
Ciências Biológicas

Caroline Lacerra de Souza

**Análise do perfil glicoproteômico do veneno
da vespa social *Polybia paulista***



Rio Claro
2018

Caroline Lacerra de Souza

Análise do perfil glicoproteômico do veneno da
vespa social *Polybia paulista*

Orientador: Prof. Dr. Mario Sergio Palma

Co-orientador: Dr. José Roberto Aparecido dos Santos-Pinto

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado
ao Instituto de Biociências da Universidade
Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” -
Câmpus de Rio Claro, para obtenção do grau
de Bacharela em Ciências Biológicas.

Rio Claro
Ano 2018

S729a Souza, Caroline Lacerra de
Análise do perfil glicoproteômico do veneno da vespa social
Polybia paulista / Caroline Lacerra de Souza. -- Rio Claro, 2018
228 p. : il., tabs. + 1 CD-ROM

Trabalho de conclusão de curso (-) - Universidade Estadual
Paulista (Unesp), Faculdade de Ciências Farmacêuticas, Araraquara,
Rio Claro

Orientador: Prof. Dr. Mario Sergio Palma
Coorientador: Dr. José Roberto Aparecido dos Santos-Pinto

1. Análise proteômica. 2. Espectrometria de Massas. 3. Modificação
pós-traducional. 4. Glicosilação. 5. Veneno. I. Título.

Sistema de geração automática de fichas catalográficas da Unesp. Biblioteca da Faculdade de
Ciências Farmacêuticas, Araraquara. Dados fornecidos pelo autor(a).

Essa ficha não pode ser modificada.

SUMÁRIO

	RESUMO.....	5
1.	INTRODUÇÃO.....	6
	1.1. Os venenos dos insetos da ordem Hymenoptera.....	6
	1.2. O veneno da vespa <i>Polybia paulista</i>	8
	1.3. A glicosilação e as toxinas de venenos animais.....	13
	1.4. A espectrometria de massas nos estudos de glicoproteomas.....	16
	1.5. Por que estudar o veneno da vespa <i>P. paulista</i> ?	
2.	OBJETIVOS.....	19
3.	MATERIAL E MÉTODOS.....	19
	3.1. Obtenção do veneno da vespa social <i>Polybia paulista</i>	19
	3.2. Quantificação da amostra.....	20
	3.3. Enriquecimento das proteínas glicosiladas.....	20
	3.4. Análise proteômica com a estratégia do tipo <i>shotgun</i>	20
	3.5. Análises de espectrometria de massas.....	21
	3.6. Identificação das proteínas.....	22
	3.7. Identificação das modificações pós-traducionais (PTMs).....	23
	3.8. Análise e interpretação dos dados utilizando atribuição funcional por consulta à base do <i>Gene Ontology</i> (GO).....	23
	3.9. Eletroforese em gel de poliacrilamida (SDS-PAGE).....	24
	3.10. Aplicação do ensaio imunoenzimático -Western Blotting- como método ortogonal (IgE-binding analyses).....	24
4.	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	25
	4.1. Perfilagem proteômica do veneno da vespa social <i>Polybia paulista</i> , utilizando uma abordagem livre de gel, do tipo <i>shotgun</i>	25
	4.2. Perfilagem glicoproteômica do veneno da vespa social <i>Polybia paulista</i>	60
	4.3. Ensaio imunoenzimático - <i>Western Blotting</i>	79
5.	CONCLUSÃO.....	82
6.	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	85
7.	APÊNDICE.....	102

Resumo

Polybia paulista é uma vespa social muito agressiva, e clinicamente relevante por causar muitos acidentes por ferroadas todos os anos no sul e sudeste brasileiro. O seu veneno é composto por uma mistura complexa de moléculas bioativas - compostos de baixas massas moleculares, peptídeos e proteínas alergênicas como fosfolipases A1 e A2, hialuronidase, fosfatase ácida e antígeno 5. Em nosso laboratório, esse veneno tem sido investigado por abordagens proteômicas e peptidômicas, além de análises de estudos de alérgenos, o que significativamente tem contribuído para a identificação dos compostos do veneno e uma melhor compreensão do processo de envenenamento. No entanto, muitas proteínas não foram identificadas ainda. Os resultados obtidos com a análise proteômica *bottom-up*, realizada anteriormente em nosso laboratório, demonstraram que somente as proteínas mais abundantes foram identificadas, e algumas dessas proteínas mostraram-se imunoreativas e glicosiladas. Nesse estudo foi utilizado o kit Pro-Q Emerald 300 glycoprotein gel (GE Healthcare) para detecção de carboidratos totais presentes nos spots proteicos diretamente no gel, no entanto as proteínas menos abundantes, e com menores valores de massas deixaram de ser detectadas. Possivelmente isso se deve não só a complexidade da composição bioquímica do veneno, mas também devido às limitações técnicas da abordagem utilizada, durante o período em que o estudo foi realizado. Sendo assim, decidimos por analisar o proteoma do veneno da *P. paulista* através da abordagem proteômica do tipo *shotgun*. Com essa estratégia foi possível aumentarmos o número de identificações de proteínas presentes no veneno, além da possibilidade de utilizarmos métodos de enriquecimento das proteínas N-glicosiladas, utilizando o kit *Glycoprotein Isolation, ConA* (Thermo Scientific™), permitindo a análise e identificação das moléculas que apresentam esse tipo de modificação pós-traducional.

Após as análises de espectrometria de massas e processamento dos dados, foi possível identificar um total de 1677 proteínas no veneno de *P. paulista*. Todas as proteínas foram inicialmente classificadas de acordo com

suas funções, atribuídas por análises no banco *Gene Ontology* - GO (componente celular, processo biológico e função molecular); e considerando o processo biológico específico da amostra, ou seja, a complexidade do veneno, as proteínas identificadas foram agrupadas em seis diferentes grupos funcionais: (i) proteínas tóxicas do veneno; (ii) proteínas relacionadas com o dobramento/conformação e modificações pós traducionais (PTMs) das toxinas; (iii) proteínas relacionadas com a preservação das toxinas contra o estresse oxidativo; (iv) proteínas relacionadas com a comunicação química; (v) proteínas *housekeeping* das glândulas de veneno; e (vi) proteínas não caracterizadas. Dentro do grupo de (i) proteínas tóxicas do veneno, foram identificadas uma série de proteínas que são típicas de venenos animais, ou seja, neurotoxinas utilizadas para paralisia e morte de presas ou para prevenção de infecções microbianas como as defensinas. Essas proteínas estão sendo descritas pela primeira vez no veneno de uma vespa social, uma vez que são características de veneno de predadores solitários como escorpiões, aranhas e vespas solitárias. Esse resultado é um indicativo de que a neurotoxicidade deve ser considerada no mecanismo de envenenamento ocasionado pela ferroadada da vespa social *P. paulista*.

Do número total de proteínas identificadas, um total de 548 proteínas mostraram-se N-glicosiladas presentes no perfil glicoproteômico do veneno da vespa *P. paulista*. Considerando-se a importância médica e a composição tóxica do veneno dessa vespa, uma das proteínas que se apresentou fortemente glicosilada e imunorreativa foi a fosfolipase A1, um alérgeno já descrito em muitos venenos de Hymenoptera. Todas as proteínas presentes no perfil glicoproteômico, também foram classificadas de acordo com as funções atribuídas pelas análises no *Gene Ontology* - GO e agrupadas funcionalmente nos grupos já mencionados acima. Os resultados aqui apresentados demonstram que a identificação de moléculas ainda inéditas, pode possibilitar a descoberta de novas drogas/fármacos, com potencial aplicação biotecnológica; além de contribuir para o desenvolvimento de estratégias específicas de imunoterapia contra alergias causadas pelo veneno dessa vespa.

1. Introdução

1.1. Os venenos dos insetos da ordem Hymenoptera

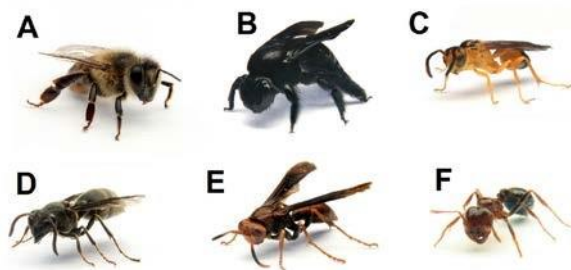
A ordem Hymenoptera é composta por aproximadamente 200.000 espécies de abelhas, vespas e formigas. A maioria desenvolveu glândulas especializadas na produção de veneno e um aparelho de ferroar, os quais podem ser utilizados tanto na caça de presas quanto em sua própria defesa (STEEN et al., 2005). Sob o ponto de vista funcional o aparelho de ferrão dos Hymenoptera Aculeata pode ser dividido em duas partes: a primeira é formada por uma estrutura muscular e quitinosa que possibilita a introdução do ferrão e consequentemente a injeção do veneno; a segunda é constituída por uma porção glandular que é responsável pela produção e armazenamento do veneno (SNODGRASS, 1956). O veneno é produzido por glândulas secretoras e fica armazenado no reservatório sob a forma de precursores, sendo ativados posteriormente (PALMA et al., 1994). Esse veneno é composto por uma complexa mistura de moléculas, incluindo compostos de baixas massas moleculares como amino ácidos, nucleotídeos, carboidratos, e aminas biogênicas, além de uma grande quantidade de peptídeos farmacologicamente ativos, e proteínas alergênicas como fosfolipases A1 e A2, hialuronidase, fosfatase ácida e antígeno 5 (PALMA, 2013; SPILLNER et al., 2014).

Os acidentes causados por ferroadas de Hymenoptera sociais representam uma das três principais causas de ocorrência de anafilaxia na população mundial (BILÒ, 2011). Mais de 20.000 espécies de abelhas (Apidae) e formigas (Formicidae) juntamente com 15.000 espécies de vespas (Vespidae) foram identificadas como clinicamente relevantes (FITZGERALD & FLOOD, 2006). Os compostos de baixas massas moleculares encontrados nesses venenos estão frequentemente envolvidos em reações tóxicas, causando dor, inflamação, taquicardia, bradicardia e arritmia cardíaca (ARCURI et al., 2016). Enquanto que, as proteínas alergênicas estão relacionadas com reações imunológicas locais e/ou sistêmicas, associadas aos efeitos alérgicos causados por essas proteínas, ocorrendo em torno de 0.9%-34% de todos os casos notificados a cada ano (BOLÒ & BONIFAZI, 2009). Até o momento, a

análise sistemática baseada no uso de bancos de dados de biomoléculas, ferramentas de bioinformática e as abordagens *omicas*-, incluindo genômica, transcriptômica, proteômica e peptidômica têm sido utilizadas com sucesso para desvendar o arsenal de toxinas destes animais peçonhentos (CALVETE et al., 2014; PEREZ-RIVEROL et al., 2015).

O Brasil apresenta um dos maiores números de espécies de insetos sociais de todo o planeta (Figura 1), incluindo 320 espécies de vespas sociais que representam 33% das espécies descritas em todo o mundo (LOCHER et al., 2014). As espécies brasileiras são tipicamente neotropicais, sendo seus venenos muito diferentes daqueles encontrados nas espécies do Hemisfério Norte (CASTRO et al., 2009).

Figura 1. Alguns insetos da ordem Hymenoptera da fauna brasileira.



A - abelha africanizada *Apis mellifera*. **B** - abelha *Bombus* sp. **C** - vespa *Agelaia pallipes pallipes*. **D** - vespa *Polybia ignobilis*. **E** - vespa *Polistes lanio lanio*. **F** - formiga *Solenopsis invicta* (Fotos: Martelli Filho, modificado de Castro et al., 2009).

Apesar desta grande diversidade, o veneno da maioria das vespas brasileiras tem sido pouco explorado dificultando dessa forma, o desenvolvimento de estratégias específicas para diagnosticar e tratar os casos de alergia. Além disso, os casos de acidentes com ferroadas de Hymenoptera e consequentemente os quadros de alergias ocasionados são negligenciados no Brasil, como consequência do número limitado de estudos realizados no país. No entanto, sabemos que os acidentes são muito comuns devido ao aumento da urbanização e o contato direto entres esses insetos e a população humana (JUSTO-JACOMINI et al., 2014). Os indivíduos ferroados podem apresentar reações tóxicas e imunológica, e até mesmo óbito, dependendo da quantidade

de vespas envolvidas no ataque, e os níveis de sensibilização aos alérgenos do veneno apresentado pela vítima.

1.2. O veneno da vespa *Polybia paulista*

A vespa *P. paulista*, comumente conhecida como “*paulistinha*” (Figura 2) é uma espécie neotropical, clinicamente relevante por causar um elevado número de acidentes por ferroadas todos os anos no sudeste brasileiro (Figura 3). Possui hábitos urbanos, os seus ninhos são fixados diretamente ao substrato, sem pedúnculo; seus favos são colocados horizontalmente, um abaixo do outro, com um envelope protetor ovóide circundando-os (RICHARDS et al., 1951). As fundações de novos ninhos ocorrem o ano todo independente das condições climáticas.

Enquanto que os ataques em massa são raros, os acidentes envolvendo um pequeno número de ferroadas são muito frequentes, resultando em elevado número de pacientes alérgicos, que sofrem reações alérgicas sistêmicas, incluindo anafilaxia. Nas últimas duas décadas, vários esforços têm sido realizados para explorar e desvendar o perfil do arsenal de toxinas desta vespa como pré-requisito para desenvolver métodos específicos de imunoterapia, para combater as reações alérgicas relacionadas ao seu veneno.

Figura 2. **A** - ninho da vespa *P. paulista*. **B** - vespa *P. paulista*. **C** - aparelho de ferrão da vespa *P. paulista* por Microscopia Eletrônica onde podemos notar a glândula de veneno, assinalada por um círculo branco pontilhado, e a lanceta do ferrão indicada por uma seta preta. (Fotos: modificado de Castro et al., 2009).



Figura 3. Distribuição da vespa *P. paulista* na América do Sul (Perez-Riverol et al., 2017).

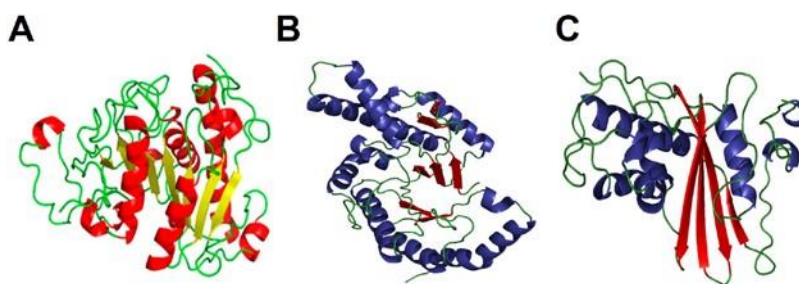


Inicialmente, os estudos de elucidação da composição do veneno da *P. paulista* foram baseados no uso de métodos cromatográficos de baixa resolução, que eram capazes de detectar um número limitado de toxinas (OLIVEIRA & PALMA, 1998). No entanto, estudos realizados utilizando técnicas de proteômicas e peptidômicas mais avançadas e sofisticadas, possibilitaram o início de uma compreensão sistemática sobre a composição do veneno. A elucidação do arsenal de toxinas do veneno de *P. paulista* nos permite sugerir e elaborar um mecanismo geral de envenenamento com base em diferentes ações de acordo com a análise do veneno (SANTOS et al., 2010; DIAS et al., 2015). A grande maioria das proteínas já descritas nos venenos de Hymenoptera sociais são enzimas envolvidas em ações, como a difusão do veneno (hialuronidase, metaloproteases), de danos ao tecido celular (fosfolipase A1 e A2), e em reações alérgicas mediadas por IgE (fosfolipase A1, hialuronidase, antígeno 5, serino proteases, fosfatase ácida) (SPILLNER et al., 2014).

As informações obtidas sobre os componentes protéicos, incluindo os alérgenos, através das análises de venenos animais tem se tornado importante para os estudos na área de alergia. Até o momento, mais de 60 alérgenos dos

venenos de Hymenoptera foram identificados, clonados e expressados (SPILLNER et al., 2014). Em estudos realizados em nosso laboratório, a análise proteômica (SANTOS et al., 2010) possibilitou a identificação e purificação dos três principais alérgenos do veneno da *P. paulista* (Figura 4): fosfolipase A1 (*Poly p 1*) (SANTOS et al., 2007; SANTOS et al., 2011; PEREZ-RIVEROL et al., 2016), hialuronidase (*Poly p 2*) (PINTO et al., 2012; JUSTO-JACOMINI et al., 2013) e antígeno 5 (*Poly p 5*) (dos SANTOS-PINTO et al., 2014; dos SANTOS-PINTO et al., 2015; BAZON et al., 2017).

