHLYTRDQSETYDVLRSWRNLMDEHSNRTNSDPRMILTE
 AYTEFNLTIKYYKSGSTVPNFMFIAIDLNNQSTASDFKQLIDRWVANVPNGSVTNWVSG
 NHDNHRVASRFGRQRGDEIVMLTLPGIVVYNGDEIGMEDRWFTYQETVDPAGCNA
 GPAKYYLKSRSRDPERTPYQWDNSTSAGFSQTNKWLWVNENYKSLNLAAQKREYYSHYV
 5 AFKSLSYLKQPVIANGSLEVVIDGRVLSVKRELGNDTVIVMMNFSKNPVTVNLTKLH
 PPADLVVYACNVVGSGLSHGNWIYPASMTIPGSNSAVFTNYKLYWRYWQGVDWL

>Amm|078|peroxiredoxin-like_NP_001164444

MRINSIVPNFEADTTQGQINFYDWQGDSVVLFSHPADFTPVCTELGLRAVHQPHFKR
 10 RNTKLLAHSDVQLQDHVDWVNDIKSYCQDIPGAFPYPIIADHDRTLAVKLDMIDEISKDD
 PEQALTVRALYIISPDHRLRLSMHYPTSTGRNVDEILRVIDSQLQLVDKRPEIATPANWVPG
 EKVMILPTVKDEELPKLFPKGVDKVSMPSGKIYVRTTNY

>Amm|079|vitellogenin_Api m 12 allergen_CAD56944

MLLLLTLLLFA GTVAADFQHNWQVGNEYTYLVR SRTLTS LGDL SDVHTG ILI KALLTVQ
 AKDSNVLA AKV WNG QYARVQQ SMPDGWE TEISDQM LER DLP ISG KPF QIRM KHGLIR
 DLIVDRDVPTWEVNILKSIVGQLQVDTQGENAVKVNSVQVPTDDEPYASFKA MEDSVG
 GKCEVLYDIAPLSDFVIHRSPEL VPMPTLKGDGRHMEV IKIKNFDNCDQRINYHFGMTDN
 SRLEPGTNKNGKFFSRSS TS RIVI SE LKHFTIQSSVTTSKMMVSPRLYDRQNGLVL SRMN
 20 LT LAKE MTKPL PMVDN PEST GNLVYIYNNP FSDV EERR VS KTAM NSN QIVSDN LS SSS
 EEKLKQDILNLR TDIS SSS SISSE END FWQ PKT LED APQ NSL LPNF VG YKG KHIG KSGK
 VDVINA AKELIF QIANE LED ASNIP VHA TLE KF MILCN LMRT MN RK QISE LE SNM QISPNE
 LKPNDKSQVIK QNTW TVFR DAIT QTGT GP AFLTI KEWIER GT KSMEA ANIM SKLP KTVR
 TPTDSYIRSFFELLQNP KVSNEQFLNTAATLSFC EMI HNAQVN KRSIHNNY PVHTF GRL TS
 25 KHD NSL YDEY IPFL ERLKA HQE KDS PRI QTY IMA LGMIGE PKIL SVFEPY LEGK QQ MT
 VFQRTL MVG SGL KLT ETNP KLA RS VLYKI YL NTM ESHE VR CAV FLL MKT NPPLSML QR
 MAEFTK LDT NRQ VNS AVK STI QSL MKL KSP EW KDL A KAR SVN HLL TH HEY DY EL SRG
 YIDEKI LENQ NIITHM IL NYVG SEDS VPI RILYLT WYSS NG DIK VP STK VL AMISS VKS FME
 LSL RSV KDR ETI ISAAE KIAEE LKIVPEEL VPLE GNL MIN NK YALK FF PD KHL DKL PTL IS
 30 NYIEAVKEGKF MNV NML DT YES VHS FP TET GLP FV YT FN VIK LKT SGTV QA QIN PDF AAF
 IVNSN RL TFS KNV QGR VGF VTP FE HR HFIS GID NLH VYAPL KIS LDV NTP KGN M QWK I
 WPMK GEEKS RLF HYS VVP FVSN HDI LNRPLS MEKG TRPM IP DDNTS LALPK NEGP FRL N
 VETAKTNEEMWELDTEKLT DR LPY PW TMDN ERYV KV DMYM MN LE GEQ KDP VIF STS FD
 SKVMTRPDTDSENWTPK MMAVEPTDKQANSKTRRQEMMREAGR GIESAKSYV DV RV
 35 HVPGESESETVLT LAWSE SNV ESK GRL LGFW RVE M PRS NAD YEV CIG SQIM VSP ETLL SY
 DEKMDQKPKMDFNVDI RGKNC GKER IDMNGK L RQSP RL KEL V GAT SI KDC VED MK
 RGNKILRTCQKA VVLSM LL DEV DIS MEV PSD ALI ALY SQGL FSL SEID NLDV SLDV S NPK
 NAGKKKIDVRAKLNEYLDKADVIVNTPIMDAHF KDV KLS DFG FST EDILD TADE DLI NN
 VFYEDETSCML DKTRA QT F DGK DYPL RL GPC WHA VMTY PRIN PD NHNE KLH IP KDK S
 40 VS VLS RE NEAG QKEV KVLL GSD KIK FV PG TT SQPE VFN GEK IVV SRN KAY QK VE ENE II
 FEIYK MGDR FIG L TSD KFD VSL ALD G E R VML KASED YR YS VR GL CGN FD HD ST ND FV GP
 KNCLFRKPEHFVASYALISNQCEGDSL NVAKSLQD HDCIR QERT QQR NVIS DSE GR LL DT
 EMSTWGYHHNVNKHCTI HRTQV KET DDKICFTMRPVVSCASGCTAVETKSKPYKFH CM
 EKNEAAMKLKKRIEGANPDLSQKPVSTTEELTVPFVCKA

45 >Amm|080|abaecin_NP_001011617

MKV VIF IF ALL ATICA AFAYVPLPNVPQPGRRPFPTFPQGQPFNP KIK WPQ GY

>Amm|081|apamin_NP_001011612

50 MISMLRCIYLFLS VILITSYFVTPVMPCNCKAPETALCARRCQQHG

>Amm|082|peroxiredoxin 1_XP_003249289

MAPQLQKRAPDFRGTA VVN GEFK DISL SDY QG KYL VL FFYPLDFTFVC PTEII AFS DRAD
 EFEQIGCKLIAASTD SHF SLAW INT PRK QG GLGEM NIPL LADK SS KIARDYGV LDE ESG

VPFRGLFIIDDKQNLRQITINDLPVGRSVDETLRLVQAFQYTDKHGEVCPAGWKPGKKT
MKPDVVGSKEYFKDT

5 Způsob detekce s využitím sady proteinových markerů podle technického řešení se provádí na základě standardní LC-MS/MS instrumentace, na níž se analyzují trypsinové štěpy proteinů a peptidů biologických vzorků medu. Následně se provede kvantitativní vyhodnocení pomocí zvoleného standardního vyhodnocovacího software.

10 Příklady uskutečnění technického řešení

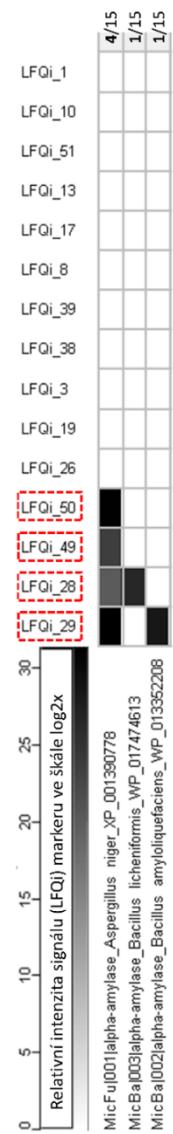
Příklad 1: Určení výhradně cizích amyláz prokazující falšování medu

15 15 vzorků medu se naředilo ultračistou destilovanou vodou (2 ml na 1 g medu) a po jejich přečištění gelovou filtrace (odstranění zejména velkého množství cukrů, ale i jiných malých molekul) se v nich stanovil relativní obsah proteinů. Poté se tyto vzorky zakoncentrovaly lyofylizací a uskladnily se v mrazicím boxu. Následně se tyto vzorky rozpustily ve vzorkovém pufru a povařily se (5 minut při teplotě 95 °C). Po redukci a alkylaci proteinů (nevratné rozvolnění disulfidických cysteinových můstků) se proteiny rozštěpily prasečím trypsinem (v jiných variantách lze použít i jiný enzym, např. chymotrypsin). Takto připravené peptidy se přečistily, odsolily a následně se analyzovaly nanoLC-MS/MS technologií s využitím hmotnostního spektrometru Orbitrap Fusion jako detektoru. Získaná data se vyhodnotila v prostředí softwaru MaxQuant pomocí label-free (LFQ) algoritmů, přičemž se při jejich vyhodnocování použily 3 proteinové markery cizích amyláz – MicFu|001|alpha-amylase_Asp ergillus niger_XP_001390778, MicBa|002|alpha-amylase_Bacillus amyloliquefaciens_WP_013352208 a MicBa|003|alpha-amylase_Bacillus licheniformis_WP_017474613.

Další vyhodnocení získaných LFQ dat bylo provedeno v prostředí software Perseus.

30 30 V Tabulce 1 níže je uveden výsledek této analýzy. Negativní výsledky, tj. nepřítomnost daného proteinového markeru jsou vyjádřeny bílým polem (intenzita = 0). Jiná barva pole vyjadřuje přítomnost daného proteinového markeru. U čtyř vzorků medu (označené jako LFQi_29, LFQi_28, LFQi_49 a LFQi_50) byl zaznamenán výskyt amylázy z *Aspergillus niger*, přičemž u dvou z nich navíc ještě výskyt dalšího druhu amylázy-vzorek LFQi_29 obsahoval také amylázu z *Bacillus amyloliquefaciens*; vzorek LFQi_28 pak amylázu z *Bacillus licheniformis*.

Tabulka 1



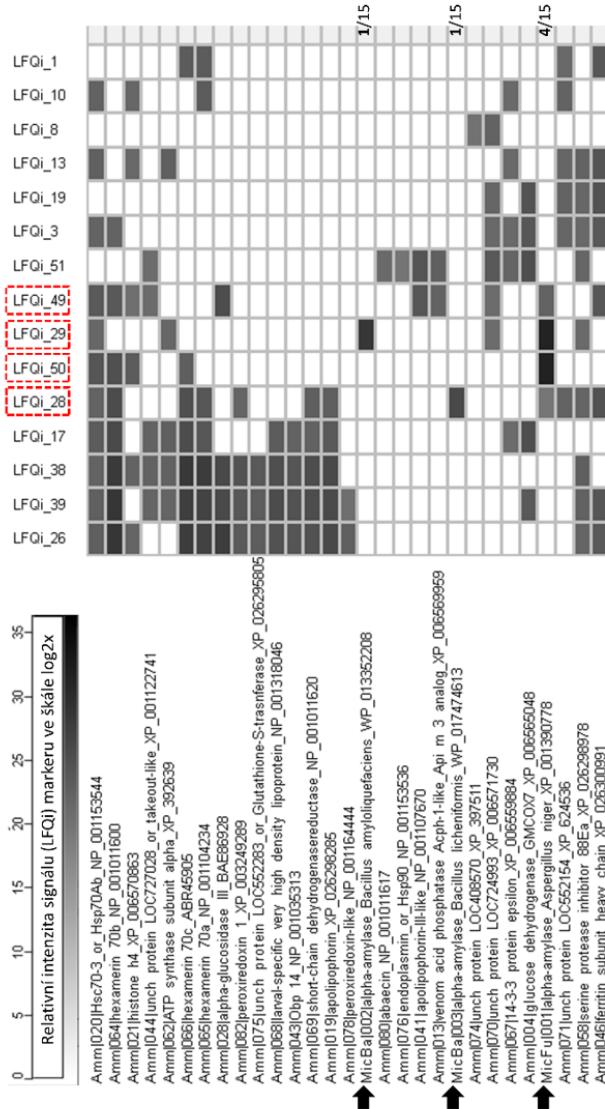
Příklad 2: Určení zastoupení medu cizích amyláz prokazující falšování a také proteinů původem ze včel

5 Stejně vzorky jako v příkladu 1 se analyzovaly stejným způsobem jako v příkladu 1, s tím rozdílem, že se pro vyhodnocení v prostředí softwaru MaxQuant pomocí label-free (LFQ) algoritmu použila databáze proteinových markerů obsahující stejné 3 proteinové markery cizích amyláz jako v příkladu 1 a dále 82 výše uvedených proteinových markerů s příslušností ke včele medonosné. Další vyhodnocení získaných LFQ dat se opět provedlo v prostředí software Perseus.

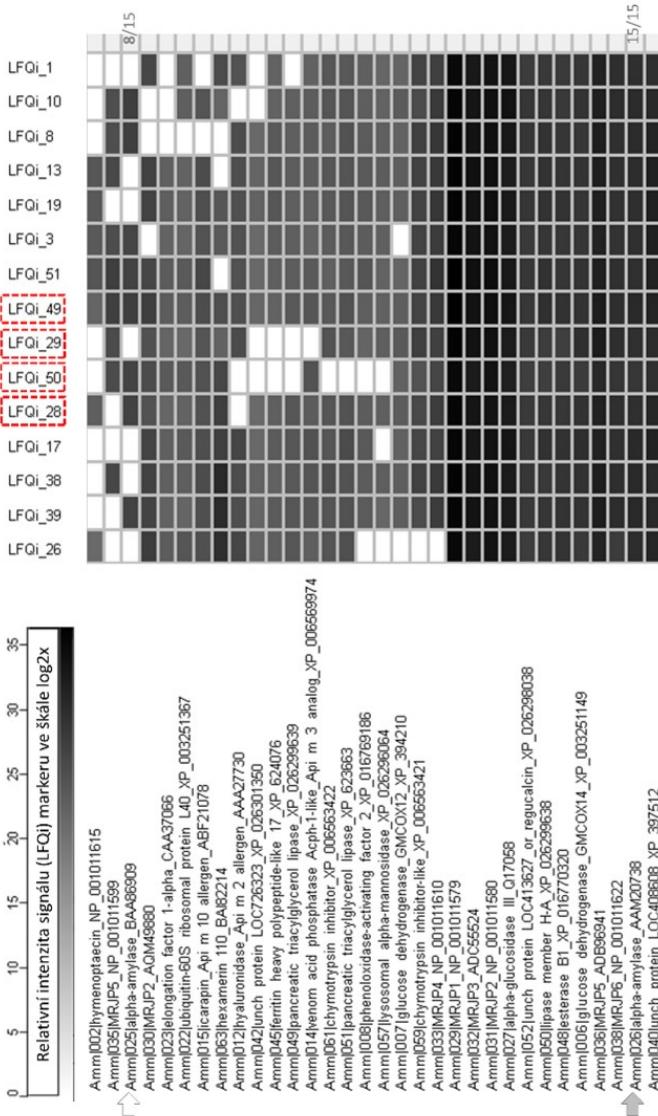
10 I při tomto postupu se došlo ke stejným výsledkům jako v příkladu 1 co se týká přítomnosti cizích amyláz ve vzorcích LFQi_29, LFQi_28, LFQi_49 a LFQi_50. Současně se však u jednotlivých vzorků stanovilo zastoupení proteinů s příslušností ke včele medonosné-viz Tabulka 2.