Figura 4. Modelo molecular 3D dos principais alérgenos já estudados do veneno da vespa *P. paulista*.



A - fosfolipase A1 (*Poly p 1* / código de acesso: A2VBC4, Santos et al., 2007). **B** - hialuronidase (*Poly p 2* / código de acesso: P86687, Pinto et al., 2012). **C** - antígeno 5 (*Poly p 5* / código de acesso: P86686, dos Santos-Pinto, et al., 2015).

A fosfolipase A1 tem sido identificada como um dos principais alérgenos encontrados nos venenos de vespas (SANTOS et al., 2007; LOCKWOOD et al., 2012; KOROROŠEC et al., 2012; SUKPRASERT et al., 2013); também já foi bioquimicamente caracterizada em *Apis mellifera* (HABERMMAN et al., 1957). Trata-se de uma enzima que hidrolisa os fosfolipídios das membranas biológicas, conduzindo à formação de poros e lise celular (DOTIMAS et al., 1987; SANTOS et al., 2007). A ação hidrolítica dessas enzimas é auxiliada pelas atividades lipásica, esterásica e fosfatásica, que atuam no processo de lise celular, destruindo-as.

Nos venenos de Hymenoptera sociais, a hialuronidase também tem sido descrita como um dos principais alérgenos tanto nos venenos de vespas, quanto no veneno de *Apis mellifera* (KOLARICH et al., 2005; HOFFMAN, 2006; SKOV

et al., 2006). Trata-se de uma glicoproteína com PM de 45 kDa (KOLARICH et al., 2005); constitui um grupo de enzimas que hidrolisam o ácido hialurônico, um polissacarídeo de alta massa molecular que se localiza no interstício celular e possui a propriedade de manter a adesão celular. Pela ação da hialuronidase, o ácido hialurônico é transformado em pequenos fragmentos, diminuindo significativamente sua viscosidade e facilitando a difusão dos componentes do veneno para o interior das células (SANTOS et al., 2010; LEE et al., 2016).

O antígeno 5 é um alérgeno frequente, descrito nos venenos de diferentes espécies de vespas sociais pertencentes aos gêneros *Polistes*, *Dolichovespula*, *Vespa*, *Vespula* e *Polybia* (HENRIKSEN et al., 2001; HOFFMAN, 2006; SANTOS et al., 2010). Com exceção do gênero *Polybia*, todos os outros são gêneros já estudados são de espécies endêmicas do Hemisfério Norte. Trata-se de uma proteína com PM de ~23 kDa pertencente a uma superfamília de proteínas secretoras, CAP, as quais estão envolvidas em diversos processos biológicos (GIBBS et al., 2008). Embora descrito nos venenos de diferentes espécies de vespas sociais como sendo um dos componentes mais abundantes, o antígeno 5 é um alérgeno com função biológica desconhecida, porém, muitos estudos demonstram a sua alergenicidade (OLLERT & BLANK, 2015). O antígeno 5 (*Poly p 5*) do veneno da *P. paulista* tem sido amplamente estudado em nosso laboratório (dos SANTOS-PINTO et al., 2014; dos SANTOS-PINTO et al., 2015), incluindo sequenciamento completo com a identificação de diversas modificações pós-traducionais como hidroxilação, fosforilação e glicosilação; obtenção do modelo estrutural e identificação de diversos epítomos lineares de células-B da *Poly p 5*. Os autores, combinando técnicas de síntese múltipla de peptídeos em membranas de celulose (SPOT-synthesis) e modelagem estrutural da *Poly p 5*, identificaram nove epítomos lineares de células-B imunoreativos a IgG humano, um dos quais, o epítomo 7 (WAKTKE) também demonstrou ser imunoreativo a IgE humano. Esse epítomo está exposto na superfície da molécula sendo significativamente acessível, e está localizado em um “loop” (voltas e estruturas aleatórias) o que favorece a interação com a IgE. A utilização de vacinas peptídicas, baseadas em fragmentos derivados de

epítopos de proteínas antigênicas específicas, pode ser uma estratégia segura e eficaz no tratamento de pacientes alérgicos sem a ocorrência de efeitos adversos. Ao contrário das vacinas tradicionais, as formuladas por meio de peptídeos possuem como vantagens o fato de serem seguras, de poderem induzir respostas bem definidas do sistema imune e de serem sintetizadas com alta reprodutibilidade e excelente grau de pureza em grandes quantidades (WANG et al., 2003; INCORVAIA et al., 2016).

Até o momento, o veneno da *P. paulista*, assim como de outros Hymenoptera sociais, tem sido estudado utilizando principalmente de abordagens peptidômica e proteômica. Essas abordagens possibilitaram a identificação e caracterização de diversas moléculas (proteínas e peptídeos) no veneno. No entanto, os venenos animais demonstram ser um coquetel complexo de uma mistura de diferentes moléculas, variando desde quantidades elevadas até quantidades quase indetectáveis dessas moléculas. E isto tem sido um desafio significativo para a caracterização total desses venenos. Moléculas pouco abundantes podem permanecer desconhecidas, impossibilitando uma melhor compreensão do processo de envenenamento ocasionado por esses venenos. Além disso, a identificação de novas moléculas pode possibilitar a descoberta de novas drogas/fármacos, com potencial aplicação biotecnológica.

O arsenal de toxinas presente no veneno da *P. paulista* pode possibilitar a descrição de diversas atividades farmacológicas para suas moléculas que podem ser avaliadas para o desenvolvimento de novas aplicações biotecnológicas. Porém, moléculas como neurotoxinas, descritas em venenos animais como aranhas, escorpiões e moluscos marinhos como os do gênero *Conus*, assim como também nos venenos de vespas solitárias (NAKAJIMA et al., 1986; HEADING et al., 2002), que podem apresentar um grande potencial em aplicações farmacológicas ainda não foram descritas nos venenos de vespas sociais. O estudo das neurotoxinas dos venenos tem possibilitado na descoberta de novos inseticidas naturais, bem como no desenvolvimento de ferramentas para o estudo de fármacos potencialmente úteis para os tratamentos de distúrbios neurológicos (MONTEIRO et al., 2009; SCHWARTZ et al., 2012;).

Além disso, a confirmação da presença de neurotoxinas no veneno da *P. paulista*, poderá ser considerado para uma melhor compreensão do seu mecanismo de envenenamento.

1.3. A glicosilação e as toxinas de venenos animais

O estudo de glicosilação em proteínas e peptídeos tem se tornado um dos grandes desafios para a proteômica, na tentativa de identificar glicopeptídeos pouco abundantes em amostras complexas como os venenos animais. A glicosilação é uma das modificações pós-traducionais (PTMs) mais comuns em certas proteínas secretadas de eucariotos, contribuindo para atividades biológicas, imunogenicidade, solubilidade, adesão, estabilidade, interação célula-célula e resistência às proteases, crescimento e diferenciação celular, além de contribuir na diversificação das funções das toxinas (STEINBERG et al., 2001; SPIRO, 2002; BAAS, 2011). A glicosilação pode ser classificada com base na natureza da ligação química entre um carboidrato e um resíduo de aminoácido específico, sendo uma das modificações pós-traducionais mais complexas presentes em proteínas de células eucarióticas. Essa modificação apresenta dois principais mecanismos de ligações covalentes: N-glicosilação, no qual a adição de um grupo carboidrato ocorre junto à cadeia lateral de um resíduo de asparagina, ocorrendo em 70% das proteínas glicosiladas; e O-glicosilação, no qual a adição de um carboidrato ocorre junto à cadeia lateral de um resíduo de serina ou treonina (JOHANSEN et al., 1961; HELENIUS et al., 2004; MORELLE et al., 2007). Em alguns casos, dependendo da conformação da sequência de aminoácidos da proteína, podem ocorrer mais de um tipo de ligação carboidrato-aminoácido na mesma proteína (SPIRO, 2002).

A introdução de carboidratos nas estruturas das proteínas parece ser relativamente comum entre as toxinas de venenos animais. Nos venenos das vespas *Dolichovespula maculata* e *Polistes annularis*, foram relatados a presença de carboidratos nas hialuronidases (KOLARICH et al., 2005); assim como nos estudos de Skov e colaboradores (2006), foram identificados 4

potenciais sítios de glicosilação (Asn79, Asn99, Asn127 e Asn325) na hialuronidase do veneno da vespa *Vespula vulgaris*. No caso dos Hymenoptera, alérgenos de diferentes venenos podem apresentar semelhanças de epítomos lineares, tendo como consequência uma reatividade cruzada, o que impossibilita um diagnóstico preciso já que este é baseado na detecção da especificidade IgE-alérgeno. A reatividade cruzada é um fenômeno frequente em pacientes com alergia. A sensibilização contra alguns alérgenos podem causar reações em relação a outros alérgenos aparentemente não relacionados. Atualmente essas reações estão sendo investigadas com base em cada caso, analisando os níveis de IgE específica presente no soro e as características clínicas dos pacientes que sofrem de reações cruzadas. Estudos têm demonstrado a especificidade entre IgE e carboidratos, sendo a glicosilação, portanto, um dos fatores possivelmente responsáveis pela reatividade cruzada dos venenos de Hymenoptera (HEMMER et al., 2001). A diversidade de proteínas glicosiladas desempenha um papel importante na biossíntese e atividade biológica das glicoproteínas envolvidas no reconhecimento do antígeno (KONDO et al., 1996).

Recentemente, Feng e colaboradores (2015) realizaram um estudo proteômico com a geleia real produzida pelas abelhas *Apis mellifera* e *Apis cerana* destacando as modificações e funções de proteínas específicas da geleia real em decorrência da glicosilação. As proteínas cisteína proteinase CG12163-like X1, X2, alfa-N-acetilgalactosaminidase-like, glucose desidrogenase, entre outras, até então desconhecidas da geleia real, foram submetidas a um ensaio de enriquecimento de glicosilação e análises de LC-MS/MS. As proteínas são o principal componente da geleia real, representando aproximadamente 50% de seu peso seco (GRAHAM, 1992). No total, 80 glicoproteínas com 190 sítios N-glicosilados foram identificadas na geleia real de *Apis mellifera*; enquanto que em *Apis cerana* foram identificadas 43 glicoproteínas com 138 sítios de N-glicosilação. Alguns ensaios funcionais evidenciaram o importante papel destas proteínas na regulação do desenvolvimento, processos do metabolismo e atividades imunológicas. Outros estudos realizados com venenos de serpentes, relatam a importância da

composição das proteínas glicosiladas nos venenos desses animais na variação entre as espécies (WARRELL, 2004, ANDRADE-SILVA et al., 2016). Em estudos de Andrade-Silva e colaboradores (2016) na caracterização proteômica dos venenos das serpentes *B. cotiara*, *B. insularis*, *B. jararaca*, *B. moojeni*, *B. neuwiedi*, *B. jararacussu*, e *B. Erythromelas*, foi demonstrado que as composições protéicas e glicoprotéicas totais dessas sete espécies agrupam-se de forma semelhante à sua classificação filogenética. Nesse estudo foram realizados procedimentos de enriquecimento das proteínas glicosiladas, seguida por análises de espectrometria de massas (LC-MS/MS). Em estudos realizados com o veneno de *Conus consors* foram descritas diversas proteoformas da proteína hialuronidase (*Conohyal-Cn*), com a identificação de dois potenciais sítios de glicosilação (Asn108 e Asn328); além de outros possíveis sítios glicosilados presentes em fragmentos de sequências que não foram identificados (VIOLETTE et al., 2012).

1.4. A espectrometria de massas nos estudos de glicoproteomas

Podemos notar que, o estudo de PTMs como a glicosilação, tem se tornado cada vez mais importante na caracterização e compreensão das moléculas presentes nos venenos animais, uma vez que estão envolvidas na maioria dos processos celulares, incluindo a manutenção da estrutura proteica e no reconhecimento antígeno-anticorpo. O enriquecimento das preparações de glicopeptídeos tem sido uma solução muito utilizada e eficaz nesses estudos. As abordagens convencionais incluem a cromatografia de afinidade com lectina (ZENG et al., 2011), hidrazina (CHEN et al., 2013), ácido borônico (BIE et al., 2014), dióxido de titânio (LARSEN et al., 2007) e cromatografia de interação hidrofílica (WU et al., 2015). Esses métodos de enriquecimento têm se tornado fundamental para obter uma melhor caracterização das proteínas glicosiladas e dessa forma reduzir a complexidade da amostra antes de submeter à análise de espectrometria de massas, a qual tem se mostrado muito eficaz nos estudos de glicoproteomas (NOVOTNY et al., 2005).

Como estão envolvidas na maioria dos processos celulares, incluindo a manutenção da estrutura protéica, as análises das PTMs têm se tornado um grande desafio às pesquisas proteômicas sendo requeridos métodos sensíveis e eficientes para a detecção das PTMs. Porém, recentemente a espectrometria de massas (MS) tem demonstrado ser extremamente útil na identificação das PTMs. A espectrometria de massas tem sido amplamente utilizada na identificação e caracterização de proteínas (MANN et al., 2003). A presença de modificações covalentes em proteínas altera a massa molecular dos aminoácidos modificados, e esse aumento ou perda de massa pode ser detectado por análises de MS, as quais apresentam inúmeras vantagens como: alta sensibilidade, capacidade de identificação do local da PTM, possibilita a detecção de novas PTMs, capacidade de identificar PTMs em uma mistura complexa de proteínas, e condições de quantificar as mudanças relativas das PTMs em locais distintos. Nenhuma outra técnica apresenta todas essas vantagens características (LARSEN et al., 2006).

As análises proteômica e peptidômica utilizando técnicas avançadas de espectrometria de massas como LC-ESI-MS e nano-ESI-MS/MS, e com diferentes métodos de fragmentação como ETD (Dissociação por Transferência de Elétrons) e CID (Dissociação Induzida por Colisão), tem progressivamente possibilitado o aumento no número de identificações de novas proteínas e peptídeos presentes nos venenos (VAN VAERENBERGH et al., 2014; MATYSIAK et al., 2014; DIAS et al., 2015). E dentro da abordagem proteômica, a estratégia do tipo *shotgun*, ou seja, utilizando um sistema livre de gel, tem se mostrado muito eficiente no aumento do número de identificações de proteínas. Trata-se de um método utilizado para a análise de uma amostra complexa de proteínas sem uma separação prévia; é realizada uma digestão enzimática em solução, e os diversos fragmentos peptídicos gerados podem ser separados e analisados em sistemas como LC-ESI-MS e nano-ESI-MS/MS (HAAS et al., 2006; ROEPSTORFF, 2012; NI et al., 2016). A utilização da estratégia do tipo *shotgun* para investigar o veneno da *P. paulista* não havia sido realizada até o momento, devido ao fato da amostra ser sempre considerada muito complexa,

e a indisponibilidade de equipamentos avançados de espectrometria de massas para tal finalidade, na época em que tais estudos foram realizados. No entanto, nosso laboratório dispõe atualmente de sistemas como LC-ESI-MS e nano-ESI-MS/MS que possibilitam a análise de amostras complexas como a do veneno de *P. paulista*.

1.5 Por que estudar o veneno da vespa *P. paulista*?

A caracterização bioquímica e imunológica dos venenos de Hymenoptera, tornou-se alvo de inúmeras pesquisas com interesse na identificação de moléculas com potencial em aplicações farmacológicas e biotecnológicas. Sendo assim, o presente estudo pode contribuir para aumentar o conhecimento sobre a bioquímica dos venenos e dessa forma, oferecer uma base científica para o desenvolvimento de drogas/fármacos e até mesmo de vacinas peptídicas para uso diagnóstico e terapêutico contra alergia aos venenos de Hymenoptera. Santos e colaboradores (2010), utilizando uma abordagem proteômica *bottom-up* (digestão em gel - 2DE) identificaram 84 proteínas no veneno da vespa social *P. paulista*, das quais 53 foram identificadas como sendo proteínas típicas de veneno e relacionadas com a alergenicidade; e algumas dessas proteínas mostraram-se imunoreativas e glicosiladas. Porém, muitas proteínas e peptídeos, incluindo os glicosilados, não foram identificados, devido às limitações técnicas da abordagem utilizada, durante o período em que o estudo foi realizado. Esses resultados demonstraram que somente as proteínas mais abundantes foram identificadas, enquanto que as proteínas menos abundantes, e também aquelas apresentando menores valores de massas deixaram de ser detectadas.

Com a finalidade então, de identificar essas moléculas, e obter uma melhor compreensão funcional das moléculas envolvidas no mecanismo geral de envenenamento, decidiu-se por analisar o proteoma do veneno através da estratégia do tipo *shotgun*. Com essa estratégia foi possível aumentarmos o número de identificações de proteínas, e até mesmo a identificação de neurotoxinas presentes no veneno. Além da possibilidade de utilizarmos

métodos de enriquecimento de glicosilação, permitindo a análise e identificação de proteínas e peptídeos glicosilados. E ainda, no presente estudo, foi possível obtermos informações sobre as propriedades bioquímicas e imunológicas do veneno da vespa *P. paulista*, possibilitando uma melhor compreensão dos componentes moleculares do veneno que possam apresentar um grande potencial em aplicações farmacológicas. Essas informações foram comparadas com os dados já existentes na literatura para o veneno de outros Hymenoptera e/ou animais.

2. Objetivos

- Identificar novas proteínas presentes no veneno, através da abordagem proteômica, do tipo *shotgun*;
- Desenvolver preparações de veneno de vespa enriquecidos em proteínas glicosiladas, por afinidade pela concavanalina-A lectina (ConA lectina) imobilizada em agarose;
- Identificar as proteínas glicosiladas nessas preparações;
- Identificar possíveis neurotoxinas presentes no veneno, até então não relatadas em venenos de vespas sociais;
- Comparar os resultados obtidos com os dados da literatura para outros diferentes venenos de Hymenoptera.

3. Material e Métodos

3.1. Obtenção do veneno da vespa social *Polybia paulista*

Os ninhos da vespa *P. paulista* foram coletados no campus da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho, localizado na cidade de Rio Claro, São Paulo, de maneira georeferenciada (22°23'43.6"S, 47°32'38.9"W). Após a captura, os insetos foram imediatamente congelados a -80°C e levados ao laboratório para confirmar a identificação taxonômica. As vespas foram então dissecadas e o reservatório do veneno extraído de cada

inseto, com o uso de pinças. Estes reservatórios foram cuidadosamente lavados, levemente macerados e agitados suavemente em solução contendo um coquetel de inibidores de protease (Sigma) 0.2% v/v, e PMSF 1mM, e centrifugados a 8000 x g por 10 minutos a 4°C. O sobrenadante que foi utilizado como extrato do veneno foi liofilizado e armazenado a -80°C até o momento do uso.

3.2. Quantificação da amostra

A quantificação de proteínas do extrato do veneno foi determinada pelo kit Qubit® Protein Assay (Life Technologies - Qubit® 3.0 fluorometer), conforme instruções do fabricante.

3.3. Enriquecimento das proteínas glicosiladas

O enriquecimento de proteínas/peptídeos N-glicosilados foi realizado utilizando o kit Glycoprotein Isolation, ConA (Thermo Scientific™), conforme as instruções do protocolo do fabricante. De acordo com o protocolo, 1mg de proteínas totais foi diluída em uma proporção de 4:1 em uma solução de lavagem contendo água com inibidor de proteases. Em seguida, a amostra foi aplicada na coluna (*spin column*) contendo a resina ConA lectina, e submetida a três etapas de lavagem e centrifugação. Posteriormente, a coluna contendo a amostra foi submetida à um período de 10 min. de incubação, e centrifugado novamente. Ao final, a resina foi incubada com o tampão de eluição por 5 min., em seguida centrifugada para a lavagem e recuperação das glicoproteínas. A amostra eluída da coluna foi coletada e logo em seguida submetida à digestão em solução com tripsina.

3.4. Análise proteômica com a estratégia do tipo *Shotgun*

Para a realizar a digestão em solução (*shotgun*), a amostra oriunda do enriquecimento (200 µg) foi solubilizada em bicarbonato de amônio 50mM, pH 7.9 contendo urea 7.5 M, e incubada por 60 min à 25°C sob leves agitações

periódicas. Em seguida foi realizado o tratamento de redução e alquilação com a adição de DTT 10mM por 60 min à 37°C; e iodoacetamida 40mM, também por 60 min à 25°C. Após esse tratamento a amostra foi diluída cinco vezes com bicarbonato de amônio 100 mM, pH 7.8, contendo cloreto de cálcio 1M. Em seguida foi adicionado tripsina (Promega) 40 ng/μL à 37°C por 16h. A reação de digestão foi interrompida com 5μL de ácido fórmico (AF). A amostra digerida dessalinizada utilizando uma coluna SPE C18 (Discovery DSC-18, SUPELCO, Bellefonte, PA, USA) condicionada com ACN/TFA 0.1%. Os peptídeos foram eluídos da coluna com ACN 80%/ TFA 0.1%, secos em *speedvac* e solubilizados em ACN 50%/AF 5% para serem analisados.

3.5. Análises de espectrometria de massas

Para as análises de espectrometria de massas foi utilizado um espectrômetro do tipo μLC-ESI-micrOTOF-Q-III (Bruker Daltonics Bremen, Alemanha), acoplado a um sistema UFLC (Shimadzu) contendo duas bombas LC-20AD e um amostrador automático SIL-20AHT. Foi utilizado um gradiente de 5 a 95% (v/v) ACN, contendo 0.05% (v/v) de ácido fórmico por 120 min, em uma coluna C-18, 12 nm (3 mm id x 100 mm, 2.2 μm) (Shim-pack XR-ODS, Shimadzu). O software HyStar v3.2 (Bruker Daltonics) foi utilizado para o controle de aquisição e análise dos dados, com a eluição dos peptídeos sendo monitorada à 214 nm em um fluxo de 0.2 mL/min. Os dados de MS e MS/MS foram adquiridos em uma faixa de m/z 100 a m/z 3000, em um espectrômetro de massas equipado com uma fonte de ionização “electrospray” (ESI), e analisador de massas híbrido formado pela combinação de sistemas quadrupolo e *Time-of-Flight* (Q-ToF) (Bruker Daltonics). As análises foram realizadas no modo positivo (ESI+) e contínuo, utilizando o princípio de dissociação de íons CID (dissociação induzida por colisão) e o hélio como gás de colisão, a uma pressão de 100kPa, energia de colisão de 50% e frequência de 30 kHz. Os espectros de massas foram adquiridos e uma lista de picos foi gerada utilizando o software DataAnalysis 4.1 (Bruker Daltonics). Antes das análises, o

espectrômetro de massas foi calibrado com uma solução calibrante Tune-Mix Electrospray Calibrant (Agilent).

3.6. Identificação das proteínas

Para a identificação das proteínas foi utilizado o servidor MASCOT 2.3.02 (Matrix Science, London, UK) realizando buscas contra o banco de dados de Hymenoptera. Para as proteínas que não foram identificadas neste banco de dados, foram realizadas pesquisas contra outros bancos de dados como o Arthropoda e o NCBI nr. Os parâmetros de busca foram utilizados de acordo com a taxonomia do organismo de estudo (*Metazoa / Other Metazoa*), assim como também, conforme dados oriundos durante a manipulação experimental das amostras, como o tipo de enzima proteolítica utilizada e possíveis modificações fixas e variáveis que possam ocorrer. Dessa forma foram utilizados os seguintes parâmetros: (a) Enzima: Tripsina; (b) Carbamidometilação (C) como modificação fixa; (c) Oxidação (M), como modificação variável; além das modificações de N-glicosilações; (d) Nº de clivagens perdidas pela enzima: 2; (e) Massa molecular do tipo: Monoisotópica; (f) Massa molecular: sem restrições; (g) Erro de tolerância de peptídeos $\pm 0.5\text{Da}$ e erro de tolerância de $\text{MS}^n \pm 0.8\text{ Da}$; (h) Protonação: +1, +2, +3 para o estado de carga dos peptídeos; (i) Tipo de instrumento: ESIQUAD-TOF; (j) Foram admitidos *Protein Scores* significativos ($p < 0.05$) para a identificação das proteínas.

As proteínas identificadas foram submetidas à análise pelo algoritmo Scaffold 4.3.2 (Proteome Software Inc., Portland, OR), para validar a identificação dos peptídeos e cálculo do FDR - *false discovery rate* (menos que 1%). FDR foi calculado considerando pelo menos duas sequências peptídicas distintas. De acordo com o FDR algoritmo implementado no Scaffold, a probabilidade de identificação dos peptídeos foi ajustada para um mínimo de 99%, enquanto que a probabilidade de identificação das proteínas foi de 95%.

3.7. Identificação das modificações pós-traducionais (PTMs)

Os espectros MSⁿ foram processados e uma lista de picos foi gerada utilizando o software DataAnalysis 4.1. Após a identificação das proteínas foi realizada uma pesquisa de erro de tolerância para detectar clivagens inespecíficas não atribuídas às modificações. Os diversos tipos de modificações de N-glicosilação como: hexose; hexosamina; Hex (N); Hex(1)HexNac(1)dHex(1); Hex(1)HexNac(1)NeuAc(1); Hex(1)HexNac(1)NeuAc(2)(N); Hex(1)HexNac(2); Hex(1)HexNac(2)dHex(1); Hex(1)HexNac(2)dHex(1)Pent(1); Hex(1)HexNac(2)dHex(2); Hex(1)HexNac(2)Pent(1); Hex(2)HexNac(2); Hex(2)HexNac(2)dHex(1); Hex(2)HexNac(2)Pent(1); Hex(3); Hex(3)HexNac(1)Pent(1); Hex(3)HexNac(2); Hex(3)HexNac(2)Pent(1); Hex(3)HexNac(4); Hex(4)HexNac(4); Hex(5)HexNac(2); Hex(5)HexNac(4); Hex(N); HexNac; HexNac(1)dHex(1); HexNac(1)dHex(2); HexNac(2); HexNac(2)dHex(1) e HexNac(2)dHex(2), foram selecionadas e adicionadas para a busca de PTMs nos fragmentos peptídicos dos espectros de MSⁿ obtidos experimentalmente. Foram utilizados os softwares BioTools 3.2 (Bruker Daltonics), Peaks studio 7 (complete software for proteomics) e Scaffold 4.3.2 (Proteomics software) e em seguida foi realizada uma análise manual para a confirmação das modificações.

3.8. Análise e interpretação dos dados utilizando atribuição funcional por consulta à base do *Gene Ontology* (GO)

Com a finalidade de compreender e interpretar os dados proteômicos, a lista das proteínas, identificadas, foram analisadas e classificadas de acordo com os termos dos algoritmos do FunRich 3.0 - Functional Enrichment Analysis Tool (PATHAN et al., 2015) e *Gene Ontology* (Schmidt et al., 2014). Com base na classificação funcional utilizando os termos do GO (componente celular, processo biológico e função molecular) destas proteínas, foi proposto um mecanismo geral de função para as proteínas identificadas no veneno. (<http://geneontology.org/>, The Gene Ontology Consortium, 2015).

3.9. Eletroforese em gel de poliacrilamida (SDS-PAGE)

Foi realizada uma eletroforese 1-D em gel de poliacrilamida de acordo com o protocolo descrito por Laemmli (1970) utilizando o sistema Mini-Protean® Tetra Cell System (Biorad). O Padrao molecular PageRuler Prestained Protein Ladder (Thermo Scientific, EUA) foi utilizado para as análises de SDS-PAGE e Western blot respectivamente. Após a corrida, o gel foi corado com Coomassie Brilliant Blue R-250 (CBB).

3.10. Aplicação do ensaio imunoenzimático -*Western Blotting*- como método ortogonal (IgE-binding analyses)

Para demonstrar a reatividade das proteínas identificadas no veneno e que se mostraram N-glicosiladas, com o soro de pacientes sensíveis ao veneno da vespa *P. paulista*, essas proteínas foram submetidas ao ensaio imunoenzimático *Western Blotting*. Foi realizada uma eletroforese unidimensional, seguida de uma eletrotransferência das proteínas submetidas ao gel SDS-PAGE para uma membrana de nitrocelulose utilizando um sistema Semi-dry (Trans- Blot® SD Semi-Dry Electrophoretic Transfer Cell, Bio-Rad, USA). A eficiência da eletrotransferência foi verificada através da coloração do gel com Coomassie Blue G-250 (Sigma, USA). Posteriormente à essa membrana foram incorporados os soros de pacientes sensíveis ao veneno da vespa *P. paulista*, e em seguida essa membrana foi encubada durante 1h à temperatura ambiente sob leve e constante agitação (Rocker II™ platform mixer - Boekel Scientific, USA) com uma solução 20 mM Tris-HCl 150 mM NaCl pH 7.4, 0.5% Tween-20 (Sigma Aldrich, USA) (TBS-T - solução de lavagem) e 3% de leite em pó desnatado (solução bloqueadora). Após a lavagem (três vezes com TBS-T), a membrana foi transferida para um mini-aparelho multi-screen PROTEAN® II (Bio-Rad, USA). Quatrocentos microlitros do soro de cada paciente (diluído a 1:50 numa solução de TBS-T com 1% de leite desnatado) foram incubados em contato com a membrana *over night* à temperatura ambiente sob leve agitação em um Rocker misturador de plataforma II™. A imunodeteção foi realizada utilizando anticorpo IgE conjugado com

peroxidase (Sigma Aldrich, USA) diluído em 1:5000 (TBS-T e 1% de leite desnatado). As bandas foram visualizadas no Image Quant 400 (GE Healthcare, Suécia), utilizando o substrato quimioluminescente Luminata Substrato HRP TM Forte Western HRP substrate (Millipore, EUA).

4. Resultados e discussão

4.1. Perfilagem proteômica do veneno da vespa social *Polybia paulista*, utilizando uma abordagem livre de gel, do tipo *shotgun*

As análises venômicas para a identificação de moléculas bioativas de Hymenoptera social tem permitido o desenho racional de novas antitoxinas, e a avaliação dos componentes do veneno para descrever possíveis aplicações biotecnológicas (CALVETE ET al., 2015). O uso combinado de ferramentas de bioinformática e as várias abordagens -ômicas permitiram a identificação, caracterização molecular, síntese *in vitro* e expressão recombinante de várias toxinas presentes nos venenos de vespas. *Polybia paulista* é uma vespa social neotropical, altamente agressiva do sudeste brasileiro; e como na maioria dos Hymenoptera sociais, seu veneno é constituído de uma mistura complexa de toxinas bioativas que variam de compostos de baixas massas moleculares, até peptídeos e proteínas. Em nosso laboratório, durante anos, esse veneno tem sido investigado para elucidar a sua composição molecular. Os dados derivados de análises proteômicas, peptidômicas e de estudos de alergias, melhoraram significativamente nossa compreensão sobre o processo de envenenamento causado pela ferroada desse inseto. Alguns desses compostos bioativos derivados de *P. paulista* foram avaliados para o desenho racional de antivenenos e a melhoria do diagnóstico e imunoterapia específicos para alergia. Além disso, a caracterização molecular do extrato de veneno bruto permitiu a descrição e o isolamento de novas toxinas com potenciais aplicações biotecnológicas. No entanto, até o momento, nenhum estudo foi realizado considerando as modificações pós-traducionais (PTMs) como a glicosilação, por exemplo. Tais modificações são muito importantes em venenos animais,

influenciando significativamente o dobramento e a conformação de proteínas, estabilidade, atividades biológicas e farmacodinâmicas, bem como protegendo a integridade das toxinas contra ações autolíticas do próprio veneno, e desta forma contribui para o aumento da complexidade do proteoma do veneno, diversificando as funções das toxinas (ANDRADE-SILVA et al., 2016).

Em nosso laboratório, Santos et al. (2010), utilizando de uma abordagem proteômica *bottom-up* (digestão em gel - 2DE) identificaram 84 proteínas no veneno da *P. paulista*, das quais 53 foram identificadas como sendo proteínas típicas de veneno e relacionadas com a alergenicidade; e algumas dessas proteínas mostraram-se imunoreativas e glicosiladas, porém não se identificou o tipo de glicosilação das glicoproteínas detectadas. Nesse estudo foi utilizado o kit Pro-Q Emerald 300 glycoprotein gel (GE Healthcare) para detecção de carboidratos totais presentes nos spots proteicos diretamente no gel. Mediante os resultados obtidos até então nos estudos realizados por Santos et al. (2010), e considerando a complexidade do veneno da vespa *P. paulista*, decidimos então investigar o perfil proteômico total do veneno dessa vespa, em um sistema livre de gel utilizando-se abordagem do tipo *shotgun*. Foi decidido também determinar em detalhes o perfil glicoproteômico do veneno. No presente estudo foi utilizado o kit Glycoprotein Isolation, ConA (Thermo Scientific™), que possibilita isolar glicoproteínas (N-glicosiladas), de misturas complexas, que apresentam uma forte afinidade pela concavanalina-A lectina (ConA lectina) imobilizada em agarose. Os resultados obtidos por Santos et al. (2010) serão comentados e comparados com os dados do presente estudo.