15 Výsledky uvedené v Tabulce 2 současně indikují, že z databáze 82 proteinových markerů s příslušností ke včele medonosné – *Apis mellifera* bylo ve vyšetřovaných vzorcích identifikováno 77. Fakt, že 5 sekvencí (tj. >Amm|072|Melittin_Api m 4 allergen_CAA26038, >Amm|073|Phospholipase A2_Api m 1 allergen_NP_001011614, >Amm|077|alpha-glucosidase II_NP_001035349, >Amm|079|vitellogenin_Api m 12 allergen_CAD56944 20 a >Amm|081|apamin_NP_001011612) nebylo v žádném z analyzovaných vzorků identifikováno, neznamená, že by nemohly být identifikované v jiných medech.

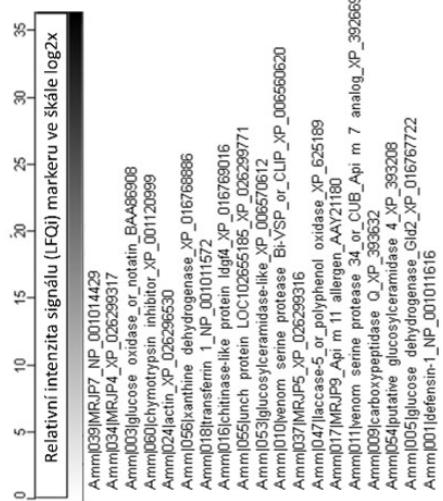
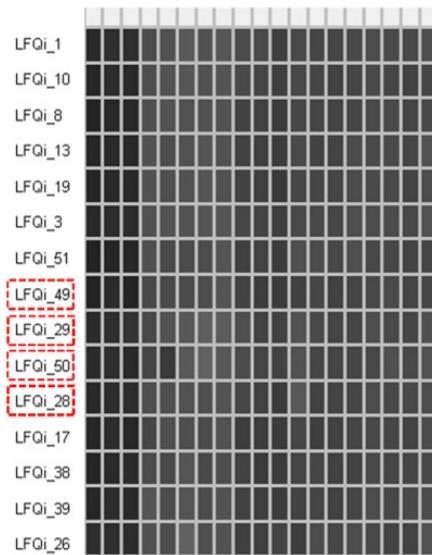
Tabulka 2



Tabulka 2 - pokračování



Tabulka 2 – pokračování



Průmyslová využitelnost

Sada proteinových markerů podle technického řešení umožňuje exaktní určení přítomnosti cizích amyláz prokazující v případě potvrzení jejich přítomnosti ve vzorcích medu jeho falšování. V rozšířené podobě pak umožňuje také určení přítomnosti významných proteinů původem ze včely medonosné, které mohou být využity pro určení kvality medu nebo jako srovnávací parametr k cizím amylázám (např. pro srovnání relativního zastoupení medu vlastní amylázy se zastoupením amylázy/amyláz jiného původu).

10

NÁROKY NA OCHRANU

- 15 1. Sada proteinových markerů pro proteomickou detekci kontaminace medu cizími amylázami původem z hub druhu *Aspergillus niger* a bakterií *Bacillus amyloliquefaciens* a *Bacillus licheniformis*, **vyznačující se tím**, že obsahuje kombinaci následujících proteinových markerů s aminokyselinovými sekvencemi:

20 >MicFu|001|alpha-amylase_Aspergillus niger_XP_001390778
 MMVAWWSLFLYGLQVAAPALAAATPADWRSQSIYFLLTDRFARTDGTTATCNTADQK
 YCGGTWQGIIDKLDYIQQMGFTAIWITPTVTAQLPQTTAYGDAYHGYWQQDIYSLNENY
 GTADDLKALSSALHERGMYLMVDVVANHMGYDGAGSSVDYSVFKPFSSQDHFHPPFCFI
 QNYEDQTQVEDCWLGDNTPSPDLDTTKDVVKNEWYDWVGSLVSNYSIDGLRIDTVK
 HVQKDFWPGYNKAAGVYCIGEVLDGDPAYTCPYQNVMGVLNYPYPLNNAFKSTSG
 25 SMDDLYNMINTVKSDCPDSTLLGTFVENHDNPRFASYTNNDIALAKNVAIFIILNDGIPIIY
 AGQEQQHYAGGNNDPANREATWLSGYPTDSELYKLIASANAIRNYAISKDTGFVTYKNWPI
 YKDDTTIAMRKGTGSQIVTILSNKGASGDSYTLSGAGYTAGQQLTEVIGCTTVGS
 DGNVPVPMAGGLPRVLYPTEKLAGSKICSSS

30 >MicBa|002|alpha-amylase_Bacillus amyloliquefaciens_WP_013352208
 MIQKRKRTVSFRVLVMCTLLFVSLPITKTSAVNGTLMQYFEWYTPNDGQHWKRLQND
 EHLSDIGITAVWIPPAYKGLSQSDNGYGPYDLYDLGEFQQKGTVRTKYGTKSELQDAIGS
 LHSRNVQVYGDVVLNHKAGADATEDVTAVEVNPNANRNQETSEEEYQIKAWTDFRFPGR
 35 GNTYSDFKWHWYHFDGADWDESRKISRIFKFRGEKAWDWEVSENGNYDYLMYAD
 VDYDHPDVVAETKKWGIWYANELSLDGFRIDAAKHIKFSFLRDWWQAVRQATGKEMF
 TVAEYWQNNAGKLENLNKTSFNQSVFDVPLHFNLQAASSQGGGYDMRLLDGTVVS
 RHPEKAVTFVENHDTQPGQSLESTVQTWFKPLAYAFILTRESGYPQVFYGDMYGTGKTS
 40 PKEIPSLKDNEPILKARKEYAYGPQHDYIDHPDVIGWTREGDSSAAKSGLAALITDGP
 SKRMYAGLKNAGETWYDITGNRSDTVKIGSDGWGEFHVDGSVSIYVQK

>MicBa|003|alpha-amylase_Bacillus licheniformis_WP_017474613
 MKQQKRLYARLLTLLFALIFLLPHSAAAAANLNGTLMQYFEWYMPNDGQHWKRLQND
 SAYLAEHGITA
 45 RGSTYSDFKWHWYHFDGTDWDESRKLNRIYKFQGKAWDWEVSNENGNYDYLMYADI
 DYDHPDVAAEIKRWGTWYANELQLDGFRLD
 VAEYWQNDLGA
 50 HPLKSVTFVDNHTQPGQSLESTVQTWFKPLAYAFILTRESGYPQVFYGDMYGTGKDSQ
 REIPALKHKIEPILKARKQYAYGAQHDYFDHH
 GAKRMYVGRQNAGETWHDITGNRSEPVVINSEG
 - 30 -

2. Sada proteinových markerů podle nároku 1, **vyznačující se tím, že** dále obsahuje kombinaci následujících proteinových markerů s aminokyselinovými sekvencemi:

>Amm|001|defensin-1_NP_001011616

MKIYFIVGLLFMAMVAIMAAPVEDEFEPLEHFENEERADRHRRVTC DLLSF KGQVNDSA
5 CAANCLSLGKAGGHCEKGVCICRKTSFKDLWDKRFG

>Amm|002|hymenoptaecin_NP_001011615

MKFIVLVLFCAVAYVSAQAELPEPDMDYIPTRFRQERGSIVI QGTKEGKS RPSL DIDYK
10 QRVYDKNGMTGDAYGGLNIRPGQPSRQHAGFEFGKEYKNGFIKGQSEVQRGP GRLSP
YFGINGGFRF

>Amm|003|glucose oxidase_or_notatin_BAA86908

MAILNSMYNNVSPLQCTSPFLGGPQLTDVCSASNGELFLALLNFFVATSPVIGEPCQRVH
SSRIPDLSYDFIVVGGGAARAVVAGRLSEVSNWKVLLLEAGPDEPAGAEIPS NLQYLGG
15 DLDWKYYTTNESHA CLSTGGSCYWPRGKNLGGTTLHHGMA YHRGHRKD YERWVQQG
AFGWSWDEVMPYYLKSENNTESRVGTYHRSGGLMNVERFPYQPPFAWKILKAAEEA
GFGVSEDL SGDRINGFTVAQTISRNGVR LSSARAFITPFENRSNLHVIVNATVTKVRTL NK
RATGVNV LINGRRRIIFARRE VILSAGSVNTPQ LMLSGIGPKEHLRSLGIPVVVDLPGVG
20 ENLHNHQSF GMDFSLNEDFYPTFNQTNVDQYLYNQTGPLSSTGLAQVTGIWHSNL TTPD
DPDIQIFFAGYQAICKPKLKIADLSAHDKQAVRMSALNVQPTS KGRITLNSKDPLDPPVI W
SN DLATEHDRVSMIQAIRVVQKL VNTTVMRDLGVEFQKIELKQCDEFVEDSDDYWC VI
QYNTRAENHQTGTAKMGPSYDPM AVVSPRLK VHGIRGLRVADASVQPQVISGNPV ASV
NMVGERAADFIKEDWGELLQLL

25 >Amm|004|glucose dehydrogenase_GMCOX7_XP_006565048

MYDFIVVGGGSAGAVVASRLSEVSNWTVLLLEAGGDETEISDVPLL SGYMQL TDMDW K
YQTSPPTTSAYCLAMIGDRCN WPRGKVLGGSSV LNAMEVYVRG NRRD YDNWAR LGNTG
WSYEDVLPYFLKSEDNRNPYLA RTPYHATGGYLT VQESPWR SPLSIAFLQAGQELGYAN
RDVNGAYQTGFMLNQGTIRRG SRCSTA KAFLRPVKNRPNLHVAMKTQ ALRIVFNEGRR
30 ATGVEVLR YGRHHFIRTRREIVLSAGAINTPQ LMLSGIGPKEHLAEFGIPVISDL RVGDH
LQDHVGLGGTFVIDEPVSLKRDRFQ TL SVMMQYVLHERGPM TD SGVEGVAFVNTRYA
DKMDDYPDIQFHFLPSSINSDGEQIKKILGLRESVYNTMYKPLTGADTWSILPLLRPKSS
GWIRLKSRNPLVYPDINPNYFTRKEDVDVLVDGIRIAMSVSNTA FRRFGSRPHTIRMPG
CHRYPFDTYDYWECAIRHTFTIYHPVGTCKMGP RSDPTAVVDPRLRVYGVKGLRVAD
35 GSIMPEIVSGNPNAPIIMIGEKASDMVKEDWMR

>Amm|005|glucose dehydrogenase_Gld2_XP_016767722

MSYNLSISPICPDPNLGPSLAQVCPGPQFLTFMSLFNTFALAKEEV SLLCQR FEPVEPAEY
YYDFIVVGGGTAGSVVASRLSEQREW KVLLLEAGPDEPPGTDVPSMVAMFLGSDIDWG
40 YRTTNEKNACLSGGCFWPRGKNLGGTSSHNGMMYTRGHPKD YDDWAAMGNDGWS
WQDVLPYFMCSENNT EIN RVGRKYHSTGGLNVERFSWRPD ISNDILAAAELGYPIEE
LNGDQFTGFTVAQMM SKDGVR RSTA AFRLPFRNRSNLQV ITNATVTKILLKEKKA VGV
QYYKNGELRV VARASREII VSGGAVNSPQILLSGIGPKEH LEAVNVSVVHD LPGVGENL H
NHVSFTLPFTINRPNEFDLSWPSLLEYIAFTKGP IA STGLSQLTGIVSSIYTSEDDPDLQIFFG
45 GYQAACATTGQLGALMDGGGRH VSISPTNLHPRSRGSLRLASNDPF AKPVIHGN YLSDP
MDEAVLLHGIRIALS LSNTS SALARYN MTLANPPLPACSQHTYLSDDY WRCAMRQDTGPE
NHQAGSCKMGPVSDRMAVVDPRLRVHGVDGLRVADTSIMPKV TS GNTAAPAIMIGERA
AAFKSDWGGAPAKCPRPEIDNSLDLLWGIKYIDWDQGDW

50 >Amm|006|glucose dehydrogenase_GMCOX14_XP_003251149

MESCM SRTCSSVIAQQQSSPASIFTFLI QT LIASRCKLNNPDEYPRDRVNDV LRSNKEFDV I
IGGGTAGSILARRTEVKNWNVLLIERGGYPLPETA VPALFTS NLGFPQDYAYKIEYQKE
ACLSQVDKRCRWSKGKALGGSSVINAMLHIFGNKRDYDTWENIGNPGW NYEQVLPYFR
KSLSCAPEFI AKYGT DCGT DGPMRIRHY NTATDAEDIILEAAHEAGYD VLEPLNGDRF

IGFGRAMGTLDNGQRENCAKAFLSPVKDRKNLYVMTSSRVDKILFERKRAVGVRITLDN
 NQSVQRATKEVILSAGSIASPQVQLMSIGPKNHLKKMGIPTLVDPVGKNLQDHAIWL
 GIYLAYNNESVTSPPSEKSQQLDDIYDYLEFNAGPLRVLPLDLNGFVDVNDPHSKYPNVQF
 MFVPYQRYTNLLSLLQGYNMNDIIQEMQQAVKKMSLISICPVLIRPLSRGFVELRTN
 5 PADPVKIYANYFAEKEDFNLLKSVNIVKAFLNTDILKKYNMTLYYPNISGCQHTEPGTD
 EYWECNLEHLSTTLFHPCGTAMMGPANDSRAVVDSRLKVHGVQNLRIDASIMPEVTS
 GNTNAPTMMAEKGADIJKQDWGVKIQI

>Amm|007|glucose dehydrogenase_GMCOX12_XP_394210

10 MESCARGTCSSALQSSPASIFTMLIQTЛИASRCQLSNTNKYPTSNEEKILNSKMEFDVIVG
 GGSAGSVLARRLTEVEDWNVLLIERGVDPLPETIPPGLYNNNLGGPDYYTLEPQESSC
 LSNKDCKRCVWSRGKALGGSSVINGMIHIFGNRRDFDGWASQGNPGWNFEELPYFRKSI
 SCSPEYIAENGDKYCGTDGPLRVRYNNYTVTDFEDVVLEAAREAGHPILKAVNGDRYLG
 FGRVLGTLDEGRRQTCASKAFLTPTVDRKNLVYTSTRANKILFEGKRAVGVQITLSNET
 15 AEVRATKEVILSTGTMSPQLLMLSGIGPKEHLKKLGIPVLVDLPVGKNLQDHVIWFGLY
 YSFVNESVTSAPSEKDQLDSA耶YEFNTGPLSTLANDLVAFINPVDPKSIYPEVQLLFSQI
 QRYDKNGLKTLHSYNNANDEILQIMTDVIMKRSLLIAYASLMRPLSRGVIELRNADPAEQ
 VKIYSNYYTVPDDWKRLLAKAVPTLKSSLNTTILQKYKANFHTYDVPQCRNLTADTEEY
 20 YECNIRHTTGTNFHACCTNRMGPANDSRTVVDARLRVHGVTNLRIDASIMPNITSANIN
 APTIMIAEKGADLIKQDWGIQV