O presente estudo aborda os resultados adquiridos com a perfilagem proteômica do veneno bem como a perfilagem glicoproteômica do veneno, submetido a um protocolo de enriquecimento da fração de proteínas glicosiladas, com abordagem *shotgun*.

Após as análises de espectrometria de massas e processamento dos dados, foi possível identificar um total de 1677 proteínas no veneno de *P.*

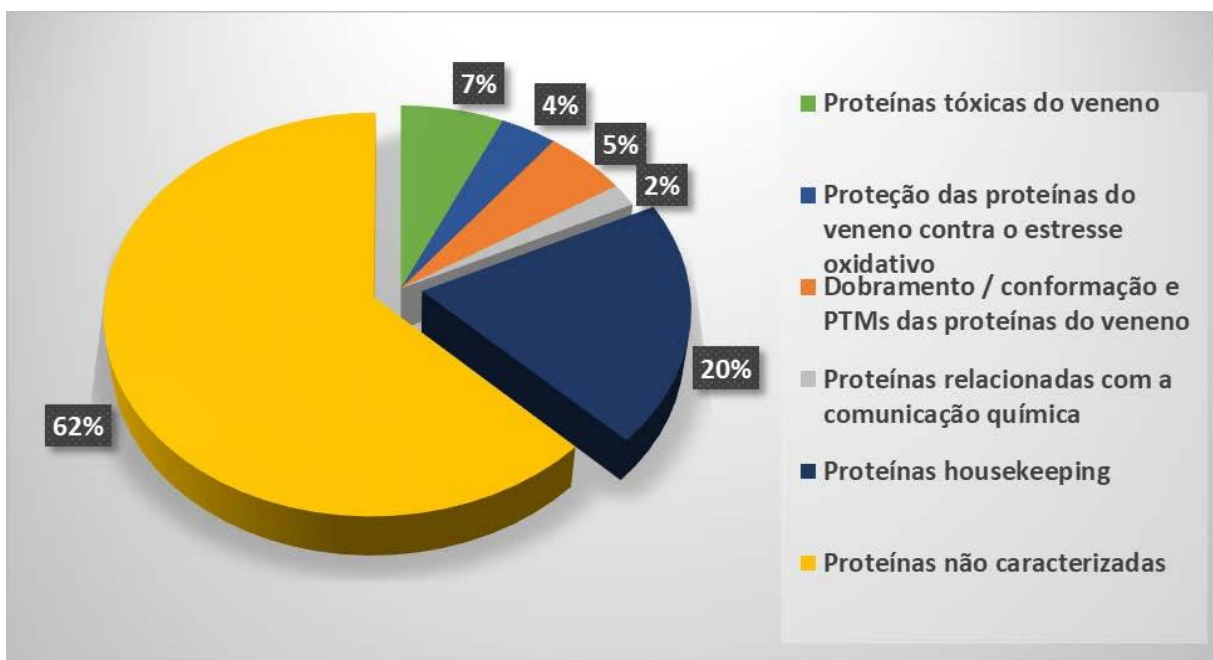
paulista. Todas as proteínas foram inicialmente classificadas de acordo com suas funções, atribuídas por análises no banco *Gene Ontology* - GO (componente celular, processo biológico e função molecular). Considerando que a amostra analisada é o produto da secreção das glândulas de veneno, é importante considerarmos que a busca por papéis funcionais de proteínas na base de dados GO prevê função molecular, processo biológico, e os componentes celulares (quando a informação está disponível), com base em nas funções intracelulares destas proteínas. Os papéis funcionais de proteínas secretadas não são bem preditos por consultas no banco GO (dos SANTOS-PINTO et al., 2016). Proteínas secretadas, geralmente desempenham apenas papéis individuais no meio extracelular, uma vez que, aparentemente, não existem interações como aquelas observadas em rotas metabólicas do citoplasma ou organelas.

Com as análises GO não é possível prever de forma confiável a função de proteínas intracelulares, quando estas são secretadas para o meio extracelular; sendo assim, decidiu-se assumir a função molecular das proteínas do presente estudo previstas pelas análises GO, e propor uma adaptação dessa função a um processo biológico específico para a situação de estudo no meio extracelular. Dessa forma, consideramos o processo biológico específico da amostra, ou seja, a complexidade do veneno para classificar as proteínas em seis diferentes grupos funcionais: (I) proteínas tóxicas do veneno; (II) proteínas relacionadas com o dobramento/conformação e modificações pós-traducionais (PTMs) das toxinas; (III) proteínas relacionadas com a preservação das toxinas contra o estresse oxidativo; (IV) proteínas relacionadas com a comunicação química; (V) proteínas *housekeeping* das glândulas de veneno; e (VI) proteínas não caracterizadas.

A figura 5 apresenta a distribuição do total de proteínas identificadas na amostra do veneno de *P. paulista*, de acordo com o seu papel funcional - 7% do total de proteínas identificadas são proteínas tóxicas do veneno, 4% estão envolvidas na proteção das toxinas contra o estresse oxidativo, 5% no dobramento/conformação e PTMs das toxinas; 2% está relacionada com a

comunicação química; 20% são proteínas *housekeeping*, e ainda 62% são de proteínas não caracterizadas presentes na glândula de veneno.

Figura 5. Distribuição do total de proteínas identificadas na amostra de veneno de *P. paulista*, de acordo com o seu papel funcional.



Considerando-se a grande quantidade de dados que foram gerados e processados, e para que a redação do TCC (Trabalho de conclusão de Curso) possa ocorrer de forma contínua, de modo que a sua leitura não fosse interrompida, a relação completa de todas as proteínas identificadas e agrupadas está demonstrada no Apêndice na forma de tabelas (A1 a A6), constando as informações dos dados oriundos da análise proteômica e análise GO.

Os grupos funcionais serão discutidos no decorrer do texto. Não existe um banco de proteínas disponível na literatura, específico para qualquer espécie de vespa social, desta maneira as consultas para a identificação das proteínas foram inicialmente realizadas contra o banco de dados Hymenoptera. Para as proteínas que não foram identificadas neste banco de dados, foram realizadas novas buscas contra outros bancos de dados, utilizando-se a taxa Arthropoda junto ao NCBI Inr (http://www.matrixscience.com/help/seq_db_setup_nr.html). Sendo assim, todas

as tabelas referentes a essas identificações, e mostradas no Apêndice, estão apresentando proteínas pertencentes às taxas Hymenoptera e Arthropoda, junto ao banco de proteínas do NCBI.

As proteínas foram, portanto, classificadas de acordo com a função genérica que apresentam no veneno da vespa *P. paulista*, da seguinte maneira:

(I) proteínas tóxicas do veneno: o primeiro grupo consiste em uma série de proteínas que são típicas de venenos animais, ou seja, toxinas, alérgenos e outras proteínas já descritos em venenos de Hymenoptera sociais. Além dessas proteínas, também foram identificadas, pela primeira vez em um veneno de vespa social, proteínas pouco abundantes, como algumas proteínas semelhantes as neurotoxinas descritas em venenos de predadores solitários, como escorpiões, aranhas e vespas solitárias, que possivelmente utilizam essas neurotoxinas para matar/paralizar suas presas (PALMA, 2010). No total foram identificadas 113 proteínas nesse grupo; 74 dessas proteínas, identificadas no banco de Hymenoptera, estão mostradas na tabela 1, enquanto que 39 proteínas identificadas (com a taxa Artropoda e banco de dados do NCBI) como sendo “semelhantes às proteínas típicas de venenos de outros animais” estão mostradas na tabela 2.

Tabela 1. Identificação e agrupamento das proteínas de acordo com o seu papel funcional - (i) proteínas tóxicas do veneno. A tabela mostra as informações dos dados oriundos da análise proteômica. #PIP % - escore, probabilidade de identificação da proteína e os valores de ion-score das sequências. Nesta tabela foram consideradas proteínas identificadas como semelhantes às toxinas pertencentes somente a ordem Hymenoptera.

Código de acesso	Nome da Proteína	Taxonomia	Massa (kDa)	Sequências peptídicas (ions-score)	Escore (PIP)
E2AUG7	ADAMTS-like protein 3	<i>Camponotus floridanus</i>	172	VGCDLR (42); PHTQECK (39)	99%
gi 328780480	97 kDa heat shock protein isoformX1	<i>Apis mellifera</i>	98	NVVFVDCGYASLQVSICAFHKGK (45); ADMEAMCAHLFK (51)	100%
Q06601	Apidaecin-2	<i>Apis mellifera</i>	19	PEAEPGNNR (42); PPHPLR (45)	100%
Q6QAN5	70 kDa heat shock protein	<i>Megachile rotundata</i>	54	FELTGIPPAPR (51); ELESVCNPVTK (30)	95%
gi 345486559	A disintegrin and metalloproteinase domain-containing protein 10	<i>Nasonia vitripennis</i>	101	KLCELACQNGTDASTCRSTSEFAHLVNLTK (31); NTCSLFIQTDPLIWR (42)	100%
gi 156554461	A disintegrin and metalloproteinase with thrombospondin motifs 15	<i>Nasonia vitripennis</i>	194	QCELVYGPGEICPHMAVCKR (33); VIDGTPCGPDTFHVCVNGQCK (53)	96%

gi 156543048	A disintegrin and metalloproteinase with thrombospondin motifs 16-like	<i>Nasonia vitripennis</i>	67	IVYPQILVVDYNEYLSLHNF AEVKR (41); TTCPAYGGYIMTGMLMLTK (57)	99%
gi 345493675	A disintegrin and metalloproteinase with thrombospondin motifs 16-like	<i>Nasonia vitripennis</i>	90	VLVDGNIGSDLVIR (49); WEDGYIMSDLRHTEK (39)	98%
Q25BT8	Alpha glucosidase 2	<i>Apis mellifera</i>	67	VIIDNWIK (38); GTPQNNVNPWVMGNHDRV (33); SGLNLEQEK (49)	100%
K7IXA0	Angiotensin-converting enzyme	<i>Nasonia vitripennis</i>	90	YADRFNDR (35); EVDEVWEEK (51)	98%
O61367	Arginine kinase	<i>Apis mellifera</i>	40	SLEGYPFNPCLEAQYK (44); LGFLTFCPTNLGTTVR (53)	100%
R9RSL8	Arginine kinase	<i>Bombus perezii</i>	17	TDKHPPK (54); GTFYPLTGMASK (48); LIDDHFLFK (35)	100%
E2C0F1	Bullous pemphigoid antigen 1, isoforms 6/9/10	<i>Harpegnathos saltator</i>	460	ACEKCHVTGMRYK (45); ADEIKGLVKN (35); AGHMVPRDNPAAMEK (15); ALKDKAPKSDALR (38)	98%
K7J676	Carboxypeptidase	<i>Nasonia vitripennis</i>	49	QVSSFYEK (52); MAAEFAYVWYK (42)	100%
gi 48095159	Chymotrypsin-1	<i>Apis mellifera</i>	28	VVAHRSFNALS VNDIALIR (43); VNQDISFTNLQPIK (31); VQSSHICTFTK (57)	99%
P00769	Chymotrypsin-2	<i>Vespa crabro</i>	24	HFCGGSISK (45); YVLTAACHLVGK (36); KHWGLTDSQJCTFTK (56)	97%
gi 345480378	Chymotrypsin-2	<i>Nasonia vitripennis</i>	27	AYGTSVKLSGWGHVGLMPSSNVLMEVELNIISNEK (36); TVYGMTVTAGTNTKSYNTGDVVEVEK (41)	100%
gi 238859591	Cysteine-rich/KU venom protein precursor	<i>Nasonia vitripennis</i>	87	LPGLWYPHVNSNTSGNF (49); SPFYDPGKPMPLARLYIDREEIK (37)	100%
Q8MMH0	Cysteine-rich venom protein 7	<i>Pimpla hypocondriaca</i>	12	MSKVFIILVALMVAISIAHR (54); PPPNPRCLPGHSK (30)	98%
I1ZEL1	Defensin 2-3	<i>Nasonia vitripennis</i>	11	LGQDAR (32); FTCDVLSFK (52)	95%
E2AWB2	Dipeptidase	<i>Camponotus floridanus</i>	21	STLEDVAAHINHR (39); YPELFAELLAR (30)	98%
gi 239050560	Endonuclease-like venom protein precursor	<i>Nasonia vitripennis</i>	57	QNFLAGLLSLTAITCNVSEPDVK (34); LMDIDYDNLATSTTVYK (54)	96%
gi 156547889	Heat shock 70 kDa protein cognate 4like	<i>Nasonia vitripennis</i>	71	GVPQIEVTFDIDANGILNVSAIEKSTGK (34); SEEVQDLLLDVTPSLGIETAGGVMTTLIKR (36)	95%
gi 345479692	Heat shock 70 kDa protein-like	<i>Nasonia vitripennis</i>	9	SFANAAGSMAGMGGGMPGMPGPGGMPK (32); VARQSPISAMGDMAAVPADMASSGIK (37)	100%
gi 345480729	Heat shock protein 83	<i>Nasonia vitripennis</i>	83	LADLLRYHTSASGDEACSLKDYVGR (34); RVFIMDNCEELIPEYLNFMKG VVDSEDLPLNISR (41)	99%
gi 110757651	Heat shock protein beta-1-like isoformX1	<i>Apis mellifera</i>	26	ESNNFFKSTTSR (48); FVVSQYTPPEIVVK (37)	99%
gi 229892210	Heat shock protein cognate 4	<i>Apis mellifera</i>	71	AQIHDIVLVGGSTR (52); LYQGTGGMPGMPGMPGMPGAGGGAPGGGASGPTIEVD (32)	100%
gi 345485308	Heat shock protein DDB_G0288861like isoform X5	<i>Nasonia vitripennis</i>	101	ETIHPNPPSQQNGNVELALPVVDLQSTNTLTR (38); SSDLLNLTETPAIEEEEEENDDAESNR (42)	99%
gi 229892265	Heat shock protein Hsp70Ab-like	<i>Apis mellifera</i>	70	GVPQIEVTFDIDANGILNVSAIEKSTGK (37); RFDDTTVQSDMKHWPFTVMNDGGKPK (42)	100%
P86687	Hyaluronidase	<i>Polybia paulista</i>	34	NGNYEERNGGVPQR (50); NFGGIGVIDFER (60); WGYGYFPYCYNTPNNPGPDCAK (48)	100%
Q08169	Hyaluronidase - Allergen Api m II	<i>Apis mellifera</i>	44	FEKYQLFMEETLK (44); SRPLVITEGMMIGVLLMLAPINALLGFVQSTPDNNKTVR (35)	100%
P49371	Hyaluronidase - allergen Dol m 2	<i>Dolichovespula maculata</i>	39	NGGVQPEGNITHLQR (39); LFMEETLKLAK (47); TFQEIANGGDGIIWGSSSDVNSLSKCK (32)	98%
Q9U6V9	Hyaluronidase - allergen Pol a 2	<i>Polistes annularis</i>	43	GETISIIYDPGK (48); NFGGIGVIDFER (60); YFMEETLKLAK (39)	100%
R9RVN4	Hymenoptaecin	<i>Bombus campestris</i>	8	PLSGPDR (36); PSLDVDYHQRVYDR (39)	100%

gi 238859585	Kazal type serine protease inhibitorlike venom protein 1 precursor	<i>Nasonia vitripennis</i>	7	QLVFVFFIVMIAMAFGCICPR (35); QHNNLCLFNCAAEQAMR (42)	95%
E2C982	Major antigen	<i>Harpegnathos saltator</i>	225	SRINTLAQENDALR (23); QALQSFQVK (32)	99%
Q17060	Major royal jelly protein 3	<i>Apis mellifera</i>	61	SANNLAHSMK (38); YEDCSGIVSAFK (41)	99%
O97432	Major royal jelly protein 5	<i>Apis mellifera</i>	70	NYPFDVDQWR (38); DCSGIVSAYK (50); LHVFDLNTSHQLK (35)	100%
Q6IMJ9	Major royal jelly protein 7	<i>Apis mellifera</i>	50	LTSNTFDYDPK (34); MNRMRH (36)	100%
Q4ZJX1	Major royal jelly protein 9	<i>Apis mellifera</i>	48	AHYSRLDFK (52); NNVPIDVDR (36); NQNCSGITSVYR (41)	99%
A2VBC4	Phospholipase A1	<i>Polybia paulista</i>	36	LIGHSLGAHTSGFAGK (32); VSMSNIR (42); LIGHSLGAHTSGFAGK (38)	99%
E7D4M5	Phospholipase A1	<i>Polybia paulista</i>	33	DNFLVMSVDWR (56); YVADFTK (40); YSEIIGLDPAGPSFR (76); LCETDAQYVQVLHTSSK (52); AVLYMTECIK (43); DICVCVGLNAK (50); GSFYVPVEK (40); NSPYCHNEGIKL (42)	100%
P49369	Phospholipase A1	<i>Vespula vulgaris</i>	38	CPFNSDTVSIITRENR (53); YLYPTAAR (44); ISMANIRLIGHSLGAHASGFAGK (36)	97%
P0CH86	Phospholipase A1	<i>Vespula squamosa</i>	32	LVTDYNVSMADIR (44); LIGHSLGAHVSGFAGKEVQK (30); AITYMTECIK (55)	98%
Q06478	Phospholipase A1	<i>Dolichovespula maculata</i>	36	NFVAMSEALMHTGDFLIIMVDWR (38); MAACTDEYPGLK (42); TLGTVDYFYNNGSNQPGCR (59)	95%
Q6Q249	Phospholipase A1	<i>Polistes dominula</i>	35	GSFYVPVEK (34); LIGHSLGAHTSGFAGK (32)	100%
gi 328791555	Phospholipase A2-like isoform X2	<i>Apis mellifera</i>	47	YINCLITLSAVWGGSVK (42); DEQITNPISGLWLLPSR (45)	99%
gi 156553185	Protein lethal (2) essential for life	<i>Nasonia vitripennis</i>	19	DWWDDLDRPSR (45); DELLHTLSVPSFR (56)	99%
P0C1R1	Protonection	<i>Protonectarina sylverae</i>	1	ILGTILGLLK (96)	100%
gi 156538621	Similar to A disintegrin and metalloproteinase with thrombospondin motifs like	<i>Nasonia vitripennis</i>	84	LHEHMTNDEILSVFNVHDAVKGLDYQLVK (36); NLHKTYNFGSPIYNR (56)	99%
gi 156538921	Similar to heat shock protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	58	ITDVVITVPANFNTIQR (49); FEELCDNLQKILK (36)	100%
gi 156545866	Similar to metalloproteinase-putative	<i>Nasonia vitripennis</i>	35	ITAGNTGCWSSVGR (48); NGQPTIVPR (37)	95%
gi 156550073	Similar to venom acid phosphatase	<i>Nasonia vitripennis</i>	45	FYVPDYDYPTAELQVPSNLTYK (34); NPIHVSL LYLVLQNSIEINK (55)	97%
gi 156554475	Similar to venom acid phosphatase	<i>Nasonia vitripennis</i>	42	NMTIWMGQEMSIPNHMFVLYHK (30); DVYLYSGHNLNIVSILQSLK (63)	99%
Q5Y4Y0	U2-agatoxin-Ao1f	<i>Agelena orientalis</i>	8	MRAIISLFLISAMVFSMIQAVPEEK (40); FCNALSQPR (42)	96%
A0A087ZRC7	Venom acid phosphatase Acph-1	<i>Apis mellifera</i>	46	QINVIFR (39); GELTNSGK (42); YEFKYDK (32)	100%
Q5BLY5	Venom acid phosphatase Acph-1 - allergen Api m 3	<i>Apis mellifera</i>	45	MSVIALAMVVGVAELK (36); QINVIFRHGDRIPEK (32); DPYLYDFYPLERGETNSGKMR (41)	100%
P81656	Venom allergen 5	<i>Polistes dominula</i>	25	VAKGLETR (69); IAQVWASQCQILVHDK (38)	99%
P86686	Venom allergen 5	<i>Polybia paulista</i>	23	VAHTVCQTGESTK (33); VSITSVGVTEEEK (36); LIVDEHNRFRQK (43); LIVLWENEVK (41); DFNNTYTGITK (52); VGHYTVQVWAKTK (47); YIEKGMK (51)	100%
Q7Z156	Venom allergen 5	<i>Polybia scutellaris rioplatensis</i>	23	DFNYSQGITK (30); KLIVDEHNR (60); LIVDEHNR (56); VAHTVCQYGESTKPSK (33); VGHYTVQVWAK (37); VSITSVGVTEEEKK (83)	100%
D4P2Y4	Venom allergen 5.2	<i>Polybia paulista</i>	15	VSITSVGVTEEEK (40); LIVDEHNR (36)	99%
gi 156545770	Venom allergen 5-like	<i>Nasonia vitripennis</i>	34	YEVIESGELPCEIK (52); GAQDWANHCFEHNGLGHER (39)	95%

K7J718	Venom carboxylesterase-6 isoform X1	<i>Nasonia vitripennis</i>	62	YEA FEGIPYA QPPIGNLRFEPPK (41); NVGCSIDNK (57)	95%
B2D0J5	Venom carboxylesterase-6 precursor Allergen Api m 8	<i>Apis mellifera</i>	64	MYMLKLSYILLFLGFVKFSWQDK (34); SSVCMQYLMFTTHGNR (47)	96%
B1A4F7	Venom dipeptidyl peptidase 4 - allergen Ves v 3	<i>Vespa vulgaris</i>	88	FSNNGFNDVQR (52); NLYSVPADGSEK (49); GKKFMLIHGSGDDNVHYQQSLAK (30)	99%
B2D0J4	Venom dipeptidyl peptidase 4 (allergen Api m 5)	<i>Apis mellifera</i>	87	SVPRVIDQDLER (52); IPLFKWSPTR (32)	100%
gi 239787114	Venom protein F precursor	<i>Nasonia vitripennis</i>	28	NNKHTIFASDRSLTK (41); QTIMEERERLNQQEFAR (51)	97%
gi 239787134	Venom protein U precursor	<i>Nasonia vitripennis</i>	24	LIFTTLGFLATIGSLGMSNLETATILDEVK (36); ALQSQSITAD CTTSLDNSFR (49)	95%
C9WMM5	Venom serine carboxypeptidase (allergen Api m 9)	<i>Apis mellifera</i>	53	LVLLQLFFISFAR (41); GYATNETHVGR (38)	100%
gi 345483324	Venom serine carboxypeptidase isoform X1	<i>Nasonia vitripennis</i>	54	EMADVDSYAGYFTVNK (51); YMDAFVIFDRLIDNLTNEPSLFK (41)	97%
Q8MQS8	Venom serine protease 34 precursor Allergen Api m 7	<i>Apis mellifera</i>	46	IVLLIFYGSLMFSMTQVNK (37); YVLTAAHCIIDENTTK (61)	100%
Q868N5	Vitellogenin	<i>Apis mellifera</i>	201	HGLIRDIVDR (42); AMEDSVGGK (39)	100%
gi 345495674	Zinc metalloproteinase nas-6	<i>Nasonia vitripennis</i>	44	IWLWPNGVIPYVMGTGFTTPEK (58); IGPLSDQFNSPDLYKIDK (37)	95%
gi 345484862	Zinc metalloproteinase nas-7-like	<i>Nasonia vitripennis</i>	34	GMIMQIVIVILYHK (38); KVLRLGMIMQIVIVILYHK (31)	100%

As toxinas de venenos animais (aranhas, serpentes, escorpiões, moluscos marinhos - *Conus*, e anêmonas) são frequentemente membros de grandes famílias de genes que representam bibliotecas combinatórias naturais; isto é, eles contêm grupos de toxinas que apresentam sequências homólogas (CASEWELL et al., 2013; SACHKOVA ET al., 2014; HANEY et al., 2014). Assim, a evolução molecular de venenos animais pode ser altamente dinâmica e parece ser frequentemente moldada por duplicação de genes e uma forte seleção diversificada, assim como a co-evolução e a convergência (FRY et al., 2006; BINFORD et al., 2009; DOLEY et al., 2009). Dessa forma, decidimos também realizar uma busca dos nossos dados contra outros bancos de dados como o Arthropoda e NCBI nr. Isto permitiu que, além das identificações das proteínas semelhantes a toxinas de venenos de Hymenoptera, também encontrássemos identificações de proteínas semelhantes às toxinas comumente relatadas em outros venenos animais, como os venenos de organismos marinhos e outros artrópodos como aranhas e escorpiões. A tabela 2 apresenta os dados da análise proteômica para 39 proteínas identificadas como semelhantes às proteínas isoladas e caracterizadas originalmente em outros venenos animais.

Tabela 2. Identificação e agrupamento das proteínas de acordo com o seu papel funcional - (i) proteínas tóxicas do veneno. A tabela mostra as informações dos dados oriundos da análise proteômica. #PIP % - escore, probabilidade de identificação da proteína e os valores de íon-score das sequências. Nesta tabela foram consideradas proteínas identificadas como semelhantes às proteínas descritas originalmente em venenos de outros animais, através da busca contra os bancos de dados Arthropoda e NCBI nr.

Código de acesso	Nome da Proteína	Taxonomia	Massa (kDa)	Sequências peptídicas (íon-score)	Escore (PIP)
Q25641	Allergen Cr-PI-like	<i>Periplaneta americana</i>	81	DDMQGVMLPPPYEVYPYLFVDHVDHMAQK(42); TVIERNSHSDSNIIAPERDSYR(36)	98%
A9UJY0	Allergen Pen m 2	<i>Fenneropenaeus chinensis</i>	6	EMLDGILELIKMEKEM(39); GEHTEAEGGIYDISNK(73); GEHTEAEGGIYDISNKR(36)	95%
P17728	Alpha-insect toxin LqhαIT-like	<i>Leiurus quinquestriatus hebraeus</i>	9	MNHLVMISLALLLLGVESVR(31); DAYIAK(36); NGASSGYCQWAGK(44)	98%
P0DJE4	Alpha-latrotoxin-Lm1a-like	<i>Latrodectus mactans</i>	22	DLYNAASNPDSAVGFK(32); LMESPEININER(44); YGIDMTIR(42)	99%
P0C910	Alpha-toxin Amm3-like	<i>Androctonus mauritanicus mauritanicus</i>	7	NCVYHCYPPCDGLCK(40); SGSCGFLYPSGLACWCVALPENVPK(32)	98%
C9D7R3	Astacin-like metalloprotease toxin 3-like	<i>Loxosceles intermedia</i>	28	VMQHIADNTCITFKER(41); DNIQTGALR(56)	95%
P0C5I3	Beta-insect depressant toxin LqhδprIT3a-like	<i>Leiurus quinquestriatus hebraeus</i>	9	LLLLLTISASMLIEGLVNADGYIR(38); VSCVINHVFCDFNECK(38)	95%
P15147	Beta-insect excitatory toxin 2 (AaHIT2)-like	<i>Androctonus australis</i>	10	FLLFLVVLPIMGVLGK(42); GYCCLLSCYCFGLNDDK(35)	100%
A1KXI9	Blo t Gal d 1 allergen	<i>Blomia tropicalis</i>	31	ESQIYDDCGDNLECR(55); ELALPSDNEHISVQSR(32)	96%
Q3YEF1	Conotoxin Malr34-like	<i>Conus marmoreus</i>	10	DGPDTAVR(37); NEMNSAASKLNK(33)	97%
Q9U659	Conotoxin PnMKLT1-0122-like	<i>Conus pennaceus</i>	9	NGLENLFSK(51); AHHEMKNPEDSK(38); YLDPCDMLR(41)	99%
Q9BP53	Conotoxin VnMLCL-031-like	<i>Conus ventricosus</i>	7	LCLPSFIILLLLASPAAPNPLQTR(32); AGPEDANIK(43)	96%
D2DRC0	Cytotoxin A isoform 1-like	<i>Malo kingi</i>	51	CKRVTSGLVFCLLLVNLCSADAETK(45); SMENVVQDALEHHR(54)	95%
O76199	Delta-ctenitoxin-Pn2c- Neurotoxin Pn2-5a-like	<i>Phoneutria nigriventer</i>	9	MKVAILFLSILVLAVASESIEESR(45); VTDCCCGER(35)	96%
Q8MVU3	Der f 16 allergen	<i>Dermatophagoides farinae</i>	55	DEAGVAAIK(55); HSNRMERTTAIR(38); SLFESWQMSEQEK(49)	96%
A7XZ16	Group 14 allergen Blo t 14	<i>Blomia tropicalis</i>	87	MSAVGTANSHEHLAQLEVTPKDAPK(37); SYDLNVNDFRPR(56); ELNVDIDFPDFK(44)	95%
Q9U785	High molecular weight allergen M177	<i>Euroglyphus maynei</i>	191	AAAVNALPSDASHMDRYK(41); LNGGVVAGFYGR(37); NSQMEVEEVRPFK(51)	95%
Q9BJC9	Major allergen	<i>Brugia malayi</i>	29	TPSGATISINSSIIDGDYEWK(34); YDNGTVIVHGIR(48)	95%
B2KSI1	Major allergen protein	<i>Pieris rapae</i>	74	HPITGTTLDTSIVDTVSMPLR(56); VVSFVGTTMRSFMEDVAKLFPK(33)	95%
G5EF32	Nematode Polypeptide Allergen related	<i>Caenorhabditis elegans</i>	165	MLSVCGEVYK(40); GVVDRQEGDVK(35); HLSWLQAEKEBLK(41)	95%
D9U298	Neurotoxin LmNaTx3-like	<i>Lychas mucronatus</i>	9	IQLMLVLMIVLTDVYSK(38); GFCNAVCLR(35)	99%
D2Y2L8	Omega-theraphotoxin-Hhn1e (Hainantoxin-IX-6)-like	<i>Haplopelma hainanum</i>	9	SIVFVALFGLALLAVVCSASEGAHKELK(38); TDAVQAEER(32)	99%

P59936	Potassium channel toxin alphaKTx 12.1 (Butantoxin)-like	<i>Tityus serrulatus</i>	5	ECYDPCFK (41); AFGRAHGKCMNNK (37)	97%
C5J896	Potassium channel toxin alphaKTx 6.16 -like	<i>Opisthacanthus cayaporum</i>	8	LALVLLTVINVGMLPGATSNGNIK (38); SYCQGSKCVR (30)	96%
Q0GY41	Potassium channel toxin Hgebeta-KTx -like	<i>Hadrurus gertschi</i>	9	SFFAAFLIIMLISSLDVGK (33); SEYMCPVVSSFCK (45)	96%
B8XGY7	Putative alpha toxin Tx405-like	<i>Buthus occitanus israelis</i>	9	NYLVMISLALLMTGVESGR (28); DAYIADDK (39); NGAESGYCQWAGR (46)	95%
P0C8D4	Scolopendra 20528.11 Da toxinlike	<i>Scolopendra angulata</i>	3	GLDAKAK (34); AAMLDHANK (36)	96%
B2KSG8	Single domain major allergen protein	<i>Eucheira socialis</i>	24	MKAAIVFLTVSLGLAAPQLR (35); NFNAIVHEMEDLPEFK (54)	95%
C6JUN2	Snake venom metalloprotease	<i>Philodryas olfersii</i>	69	KYIELFIVVDNVMFR (32); QSAIVQDHSK (48); LYCMPGPTGNNR (53)	96%
Q68PG3	Toxin Cex12-like	<i>Centruroides exilicauda</i>	9	CTLECIDK (39); EGGSGKCSYSACWCK (49)	96%
P56609	Toxin Tb2 (P-beta* NaTx5.3) (Toxin III-8)-like	<i>Tityus bahiensis</i>	7	FSCFPRPAGFCDGYCK (32); VWDYATNK (36)	99%
O61379	Tropomyosin - Allergen Pan s I	<i>Panulirus stimpsoni</i>	32	ALSNAEGEVAALNR (48); AEERAETGESKFVEEEELR (32)	95%
B1P1D7	U13-theraphotoxin-Cg1a -like	<i>Chilobrachys guangxiensis</i>	9	VSVLITLAVLGVFMVWASAALEQSGSDQK (32); DSDSPAWLK (31)	95%
D6W9E7	Venom allergen 3-like	<i>Tribolium castaneum</i>	21	NLNVIGWDDYLASEAQKISDNCVMK (43); TEYIGCGYTYK (48)	100%
Q23737	Venom chitinase	<i>Chelonius sp.</i>	52	AFVQHDYILSAVAAPETSASK (39); AGDWEVVQDNEK (48)	96%
gi 193634351	Venom protease- like	<i>Acyrtosiphon pisum</i>	45	LQEFPHMVLGYGATPTNGEDFKCGGSLSKR (32); NIDEKCLEFSTLEKIK (49)	100%
gi 328700427	Venom protease-like	<i>Acyrtosiphon pisum</i>	40	MILPQHFCVAFVIGVATAQSDDECR (42); LSSQMTGQK (48)	95%
J9KAT6	Venom serine protease-like	<i>Acyrtosiphon pisum</i>	50	HCGPRSFTAVSR (39); HVNNDVFGDTIR (54); VLGWGTNVFDDHPVSGTLQKSHLK (33)	96%
O44931	Vespid allergen antigen homolog	<i>Onchocerca volvulus</i>	25	GNFANKDGNLMPKGK (37); EGVGENIYALGLPK (50)	95%

O grupo das **(I) proteínas tóxicas do veneno**, apresentado nas tabelas 1 e 2, foi dividido em 4 diferentes subgrupos, e será discutido de acordo com as ações das proteínas durante o mecanismo de envenenamento, como: (a) proteínas que promovem danos ao tecido ou inflamação, (b) proteínas que promovem a difusão do veneno, (c) alérgenos, e (d) neurotoxinas.