>Amm|008|phenoloxidase-activating factor 2_XP_016769186

25 MAMRKIFLILGIASCSIAAPQNNNLDLSITNIFGTPQNPQISDPSSTTSDTILGTENRPKQPE
 TNCECVPYYLCHNGSILENGTIDIRALGQCENYLDVCKPPDRIEKVTPPPVEKKGTCG
 QRHPQGVGFRITGDVNGEAQFGEFPWMVAIIKEENIGEEKLNVYQCGGSLIHKQAVLTA
 AHCVQGKQASELRIRAGEWDTQTKNEIFPHQDRNVQNVIHENFAGGTLYNDFAILILSE
 PLNLMENVDLVCLPERNTVFDGTRCFASGWGKDKFGKEGHYQVILKKINLPVVPHNQC
 QDLLRKTRLGKYFVLDSSFICAGGESDKDTCKGDGGSPLVCPSNSNPNIYLQAGIVAWGI
 30 GCGEGGIPGVYANVASVRDWIDEQMAFYNLDNTVYQAQKIN

>Amm|009|carboxypeptidase Q_XP_393632

35 MLLSTKLLIVVWLLRLHSILAAVVNRQDVNVSSCNLPEPLLKEIDSYEIIARAIMNEALN
 GSFKGTTWTGLSYFTEKFGPRLSGSQPLERSIDYVLKESADYGLENVHGENVTVPFWVR
 GEESATLLSPRQMDIAILGLGTSIATPLPEGITAЕAIVVNSFEELIDRKNEVPGKIVVYNQEF
 VSYGETVRYRTNGATEASKYGAVALIRSVPYSLYTPHTGHQSYGENVTKIPVASITVE
 DATLLRAMANRNELIINLKMQAVNLPPTISRNVVADFRGSTNPEKIVVVSGHIDSWDVG
 LGAMDDGGGAFISWYAVKLLKYLNYRPRRTVRLIMWTAEEMGYVGALDFIKNHKSEQ
 NNLQFVMESDSGTFTPLGIEYTGTDIVGCILERIMTLLSPMGNLTVRSPNQGPDISTWINE
 40 GVPG GSLWNQDDKYFYYHHTKADMLVENSDSLDKGTALFAAVAYILADLSIDLPRHK

>Amm|010|venom serine protease Bi-VSP_or_CLIP_XP_006560620

45 MLIVCLTLIGLQPLIHVVYAQDQCTTPNQEEGVCINLRSCQFLITLLEKEGLKVKNYLKQ
 SLCRYENNDFVCCPKNSGRESKIERENSYGPLPPQCGFNNISHTRVVGPIPALKGAWP
 WLTVLGFRSSLNPSQPRWLCGGLISARHVLTAAHCAVRKDLYVVRIGDLDLSRDDDGA
 HPIQVEIEDKLIHPDYSTTFVNDAVLRLAQDVQFTEYVYPICLPGEDNLRRNNNFVRNYP
 FVAGWGSTETRGPAIDLLEIQLPVINNEQCKQAYSFKAAEIDNRVLCAAYRQGGKDA
 CQGDSGGPLMLPQHWYYYQIGVVSYGYKCAEPGFPGVYTRVTAFLDFIISALK

>Amm|011|venom serine protease 34_or_CUB_Api m 7 analog_XP_392669

50 MALVNNITTFRDIVRKVTALLIFYGSIMLSAKLIEGQCNYNQNLIPGTTYYIYNPNYPYS
 YRGSECVWTVSSDYRVNLCTDFEIPWSYNCQDSLTVQINSTTSHRYCGDGGFNVVSS
 SNSMVVTLSSPIWSQGGRFLCEIRAVKRPQDSTNCQCGWNNPSRIVGGMDTGVNEFPM
 MAGIVDADERAVFCGSTIISVRYVLTAACMTCNRNYTRLGVLVGDHDISSTDTNATML
 YRVKKVIVHPNYAHDNFNDVALLKTRKMEFGNEVGPACLPFQHSPDTFAGSFVQLLG

WGTTSGGPPSDILQKVTVSVLTNLQCTKFYPDLTPQQMCTYAKDKDACQMDSGGPVL
WQNPTTKRFVLVGIISMGIGCGDTAGVNTRVGA YIDWIVSETADSTYCIIE

>Amm|012|hyaluronidase_Api m 2 allergen_AAA27730

5 MSRPLVITEGMMIGVLLMLAPINALLLGTVQSTPDNNKTVREFNVYWNVPTFMCHKYG
LRFEEVSEKYGILQNWMDKFRGEIAILYDPGMFPALLKDPNGNVVARNGGPQLGNLT
KHLQVFRDHЛИNQIPDKSFPGVGVIDFESWRPIFRQNWAQLQPKKLSVEVVRREHPFWD
DQRVEQEAKRRFEKYGQLFMEETLKAAKRMRPAANWGYAYPYCYNLTPNQPSAQCE
ATTMQENDKMSWLFESEDVLLPSVYLWNLTSGERVGLVGGRVKEALRIARQMUTSRK
10 KVLPYYWYKYQDRRRTDLSRADLEATLRKITDLGADGFIIWGSDDINTKAKCLQFREY
LNNELGPAVKRIALNNNANDRLTVDSVDQV

>Amm|013|venom acid phosphatase Acph-1-like_Api m 3 analog_XP_006569959

15 MMSIMVWTLRFIVCLLCRTSLAEKLLQTIFRHGNKMPSTINFYPNDPYINYTYEPAGK
GGLTNIGKMTMYKVGQFFRKRYENFLGEIYTKENIWFRSDEVDRVTAMSVQLVTTGLYPP
SKQQRWNPDLNWQPIPWTVPFTMDCLYNSQFSAKFYTLRNMVEETDKDVIQFKKDNR
DVYEYLSKHTGGNITQSKVFLLYQYLFQRNIGLELPETWSVFPHGKLDELAVYDILIR
TRTLESKQISAGIWIREWLNRVNDHISKKDTRKAFMYAAHDPNIACILSALDNFDNEIPY
20 YGNSLMFELHEENSEYYVQMLYKNKDDIRVLKFPNCNDMCPLDEFKKFKPLISINTDEI
CGQK

>Amm|014|venom acid phosphatase Acph-1-like_Api m 3 analog_XP_006569974

25 MMGITVWTLRFIVCLLCQASLAELKLVQTIFRHGNKMPSQVNIYPNDPYVNYTYEPAG
KGGLTNVGKTMYKVGQFFRERYEDFLGKIYTKENIWFRADEVDRVTMSGQLVAAGL
YPPSEEQRWNPNLNWQPIPWTIPATMDCLYTTPFSSKFHTMRNLVEETDEDVIQFEKDN
KDIYKYLSEHTGGNVTQSKVFSLYQYLFQAQKDIGLELPETWSVFPHGKLDELVIYDILIR
TRTLELKQILGGLWIREWLNHVNDHISKKDTRKAFMYAAHDLNIAYILSALDNFDNEIPY
30 YGNSLMFELHEDDNEYYYVQVLYKNKDNIRVLKFSNCDTMCPLDEFKKFKPLISINMEEI
CEQK

>Amm|015|icarapin_Api m 10 allergen_ABF21078

ERDQMMATFDPSLSFEDSDEGSNWNWNTLLRPNFLDGWYQTLQTHMKKVREQMA
GILSRPEQGVVNWNKIPEGANTTSTTKIIDGHVVTINETTYTDGSDDYSTLIRVRVIDVRP
QNETILTTVSSEADSDVTLPTLIGKNETSTQSSRSVESVEDFDNEIPKNQGDVLTA
35

>Amm|016|chitinase-like protein Idgf4_XP_016769016

MVTKMKVLIFA AVAVFCVQSVFTVDTHEHNKVV CYWNTTAFERQGPGKFQLDDVQSA
LSLC THL IYGFAGINAETFEVVPLKPSLDTGVGYSYYKLVQLKRTFPNLKIYLGIGGNAD
40 PDDETHKYLVL TETSQRSK FINSVNRL NDYDFD GIDLAWQFPAKVKKERGTFGSIWH
GIKKTFGYGKF KDDKE VEHRDGFTILVRDLKAQLRPRLKDLTIGVLPVN STVYYDARL
LAPNIDA VHLFTFDQKTPERNPREGDYPAPIYESYGRVPQDNVD STARYWLEHGTPGSKI
VVG IPTYARTWKL TSES QISG VPP IVTDGPGAEGP HTNTPG LLSYAEVCSRLTE SAVGRLR
RVGDPSKKYGSYAYQPYNENTGADGIWVG YEDPDTAGNKAAYAKA KGLGGV AYDLS
45 LDDFRGVCTGD KYP IIR AAKYKL

>Amm|017|MRJP9_Api m 11 allergen_AAY21180

MSFNIWWLILYFSIVCQAKAHYSLRDFKANIFQVKYQWKYFDYNFGSDEKRQAAIQSGE
YNYKNNVPIDVDRWNGKTFVILRNDGPSSLNVISNKIGNGGPLLEPYPNWSWAKNQN
50 CSGITSVYRIAIDEWDR LWVLDNGISGETSVCPSQIVVFDLKNSKLLKQVKIPHDIAINSTT
GKRNVVTPIVQSF DYNNTWVYIADVEGYALIIYNNADD SFQRLTSSTFVYDPRYTKYTIN
DESFSLQDGILGMALSHKTQNL YY SAMSSHNLNVNTKQFTQGKFQANDI QYQGASDIL
WTQASAKAISETGALFFGLVSDTALGCWNENRPLKRRNIEIVAKNNDTLQFISGIKI IKQIS
SNIYERQNNEYI WIVSNKYQK IANGDLNFNEVNFRILNAPVNQLIRYTRCENPKTNFFSIF
L
55

>Amm|018|transferrin_1_NP_001011572
MMLRCNIWTLAVNVLVNSFLVIAAQDSSGRIFTICVPEIYSKECDEMKKDSAVKGIPVS
CISGRDRYECIEKVGKKEADVAVDPEDMYLAVKDNKLASNAGYNVIEQVRTKEEPHA
PYRYEAVAVIHKDLPINNVQGLRGLKSCHTGVGRNVGYKIPITKLTAMGVNNLHDPEY
5 SARENELRALSSLFSKGCLVGTWSPDPAIRRLKETYSNMCALCEKPEVCDYPDIYSGYE
GALRCLAHNGGEIAWTKVIVYVKRFFGLPVGVTAAIPTSENPADYRYFCPDGSKVPIDANT
KPCTWAARPWQGYMTNNGVNNVEAVQKELETLGKLGEEEKADWWKDIMLLNEKTLA
VPAPPVLPEHNLKNAKYLDVIERNSGATDKIIRWCTWSEGDLEKCKALTRAAYSRDVRP
10 KYDCTLEKSQDDCLKAIKENNADLTVVSGGSVLRATKEYNTVPIIAESYSGSTNFNERP
AVAVVSKSSSINKLEDLRNKKSCSGYKDSFAGWTAPIYTLRKGLIKSENEAADFFSGS
CAPGAPLDSKLCQQCVGNLASNNDRIRQVTKCATNEETYRGGGKALSCLDGKGDV
FVPLTALSEEGVQSKDLALICPDGGRAEINEWERCNLGLEPPRVILSSGAKSPTVLEELTH
GTLAALSTLYSKRPDLLHLFGWSNRPNLLFKDEAKDLVSVNKSWNKWNDWQETQNYY
GAA
15 >Amm|019|apolipoporphin_XP_026298285
MGHPPRLMGTALACFLFFAVAESAPRPTCVTGRGMHQSKAYQEGRTYVYNLEGLSV
TSITDAQGDASLKLTSATVELSVKPCDCINQLRLKVNKingAPPLIPEIEQYAVQFNYHDGHI
DTQLCTEPGDSQASLNKRAVVSMSFQSAIMQDSGSTIHETDVMGTCPTEFNFRKEGDSL
20 IVNKNRNLASCAFRENVNQGLVSGNTDAEAGVKSSPLLGSQQSIEQRFKRGILNKAWSKE
QYTLRPFNSNGHAGANTNVETTLKSEKADNPVTVSQPKSIIFESPQPVLRSSADAVAN
ALKAARAEVAGGVKPDAASRFADLVKVLRVSGKNDIMSVYQKVRSGDKEDQKLFLLDA
LFRARTGEAAEVGVELIKNKELTNVQTLLFYAGSLALIRHVHLPSTAIASLLDQPDLPR
25 GYLGVGVIGRYCQQNSCENVAEIKQAVHKIREKVGNNGKAKSREQENSIISALKALGNS
QFLDDATLQKLANIAADKNVRNRVRVAAIQALPTRCSMKWKVNVMFKVLADREEDSEIR
INTYLSVACPCPHAAANQLKEVLDKETVNVQVGSFIQTHRLRNLRASTDPDKLNAKNQFGLI
KPRVKFPEDFRKYSFNNELSYKIDSLGLGSTLDSNVVYSQNSFVPRSANLNMTVELFGKN
FNFLELNTRVENLDRILLEHYLGPKGKIWEKDLEEDLKSGANEVNKLRYARERFEKVVR
30 GKREVRQGDLDRFAKNVHRSNEVDQDDIDLSVKLFGVEYAYLSYQGEGSKLSPEAVI
DKLLDGLEKGFDVTKNLKSLENYLQFLDNELVYPTNLGTALSLGLSGTSALRLKTQGK
FDLKSALKDPKNTNFRALAVEPSVSIRLAGSMSVTQAGPVESGMKIIGTLHTSTDVSVLL
45 DGTGIDVNIGIPKKQEVISVSSEVLFSTPKGDVAPKFGKSKEYADCFEQFSSYLGTVCG
KISYPYDDSSSIDQKPLFPLNGPAEFAVKVENNDVNKYHFKIFANNNAEANKRSFEILDT
PNSKMNRMMALLLESSMQHPNMYVKGSIDTPFKKASAEAVLKDTAQERTLTVTVKHD
QMEYYGRGVVLASGSKYKPIMEYKVPEHIEKLASSKTGLPSGQQYYLDGSVDVTDNQD
50 GKKFNLEKVAFLVNGQKLIVIDGPVTWTSNSNVDTNIGYGDKNLAFKLDGQCSKDDH
RLVVSAMPSSDPNIGFNLNWQLKKTDDNNLENKFYFVHGPDPNSQTNRSLSTQKAVYKL
NNKEFFLSVSNELTYPINVNLKLKYEGELTQKSVSSDLEFKYKEFNFGTELSAKVGTEKPG
DYEVEFEAQLMENGIELKAKRKILDGQKSQFSNSLELKPSGKYTADAVALYSIASKSIN
55 FELDGDANLNGKKVKINTALESNPQSFNALLNAVKNDVTYVEFDLKNRSPNPSGVVL
NLKNYLTANGQSYQNGKGNAKLDVDPKIDRKIQATGSLTVSGSKHVGELVLLYDAG
KDPNKRVKLSTTDITKTSVDTKNILEVVDKRLENGKGSMQGTLNNGQLEVEMDVTL
NKRHLVYKGKRNSVKKDTKYDIQVASKLTDYEQKGGPSRSLSYNGNVQDLDVNAITFQ
GNGQLKFVNNGNDVQISVIGKNLNLPDNKKQREVNIELGGSSIPKKLQFQYRNQGSDN
EGSHNVKSSFGDDVSLMSNVNMRKGNNIDKPYKVDGVFDMKLPSENLKNLKLELVSSL
LDSDEKDLFKSSGAVKLTYNNDRKIELSKELELIGMNKNLEGPGSEGKGKLNMMNILDSPV
QLSGSYKYDPTPEKKSATLVLQDGQYGSKTFSLRSDNVYLPVATVTLAKGNLKFEKLD
NVDLQLLYKRFKDENKLIINSQIDADGAKHSLVSEIQLDSNNLFYVMTVCPTGKTEILS
KFQKLNDKEYKGEWKVDTPKGFAKADAHVNLESVDNFVIKANFDSDKAKHRNIHAEIA
NQPTAKNGKSISITVSDGKNIVTGSTS YKHRDEDGKIVVEGSGNLKVGDNTRSSSFKYT
RQRLTHEKDGEAGVAIVLNANLGPSAIVGELKLSNKEHLIFNSYCEQNKDCAQFKLQSL
NVEKKTLLKHQVTVEVDLKKFNVPEFGLKTNTEFKNPIDEHTTNLYLHSSDKTEYTY
QAYIHPKEAATILTLPREVALILYDVPKTRQTAAYKLDVSLYLDRKNKPSEKTSLSAIG
DINVDKNSLSLSGETKFTYPTQHKDMSMKGYLHYGGDKLLDANLDIDVFAKRSQKISIV
ANVQRQQIPNGQNVTSLEVNVSRGQQQLKLDLKSHLAISKQIGFGTFFTYYNNVKQKPKT