(a) proteínas que promovem danos ao tecido ou inflamação: neste subgrupo foram incluídas algumas proteínas como fosfolipases A1 e A2, desintegrinas/metaloproteínas e protonectina. As fosfolipases são muito comuns em venenos de Hymenoptera, principalmente em venenos de vespas, normalmente ocorrem em dois subtipos, PLA1s e PLA2s.

As PLA1s e PLA2s apresentam atividade inflamatória para os tecidos, ou seja, podem romper a bicamada lipídica de membranas celulares, uma vez que catalizam a hidrólise específica de ligações diéster, 1,2-diacyl-3-sn-glicerofosfolípidos nas posições sn-1 e sn-2. Dessa forma, esse substrato é convertido em produtos de lise liberando lisofosfolípidos e mediadores pró-inflamatórios de ácidos graxos, que estimulam a lesão do tecido. Dessa forma ocorre a formação de poros na membrana das células, lise celular, consequente intensificação do processo inflamatório e danos ao tecido (DOTIMAS E HIDER, 1987; SANTOS et al., 2010; XIAO et al., 2017).

PLA1s estão presentes nos venenos da maioria das vespas sociais, clinicamente relevantes atualmente estudadas (JAKOB et al., 2017), e são descritas como proteínas com ~34 kDa. Algumas proteoformas de PLAs1, além de seu efeito citolítico, mostraram-se no trabalho de Santos e colaboradores (2010) fortemente glicosiladas. Essas proteínas serão discutidas no decorrer do texto, de acordo com as suas funções nos diferentes subgrupos. Apesar das PLA2 estarem presentes em alguns venenos de vespa (De OLIVEIRA E PALMA, 1998), essas toxinas foram descritas como alérgenos exclusivamente em venenos de abelhas. No veneno de abelha a PLA2 (Api m 1) é uma proteína de 16-18 kDa com 134 resíduos de aminoácidos que representa até 12% do peso seco do veneno (JAKOB et al., 2017). A sequência primária contém dez resíduos de cisteína envolvidos na formação de cinco ligações de pontes dissulfeto e um resíduo N-glicosilado (Asn13) (HOFFMAN, 2006). Ambos subtipos também já foram descritos no veneno da formiga *Solenopsis invicta* e foram classificadas como proteínas que promovem danos ao tecido e inflamação (dos SANTOS-PINTO et al., 2012).

Quando comparadas, as PLAs1 e PLAs2, não apresentam homologia de sequência e aparentemente funções distintas. As PLAs2 foram originalmente descritas como proteínas alergênicas, com enorme potencial hemolítico em venenos de alguns Hymenopteras, como no veneno da vespa *P. paulista*, e no veneno da formiga *Solenopsis invicta*, (OLIVEIRA & PALMA, 1998; dos SANTOS-PINTO et al., 2012). Recentemente foram descritas em venenos de

serpentes como importantes anticoagulantes, e isso deve-se possivelmente ao processo de hidrólise dos fosfolipídeos, no entanto este processo ainda é pouco conhecido (XIAO et al., 2017). Além de anticoagulantes, as PLAs2 encontradas no veneno de algumas serpentes como as *Elapidae* e *Viperidae*, podem apresentar miotoxicidade local quando o dano é limitado à região em que a toxina é injetada e está associada a hemorragias, bolhas e edemas, necrose aguda do musculo esquelético, levando a perda permanente do tecido ou amputação, ou miotoxicidade sistêmica (LOMONTE E RANGEL, 2012; OTERO et al., 2002; GUTIÉRREZ E OWNBY, 2003); e além disso, podem apresentar alguns efeitos neurotóxicos (COSTA & PALMA, 2000). No estudo de Santos e colaboradores (2010) duas proteoformas de phospholipases A2 foram descritas como proteínas glicosiladas.

Outras proteínas encontradas e que estão envolvidas no processo inflamatório foram as desintegrinas/metaloproteinases, proteínas muito descritas em venenos de serpentes, como relatado recentemente no veneno da serpente *Crutalus scutulatus scutulatus* por Borja e colaboradores (2018), e Hymenopteras como as formigas (*Tetramorium bicarinatum*), e vespas (*Polybia paulista*) (SANTOS et al., 2010; BOUZID et al., 2014). Quatro proteoformas semelhantes às evidenciadas em venenos de serpentes foram encontradas no trabalho de análise proteômica do veneno da vespa *P. paulista* realizado por Santos e colaboradores (2010); e devido a essa semelhança de sequências, pode-se sugerir que as ações dessas enzimas quanto a patogênia do tecido, sejam semelhantes; em ambos ocorreria o envolvimento putativo em micronecroses, dano ao tecido, edema, entre outros sintomas de inflamações (GUTIERREZ & RUCAVADO, 2000). Além disso, algumas metaloproteinases podem degradar a matriz extracelular e membranas basais de capilares, resultando em edemas e hemorragias (GALLAGHER et al., 2005). O sangramento tem sido associado à capacidade que as metaloproteinases possuem de hidrolisar componentes-chave de membranas basais, tais como colágenos tipo IV, VI e XV (ESCALANTE et al., 2011). Algumas dessas reações sistêmicas foram observadas em vítimas que sofreram ataques em massa por

Hymenopteras sociais (STIPRIJA & BOONPUKNAVIG et al., 1972). Koya e colaboradores em 2007, relatou que ataques massivos pela formiga *Solenopsis invicta* pode causar reações tóxico-sistêmicas nas vítimas, resultando em reações hemolíticas, distúrbios na coagulação sanguínea, rabdmiólise, insuficiência renal aguda, e hipovolemia. O autor afirmou que esses sintomas poderiam estar relacionados com a presença dessa família de proteínas no veneno. Posteriormente, essa enzima foi individualmente caracterizada, e as manifestações clínicas causadas por essas proteínas foram melhores observadas. Nos estudos de dos Santos-Pinto e colaboradores (2012) também foi confirmada a presença da proteína desintegrina/metaloproteinase no veneno da formiga *Solenopsis invicta*; essa proteína foi classificada de acordo com a sua função de efeito citolítico nas células, envolvida com os danos do tecido.

Outra proteína encontrada no presente estudo foi a protonectina. Foi descrita em 2010 por Saidenberg e colaboradores como um peptídeo quimiotático, com a capacidade de degranular mastócitos, ou seja, é capaz de romper a membrana dos mastócitos, liberar histamina e causar vasodilatação; também é reponsável pela indução de quimiotaxia de neutrófilos e células *T-helper*, resultando no recrutamento de leucócitos para o local da inflamação (HANCOCK & DIAMOND, 2000), intensificando desta forma o processo inflamatório.

(b)proteínas que promovem a difusão do veneno: neste segundo subgrupo foram incluídas algumas proteínas como fosfolipases A1 e A2, hialuronidase, toxina astacina metaloprotease e quitinase. Como já mencionado as fosfolipases A1 e A2 apresentam atividade inflamatória para os tecidos, ou seja, podem romper a bicamada lipídica de membranas celulares; essa atividade correlaciona-se, portanto, com a facilidade na difusão do veneno em percorrer o local em que o tecido foi danificado (SANTOS et al., 2010). Outra proteína identificada no veneno da vespa *P. paulista* foi a hialuronidase, essa proteína foi descrita como “fator de propagação do veneno” em escorpiões, cobras, abelhas e vespas; ela age clivando as ligações β -1,4 glycosidic entre *N*-acetyl-

glucosamine e ácido *d-glucuronic* do ácido hialurônico da matriz extra celular, principal componente da barreira intersticial, resultando assim no aumento da permeabilidade e facilitando a difusão das substâncias tóxicas do veneno (HOFFMAN, 2006; KEMPARAJU & GIRISH, 2006; SANTOS et al., 2010; BOUZID et al., 2014). Esse “fator de difusão do veneno” que as hialuronidases representam, além de aumentar a toxicidade sistêmica dos venenos, pode ser muito útil na indústria farmacêutica, uma vez que, seu uso poderia aumentar a permeabilidade das membranas dos tecidos durante o uso de drogas injetáveis, dessa forma a dor e o desconforto causados pela difusão do fármaco no tecido seriam amenizados. (WIEZEL et al., 2015). A toxina astacina metaloprotease, incluída nesse subgrupo, já foi descrita no veneno de aranhas do gênero *Loxosceles* (TREVISA-SILVA et al., 2010). Essa proteína atua facilitando a difusão de outras toxinas do veneno no tecido e ainda, pode estar envolvida na digestão de presas uma vez que foram relatadas como proteínas comuns, entre as secreções dos venenos e das glândulas de seda da aranha africana *Stegodypus mimosarum* (SANGGAARD et al., 2014). Nos nossos resultados foi identificada também uma proteína quitinase. Essa proteína tem sido descrita como “fator de disseminação”, pois facilita a difusão de toxinas pela hidrólise da quitina, da matriz extracelular e de outros obstáculos difusivos (GREMSKI et al., 2010; MORENO et al., 2015). Dessa forma, podemos sugerir que essa proteína facilitaria a entrada das toxinas presentes no veneno de *P. paulista*, hidrolisando a quitina e outros obstáculos difusivos presentes na presa, ou na vítima ferroadada.

(c)alérgenos: o terceiro subgrupo apresenta diversas proteínas já descritas como alérgenos nos venenos de Hymenoptera como as proteínas fosfolipase A1, hialuronidase, antígeno 5, serino protease, fosfatase ácida, arginina quinase, alfa-glucosidase, proteínas de choque térmico, dipeptidil peptidase, serino carboxipeptidase e vitelogenina.

As fosfolipases A1 vem sendo parcialmente caracterizadas em venenos de algumas espécies de vespas do hemisfério norte (KING, 2003; SANTOS et al., 2010), bem como em formigas como no veneno da formiga

Solenopsis invicta (HOFFMAN, 2006; dos SANTOS-PINTO et al., 2012). Essas proteínas ocorrem em diferentes proteoformas em venenos de Hymenopteras, o que indica que possam estar ocorrendo inúmeras modificações pós-traducionais em suas sequências (SANTOS et al., 2010). Essas proteínas, são capazes de romper a membrana fosfolipídica de membranas biológicas, levando a formação de poros, e assim são responsáveis por muitos efeitos hemolíticos e neurotóxicos, que acarretam em processos como a difusão do veneno, lise celular, inflamação, dano tecidual (DOTIMAS E HIDER, 1987; SANTOS et al., 2010). Além do efeito inflamatório e a difusão do veneno no tecido, em um dos trabalhos realizados com o veneno de *P. paulista* (SANTOS et al., 2010), as phospholipases A1 identificadas, mostraram-se glicosiladas e foram descritas como proteínas alergênicas. Em ensaios de imunodeteção mostraram-se imunoreativas com IgE específicas do soro de pacientes sensíveis ao veneno de *P. paulista*.

Nos estudos de Perez-Riverol e colaboradores (2018) foi demonstrado que as fosfolipases A1, de diversas vespas clinicamente relevantes, apresentam epítomos conservados; e de acordo com os autores esses epítomos são a principal causa de reatividade cruzada *in vitro* baseada nesse alérgeno. E ainda, os autores mencionam que os dados obtidos demonstram as limitações, mas também o potencial uso de fosfolipases A1 em diagnósticos de alergias aos venenos de Hymenopteras.

Conforme observado, as PLA1s representam marcadores importantes para um diagnóstico preciso da alergia ao veneno de vespas (MÜLLER et al., 2012). Consequentemente, vários esforços foram realizados para clonar e produzir estas toxinas como proteínas recombinantes (BORODINA et al., 2011; MONSALVE et al., 2012; PEREZ-RIVEROL et al., 2016; SEISMANN et al., 2010A; SEISMANN et al., 2010). Uma forma recombinante de Poly p 1 (fosfolipase A1) do veneno da vespa *P. paulista* está atualmente em avaliação para o desenvolvimento de CRD (*component-resolved diagnosis*) da alergia aos venenos de vespas da América do Sul (PEREZ-RIVEROL et al., 2016, 2018B).

As hialuronidases estão amplamente distribuídas no grupo das enzimas que podem hidrolizar o ácido hialurônico, um dos componentes primários da matriz extracelular dos vertebrados (Kreil, 1995; Jacomini et al., 2013). Além de atuar como difusor, facilitando a penetração do veneno nos tecidos, a hialuronidase também tem sido descrita como alérgeno em venenos de escorpiões, abelhas e vespas, e podem induzir a reações anafiláticas mediadas por IgE em humanos (KOLARICH et al., 2005). Em 2010, Santos e colaboradores verificaram sua imunoreatividade com IgEs específicas do soro de pacientes sensíveis ao veneno de *P. paulista* confirmando o seu potencial alérgico. Além deste trabalho, Jacomini e colaboradores (2013) com a finalidade de examinar as características moleculares e imunogênicas do alérgeno hialuronidase, presente no veneno da vespa *P. paulista*, realizaram a clonagem e a expressão heteróloga da proteína. Com isso produziram o anticorpo policlonal *Pp-Hyal-specific*, que foi testado por *Western blotting* junto a fração purificada da molécula e o veneno bruto. Assim pode-se confirmar a existência da especificidade do antígeno-anticorpo. Pode-se também observar a ocorrência de reatividade cruzada com o veneno de outras espécies de Hymenoptera, como já mencionado anteriormente no trabalho de Lu e colaboradores (1995). No entanto nesse estudo essa reatividade cruzada ocorreu de fato com dois gêneros de vespas, *Polybia sericea* e *P. ignobilis*, corroborando com os trabalhos anteriores que descreveram a hialuronidase como uma enzima potencialmente alérgica.

Outro alérgeno identificado foi o antígeno 5. Esse alérgeno é membro de uma superfamília, CAP, composta por proteínas ricas em resíduos de cisteína (CRISP- cysteine rich secretory proteins), Antígeno 5 e proteínas relacionadas à patogenicidade em plantas (GIBBS et al. 2008; dos SANTOS-PINTO et al, 2014) ou seja é caracterizado pela presença de muitos resíduos de cisteína em sua sequência, comumente formando pontes dissulfeto (LU et al., 1995; SANTOS et al., 2010). O antígeno 5 está associado a respostas alérgicas em humanos, no entanto poucos estudos foram realizados relatando a reação específica dessa proteína com IgE e IgG (SANTOS et al., 2010; BOHLE et al., 2005; dos SANTOS-PINTO et al., 2015). Um estudo recentemente publicado,

pelo nosso grupo, relatou o mapeamento de epítopos lineares de células B do antígeno 5 do veneno de *P. paulista* (Poly p 5) (dos SANTOS-PINTO et al., 2015). Nesse estudo foram identificados nove epítopos imunorreativos a IgG humano; sendo que um deles (peptídeo 7 - WAKTKE) também foi reconhecido por anticorpos de IgE humano. Curiosamente, um alinhamento múltiplo de Poly p 5 com vários outros antígenos 5 de venenos de outras vespas, revela que o peptídeo 7 é altamente conservado nas estruturas primárias dessas toxinas. Dessa forma esse peptídeo poderia ser avaliado como candidato para o desenvolvimento futuro de vacinas específicas baseadas em peptídeos contra o veneno de vespas. Em outro estudo, também recentemente publicado, Bazon e colaboradores (2017) realizaram a clonagem e a expressão heteróloga do antígeno 5 (rPoly p 5) de *P. paulista* usando o sistema eucariótico *Pichia pastoris*. A forma recombinante do alérgeno foi purificada (homogeneidade- 99%), bem como a forma nativa (nPoly p5), para que ambos fossem então, submetidos à uma análise comparativa de imunodeteção mediada por IgE, utilizando soro de pacientes previamente diagnosticados com sensibilização para venenos de vespas. Tanto o rPoly p 5 como o nPoly p 5 foram reconhecidos por IgE específica (sIgE) no soro dos indivíduos alérgicos, uma vez que nPoly p 5 e rPoly p 5 mostraram-se muito semelhantes. Os resultados dos testes imunobiológicos evidenciou potencial alergênico desta proteína, e mostrou que rPolyp 5 é um bom candidato para o diagnóstico molecular de alergia ao veneno de *P. paulista*.