5 LGALYSADLNHVSLLITLPDKQLIRDNWKFIDTRNTQKVHRELSLLDNTPVQLNFEANDF
 NRFKLETYLKNNPNNKAVLNGQMVLGQLAEIHAHWFKDGVKKHLFHGVNLDEKQFL
 KPDFGYNTENIAELGKVIKNKNLDVIKDAKDVFYGYVLDETS AEGSDFVDHVLVAKPSFQ
 SLVEYYEKELNKLKEEMNADETIQEIQVTLICGHQMAEKILDILRKYFGTLFEILTETMKR
 IAHGLEKLKESLNNLISNVKQAVNSMYPKLKESYDKIFHQMLEILDAVIKLANTYLQAVL
 NLINEHQKEIKDMLNVISGMSQDIVKILFKGLEQIKLNLDQFCCHLLINQLKALPAYETIKE
 RLEELKNFQIPDNILNSLEELCKLGKNILPTEELRHFDITCEYIILVKRQKINDMNELKK
 IYSSLVAAVQSIVALAQQKQSSLENIWGLISIQTPLDLGLLSKLPТИALKLSVWNLLRNREL
 10 TLEDLYTYRPTPLFRKSGVVTDGGHFFTDFGRHLT MAGSCTYILAQDMQDGDNFSVVA
 NFNNGILISVTLTEPKESIAKNNGNILVNNKPADYPAHTKNLHAYLFPPYGNIKSDYGV
 VSCTSKAPMICAVHVSFYHGKLRGILGDANNEPYDDYTPSGKITESGTTEFGNAYKLKS
 ECPEATAVEQHNERTPVCTDYFTGENSPLKSCFNIVKPSLYRDACDHAIAGTPAGACIIA
 MAYHYACYAQGMVNSTYIPSSCTNCVGGNKIDMGDSFSVKVPKKEADVIFVIEQQIPND
 15 KVKEMITPLMSELREELKQQGVTDVHIGLIGYSEMMKWPQHFTLNGDTNIDGEVKNM
 KFEEGKPIISYQEAKEGNTTEKKIDYLHQRMDVELGTFKLTDAYEAAIRYPFRPGAARAVV
 GVIANPCEKSPFPISLQLQLRLGLKIYRDLGLTYYHSYPKELLVSGKPQKNIVAYDQD
 NVYTFADESKKKPLTGSTDMSNLVPAIKDVCADFAVFSGGAFFSSNNFLDAKSQNKKQF
 VQVAKRIADSLVNVEFEKDCSCLYEYGMIGRSKCKIVGRKEVPRSAKGKKG
 20 >Amm|020|Hsc 70-3 _or_ Hsp70Ab_NP_001153544
 MSKAPAVGIDLGTTYSCVGVFQHGKVEIIANDQGNRTTPSYVAFTDTERLIGDAAKNQV
 AMNPNNNTIFDAKRLIGRRFDDTTVQSDMKHWPFVMNDGGPKIKVSYKGETKTFFPEE
 VSSMVLTKMKETAEAYLGKIVTNAVITVPAYFNDSQRQATKDAGAIAGLNVLRINEPTA
 AAIAYGDKKTAGEKVLIFDLGGGTFDVSILTIEDGIFEVKSTAGDTHLGGEDFDNRMV
 25 NHFVQEFKRKYKKDLSSNKRALRRLRTACERAKRTLSSSTQASIEIDSLFEGIDFYTSITRA
 RFEELCADLFRSTLEPVEKALRDAKMDKAHVHSIVLVGGSTRIPKIQKLLQDFFNGKELN
 KSINPDEAVAYGAAVQAAILHGDKSQEVQDLLLLVTPLSLGIETAGGVMTTLIKRNNTI
 PTKQTQTFTTYSNDNQPGVLIQVYEGERAMTKDNNILGKFELTGIPPAPRGVPQIEVTFDID
 ANGILNVSAIEKSTGKENKITITNDKGRSLKEDIERMVNEAERYRNEDEQQRERITAKNA
 30 LESYCFNMKSTMEDEKIKDKIDSTEKEVKINKNEVISWLDANQLAKEEFTDKQKELES
 VCNPVVTKLYQGGATPGGFHPGAAGGGGGAGGPTIEEV
 >Amm|021|histone h4_XP_006570863
 MTGRGKGGKGLGKGGAKRHRKVLRDNIQGITKPAIRRLARRGGVKRISGLIYEETRGVL
 KVFLENVIRDAVTYTEHAKRKTVTAMDVYALKRQGRTLYGFGG
 35 >Amm|022|ubiquitin-60S ribosomal protein L40_XP_003251367
 MQIFVKTLTGKTITLEVEASDTIENVKAKIQDKEGIPPDQQLIFAGKQLEDGRTLSDynI
 QKESTLHLVRLRGGVIEPTLRLAQQYNCDKMICRKCYARLHPRATNCRKKCGHTNN
 40 IRPKKKKK
 >Amm|023|elongation factor 1-alpha_CAA37066
 MGKEKIHNIVVIGHVDSGKSTTGHLIYKCGGIDKRTIEKFEKEAQEMGKGSFYAWVL
 DKLKAERERGKIDIALWKFETAKYYVTIIDAPGHRDFIKNMITGTSQADCAVLIVAAIG
 EFEAGISKNGQTREHALLAFTLGVKQLIVGVNKMDMTDPPYSEARFEEIKKEVSSYIKKI
 45 GYNTASVAFVPISGWHGDNMLEPSPKTPWYKGWVERKDGNADGKTLIEALDAILPPS
 RPTDKALRLPLQDVYKIGGIGTVPVGRVETGILKPGMLVTFAPAALTTEVKSVEMHHEA
 LTEALPGDNVGFNVKNISVKELRGYVAGDSKNQPPRGAADFTAQVIVLNHPGQISNGY
 TPVLDCHTAHIACKFAEIKEKCDRRTGKTTEENPKSIKGDAIAVMLQPTKPMCVEAFQE
 50 FPPLGRFAVRDMRQTVAVGVIKSVTFKDTQGKVTKAAEKAQKKK
 >Amm|024|actin_XP_026296530
 MCDDDVAALVVDNGSGMCKAGFAGDDAPRAVFP SIVGRPRHQGVMVGMGQKDSYVG
 DEAQSKRGILTLKYPIEHGIITNWDDMEKIWHHTFYNELRVAPEEHPVLLTEAPLNPKAN
 55 REKMTQIMFETFNSPAMYVAIQAVLSLYASGRTTGIVLDSDGDSGVSH TVPIYEGYALPHAI

LRLDLAGRDLTDYLMKILTERGYSFTTAEREREIVRDIKEKLCYVALDFEQEMATAAASTS
 LEKSYELPDGQVITIGNERFRCPEALFQPSFLGMESCGIHETVYNSIMKCDVDIRKDLYAN
 TVLSGGTTMYPGIADRMQKEITALAPSTIKIKIAPPWERKYSVWIGGSILASLSTFQQMWIS
 KQEYDESGPGIVHRKCF

5

>Amm|025|alpha-amylase_BAA86909

10

MMPAIVLLLALLTLAAGEIAHNDPHFAPGHDAIVHLFEWKWNDIAKECEQFLGPVGFGG
 VQVSPVQENIVIDKRPWWERYQPISYKWITRSGTREQFIDMVARCNKAGVRIYVDVIMN
 HMSGDRNDAHGTGNSRANTYNFDYPQPVTKNFPRCAVNYYNDPSNVRNCELVGL
 HDLDQSQEYVRSKLVDFLNDLVAIGVAGFRVDAAKHMWPSDLRTIYSRVRNLRTHGF
 PNDAQPYIFQEVIDYGNEAISKREYNGIGAVIEFKYSYEISNAFRGNNNLKWLWNWGEQ
 WGFLPSKDSLVFVDNHDTQRDNPQILTGYSKRYKMAVAFMLSHPFGTPRIMSSFDFQS
 KDQGPPNDGNGNILSPSIHDNICSNGWICEHRWRQIYNMVRFRNLVKGTKIDNWWDNG
 SNQIAFSRGCSGFVAFNGDQYDLKKNLKVCLPPGQYCDVISGNLEKGRCTGKIVTVGSD
 GNANIEIGAGEEDGVLAHVAKMA

15

>Amm|026|alpha-amylase_AAM20738

20

MMPAIVLLLALLTLAAGEIAHNDPHFAPGHDAIVHLFEWKWNDIAKECEQFLGPVGFGG
 VQVSPVQENIVIDKRPWWERYQPISYKWITRSGTREQFIDMVARCNKAGVRIYVDVIMN
 HMSGDRNDAHGTGNSRANTYNFDYPQPVTKNFPRCAVNYYNDPSNVRNCELVGL
 HDLDQSQEYVRSKLVDFLNDLVTVGAGFRVDAAKHMWPSDLRTIYSRVRNLRTHGF
 PNDAQPYIFQEVIDYGNEAISKREYNGMAAVIEFKYSYEISNAFRGNNNLKWLWNWGEQ
 WGFLPSKDSLVFVDNHDTQRDNPQILTGYSKRYKMAVAFMLSHPFGTPRIMSSFDFQS
 KDQGPPNDGNGNILSPSIHDNICSNGWICEHRWRQIYNMVRFRNLVKGTKIDNWWDNG
 SNQIAFSRGCSGFVAFNGDQYDLKKNLKVCLPPGQYCDVISGNLEKGRCTGKVVTVGSD
 GNANIEIGAGEEDGVLAHVAKMA

25

>Amm|027|alpha-glucosidase III_Q17058

30

MKAIVFCLMALSIVDAAWKPLPENLKEDLIVYQVYPRSFKDSNGDGIGDIEGIKEKLDH
 FLEMGVDMFWLSPIYPSPMVDFGYDISNYTDVHPIFGTISLDNLVSAAH EGLKIILDFV
 PNHTSDQHEWFQLSLKNIEPYNNYYIWHPGKIVNGKRPPTNWVGFGGSAWSWREER
 QAYYLHQFAPEQPDLYNNPVVLDDMQNVLRFWLRRGFDGFRVDALPYICEDMRLFDE
 PLSGETNDPNKTEYTLKIYTHDIPETYNNVRKFRDVLDDEFPQPKHMLIEAYTNLSMTMKY
 YDYGADFPNFAFIKNSRDSNSSDFKKLVDNWMTYMPPSGIPNWVPGNHDQLRLVSR
 FGEEKARMITTMSSLPGVAVNYYGDEIGMSDTYISWEDTQDPQGCGAGKENYQTMSR
 DPARTPFQWDDSVSAGFSSSSNTWLRVNENYKTVNLAAEKKDKNSFFNMFKKFASLKK
 SPYFKEANLNTRMLNDNVFAFSRETEDNGSLYAILNFSNEEQIVDLKAFNNVPKKLNMF
 YNNFNSDIKSISNNEQVKVSALGFFILISQDAKFGNF

35

40

>Amm|028|alpha-glucosidase III_BAE86928

45

MKAIVFCLMALSIVDAAWKPLPENLKEDLIVYQVYPRSFKDSNGDGIGDIEGIKEKLDH
 FLEMGVDMFWLSPIYPSPMVDFGYDISNYTDVHPIFGTISLDNLVSAAH EGLKIILDFV
 PNHTSDQHEWFQLSLKNIEPYNNYYIWHPGKIVNGKRPPTNWVGFGGSAWSWREER
 QAYYLHQFAPEQPDLYNNPVVLDDMQNVLRFWLRRGFDGFRVDALPYICEDMRLFDE
 PLSGETNDPNKTEYTLKIYTHDIPETYNNVRKFRDVLDDEFPQPKHMLIEAYTNLSMTMKY
 YDYGADFPNFAFIKNSRDSNSSDFKKLIDNWMTYMPPSGIPNWVPGNHDQLRLVSR
 GEEKARMITTMSSLPGVAVNYYGDEIGMSDTYISWEDTQDPQGCGAGKENYQTMSRD
 PARTPFQWDDSVSAGFSSSSNTWLRVNENYKTVNLAAEKKDKNSFFNMFKKFASLKK
 PYFKEANLNTRMLNDNVFAFSRETEDNGSLYAILNFSNEEQIVDLKAFNNVPKKLNMFY
 NNFNSDIKSISNNEQVKVSALGFFILISQDAKFGNF

50

55

>Amm|029|MRJP1_NP_001011579

MTRLFMLVCLGIVCQGTTGNILRGESLNKSLPILHEWKFFDYDFGSDERRQDAILSGEYD
 YKNNYPSDLIDQWHDKIFVTMLRYNGVPSSLNVISKVGDDGPLLQPYPDWSFAKYDDC
 SGIVSASKLAIDKCDRLWVLDSQLVNNTQPMCSPKLLTFDLTTSQLLKQVEIPHDTVAVNA

TTGKGLRSSLAVQSLDCNTNSDTMVIYIADEKGEGLIVYHNSDDSFHRLTSNTFDYDPKFT
 KMTIDGESYTAQDGISMALSPMTNNLYYSPVASTSLYYVNTEQFRSDYQQNDIHYEG
 VQNILDQTSSAKVVSKSGVLFFGLVGDSALGCWNEHRTLERHNIRTVAQSDETLQMIAS
 MKIKEALPHVPIFDRYINREYILVLSNKMVKMVNNDFNFDDVNFRIMNANVNELILNTR
 CENPDNDRTPKISIHL

5

>Amm|030|MRJP2_AQM49880
 MTRWLFMVA CLGIACQGAIVRENSPRNLEKSLNVIHEWKYFDYDFGSEERRQAAIQSGE
 YDHTKNYPFDVDQWRDKTFVTILRYDGVPSTLNVISDKTGKGRLKPYPDWSFAEFKD
 10 CSKIVSAFKIAIDKFDRlwVLDGLVNRTVPVCAPKLHVFDLKTSHLKQIEIPHDIAVNA
 TTGKGGLVSLAVQAIDLANTLVYMADHKGDALIVYQNADDSFHRLTSNTFDYDPRYAK
 MTIDGESFTLNGICGMALSPVTNNLYYSPLASHGLYYVNTAPFMKSQFGENNQYQGS
 EDILNTQSLAKAVSKNGVLFVGLVGNSAVGCWNEHQLQRQNLEMVAQNDRTLQMIAM
 15 GMKIKEELPHFVGNSKPKVDEYMLVLSNRMQKIVNDDFNFDVNFRILGANVKELIRNT
 HCVNNNQNDNIQNTNNQNDNNQKNNKKNANNQKNNNQNDN

10

15

>Amm|031|MRJP2_NP_001011580
 MTRWLFMVA CLGIACQGAIVRENSPRNLEKSLNVIHEWKYFDYDFGSEERRQAAIQSGE
 YDHTKNYPFDVDQWRDKTFVTILRYDGVPSTLNVISGKTGKGRLKPYPDWSFAEFKD
 20 CSKIVSAFKIAIDKFDRlwVLDGLVNRTVPVCAPKLHVFDLKTSHLKQIEIPHDIAVNA
 TTGKGGLVSLAVQAIDLANTLVYMADHKGDALIVYQNADDSFHRLTSNTFDYDPRYAK
 MTIDGESFTLNGICGMALSPVTNNLYYSPLASHGLYYVNTAPFMKSQFGENNQYQGS
 EDILNTQSLAKAVSKNGVLFVGLVGNSAVGCWNEHQLQRQNLEMVAQNDRTLQMIAM
 25 GMKIKEELPHFVGNSKPKVDEYMLVLSNRMQKIVNDDFNFDVNFRILGANVKELIRNT
 HCVNNNQNDNIQNTNNQNDNNQKNNKKNANNQKNNNQNDN

20

25

>Amm|032|MRJP3_ADC55524
 MTKWLLVVCLGIACQDVTSAAVNHQRKSANNLAHSMKVIYEWKHIDFDGSDERD
 AAIKSGEFDHTKNYPFDVDRWRDKTFVTIERNNGPSSLNVVTNKKGGPLLRYPD
 30 WSFAKYEDCSGIVSAFKIAVDKFDRLWVLDGLVNNNQPMCSPKLLTFLDLKTSLVKQVEI
 EIPHNIAVNATTGMGELVSLAVQAIDRTNTMVIYIADEKGEGLIMYQNSDDSFHRLTSNTF
 DYDPRYTKLTVAGESFTVKNGICGIALSPVTNNLYYSPLSSHGLYYVDTEQFRNPQYEEN
 NVQYEGSQDILNTQSFGVKVSNGVLFGLVGNSGIACVNEHQVLQRESFDVVAQNEET
 LQMIIVSMKIMENLPQSGRINDPEGNEYMLALSNRMVKIINNDFNFDVNFRILGANVDD
 35 LMRNTRCGRYHNQNAGNQNADNQNADNQNANNQNADNQNANKQNGNRQNDNRQN
 DNKQNGNRQNDNKQNGNRQNDNKQNGNRQNGNKQNDNKQNGNRQNDNKRNGNRQ
 NDNQNNQNDNNRNDNQVHHSSKLH

30

35

>Amm|033|MRJP4_NP_001011610
 40 MTKWLLMVCLGIACQNIRGGVRENSSGKNLTNTLVIHKWKYLDYDFDNDERRQA
 AIQSGEYDRTKNYPLDVDQWHNKTFLAVIRYNGVPSSLNVVSDKTGNGGRLQPYPDW
 SFAKYEDCSGIVSAHKIAIDEYERLWVLDGLVNNTQPMCSPKLFADLNTSQLLKQVEI
 PHDVATTGKGEVSLTVQAMDSTNTMVMVMDNKNTLIIYQNADDASFHRLSSHTLNHNS
 45 DKMSDQQENLTKEVDNKVYGMALSPVTHNLYYNSPSENLYYVNTESLMKSENQGN
 DVQYERVQDVFDSQLTVKA VSKNGVLLFGLANNLSCWNEHQSLDRQNIIDVVARNE
 LQMVVSMKIKQNVQPSGRVNNTQRNEYLLALSDRNQNVLNNNDLNEHVNFQILGANV
 NDLIRNSRCANFDNQDNNHYNHNHQARHSSKSDNQNNQHNDQAHSSKSNNRHNN
 ND

40

45

50

>Amm|034|MRJP4_XP_026299317
 MTKWLLMVCLGIACQNIRGAVVRENSSRKNLTNTLVIHEWKYLDYDFGNDEKRQA
 AIQSGEYDRTKNYPLDVDQWHNKTFLAVIRNNGVPSSLNVVSDKTGNGGPLLQPYPDW
 SFVKYEDCSGIVSAHKIAIDEYERLWVLDGLVNNTQPMCSPKLLAFDLNTSQLLKQVEI
 PHDVATTGKGEVSLTVQAMDSTNTMVMVMDNKNTLIVYQNADDASFHRLSSHTLNHNS
 55 DKMSDQQENLTKEVDNKVYGMALSPVTHNLYYNSPSENLYYVNTESLMKSENQGN

DVQYERVQDVFDSQLTVKAVSKNGVLLFGLANNLSCWNEHQSLDRQNIDVVARNEDT
 LQMVVSMKIKQNPQSGRVNNTQRNEYLLALSDRNQNVLNNDLNLEHVNFQILGANVN
 DLIRNSRCANFDNQDNHYNHNQARHSSKSDNQNNQHNDQAHSSKSNNRHNNN
 D

5

>Amm|035|MRJP5_NP_001011599

MTTWLLL VVCLGIACQGITSVTRENSPRKLANSMNVIEWKYLDYDFGSDEERRQAAM
 QSGEYDHTKNYPFDVDQWRGMTFVTVPRTKGVPSSLNVISEKIGNGGRLLQPYPDWSW
 ANYKDCSGIVSAYKIAIDKFDRLWILDSEIINNTQPMCSPKLHVFDLNTSHQLKQVVM
 10 DIAVNASTGNGGLVSLVVQAMDPVNTIVYMADDKGDALIVYQNSDESFHRLTSNTFDY
 DPKYIKMMMDAGESFTAQDGIFGMALSPMTNNLYYSPLSSRSLYYVNTKPFMKSEYGAN
 NVQYQGVQDIFNTESIAKIMSKNGVLFGLMNNSAIGCWNEHQPLQRENMDMVAQNEE
 TLQTVVAMKMMHLPQSNKMNRHMNRVNRVNRMDRMDRIDRMDRMDRMDRMDTMDT
 15 MDRIDRMDRMDRIDRMDRIDRMDRIDRMDRIDRMDRIDRMDRIDRMDRIDRMDTMDRT
 DKMSSMDRMDRMDRVDTMDTMDTMDRMDRMDRMDRMDRMDRMDRMDTMDRTDKMSR
 IDRMDKIDRMDRMDRTNRMDRMRNMNRQMNEYMMALSMKLQKFINNDYNFNEVN
 RILGANVNDLIMNTRCANSNDNQNNNQNKHNN

>Amm|036|MRJP5_ADB96941

MTTWLLL VVCLGIACQGITSVTRENSPRKLANSMNVIEWKYLDYDFGSDEERRQAIIQ
 SGEYDHTKNYPFDVDQWRGMTFVTVPRTKGVPSSLNVISKKIGNGGRLLQPYPDWSWA
 NYKDCSGIVSAYKIAIDKFDRLWILDSEIINNTQPMCSPKLHVFDLNTSHQLKQVVMHD
 IAVNASTGMGGLVSLVVQAMDPVNTIVYMADDKGDALIVYQNSDDSFHRLTSNTFDYD
 PKYIKMMAAGESFTAQDGIFGMALSPMTNNLYYSPLSSRSLYYVNTKPFMKSEYGANN
 VQYQGVQDIFNTESIAKIMSKNGVLFGLMNNSAIGCWNEHQPLQRENMDMVAQNEET
 LQTVVAMKMMHLPQSNKMNRHMNRVNRVNRMDRMDRIDRMDRMDRMDTMDT
 25 MDRIDRMDRMDRIDRMDRIDRMDRIDRMDRIDRMDRIDRMDRIDRMDRIDRMDTMDRT
 DKMSSMDRMDRMDRVDTMDTMDTMDRMDRMDRMDRMDRMDRMDRMDRMDTMDRTDKMSR
 IDRMDRIDRMDRMDRTNRMDRMRNMNRQMNEYMMALSMKLQKFINNDYNFNEVN
 30 ILGANVNDLIMNTRCANSNDNQNNNQNKHNN

>Amm|037|MRJP5_XP_026299316

MTTWLLL VVCLGIACQGITSVTRENSPRKLANSMNVIEWKYLDYDFGSDEERRQAIIQ
 SGEYDHTKNYPFDVDQWRGMTFVTVPRTKGVPSSLNVISKKIGNGGRLLQPYPDWSWA
 NYKDCSGIVSAYKIAIDKFDRLWILDSEIINNTQPMCSPKLHVFDLNTSQQLKQVVMHD
 ITVNASTGMGGLVSLVVQAMDPVNTIVYMADDKGDALIVYQNSDDSFHRLTSNTFDYD
 PKYIKMMAAGESFTAQDGIFGMALSPMTNNLYYSPLSSRSLYYVNTKPFMKSEYGANN
 VQYQGVQDIFNTESIAKIMSKNGVLFGLMNNSAIGCWNEHQPLQRENMDMVAQNKKT
 LQMIISMKILKDL

>Amm|038|MRJP6_NP_001011622

MTNWLLLIVCLSIAQCDVTSIAHQRKSSKNLEHSMNVIEWKYIDYDFGSDEKRQAAIQS
 GEYDYTKNYPFDVDQWHNKTFLAVIRYDGVPSSLNVISEKIGNGGCLLQPYPDWSWAN
 YKDCSGIVSAYKIAIDKFDRLWVLDGLINNIQLMCSPKLLAFDLNTSKLLQIEIPHNI
 NASTGMGGPVSLVVQAMDPMNTTVIADDRGDALIYQNSDDSFHRLTSKTFDNDLRYS
 ELAVAGESFTVHDGIFGMALSPVTNNLYYSPLTSHSLYYVMEPFMKSQEENNIEYE
 45 QDIFNTQSSAKVMSKNGVLFGLVNSAIGCWNEHQPLQRQNMDMVAQNEKTLQMIIS
 VKIIQNLAYSGRMNRIHKNEYMLALSNRMQKIVNNDFNFDEVNFRILGANVNNLIKNT
 CAKSNNQNNNQNKYKNQAHLD

>Amm|039|MRJP7_NP_001014429

MTRWLFMVACLGIAQCGAILRENSARNLKNSLKVMHEWKYIDYDFGSEEKRQAAIQSD
 EYDHTKNYPFDVDQWRDKTFVTVLRYDGVPSSLNVISEKTGNGGRLQPYPDWSWT
 KDCSGIVSAYSIAIDKFDRLWVLDGLVNNTQPMCSPKLLVFDLNSSLIKQVDIPHEIA
 NTTTEQGRLKSLAVQAISSVNTLVYIADNKGDGLIVYQNSDDSFHRLTSNTFNYDPRYTK
 55

MTVEGESFTVQDGIYGMALSPMTNNLYYSPLASRDLYYVNTKPFIKSEYGENKVQYNG
 VQDVFNTQTTAKAVSKNGILFFGLVNNTAVGCWNEHQLQRENTDMVAQNEETLQMI
 VGMKIKQLLPHIVIIDIDNIINDEYMLVLTNRMQKILNNNDLFNDINFRILIGGVSDLLENT
 RCTNFNIQNDDSDENNDDSIRITIDASFN

5

>Amm|040|unch protein LOC408608_XP_397512

MQLRVLFFFVFATISYAIADSSSSSESKETAVDALKNIGKSADNIVKQFGKGFAAVAK
 GNLGTVNLTKVLKSVEDRLKLPTLSKYKSEAKSQIVAAREQVANALLEGSSDLIGALKD
 AVELAIRASTPIENLIEIFDTIKDVYFHAVVNSIAIGLNIIEDGVPLICQVIVETMKVALKV

10

>Amm|041|apolipophorin-III-like_NP_001107670

MKIILTIIFSIILISEAKVAPTSTTNSQGTPDVQLSELISQAQANINNLAKQIQEQWNIPDQDT
 IVKTVKDQSANSANVNNIQDYIKNVTEEVKTKEPELERSWNDVKTMLNKVVDDISSGIPNA
 QQVAELQSKFQQGVQTLLKESDKAAKSLSQHSGKIQEDELAFTKQAVDIAVQATQNL
 NNQLQTAATQKS

15

>Amm|042|unch protein LOC726323_XP_026301350

MGTNWLRDLHENINALNRNLQQNMYQLQQRIHNTVQRNLEHAHRLTENLDSNSNMIQ
 MIGGNSVIVTNNDGTKIVQSGRTSDGKPYIRESTDKIIGDTLRHIERIYDPITNTSKMHGYT
 LNLKDPSAKPVPLNDTV

20

>Amm|043|Obp 14_NP_001035313

MKTIVLIFGFCVCVGALTIEELKTRLHTEQSVCKTETGIDQQKANDVIEGNIDVEDKKVQ
 LYCECILKNFNILDKNNVFKPQGIKAVMELLIDENSVKQLVSDCSTISEENPHLKASKLVQ
 CVSKYKTMKSVDFL

25

>Amm|044|unch protein LOC727028_or_takeout-like_XP_001122741

MLPQRRITICAVIFGLFCIGESPVSCDKEQSRNAALNEPDFEIPEYILPCRSRSDPKIDVCFQN
 TLNHLPYLLKGISELDLPPIELPELGMEENGQGAVRVRALFSNITVIGAGNYSLTKSRV
 DLKTYRLDVHLAFPKIELQGRYEVVGNVLLFPIQSHGEFWALFGDVQAARIQGAEEIRD
 GVRYLKVVRMLVDFGLGRARFRVVDQLNGDNIVGQAMNQFLNQNAKEIEEMRPAASA
 SIAKHFKNFLGKALNKVPLKVWLRTD

30

>Amm|045|ferritin heavy polypeptide-like 17_XP_624076

35

MLFLGILFIFLATASAECTDEVNKFCSTTKKHEIGESNCNATYGNIHELLVPLQSYAYG
 NIEYSFRFLLMSTYLGNYENQREGFKLYRKYSDEM WENGIDLKYITKRGGSNFGQE
 PKFTPIMKTELNEFASLATALEIQKSFANQALKIHEKANKKQDSAIAHYMEEKFLEPQA
 DRVRELAGHIRDMKRFIDESHHLSIFLFDQYLQQSV

40

>Amm|046|ferritin subunit heavy chain_XP_026300991

MKLLYVLFIVFYINGSLGNDSATRSCIISNIAADENATHWLDMDKNCIKSLESQVNVEI
 KAAMTYLAMGAHFALDVINRPGFSKFFFESATEEREHAIKVLEYLLMRGQLTNINEDNV
 LLRFPLEAEIENWNSGYKALKKALKLETsvtkriRELIKTCCEHPNDINLVDYHLDYLTG
 EFLTEQYKGQRDLAGKISSLGKMIQTHGMLGEFLFDKKLLNNEI

45

>Amm|047|laccase-5_or_polyphenol oxidase_XP_625189

50

MFKNIMKFHIFFILLIYTQFSYSYRSWKHSNYSIFSSPEECVRNCTDNEQPKICYYFFHIEF
 YTTVGPACDIQGSNQCILADGIEKTLIPINRQLPGPPIEVCLNDRVVVDVQNAAMGMEATI
 HWHGLFQNGFQYYDGVPYVTQCPASSSTFRYDFVVKNSGTHFYHSHISTHMLDGQIGS
 FIVKDPPRKNPHRDLYDKDEIVFLSDWIHELSFERYPGYYRYNVLGQTAENILINGLNY
 TNASGNTTNGSLKVFTVKKGERHRIRMINSFSTVCLTELRIEKHLIIAQDGENVKPKPV
 DKIVTSTGERVDFILVANQSVDSYWIQARGLGECATFMQQLAILKYENGPSRPSTPLLN
 YNDTIDGVIYNGLNGTLCNTNITEPVLCINQLESLESENDLLKVEPDERHILPFWFFNYTD
 TSKNRLFNSSSYLPFFNANDRSQLLSIFNDIAYENPASNLLTQSSSYRAICKKNQLSTCTEP
 CTCAQIIKTKLNNVVELVMYDAIPQTLDHPFHLHGFAFQVFSVGQFWPIRNISRQDINE