Nos nossos resultados também foram encontradas as proteínas serino proteases. Essas proteínas já haviam sido descritas no veneno da vespa *P. paulista* (SANTOS et al., 2010) e no veneno da formiga *Tetramorium bicarinatum* (BOUZID et al., 2014); e são reconhecidas como enzimas multifuncionais que aparentemente degradam inespecificamente as proteínas do tecido no local onde ocorreu a ferroada, enquanto outras podem romper de maneira relativamente específica as proteínas do plasma da vítima, potencializando o processo inflamatório. Essas proteínas também podem atuar como ativadores ou inibidores de processos de homeostase e trombose, como na coagulação sanguínea, fibrinólise e agregação plaquetária (MATSUI et al., 2000; Santos et

al., 2010), que causam uma cascata de efeitos sistêmicos na vítima levando à síndrome da disfunção de múltiplos órgãos. Normalmente esses efeitos sistêmicos podem ser observados após incidentes com ferroadas de vespas (SHARMILA et al., 2007; SANTOS et al., 2010). Além da importância no processo de homeostase essas proteases estão relacionadas com a resposta imune, uma vez que foram identificadas e caracterizadas por espectrometria de massas e por sua ligação específica com IgE, no veneno das vespas *Polistes gallicus* e *Agelaia pallipes pallipes* (GALVÃO et al., 2006; BOUZID et al., 2014).

A fosfatase ácida, que encontramos nos nossos resultados, e anteriormente descrita no veneno de *P. paulista* por Santos e colaboradores (2010), foi inicialmente sequenciada e caracterizada no veneno de *Apis mellifera* como uma glicoproteína, uma vez que apresenta quatro possíveis sítios de glicosilação com a sequência: Asn-Xaa-Ser/Thr. O motivo RHGXRSP é o que caracteriza a atividade dessa proteína e a diferencia das outras enzimas fosfatases ácidas descritas em outros organismos. Essa proteína alergênica é responsável por conduzir reações alérgicas mediadas por IgE em seres humanos (MÄRZ et al., 1983; HOUSSEN et al., 2017). Ela induz a liberação de histamina a partir de basófilos sensibilizados relacionados a tais manifestações que causam urticária. Aproximadamente 37% dos pacientes com alergia ao veneno de abelha, desenvolvem IgE específica de Api m 3 (fosfatase ácida), que podem ser utilizadas em tratamentos imunoterápicos (MÄRZ et al., 1983; GRUNWALD et al., 2006; HOUSSEN et al., 2017).

Duas proteínas semelhantes à arginina quinases também foram identificadas nas nossas análises e já foram descritas anteriormente no veneno de abelhas (*Apis mellifera carnica*). Essa família de proteínas exerce função putativa na fosforilação de proteínas, catalisa a transferência reversível do grupo γ -phosphoril (PO-4) de ATP para *L-arginine* (ARJUNWADKAR & RAGHUPATHI RAMI REDDY, 1985; PEIREN et al., 2008), no entanto não foi determinado se os alvos são as toxinas do veneno, as proteínas das vítimas que foram envenenadas, ou em ambas. Santos e colaboradores (2010) revelaram a presença de duas proteoformas de arginina quinases presentes no veneno da

vespa *P. paulista*, que se mostraram glicosiladas e imunoreativas com IgE específicas do soro pacientes sensíveis ao veneno, revelando sua alergênica. Essas proteínas não se limitam somente aos venenos de Hymenopteras, uma proteoforma de arginina quinase foi encontrada nos músculos do camarão, sendo caracterizada como um importante alérgeno alimentar, conhecido como *Pen m 2* (*Peaneus monodon 2*). Esse alérgeno, que também foi identificado nas nossas análises, foi descrito inicialmente pelo método de imunotransferência bidimensional utilizando soro de indivíduos com alergia à camarão. Sua sequência revelou uma elevada semelhança com a proteína arginina quinase de crustáceos, assim como também uma elevada semelhança estrutural. Foi demonstrado que essa proteína apresentou reatividade semelhante à da arginina quinase, ao reagir com IgE específicas de pacientes alérgicos a camarão e induzir reações cutâneas imediatas em pacientes sensibilizados (YU et al., 2003).

Outras proteínas identificadas nas nossas análises foram as proteínas de choque térmico. Essas proteínas foram reportadas no veneno de abelhas e atuam como chaperoninas, ou seja, facilitam o dobramento de outras proteínas. Em 2010, Santos e colaboradores, detectaram a presença de quatro proteoformas de proteínas de choque térmico, que possivelmente poderiam ter resultado de alguma fonte de estresse interna /ou externa à glândula, como o estresse oxidativo, ou estariam ali presentes para a proteção das células e proteínas contra o possível dano molecular (SNUTCH et al., 1988). Sugere-se então que essa proteína pode estar associada à proteção do próprio veneno para preservar suas atividades. Porém, nos estudos de Santos e colaboradores (2010), duas proteoformas de proteínas de choque térmico mostraram-se imunorreativas com IgE específicas do soro de pacientes sensíveis ao veneno de *P. paulista*, o que sugere que essas proteínas também possam ser importantes alérgenos no veneno.

Uma outra proteína, incluída no nosso subgrupo de alérgenos, foi a dipeptidil peptidase. Essa proteína já foi descrita como alérgeno, clinicamente relevante, nos venenos de *Apis mellifera* (Api m 5) e *Vespula vulgaris* (Ves v 3)

como sendo proteínas glicosiladas. Api m 3 e Ves v 3 apresentam ~100 kDa e seis sítios preditos de glicosilação (BLANK et al., 2010; KOHLER et al., 2014; CIFUENTES et al., 2014; Tomsitz et al., 2017; JAKOB et al., 2017). As dipeptidil peptidases também têm sido relatadas como componentes de veneno em diferentes famílias de serpentes como Elapidae e Viperidae (AIRD, 2008). A função biológica dessas proteínas nos venenos de insetos durante o processo de envenenamento, permanece desconhecida. Porém, Blank e colaboradores (2010), através de análises de atividade enzimática, sugerem que Api m 5 e Ves v 3 poderiam estar envolvidos na conversão de pro-toxinas em suas formas ativas após a inoculação do veneno.

As proteínas vitelogeninas também foram incluídas no subgrupo de alérgenos. Essas proteínas já foram descritas no veneno da formiga *Solenopsis invicta* e apesar de serem originárias de células que compõe a glândula de veneno, não fazem parte das proteínas verdadeiras do veneno, ou seja, aparentemente essas proteínas não apresentam papel funcional no mecanismo de envenenamento da formiga (dos SANTOS-PINTO et al., 2012). Porém Blank e colaboradores (2013 e 2014) descreveram essas proteínas como novos componentes alergênicos do veneno de *Apis mellifera* (Api m 12) e *Vespula vulgaris* (Ves v 6). Ambas toxinas apresentam 200 kDa, são pouco abundantes nesses venenos e representam até então, os dois únicos alérgenos vitelogenina, relatados em venenos de insetos. E, semelhantes aos outros alérgenos, sua presença nos venenos de *Apis mellifera* e *Vespula vulgaris* sugere funções fisiopatológicas adicionais para este grupo de toxinas de veneno de insetos (BLANK et al., 2013). Embora a função natural dessas proteínas presentes nos venenos de insetos não seja ainda conhecida, a disponibilidade das formas recombinantes desses dois novos alérgenos poderia contribuir para uma melhor compreensão do mecanismo de ação dos venenos de insetos (BLANK et al., 2013). E assim como nos venenos de *Apis mellifera* e *Vespula vulgaris*, essa proteína também poderia apresentar propriedades alergênicas no veneno de *P. paulista*.

Já as proteínas tropomiosina, alérgeno Cr-PI e alérgeno Pen m 2 foram incluídas neste subgrupo por já terem sido descritas anteriormente como alérgenos em outros organismos. A tropomiosina e o alérgeno Cr-PI são descritos principalmente como alérgenos da barata *Periplaneta americana*. Esses alérgenos foram isolados, incluídos na família dos isoalérgenos e quando purificados do estrato bruto deram origem à anticorpos específicos (WU et al., 2007), conforme demonstrado em um estudo realizado com pacientes asmáticos, em que o alérgeno Cr-PI, causou uma forte reação alérgica tecidual e a proliferação de IgE específica (JENG et al., 1996). A tropomiosina além de ser comum em baratas é muito descrita por estar presente no músculo de camarões, como um dos principais alérgenos alimentícios (WU et al., 2007; KAMATH et al., 2017; FARIOLI et al., 2007). E nos estudos de Santos e colaboradores (2010), a tropomiosina foi descrita como sendo uma proteína estrutural relacionada ao músculo que envolve o reservatório de veneno de *P. paulista*, e possivelmente poderia estar presente no veneno devido ao rompimento do reservatório de veneno, durante a dissecação das glândulas de veneno.

(d) neurotoxinas: neste último subgrupo consiste em uma série de proteínas que são típicas de venenos animais, ou seja, neurotoxinas utilizadas para paralisia e morte de presas ou para prevenção de infecções microbianas como as defensinas. Essas proteínas estão sendo descritas pela primeira vez no veneno de uma vespa social, uma vez que são características de veneno de predadores solitários como escorpiões, aranhas e vespas solitárias. Esses animais usam essas toxinas como estratégias para a predação, defesa do território e prevenção contra microorganismos patogênicos causadores de infecções (PALMA, 2006; TURILLAZZI et al. 2006; dos SANTOS PINTO et al., 2012). No presente estudo foram identificadas um total de 20 proteínas semelhantes às neurotoxinas, isoladas e caracterizadas originalmente em outros venenos animais como aranhas, escorpiões e organismos marinhos. Lembrando que essas identificações foram obtidas através de uma busca dos nossos dados

contra outros bancos de dados como o Arthropoda e NCBI. A tabela 2 mostra a identificação de proteínas como *omega-theraphotoxin-Hhn1e-like* (*Haplopelma hainanum*); *alpha-latrotoxin-Lm1a-like* (*Latrodectus mactans*); *delta-ctenitoxin-Pn2c-Neurotoxin Pn2-5A-like* (*Phoneutria nigriventer*); *U2-agatoxin-Ao1f-like* (*Agelena orientalis*) e *U13-theraphotoxin-Cg1a-like* (*Chilobrachys guangxiensis*) originalmente descritas e caracterizadas em venenos de diferentes gêneros de aranhas; também foram identificadas proteínas como *beta-insect excitatory toxin 2-like* (*Androctonus australis*), *alpha-toxin Amm3-like* (*Androctonus mauritanicus mauritanicus*), *toxin Cex12-like* (*Centruroides exilicauda*), *potassium channel toxin Hge-beta-KTx-like* (*Hadrurus gertschi*), *beta-insect depressant toxin Lqh-dprIT3a-like* (*Leiurus quinquestriatus hebraeus*), *alpha-insect toxin LqhαIT-like* (*Leiurus quinquestriatus hebraeus*), *neurotoxin LmNaTx3-like* (*Lychas mucronatus*), *potassium channel toxin alpha-KTx 12.1-like* (*Tityus serrulatus*), *toxin Tb2-like (P-beta* NaTx5.3)* (*Tityus bahiensis*), *putative alpha toxin Tx405-like* (*Buthus occitanus israelis*) e *potassium channel toxin alpha-KTx 6.16-like* (*Opisthacanthus cayaporum*) originalmente descritas e caracterizadas em venenos de diferentes gêneros de escorpiões; além da proteína *scolopendra 20528.11 Da toxin-like* (*Scolopendra angulata*) originalmente descrita e caracterizada no veneno de lacraias.

Nossos resultados também mostram a presença de três proteínas semelhantes às conotoxinas, que constituem um grupo de neurotoxinas típicas dos venenos de *Conus* (OLIVERA et al., 1985). Essas proteínas semelhantes às conotoxinas serão melhores discutidas mais adiante no texto. A partir deste ponto serão discutidas algumas das proteínas semelhantes às neurotoxinas, originalmente descritas em venenos de aranhas e escorpiões, que foram identificadas no veneno da vespa social *P. paulista*.

As proteínas *omega-theraphotoxin-Hhn1e-like* e *U13-theraphotoxin-Cg1a-like*, pertencem à família das *theraphotoxins*, proteínas neurotóxicas isoladas do veneno das aranhas tarântulas da família Theraphosidae. Essas proteínas apresentam efeitos de ativação dos canais de potássio, inibição de canais de sódio, causando o bloqueio da transmissão neuromuscular e paralisia

em insetos (LI et al., 2003); já a proteína *alpha-latrotoxin-Lm1a-like* constitui a família das *latrotoxins*, neurotoxinas típicas dos venenos de aranhas Theridiidae (constituídas principalmente pelas viúvas negras - gênero *Latrodectus*); sendo importantes na paralisia e captura de presas, e também é utilizada como referência molecular em estudos de evolução molecular deste grupo de aranhas (GARB et al., 2013). Uma outra neurotoxina identificada foi a *delta-ctenitoxin-Pn2c-Neurotoxin Pn2-5A-like*, uma classe de peptídeos neurotóxicos (*Ctenitoxin Pn* ou *Pk*) presentes nos venenos de aranhas *Phoneutria nigriventer* (*Pn*) e *Phoneutria keyserlingi* (*Pk*) (GLENN et al., 2008). As *Ctenitoxin Pn* apresentam complexos efeitos sobre canais de sódio, seu efeito principal parece ser o retardamento da inativação da corrente de sódio em axônios isolado de insetos (MATAVEL et al., 2002, de LIMA et al., 2002). E ainda, dentro dos gêneros de aranhas, podemos destacar a identificação da neurotoxina *U2agatoxin-Ao1f-like*. As *agatoxins* pertencem a uma classe quimicamente diversa de poliaminas e toxinas peptídicas, as quais são isoladas de aranhas do gênero *Agelenopsis* sp. Seu mecanismo de ação inclui o bloqueio de canais iônicos dependentes de glutamato, os canais de sódio, ou canais de cálcio (UNCHITEL, 1997). Os subtipos α -*agatoxin* e μ -*agatoxin*, apresenta efeito de rápida paralisia em insetos (ADAMS, 2004). Nos estudos com o veneno da formiga *Tetramorium bicarinatum*, utilizando de uma abordagem de transcriptoma e sequenciamento de Novo, os autores relatam a presença de uma *agatoxin-like* semelhante à neurotoxina *agatoxin* do veneno da aranha *Agelena orientalis* (BOUZID et al., 2014). Essa neurotoxina pode agir na regulação dos canais de cálcio, e sua descoberta pode ser muito útil, especialmente para tratamentos terapêuticos, com base em novas estratégias para o tratamento de doenças relacionadas com canais iônicos (PRINGOS et al., 2011).

As proteínas *beta-insect depressant toxin Lqh-dprIT3a-like* e *beta-insect excitatory toxin 2-like*, pertencem a família das toxinas- β encontradas nos venenos de escorpiões. Essas neurotoxinas estão relacionadas com a ativação dos canais de sódio em escorpiões (SONG et al., 2011); já a *neurotoxin LmNaTx3-like* foi descrita nos venenos de escorpiões como sendo responsável

pela excitabilidade dos canais de cálcio de insetos-presas (YANG et al., 2015; WENLAN et al., 2017). Também foram identificadas as neurotoxinas *alpha-toxin Amm3-like*, *alpha-insect toxin LqhalT-like* e *putative alpha toxin Tx405-like*. Em escorpiões as alfa-toxinas constituem uma família estrutural e funcionalmente polipeptídica, que varia de 61-67 resíduos de aminoácidos. Essas toxinas se ligam ao sítio-3 do receptor neurotóxico e atua regulando, sob condições de voltagem, a corrente de sódio em membranas excitáveis (GORDON et al., 2007). Uma grande variedade de peptídeos tóxicos de anêmonas e aranhas que não apresentam homologia de sequência, competem com as *alpha toxins* dos escorpiões pelo sítio3 do receptor neurotóxico e assim apresentam um modo de ação similar (CATTERALL, 2000; GORDON et al., 2007). Já as neurotoxinas *potassium channel toxin Hge-beta-KTx-like*, *potassium channel toxin alpha-KTx 12.1-like* e *potassium channel toxin alpha-KTx 6.16-like* pertencem a família das proteínas alfa, beta, lâmbida- KTx. A classificação destas toxinas ocorre em função do alinhamento de cisteínas e suas sequências altamente conservadas. Essas neurotoxinas foram descritas por atuarem nos canais de K⁺ (TYTAGAT et al., 1999; Rodríguez de la Veja e Possani (2004).