55

VIQEHTERLRRGEYKNPPGKDTAKIPMGGYVIVRFKADNPGWWLLHCHFSWHHITGME
LVILVGDENDLPPIPKNFPKCDNWKPVRIANDYLFFPQS

>Amm|048|esterase B1_XP_016770320

5 MNGITLSIFFSVLTNNADIQRTSVVQTNSGPVQGAALTTWNGIEYSSFKGIPYASPIIG
NRRFRPPVPPQPWNTELDAIEEANCPQEMSNVYSGNEDCLYLSVFTPQTKFNDKELKTL
KPVMVWIYGGSFLRGSSNASLYGPDFFMEQDVVLVTFNYRLGALGFLYKHENAAGNA
AMRDQLMVLEWVRDNIAFGGDPNRVTLFGESAGGASVNYHVLSEKSRLFHQAIEQS
GTSATYLYKTQKAQTACKLASLGESDDPNEELLKFFLEADAKDLVATTNRAFPLGT
10 DFSVPFAPIKENPDLVDPKDMFLSECPTLAANQKFNKMPVMLGFTHDEVLDLFSGELYQII
NTTADILNELFNLKLDLQGPYEEVKELSVDIMKGPIDFAQRLLVDGNDDYPVYYY
QLSYVSNYALHAQDGEPGIAHFDDIGLLFNVESLNAPTDPRHPFNQFRQLVTLWANF
AKYGNPTPANANPLNDVIWKPSGEAGQLLDMGDNFQMIDRKQAINERALITEKYLYVS
MPITSDCNEISYANYFSLF

15

>Amm|049|pancreatic triacylglycerol lipase_XP_026299639

MRHQAMHAVSYYDLIDSSFFRLYNRNGSYIDTNVENASVLLPYIEKNNSLVLYLTGYTY
DIDSENVKLITGVYLNNTQHNILALDYRNITRTDYLTAZYAINDLGKLVGDALNSLVNG
20 GVHSELIHIIGHSLGAQLAARIARNVNFVISRITGLDPAGPLFYFLNFHLTSSDARFVDIHT
DIGVYGLALKTGNDFFPNYGRPQPNPLFSPILSQMDLCSHSKSFEFYAESVKNHTSLI
GKCYSLSEC GGVEYIPMGYATPSNATGYYFITNGESPFGRGLAGATFTPLKVIPIL

>Amm|050|lipase member H-A_XP_026299638

25 MIKNRFCIFIACLYFSWTVFASDLTENVFLRYKRNGSYIDENIRNANLLISHMDKNNKIV
IFLSGWNEEINSEDVQLITNAYLENTEDNILALDYRVNSTEFYLFAVPDLYKVGKSVA
LDNMIEGINSKNIHIIGHSLGAQLAGIIGRNMNYKIGRITGLDPAGPLYYLLNNHLSISDA
DFVDVIHTDMGIFGIALKIGHVDFFPNYGRPQPGCILSSDDFCSHRSYKFYAESVKNH
NAFIAKCDLLNECNGVEYIPMGYVTPTNATGNYYFSTNSKSPFGRGLTGATFNPLRIMPV
L

30

>Amm|051|pancreatic triacylglycerol lipase_XP_623663

MLNIYFYFFFaffNFLLAVNADVTQNVFLRLYNRNGSHIDENIRNASIFLPYIQKNNFLIFI
NGLNNDINSLSDKLISSAYLDTTEVNFGLDYRNVTQFYPFAVADISTVGKFVANALDD
35 MVENGINPKKIHIIGHSLGAELAGSIGRQMKVKISRITGLDPAGPLYYLLNNHLSISDA
VDVIHTDMGFAGLALKIGTVNFFPNYGRPQPGCSIETSSCSHRSYEEYYAESIRNHEAF
IGKCYSLNKCSGAEVYVSMGYATPSNATGNYFLITNSKSPYQGFGAGATNPFLVTPIA

>Amm|052|unch protein LOC413627_or_regucalcin_XP_026298038

40 MQNICIILFLGLYFDFFVHGIEVDINLKHSIDLVEPIIGRFDHSEGPHWDHSIQLYFVDIE
AQKIYRFDPVTKDLSCIFIENGPIGFVIPVEGEPEHKFVAGCGTDFILVTWDEHRNATKSIPQ
VLSIVDNDRNGTRWNDKADSLGRFWGGTIGPEINDVVPNQASLYRIDSDLPKKELSP
VTNSNGLAWNLDQNTFYYIDTPLQVAAFDFEPINGTISNKRIAFDLQKNNISGPDGMTI
DKNGNLWIALYGGGGVINVNPTYTGEIRLIELPVTKVTSCTFGGPLLDLTFVTTSSRDLTK
45 KELTEKPYSGYVFAIKGLGVYGLVANSFKIIKKMSEITLEPLVGPYDLGEGRPHWDPIQS
LYYVDIYAQKVFRDPASGIVTSVFIENGPGVGVPLEGCTDKFVAGCGIDFVLFSWNSE
KSLENCTAQVLVSADSDRIETRLNDKGVDSSGRLWAGTMGHEKNGIFPPNIGSLYSIGND
FMLKKQISPVSISNGLAWNPNNNDIFYYIDSLSYQIVAYNNSQTGIISNKKIVFDFLKN
50 NIPGLPDGMTIDTNGNLWVAVYGGGGILNINPKTGE LLRFVKINNAKNITSVAFGGPNLDILY
VTSARTGLNENQLKEQLHAGYLFAIKGLGVCGFPANSFKLPKIN

50

>Amm|053|glucosylceramidase-like_XP_006570612

MWKA VLLIAILSAATNKS VANDCVPRSGTNNIVCVCNSTYCDSTPEPKPSSPEKGT FHW
YVSSRDGLRLSLSKGQMGRQCNDGS LT LNIDTSKRYQTI LGFGGAFTDSAGMNIKNLSE
55 ATQDQLIRAYFDPKDGSRYT LGRIPIGGTDFSTRAYT LDDYDDDATLQHFALAPEDVEYK
IPYARKA VELNPDLRFFSAWSAPTW MKTNH KINGFGFLKTEYYQTFANYILKFIEEYKK

5 NGVDIWGVSTGNEPFDAYIPFERLNSMGWTPVELVDWIANNLGPTLANSEYNATHIFVL
 DDQRLGLPWFVNEIFKNEIARNYVYgiaVHWYADILIPPVLDQTHNNFPDKNLLMTEA
 CEGSFPLEKKVVLGSWERGKRYILSITQYMNHGVGVWDWNIALNKDGGPTYINNNV
 DSPIIVNPENDEFYKQPMYYALKHYSRFVDRGSVRIFITDTIEKAAAFITPSNEIVVVAYN
 DNNEKTNVVLNDVTSEDYICLELPPHSMNTVIYNK

>Amm|054|putative glucosylceramidase 4_XP_393208

MNTKHWAKLLFLISFFRKSIANDCAPYRVDNEIIACVCNATYCDGIPDNIPEVPTEGNSY
 WYVSNKQGLRMNVSEVKFDRCENFADTTITVDSKKYQKIIGFGGAFTDATGINIAKL
 10 SRATQEQLIRAYYDPKKGSRYTLGRIPIGSTDFSTRIYTYDDAPGDKLLKNFSLAPEDNY
 KIPYVKLAELNPEVLLFAAAWTAPLWMQFDNNITYLKEEHYETYVNYLIKFLDKYER
 NGVNIWGITPSNEPLLGFMIDNPNISSMTWIPKTQANWIANYFGPILASSPFNKTLLTYDD
 NRIKAIEYVKAIAEIGGKYIAGIGIHWYKDSTYPATIIDRIHEKYPDKFILMTEASIFNPIWN
 15 CSSKLKSEAWQRGEKYILSIIDYMNHWVGWVDWNMVLTKGGPTVVNNLDAPIVN
 PETDEFYKQPLYYAIKHVSRFVDRDSFRISIIDNNSINSTAFLTPSGETVVVLNGATSTKH
 IILKDLQKDSKLCLELSPQSMNTLKYK

>Amm|055|unch protein LOC102655185_XP_026299771

MAKFALLFCLIIIFTAYANSQFIPSFLNPTKKVEQYEKHVIEKINNIINKGNTIFLQRKEQAK
 20 KLVEEMKKSERINTDARNFVNNILKTMGFELKNLKKYLKGMSDCNAKEKELDHLDQ
 FIDSTNNCTSRLNEAIQLTVEINTKSENLLNDLNISTNAAKCTTINKFPFEIMNCLNDAL
 NRAIRYSLVDILETSKQNDYIITLIKLKISLNKCIDEVKDISKQITALRKEIKDCYKNLYT
 SSPKYTTTSWQPTTVTKPDILTSTTSTEQSSSTECPNSSTSSTEQSISSTECPSSASTE
 25 QFSSSTEQPSSSTQFTSDSTEGSSSSTGQPSSTECPSSSTQQSSSSTEQSSGTTVRPFT
 SSTSFSDSTGWSSSTQQSSSSTECPGSSSTTQSSSTGGWSSISTEQPSSGSTERPPGSST
 STSSSTECPSSSTGLPSSSTGGSSGTNTQSSSTNECPGSSSTAQSSSTGGSSSTGLPSSST
 GGSSGTNTQSSSSTECPGSSSTAQSSGTAGWSSASTECPSSGTERPGSSTPSTSDSTG
 GSSSTGLPSSSSTGGSSGTNTQSSSSTECPGSSSTAQSSSTECPGSSSTAQSSSTGGWSS
 TEQPSSGSTECPGSSSTAQSSSTGGWFTSSTECPGSSGTERPPGSSTPSTSGSTGGSSSTGL
 30 PSSSSTGGSSGTNTQSSSSTECPGSSSTAQSSSTGGFSSSTQQPSSGTTVRPGSSTPST
 SGSTGGSSSNTEQPSSRSTETPGSSSTAQSNSPGGSSSTEQSSSSTERPGSSTPSTSGSTG
 GSSSNTEQPSSRSTERPGSSSTAQSSSPGGSSSTEQSSSSTERPGSSTPSTSGSTGE
 35 STECPGSSGTERPGSSTPSTSGSTGGSSSTGLPFSNSTGGSSSTQQSSSSTECPGSSSTAQS
 SSTGGWSSSSTECPSSGSTERPGSSTAQSSSTGGSSSTECPNSGSTECPGSSSTAQSSSTGG
 SSSSTEPTSTGTDVTIYTDKFTNSTIEVSTDVTASSNNTKVSTDITEGLPSITPVSNTT
 LPPCVCFSYGY

>Amm|056|xanthine dehydrogenase_XP_016768886

40 MTSAQENIRDKNIIQLIINEQSYIVKEDIPPDTSLNTFIRDYAKLRGTKAMCLEGGCGACI
 VSVKINDEDISVNSCLVPILICNGWIICKTIEGLGNKNGYHTLQTGLAGKNGSQCGFCSPG
 MIMNMYSLLKKNLTMKQIENSFGSNICRCTGYRPILDFTKAFANDAEENFKDIQDIEE
 LFNIKACKRINALYENSCNCCTVIQKTEHKIDMKLDNSEFHKILSIDDLFALFQKNPNAS
 YILHGGNTAHGVYRSKIPDLIIDINDISDLRNIRKDNDLTIGGNVSLTVAMETFEKYSKEP
 45 GFKYLQHLAKHIDLIAVPVRNIGSVAGNLMIKYEHREFPSDLFILETAGAQLHIVEAGG
 KKTPMTLLKFLNCNMKHKIIYIISALSEEYEYRSYKIMPRSQNAHAAVNAAFLFKLDG
 SGKVLEKPNIIMGGINKNFLHASHTENFLFGKFIFEENIVKQALDILDAEIQPDYVLPDYSP
 KFRKILAESLFYKFILSIKPENVNPTLRTGGSILERGLSSGKQNYDTNKNLWPLNQPLPKM
 EAIYQTSGEAHYTNDFPPFPNEVFCAFVLTDTVANGKIKNIDASEALKMKGVIAFYTAKDIP
 50 GKNVFIPGDAQLLFLNDEVLFVDTNIEYAGQPIGVIVATTFTIANQAAQIVNVSYIDFIPE
 KILLTIEDVLAALNDNTRIYESVNSIAQTKGNDVKHIIKGTFRNGSQYHFTMETQTCVCVPI
 EDGIDVFAATQWMDLTQVAIAQCLNIKNNNSININVRRLLGGAYGAKISRATQIACACALV
 CYKLNRPVRFIMSIESNMLAIGKRYDTRQYEIGVNDGQIQYLNNSKHWGNSGSNFNEY
 HAPIVVEQMKNCYDFSTWTYQGFEVKTDLPSNTFCRAPGSTEGIAIENIMEHIAKTVGK
 55 DPLEVRYANMSEDHKKILQPMIEELCQNADYDTRKRSVDIFNAENRWKKKGISLIPMMF

PLTIFGQFHALVSIYARDGTVSVTHGGIECGQGINTKVAQVAAHTLGIDLSLTVVKASNN
 LTSPNNIVTGGSVTSESCAYATMMACKELLQRLEPIKKELKNFSWQKLIFTAYSKDVLDC
 ARYMFVTKDDIKSYPVYVGATIAEVEIDVLTGQHITRRVDLIEDVGRSMNPEDLGQVEG
 AFIMGIGYWIEQLIYDQKTGQLTYRTWNYKPPGAKDIPVDFRVYFRKNSTNPLSVLRS
 5 KATGEPPLCMSYAIPIAIHNALNSARKNAGNNDTWYNREYPLTIEKILLDSLTTKEQLVL

>Amm|057|lysosomal alpha-mannosidase_XP_026296064
 MSWLEFLISFFLFFTHGASIPKRQTQVCGYEACPITDSKKNIHLVAHTHDDVGWLKTV
 DQYYFGSRPTIQKAGVQYILDSVIQALLANPERKFIYVETAFLWKWWLRQSEKTQDVR
 10 DLINQGRLEIIGGGWTMNDDEAVTHYHSLIDQYTWFGRRLNDTGFSCARPHIGWQIDPFG
 HSREQASLFAQLGFDMFFGRLDYQDKNKRDLKTMEFIWKGSSNLGSRADLFTVVLY
 NNYSPPGFCYDVLNCDEPINDDLESQDYNVDDRVNRFLQYAVHQSEVYRTNNVILTMG
 GDFTYQQAEAMYFSNMDILIRYVRERNSSDVNIFYSTPSCYLKAVHDAKLWTTKDDDF
 15 PYASDPHSYWTGYFSSRPTIKFFERMGNLLQISKQLSALTQLKGYEKELEHFREAMGVL
 QHHDAVSGTEKQLVADDYARILYNGMEQGTNIAYKALRKWMLKENSQFLKEHIHSCM
 QLNISCTYTEGNDLFILVIYNPLSQNVVSPIRPVQEDAYKVIFSDGEEVISQIVPIPNSVH
 AIPGRKSNAMELVLFLASLPLGLYKSYTIKRAESARQEAMEEISIGNEFYNIWVNQYNHI
 VVEWKKEKNMRLTQSFHYEGMEGNMEFKNRSSGAYIFRPRNMVFVKNFVTPNTFKV
 YKGPLVEEIHQYINDWVSQVIRVYNGMEYVEFDLVGPPIKDMIGKEIITRYYSNLNSS
 20 GEFYTDNSNGREMLKRKRDYRPTWKVNLQEEVSGNYYPITSKISLKDEERRLKLSSLTDR
 AQGGTSMKDGEIEMMVHRRLLKDDAFGVGEALNESAYGEGLVVRGSHYIIGGSIKNLD
 ELAIKEKNLALQLLRPWPFIISNESNFSTYAQHFSQYATSQNLAKALPPNVHILTLEPW
 KEDSLLRLEHIFEIDETENLSKPVTINIQDLFKFTIVSVKETTLGGNQWYKDMNRLKW
 DAETNDILYSEEQYQPVEIKDGIINIILKPMEMRTFILKIVPKRLNKIL
 25

>Amm|058|serine protease inhibitor 88Ea_XP_026298978
 MMGAGSKKAIIDSFKRFALETLKKISLFESQDNIYSPYSIHQAvtLAYFGSRGTTEEALKR
 ALQLPADISKVDVQRYYSFENTLKKQINGQNDVSSNYEFNSANRLWISDKKKVRECILSL
 FGNQLEMIDFKTNPNAVRDQINNWVSNMTKGHIRDLPPNSITTDLVLANAVYFKGL
 30 WKSRFNPNNSSKKDIFYSSKSQHSMVKYMRQQGNFHVISIEILGAHVLELPYKGNEISMFI
 LLPPFVTKISNDSAQNGERDSIYHLIERLSTEAGYTEIRDLLTSDSLPQPVEIILPRFEVEKEL
 QITLLDAIGAGELVMPDVANLKGVEDGEESVHLGAAVHRARIEVTEEGTTAAAATAI
 YTFRSGRPLVPTVFNANHPFVYFIYEPKRTILFAGIYRNPNTQKNAETA

35 >Amm|059|chymotrypsin inhibitor-like_XP_006563421
 MSRAILFVLLVVAYICISNVNACGQNEQFKECGGCDQRCGVERIECLEVCQPGCACIKGF
 IRNAANKCVLPKHC

>Amm|060|chymotrypsin inhibitor_XP_001120999
 40 MSRYIFTCMLIATLLAVYVDAQNNEENIRCGENEKPYICSLCEPSCNAPHNRIFCPRIEC
 TWSLTGGCRCEQGYLNNNGVCVPSSQC

>Amm|061|chymotrypsin inhibitor_XP_006563422
 45 MSRIIFILLAAMAIFSSSGEECGPNEVFNTCGSACAPTAQPKTRICTMQCRIGCQCQEGF
 LRNGETGACVLPENC

>Amm|062|ATP synthase subunit alpha_XP_392639
 MALLSLRLVSSIARQLPNTTIQVKWPLSISSCKYHVSCSRRSAEISSILEERILGASPKANLE
 ETGRVLSIGDGIARVYGLKNIQADEMVEFSSGLKGMALNLEPDNVVVFGNDRHIKEG
 50 DIVKRTGAIVDVPVGEEELLGRVVDALGNPIDGKGPLNSKLRFRIGTKAPGIIPRVSVREPM
 QTGIKAVDSLVPIGRGQRELIIGDRQTGKTALAIDTIINQKRFNDAGEEKKKLYCIYVAIG
 QKRSTVAQIVKRLTDGAMDYIIVSATASDAAPLQY LAPYSGCAMGEFFRDNGKHALII
 YDDLSKQAVAYRQMSLLLRRPPGREAYPGDVFYLHSRLLERAAKMNESLGGSLTALP
 VIETQAGDVSAIPTNVISITDGQIFLETFYKGIRPAINVGLSVSRVGSAAQTKAMKQV
 55 AGSMKLELAQYREVAFAQFGSDLDAATQQLLNRGVRLTELLKQGQYVPMAIEEQVAV

IYCGVRYLDKMEPTKITAFEKEFLAHIRTSQRDLLNTIAKDNTISEASDAKLKQVVTDFL
ASFSG

>Amm|063|hexamerin 110_BAI82214

5 MRYFIILLALVALGVCAPNVKQRAADQDLLNKQQDVIQLLQKISQIPNQELQNLGASYD
IESNSHQYKNPIIIVMYYAGAVKAGLVQPQGTTFSNSISQLKEVSLLYRILLGAKDYQTFL
KTAAWARVHVNEGQFLKAFVAAVLTRQDTQGVIFPPVYEILPQHQLDSRVIQEAQNIAIQ
NTQGKNNQQNLIPIVNYSAALLSHDEQQLSYFTQDIGLAAYYAQVNLAGYIQEQNQQQQQ
QPLTQQQYQQQIVGKYLQQQAGQQDQQANIGRGAQYLYLHQQLARYELNRLSNGLG
10 PIKDIDYENVQSLYQPHRLGLNGLEFAGRPNQLQLQSQRNQLIQYVATLEKRLRDAIDSG
NVITPQGVFLSLYQPQGMNILGDLIEGTGRSVNPYYGSLQAAARKLLGNAPEVENIWD
YTPSSLELGEVAHVDPFYQLYKKVMNLYQQYQQLSPVYQYNDLILPGVTIQNVVDVSQL
VTLFTDFYVLDLAVTGHQSQQQQEEQTQSRVRAHLKRLDHQPYQYKIAVHSEQNVPGA
VVRVFLGPKHDHQGRPISISKNQHFLVELDQFIQNLHAGENTIIRNSQQAPGQSPDWSTS
15 QIQRGVNAAIRSQEPFYITEPHQIFSFPARLSLPKGQPQGFLQFLVVISSNPLNVPYGPVI
PEQSLTYQDQQYQVVSVEQYQQLKEQQISQVGGGIQQNVEVLPENLVNAQQQVQAVR
NYYANLYTKYHGQYPNTQIQNPVGQGQDMTYSVQGVGVNAGGWLGQQGNSWSQQ
QVQQAQGVQQQMQAAMAAVQQSQQRHQHAAQMIYGHQQSHHGLHINSSPSSVQSGQ
QQQSVLQGLGVQGVQQGVQTAQGVQGVQGVQGVQGVQGVQGVQGVQGVQGVQGVQGV
20 FGQGVQGMNPYGMQRGQSGQTWSNSQVQGVAVPGSGIVASGQQHAGGWQSIYAQ
PQTVQDQIVSEYYQNKPISEVIGGAISLDGPLGFPLDRPLSLGALSVPNIFVKDVLVFHQ
GQPTNDITQ

>Amm|064|hexamerin 70b_NP_001011600

25 MIVIMKAGFLFLASLCLLVQAVPNKVADKTYVTRQKNIYELFWHVDQPTVYHPELYQK
ARTFNLVENLDNYNDKEAVNEFMQLLKHGMLPRGVFTMMNKEMRHQAVVLFRLLY
SAKTFDVFYNTAVWARFNVNEQMYLYALSVAVIHPDTKLMKLPMPYEVMPHLYFND
EVMQKAYNIAMGDTADMKKTYNNIDYYLLAANYTGWYLTKHNVPEQRLNYFTEDVG
LNHFYFMLNHNYPPFMLSNSLNFQIRGEFYFFLHKQVLNRYYLERLSNDMGEVSYVSL
30 DHPIPTGYYPTMRFRNGLAFPQRETGATVPLHMQKYVQMIHDLHTRISTAIDLGYVVDS
YGNHVKLYTKQGLNVGNIVQGNGDSVNQLYGQLDLLVRKVLFGYESNVKYQVVP
SALQMWSTSLRDPVFFSIYKTILDYYHKYKENLPKYTTEELNPGVSIESVTVDKLITYFD
HFESMLNNGVSIQSHAKAKNTMIKARQYRLNHKPFTYHIVNSDKNVKGMRIFLGPK
YDEFGHEVDLVHNMYMFQMDEFVVLKSGSNTIERNSHESVFVVPDEVPSDVLYNRL
35 VVSEDGSETFKYSSQPYGFPERLLLPGKKEGMPYNVLVVSPFDDSNVVQIDSPVWGR
HIYDGRAMGFPLDKPVDPPLLVLNSIHVKELVHHREMEELNVAL

>Amm|065|hexamerin 70a_NP_001104234

40 MFIPSHQVWLVGLLAFSLVGAEEYYDTKTADKDFLLKQKKVYNLLYRVAQPALANITWY
NEGQAWNIEANIDSYTNAAAVKEFLSIYKHGMLPRGELFSLYYPQLLREMSALFKLFYH
AKDFDIFFKTALWAKNNINEAQYIYSLYTAVITRPDTKFIQLPPLYEMCPYFFFNSEVLQK
ANHALIFGKLDKTSGKYKEYIIPANYSGWYLNHDYNLENKLIYFIEDIGLNTYYFFLRQ
45 AFPFWLPSKEYDLPDYRGEELYSHKLLLNRYYLERLSNDLPHLEEFDWQKPFYPGYYP
TMTYSNGLPFPQRPIWSNFPIYKYKIREIMNKECSRISAIDSGYILNNDGKWHNIYSEKG
LNILGNIIEGNADSNTFYGSIDLARKILGYNLEAASKYQIVPSALEIFSTMKDPAFYRI
YKRIIDYYHSYKMHQKPYNKDEIYPNLKIESFTVDKLITYFEQFDTTINNGLLEEQRND
DKPFLIKIRQYRLNHKPFNFHITINADKPMKAIRIFIGPKYDSSHKLIEIPEDLKYFYEIDN
WMLDLNSGLNKITRNSLDCFFTMDNLEPSEIFYEKIETSLNSDKPFTYNERIFGFPGRLLP
RGKKEGMPFQLFLYVSPVSEYNQYNSRIWGGYKFDKRSFGPLDKPLYDFNYEGPNML
50 FKDILYHKDEFDMNITY

>Amm|066|hexamerin 70c_ABR45905

55 MLSKVVLLVALAACGAGQGASAYAGRHTADMDFLHKQKKIFDLLLYVRQADLSDAEWY
DVGRNYDMESNMDMYKDKNVVQKFLWWYKQGMFLSRNAIFTPLNSEQKYEVRLMFE
LLYNNAKDFQTFYKTAAWARLRMNSGMFTTAFSIAVLYRPDTKYMKFPAIYEIYPNYFFD

SSVIEEAQNLKMSRGSSVTGMNNIETYIVNTNYSSKYMREYNDPEYKLDYFMEDVELN
 AYYYYYMREMPLPYWMSSSQYHMPKEIRGQLYYFLHKQLMTRYFLERMSNDLGKTAEFD
 WNKPINSGFYSTIMYSNGVTFPQRNRSSLPPYYKYKYLNVINALEMRLMDAIDSGYLIDE
 YGKKIDIYTPEGLNMLGNVIEGNSDSINTKFYGMYDILARDILGYNFDFQNKNLIPSALQ
 5 SYSTSMRDPAFYMLYQKILSYFLRYKKLQPQYSQSELQMPGVKFESVNIDKLYTYFDKC
 DTLINNAVAVENFKGGMYRLRKARRACMNYERFTYKININSDKETKGMMRIFLGPADFDE
 IKHDMVYLQKYFYLFMEMDRFAVTLRPGNSIERQSSESPFTTSTIMPSDIFYDKLNAIG
 GSEPFYTSEKMLGFPERLILPRGKPEGMRYKMFFFLSSMDESNTKSYEIPLYGKMTLDDK
 VFGFPLDRPMWAWNFTIPNMYFKDVFIYNRPNEESMNY

10 >Amm|067|14-3-3 protein epsilon_XP_006559884
 MSEREDNVYAKLAEQAERYDEMVEAMKKVASLDVELTVEERNLLSVAYKNVIGARR
 ASWRISSIEQKEENKGAEKLEMIRQYRSQVEKELKDICADILGVLDKHLLPCASTGESK
 15 VFYYKMKGDYHRYLAEFAVGNDRKEAAENSLVAYKAASDTAMTDLPPTHPIRLGLALN
 FSVFYYEILNSPDRACRLAKAAFDDAIAELDTLSEESYKDSTLIMQLLRDNLTWTSDMQ
 GDGEQEKEQLPDVEDQDVS

>Amm|068|larval-specific very high density lipoprotein_NP_001318046
 20 MNTLIVLLGILTTVIAVPAPFPHGKLVTYKYIADVKAGVDPQLSASNYGIECLLNQHVT
 DTNSKNTYYVNLTVKYRLYNGFSKHYESLSVMESIPDVADAILNPFLVVYDENGHLKG
 VKFVENEAGWSRNMKGIVSMLQLDMTNIRVQTPMKSHSFITHEETVHGTCQVAYNVH
 PLDHVGSNKEFVVTKIQESKNCTRFSYHETNHFDESEKCHVDEWDDMTTASRRIFVVESQ
 25 DNEVLIKKLIGHGMINYLPWTAESEAHLLTNQTLHLKDVVSVSESRLSDVARLNPSIIEN
 VIYDEPTTSYVPQADVDVTHGRHIVKLDLILKLRMLDEVAGYLKESQTEKKQSDWK
 HDQTINRILHVMGYMDVASLERVYSEIQNGKDANEIAKRNIFLGLILSSVGTAAACLFRN
 VVRTKSVPKWNAITMLGNLAMHVVKVPSKLLVQMEELNLDDSVSVEVKEASIFCFAT
 LIRKTFEHEETGAIDPLLDKYLHHFMEHIRNEPTHMCKMVYMMAMKNVRLTQILKFLEP
 IIRGDEVVSDKPHNIRAQAIWIMRVNVFEHPRYCYNLLWPVLTDVILPTAVRIAADFVLM
 NETPQSERFINVYWLMVYEKNEHLYNYYVDTIKGLATSDPCLMQARELAKKLLKIVR
 30 VRNVTGPLSRKFYVDYVDNKYEYNERVKGSILVDHASGLPYIGSIEHVASVKARKPVTK
 LGIHWNIIDGLSEIVKDIENVFGNVVQAIKNDNVKNVLISAACKMPKIKDVNVNVILTMN
 DNVVSIFHCTKNNWQKILNELKQWKRLITEYMDVWNWQTVLYHDYHEMHVTTDLGVP
 AILSTKIPSLFSLVGSFEVSEDKNLLILKPKIKYQQWMHGEHTMSIYNPVADVWHSVHKT
 35 SSFDIVAPCEMTIGWNWTKSLKVTWPLPVTDFSVAGISIHGKNYITVLNDQHDLLKKS
 CFTCHHYEVVTNNVNLRTYENTFDSKDIGTRFKMQYHCNDNFIPVSLVDEWLIGLSESK
 TIENSMMQAVIAFRHKIMNDIILGQGKSCSLVYKVEPSIYPTSVIDLIGKVSIQDFHETQK
 MDLLRSKRDIRGNLNAKAASTNESIRQWDMNLNIVLSQGHVNNSMRIMITRTIPEEKNL
 KICIEAQNEYPEITDDLTVNGKKETNTKMTITMGQTKEDKCVRDEMDVTIIMKGEMLE
 EQKNQMSYDSMYIECYNQSQNPLFHTKSSKVPKTKECIEEDILHSTLRKYTLDMTWRKV
 40 PQQIMSVNIVHDKLRAVFFDHMKHTWNHVQPGNAKIVLEFPYLTSLVNAAVTTPTHSY
 ELVQLPFGNPVWMNNIHYSTSILNDYFNEKIRLCTIYPRLLNPTINDAITNWNGVIQ
 FIRSDEWILMSGDHIHTYSIFVKLVQNKKLALRKYIGEHEMEIMPLEAKVSVKIDNKIID
 DYQKGITVSENEHSYPMRLTTAYNYVVIDSQTIPVHIFYKVDSVTSLHTDLQSRVTGIC
 GNMDVMHKDEVPDVHSVSYL

45 >Amm|069|short-chain dehydrogenasereductase_NP_001011620
 MEQNWIIDEVALVTGANSGIGKCLIECLVGKGMKVIGIAPQVDKMKTVEELSKPGKLV
 PLQCDLSQNNDILKVIEWVEKNLGAIDILINNATINIDVTLQNDEVLDWKKIFDINLLGLT
 CMIQUEVLKLMKKGINNGIIVNINDASGLNLLPMNRNPAYLASKCALTTLDCLRSELA
 50 QCESNIKVISISPDLVETDMTAQWLKENSRLALKPKDVSNCVLFALQTPDNVLIKELVVT
 PNRETI

>Amm|070|unch protein LOC724993_XP_006571730
 55 MATCHAETRSFLQKCVLLLALFAIHVTGREICDKTKCGGVLKYYDALGCTPVYKNPNDC
 CAESYNCNTHLDNLSRDKCYVNGHEYSDGETLRSEHANPCDVACKCMLFNDEANFVCAG

FDCAFISGGENCFHRSTHDSCCPNTEPTCLKEGEKRATCEVDGKVFLDGEYFSPKSDPSL
 DCYCMPGYAGENIEPFCKKIKHPHCSPLFTNHGSIRRNCAPVFYDDQNPRTDSCYVSRQC
 NSDDVVIHNHDHTKSISEEEDKVCKFGNMTMHIGDELDKGSNYDSLCVKCVCEVPPIPT
 CRLLPDSECDVNYAYPFLR

5

>Amm|071|unch protein LOC552154_XP_624536

MMLVPLAVVLFALVYAQPAINEIRPQSNRPGRLSLPIPQKCANRPKEFNYRGHNYFYS
 GHIPAHANQRVDWLDARNICREYCMDLVSMETQDENNLIFRLIQNDVPIWTSGRLCD
 FKGCENRDLEPKALYGWFWSANRKMSPTNQIPEGWSNPWSQTGHKKVRQPDNAE
 FDINGTSESCMSVLNNVYKDGISWHDVACYHQKFVCEDSEELLNYVASTNPNIRL

10

>Amm|072|Melittin_Api m 4 allergen_CAA26038

MKFLVNVALVFMVVYISYIYAAPEPEPAPEPEAEADAEEADPEAGIGAVLKVLTTGLPALI
 SWIKRKRRQQG

15

>Amm|073|Phospholipase A2_Api m 1 allergen_NP_001011614

MQVVLGSLFLLLSTSHGWQIRDRIGDNELEERIYPGTLWCGHGNKSSGPNELGRFKHT
 DACCRTHDMDCPDVMMSAGESKHGLNTASHTRLSCDCDDKFYDCLKNSADTISSYFVGK
 MYFNLIDTKCYKLEHPVTGCGERTEGRCLHYTVDKSKPKVYQWFDLRKY

20

>Amm|074|unch protein LOC408570_XP_397511

MTSSAFSKMSIRLVLLCLVVTVCNGVPVPEETDEVTTIKSTTITASIDPEIKGHSMDDILP
 GTKTPSPVIFVDVPEHIETELGSSVLLACRTANPVAECQWSWQPLPPVHLPLPDISETPAT
 TTTVSMIQTTPPTTNPLPVRQFPAFGNNNSNDCSVRSSTKHEQTGYWTCAARTSTNDPF
 TSTEPAKLSIVNEHQSPLIVFSKLDNIVEVPAGSSAQIMCQMKSPVRECQWSWRQLNQSQ
 PWNLEVKRFPAGNDSTDCSIKFKNVLPEQEGLWTGARIDPNSSFTQSNPIRFLISEVEF
 VQLSREGIQVASGESVLLRCLVNKPVVCQCEWSWKASNSSQEPLLVKKFNPNKDADHDCS
 VRFKNILYEEEGLWTCGVRLSPDGILHEAPPATVSLPTAKVNFVEMPTDTSVPVGTEAM
 LKCVTSSRVEKCTWFWKPLHGNEPEIVIEYPSNGDLGRDCSFTFPKVYIEKQGQWACQ
 VSIGSLNTILTSPYAKLTVFEQDDVKFSELSKDIQITAGGSVFLHCVTSSAVEQCRWSLTP
 VNSNTTVVVKQFPAAGSEARDCSVRLTHALAEQEGLWTGARIRGRQNYTDAPPAKLS
 LLEPEPVTVVLWAVPHQMVTLSCKVETMLSEVQCHWIHPPKIHIYQNGTKRHNIQMNN
 NTGVCTLEFKPNYSDLGKWICKFTVPHDEEIGNASLILLNSIGDEKLGWIVGALTTLF
 LMIIIVLVVCKTRLFVRKSSRVLETISTSEKKQTSQLNNGHYIENQTKLDRQVSEQHDQN
 MTNIESILPNRSPNLYERVGKYRRSSKYENIRI

25

>Amm|075|unch protein LOC552283_or_Glutathione-S-trasferase_XP_026295805

MTERQPLYKLJYFNARGRAEHIRYIFAYAGIDYVDERILKECWPELKKSMPYGMPLVLEI
 NGKPIAQSNNAVARYLARKHNLTRDEWEAMMCDVLVDTLGLKQFISQYRIEEDLFKK
 40 KEKKMKLLKETIPFYLNKFEQIISENGSYTVGTTTWADFVFAALENFENIFGTMALEN
 YPGLRALKKRVHEIPSIVNWLSKRPHTEFGRVLLFHFTNLIRNFYLYSKMSTYKLTYFPV
 KGLGEPIRFLLSYAGISFEDERFDRDDWPKIKPTTPFGQVPVLDVGKKIAQSVAISRYLA
 KKSLLAGKDDWEALEIDSIVDTIHDRVRARLAHFHYEEENEIKAAKRKIADEVVPYYLERL
 DAQVKNNNGGYFVGALSWADLSVALDYLNFMNGSDLIEKYDNLKQLKEKVLNLP
 45 KSWLDKRPHSDF

30

>Amm|076|endoplasmin_or_Hsp90_NP_001153536

MPEDVTMANAGEVETFAFQAEIAQLMSLIINTFYSNKEIFIRELISNASDALDKIRYESLTD
 PSKLDTCLEFIKIVPNKNDRTLILDGIGMTKADLVNNLGTIAKSGTKAFMEALQAGA
 50 DISMIGQFGVGFYSAYLVADKVVVISKHNDDEQYVWESSAGGSFTVRPDNGEPIGRGT
 ILHIKEDQTEYLEESIKEIVKKHSQFIGYPIKLVVEKERDKESELDEEEEEPAKEEGEDT
 GKPKIEEVGGDEDDEDKPKEDEKKKKKTIKEKYTEDEELNKT
 KPIWTRNPDDISQEEYGEF
 YKSLTNDWEDHLAVKHFSEVQLEFRALLFIPRAPFDLFENKKRKNNIKLYVRRVFIM
 DNCEDLIPEYLNFIKGVVDSEDLPLNISREMLQQNKILK
 VIRKNLVKKCLELFEELSEDKE
 55 SYKKCYEQFSKNIKLG
 IHEDSQNRKKSELLRYHTSASGDEMCSLKD
 YVGRMKENQKHI

YYITGESREQVANSSFVERVKRGFEVVYMTPEPIDEYVVQQLKEFDGKQLVSVTKEGLE
 LPEDEEEKKKREEDKAKFENLCKVMKDILDKVEKVVSNRLVDSPCCIVTSQYGWTA
 NMERIMKAQALRDASTMGYMAAKKHLEINPDHPIMENLRQKAEADKHDKSVKDLVML
 LFETALLSSGFALEDPVHASRIYRMIKLGLGFDDDTPNVEDEKMDTEVPPLIEDDEA
 5 SRMEEVD

>Amm|077|alpha-glucosidase II_NP_001035349

MFRATIVTVACLLAASPIDCVDANWYKNALVYQIYPRSFQDSGDGIGDLNGITARM
 HIADIGADALWLSPPIYKSPQVDFGYDISNFTDVDPVYGTADFRLVRRAKSLGLKVILD
 10 FVPNHSSHEHPWFKKSVQRICKPYDEYYYWRDARIVNGTRQPPNNWLSFWGSAWQWN
 EERKQYYLHQFATGQPDLNYRSAALDQEMKNVLTFWMNREGFDRIDAINHMFEDAR
 LLDEPSANRTDLSKDDYESLVHLYTRDQSETYDVLRSWRNLMDEHSNRTNSDPRMILTE
 AYTEFNLTIKYYKSGSTVPNFMIADLNNQSTASDFKQLIDRWVANVPNGSVTNWVSG
 15 NHDNRVASFGRQRGEIVMLTLPGIGVYNGDEIGMEDRWFTYQETVDPAGCNA
 GPAKYYLKSRSRDPERTPYQWDNSTSAGFSQTNKTWLPVNENYKSLNLAAQKREYYSHYV
 AFKSLSYLKQQPIVIANGSLEVVIDGRVLSVKRELGNDTIVMMNFSKNPVTVNLTKLH
 PPADLVVYACNVVGSGLSHGNWIYPASMTIPGSNSAVFTNYKLYWRYWQGVDWL

>Amm|078|peroxiredoxin-like_NP_001164444

MRINSIVPNFEADTTQGQINFYDWQGDSWVVLFSHPADFTPVCCTELGRLAVHQPHFKR
 RNTKLLAHSVDKLQDHVDWVNDIKSYCQDIPGAFPYPIIADHDRTLAVKLDMIDEISKDD
 PEQALTVRALIYIISPDHRLRLSMHYPTSTGRNVDEILRVIDSQLVDKRPEIATPANWVPG
 20 EKVMILPTVKDEELPKLFPKGVDKVSMPSGKIYVRTTTNY

>Amm|079|vitellogenin_Api m 12 allergen_CAD56944

MLLLTLLLFA GTVAADFQHNWQVGNEYTYLVR SRTL TSLGDLSDVHTGILIKALLTVQ
 AKDSNVLA AKVWNGQYARVQQSMPDGWE TEISDQM LE RLDPISGKPFQIRMKHGLIR
 DLIVDRVPTWEVNILK SIVGQLQVDTQGENAVKVNSVQVPTDDEPYASF KAMEDSVG
 GKCEVLYDIAPLSDFVIHRSPEL VPMPTLKGDGRHMEVIKIKNF DNCQRINYHFGMTDN
 25 SRLEPGTNNGKFFRSSTS RIVISESLKHTIQSSVTTSKMMVSPRL YDRQNGL VLSRMN
 LTLAKMEKTSKPLPMVDNPESTGNLVYIYNPFS DVEERRVSKTAMNSNQIVSDNSLSSS
 EEKLKQDILNLRTDISSSSSISSEENDFWQPKPTLEDAPQNSLLPNFVGYKGKHIGHKSGK
 VDVINA AKELIFQIANELEDASNIPVHATLEKF MILCNLMRTMNRKQISELESNMQISPNE
 LKPNDKSQVIKQNTWTVFRDAITQTGTGP AFLTIKEWIERGTTKSMEAANIMSKLPKTVR
 30 TPTDSYIRSFFELLQNPKVSNEQFLNTAATLSFC EMIHNAQVNKR SIHNNYPVHTFGR LTS
 KHDNSLYDEYIPFLERE LRKAHQE KDSPRI QTYIMALGMIGEPKILSVFEPYLEGKQQMT
 VFQRTLMVGSLGKTETNPKLARSVLYKIYLN TMESHEVRCTAVFLLMKTNPPLSMLQR
 MAEFTKLDTNRQVNSAVKSTIQSLM KLK SPEW KDLAKKAR SVN HLL THHEYDYELSRG
 35 YIDEKILENQNIITHMILNYVGSEDSVIPRIL YLTWYSSNGDIKVPSTKVL AMISSVKS FME
 LSLRSVKD RETIISAAE KIAE ELKIVPEELV PLEG NLMIN NKYALKFFFDK HILD KLPTL IS
 NYIEAVKEGKFMNVNMLDTYESVHSFPTETGLPFVYTFNVIKLTSGTVQAQINPDFAF
 IVNSNRLTFSKNVQGRVGFVTPFEHRHFISGIDS NLHVYAPL KISLDVNTPKG NMQWKI
 WPMKGEEK SRLFHY SVVPF VS NH DILN LRPLSMEKGTRPMIPDDNTS LALPKNEG PFR LN
 VETAKTNEEMWELIDTEKLTDRLPYPWTMDNERYVKVDMY MNLEGEQKDPVIFSTSFD
 40 SKVMTRPDTDSENWTPK MMAVEPTDKQANSKTRRQEMMREAGR GIESAKSYVV DV RV
 HVGESESETVLT LAWS ESNVESKG RLLGF WRVEM PRSNAD YEV CIGSQIMVSPETL SY
 DEKMDQKPKMDNF DIRYKGNC GKGERIDMNGKLRQSPRLKELVGATSI IKDCVED MK
 RGNKILRTCQKAVVLSM LLDEV DISMEV PSDA LIALYSQGLF SLSEIDNLDV SLDV SNPK
 NAGKKKIDVRAKLNEYLDKADVIVNTPIMDAHFKDV KLSDFGF STEDILD TADED LLI N
 45 VFYEDETSCMLDKTRAQTFDGKD YPLRLG PCWH AVMTYPRINPDNHNEKLH PKDKS
 VSVLSRENEAGQKEVKVLLGSDKIKFVPGT TSQPEV FN GEKIVV SRNKAYQK VEENEII
 FEIYKMGDRFIGLTS KFDVSL ALDGERVMLKASED YR YSVR GLCGNFHD STND FV GP
 KNCLFRKPEHFV ASY ALISNQCEGDSL NVAKSLQD HDCIRQERTQ QR NVISD SE SGR LD T
 EMSTWGYHHNVNKH CTI RTQV KETDD KICFTMR PVVSCAS GCTA VETKSKPYKF HCM
 50 EKNEAAMKLKKRIEKGANPDL SQKP VSTTEELTV PFVCKA

>Amm|080|abaecin_NP_001011617

MKVVIFIFALLATICA AFAYVPLPNVPQPGRRPFPTFPGQGPFPKIKWPQGY

5 >Amm|081|apamin_NP_001011612

MISMLRCIYFLS VILITSYFVTPVMPCNCKAPETALCARRCQQHG

>Amm|082|peroxiredoxin 1_XP_003249289

MAPQLQKR APDFRG TAVVN GEFKD ISLSDY QG KYL VLFF YPLDFT FVC PTEII AFS DRAD

10 EFEQIGCKLIAASTDSHFSHLAWINTPRKQGGLGEMNIPLLA DKSSKIARDYGV LDE ESG
VPFRGLFIIDDKQNL RQITINDLPVGRSVDETLRLVQAFQYTDKHGEVCPAGWKPGKKT
MKPDVVGSKEYFKDT.