Além dessas neurotoxinas, discutidas acima, nos nossos resultados também foi identificada uma proteína *scolopendra 20528.11 Da toxin-like* semelhante à neurotoxina descrita no veneno de lacraias. O veneno dos centípedes são compostos por uma diversidade de componentes que apresentam funções variadas, e são uma importante ferramenta na paralisia de presas (ZHAO et al., 2018). Um grande número dessas *scolopendra toxin-like* foram identificadas por Zhao e colaboradores (2018) na glândula de veneno e no torso da centípede *Scolopendra mutillans*, recentemente. Além disso a presença da *scolopendra toxin-like* foi evidenciada nos estudos de dos Santos-Pinto e colaboradores (2012), com o veneno da formiga *Solenopsis invicta*. Os autores relatam a presença de uma neurotoxina semelhante a *scolopendra 5848.48 Da toxin* descrita no veneno da lacraia *Scolopendra viridicornis nigra* (*Brazilian giant centipede*), como um componente tóxico do veneno. Na vítima essas proteínas agem com a paralisia imediata das presas (RATES et al., 2007).

Como mencionado anteriormente, e devido ao fato por ser um resultado diferenciado, apresentaremos nesse momento, os resultados de identificações de proteínas semelhantes às conotoxinas. Seria realmente possível encontrar proteínas semelhantes às conotoxinas em outros organismos? Ou seja, é possível encontrar nos animais terrestres, toxinas semelhantes àquelas normalmente observadas em organismos marinhos?

Proteínas semelhantes às conotoxinas: Os caramujos marinhos (*Cone snails*) desenvolveram uma grande diversidade de peptídeos venenosos, como uma estratégia evolutiva para a rápida paralisia de presas. Nos estudos de Davis e colaboradores (2009), são estimados cerca de 100 cono-peptídeos por espécie. As conotoxinas são peptídeos neurotóxicos, ricos em resíduos de cisteína, que afetam receptores de neurotransmissores e bloqueiam vasta gama de canais iônicos das presas de caracóis marinhos (*Conus sp.*) (ANDERSON & BOKOR, 2012).

Alguns estudos relatam fármacos derivados de conotoxinas, um exemplo é a Ziconotida, uma ω -conotoxina isolada originalmente do veneno do *Conus magus*. Sendo um fármaco alternativo à morfina, com um efeito 1000 vezes mais potente sem causar dependência nos pacientes (MCGIVERN, 2007). Algumas conotoxinas como α -conotoxinas, κ -conotoxinas e δ -conotoxinas podem ser utilizadas como armas aerossol, que podem ocasionar parada respiratória quando inaladas. Sendo assim, existe a preocupação com relação ao uso dessas moléculas em ações de bioterrorismo (ROY et al., 2012).

Nos nossos resultados, com a análise proteômica do veneno de *P. paulista*, foram identificadas 3 proteínas semelhantes às conotoxinas isoladas e caracterizadas em venenos de *Conus*, conforme mostrado na tabela 2. As proteínas semelhantes às conotoxinas identificadas nos nossos resultados foram: *conotoxin PnMKLT1-0122*, originalmente isolada do veneno de *Conus pennaceus* e identificada com 38.96% de cobertura de sequência presente no veneno de *P. paulista*; *conotoxin Malr34*, originalmente isolada do veneno de

O conceito de *proteínas-mãe* e peptídeos encriptados foi introduzido a mais de uma década e consiste no estudo de proteínas nas quais são identificados fragmentos internos funcionais (peptídeos encriptados). De um modo simples, podemos dizer que dentro de uma molécula maior existem outras menores, porém com formas e atividades diferentes da maior de todas, ou da maior imediatamente anterior (Brand et al., 2012).

Peptídeos bioativos tem cerca de três a vinte resíduos de aminoácidos por molécula, estes podem estar encriptados dentro de uma sequência de uma proteína. Peptídeos encriptados tornam-se ativos quando são liberados da sequência da proteína, principalmente por hidrólise química ácida e alcalina, ação proteolítica de microorganismos ou por hidrólise enzimática (proteases), como realizada no presente estudo (ERDEMAN, et al., 2008; MOLLER et al., 2008; AGYEI & DANQUAH, 2011; HARNEDY & FITZ, 2012). Esses peptídeos encriptados podem ser encontrados em fontes animais e vegetais, como leite, produtos lácteos, ovos, peixes, ostras, cereais (arroz, trigo, cevada e milho), soja, sementes de rabanete e outras fontes ricas em proteínas (LI et al., 2002; SINGH et al., 2014; NONGONIERMA & FITZ, 2015).

Outro exemplo são os peptídeos antioxidantes encriptados produzidos pela hidrólise de vários substratos de proteínas, tais como proteínas de peixe, soja, algas marinhas e uma variedade de produtos lácteos (SAMPATH KUMAR et al., 2011; JE et al., 2005; BAMDAD et al., 2011; BYUN et al., 2009; MEIRA et al., 2012). Os radicais livres desempenham um papel crítico em transtornos relacionados à saúde e podem levar a doenças cardíacas, aterosclerose, diabetes, câncer e doenças neurológicas (BUTTERFIELD et al., 2002). Em alimentos, eles podem resultar na deterioração de atributos de qualidades como sabor, cor e textura (ZHONG et al., 2011). Os Peptídeos antioxidantes possuem a capacidade de retardar ou prevenir processos oxidativos a partir da doação de elétrons, com estabilização do radical livre, que permanece na estrutura do antioxidante e não na reação.

Os resultados apresentados, estão indicando que os genes destas proteínas/peptídeos podem ter evoluído independentemente em todos esses

animais. Corroborando esta hipótese é importante mencionar a ocorrência do peptídeo *glacntryphan-M* com 100% de cobertura de sequência presente nas asas da borboleta *Hebomoia glaucippe*, o qual é estrutural e funcionalmente muito semelhante às toxinas peptídicas relatadas nos venenos de *Conus* (BAE et al., 2012). E ainda, devemos mencionar também que nos estudos de Torres e colaboradores (2014), utilizando de uma abordagem de transcriptoma, foram identificados na glândula de veneno da formiga *Dinoponera quadriceps* transcritos que apresentam resíduos de cisteínas altamente conservados em suas sequências; essas sequências mostraram-se muito similares a diversos tipos de proteínas semelhantes à conotoxinas, como por exemplo, a *Muconotoxin MrVIB* originalmente descrita em venenos de *Conus marmoreus*.

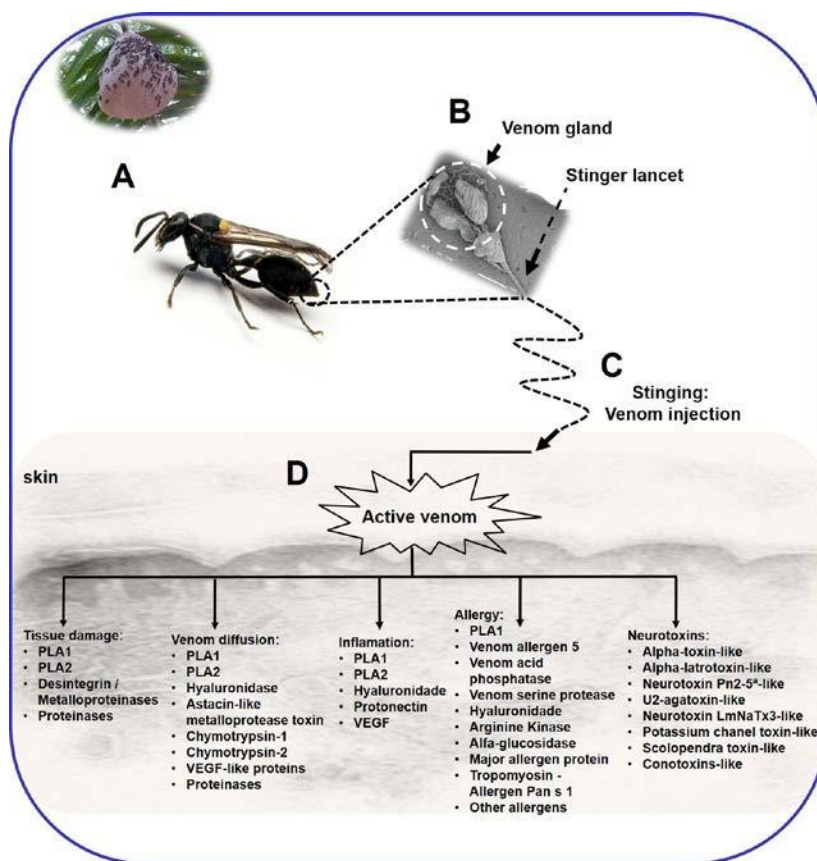
Dessa forma, os fragmentos de peptídeos identificados em nossos resultados, podem ser fragmentos internos funcionais de conotoxinas, encriptados dentro das sequências de outras “proteínas-mãe”. Portanto, até o momento podemos afirmar que identificamos proteínas semelhantes às conotoxinas, as quais podem se encontrar na sua forma ativa ou inativa, como peptídeos encriptados. É importante considerar que estamos analisando a amostra de um organismo que ainda não apresenta um genoma totalmente elucidado, no caso a vespa *P. paulista*.

Podemos notar, que a presença de neurotoxinas, até então nunca relatadas antes em venenos de vespas sociais, é um indicativo de que a neurotoxicidade deve ser considerada no mecanismo de envenenamento ocasionado pela ferroadada da vespa social *P. paulista*. A presença de neurotoxinas no veneno de *P. Paulista*, uma vespa social, pode ser um resquício evolutivo oriundo das vespas solitárias, as quais utilizam o seu veneno para a captura de presas paralisando-a; dessa forma os venenos de vespas solitárias apresentam neurotoxinas que atuam no sistema nervoso de suas presas. O veneno, da maioria das vespas solitárias, é descrito como não letal para a presa; ao contrário, esse veneno induz paralisia. Já os venenos de vespas sociais são utilizados como um mecanismo de defesa da colônia contra intrusos e

predadores (PALMA, 2013; LEE et al., 2016). A presença dessas moléculas no veneno de *P. Paulista*, apesar de pouco abundantes, sugere que contribuem para esse mecanismo de defesa com o intuito de manter o predador longe da colônia.

Considerando os dados obtidos com a perfilagem proteômica do veneno total da vespa social *P. paulista*, através da abordagem proteômica *shotgun*, e considerando também os dados obtidos nos estudos de Santos e colaboradores (2010), estamos sugerindo um mecanismo geral de envenenamento através da ferroada da vespa. O grupo denominado de **(I) proteínas tóxicas do veneno** foi dividido em diferentes subgrupos, de acordo com as ações das proteínas, como: (a) proteínas que promovem danos ao tecido ou inflamação, (b) proteínas que promovem a difusão do veneno, (c) alérgenos, e (d) neurotoxinas. Esse mecanismo está demonstrado na figura 7.

Figura 7. Esquema representativo do mecanismo geral de envenenamento proposto para a vespa social *P. paulista*, envolvendo as proteínas identificadas no presente estudo. **A** – vespa *P. paulista*. **B** – glândula de veneno e aparato ferroador. **C** – simulação da ferroada: injeção do veneno. **D** – ação do veneno na vítima após a ferroada.



Até então, no presente trabalho, foram apresentados os resultados das proteínas tóxicas do veneno de *P. paulista*; apresentaremos a partir deste ponto os resultados das identificações referentes aos demais grupos funcionais: (II) proteínas relacionadas com o dobramento/conformação e modificações pós traducionais (PTMs) das toxinas; (III) proteínas relacionadas com a preservação das toxinas contra o estresse oxidativo; (IV) proteínas relacionadas com a comunicação química; (V) proteínas *housekeeping*; e (VI) proteínas não

caracterizadas. Lembrando que, a relação completa de todas as proteínas identificadas e agrupadas está demonstrada no Apêndice, tabelas A2, A3, A4, A5 e A6, constando as informações dos dados oriundos da análise proteômica e análise GO.

(II) Proteínas relacionadas com o dobramento/conformação e modificações pós traducionais (PTMs) das toxinas: no segundo grupo foram identificadas 92 proteínas como aminopeptidase, proteínas de choque térmico, serina/treonina proteína quinase, aldose 1epimerase, alfa-1,2-manosidase, alfa-glucosidase, beta-galactosidase, proteína glicosiltransferase, 3-beta-glucuronosiltransferase e fosfatase alcalina. A tabela A2 apresenta a relação completa de todas as proteínas identificadas, constando as informações dos dados oriundos da análise proteômica e análise GO. Sob condições normais, essas proteínas facilitam o transporte de proteínas entre compartimentos celulares, o dobramento de proteínas recém-sintetizadas, e a degradação de proteínas instáveis (PARCELLIER et al., 2003).

As proteínas de choque térmico foram descritas inicialmente na glândula de veneno de abelhas, agindo como chaperoninas para facilitar o dobramento das toxinas do veneno (PEIREN et al., 2008; SANTOS et al., 2010). Essa família de proteínas também foi identificada no veneno da vespa *P. paulista* por Santos e colaboradores (2010), e foi sugerido que essas proteínas tenham surgido a partir do estresse oxidativo gerado no interior da glândula de veneno. Essas proteínas podem desempenhar uma função no dobramento e transporte de proteínas, no caso das toxinas presentes na glândula de veneno de *P. paulista*; assim como também podem estar relacionadas com a manutenção da estabilidade e integridade das toxinas, evitando que ocorra alguma alteração da conformação estrutural dessas proteínas dentro da glândula de veneno e consequente alteração de suas atividades (SNUTCH et al., 1988; SANTOS et al., 2010). Ainda no veneno da vespa *P. paulista*, como mencionado anteriormente, essas proteínas mostraram-se imunoreativas, portanto podemos considerá-las como importantes alérgenos do veneno.

Outra proteína incluída nesse grupo é a aminopeptidase, enzima que atua como protease catalisando a remoção de aminoácidos da região N-terminal de peptídeos e proteínas (TAYLOR, 1993). A aminopeptidase foi descrita no veneno da vespa *Polybia striata*. Os autores sugerem que essa vespa utiliza essa proteína para defender a colônia, contra predadores, uma vez que quando injetam seu veneno rico em aminopeptidase na vítima, causam dor e desconforto. Além disso, essa vespa possui hábitos carnívoros, e, portanto, a presença de aminopeptidase pode estar relacionada com a degradação do tecido de suas presas, facilitando assim a digestão (MATTEO et al., 2011; SANTOS et al., 2017). Também foram identificadas diferentes proteínas quinases, as quais podem estar relacionadas com as modificações de fosforilação presente nas toxinas, conforme já relatado nos estudos de dos Santos-Pinto e colaboradores (2014) com o alérgeno antígeno 5 do veneno de *P. Paulista*.

Podemos notar também na tabela A2, uma série de proteínas relacionadas com a modificação pós-traducional de glicosilação, como as proteínas aldose 1-epimerase, alfa-1,2manosidase, alfa-glucosidase, beta-galactosidase, proteína glicosiltransferase e 3-betaglucuronosiltransferase. Segundo o banco de dados Uniprot - código de acesso K7JAK6, essa proteína atua no processo biológico de metabolismo de carboidratos. Essa atividade pode ser monitorada com substratos cromogênicos e fluorogênicos (GONG et al., 2009; LI et al., 2011), que tem sido considerado marcadores versáteis em procariotos e eucariotos (GEKAS et al., 1985; TANG et al., 2004; LI et al., 2011). A alfa-glucosidase e a alfa-1,2 manosidase foram descritas, recentemente, por Zhang e colaboradores (2014) como as principais proteínas envolvidas no metabolismo de carboidratos presentes na geléia real de abelhas. Quando estes carboidratos se ligam aos sítios de glicosilação de uma proteína, há a mudança estrutural e modulação das atividades enzimáticas destes peptídeos (BRADY et al., 1965; CHIBA, 1997; WINCHESTER, 1984; ZHANG et al., 2017). Outra importante proteína encontrada em nossos resultados foi a proteína glicosiltransferase; de acordo com o banco de dados Uniprot – código de acesso K7ITE8, essa proteína está envolvida na rota de glicosilação de proteínas bem

como na modificação pós traducional, ou seja, a função molecular dessa proteína é de transferase, uma vez que catalisa a transferência de um oligossacarídeo de manose, para um resíduo de asparagina com motivo consenso Asn-X-Ser/Thr em cadeias polipeptídicas. Essas proteínas, identificadas nas nossas análises e que estão relacionadas com a modificação de glicosilação, podem estar envolvidas no processo de modificações pós-traducionais (PTMs) de N-glicosilação das toxinas do veneno de *P. paulista* do presente estudo. Esses resultados serão apresentados e discutidos mais adiante no texto.

(III) **proteínas relacionadas com a preservação das toxinas do veneno contra o estresse oxidativo:** no terceiro grupo foram identificadas 62 proteínas como as diferentes formas de citocromo c oxidase, citocromo P450, NADH desidrogenase, NADH-ubiquinona oxidoreductase e tioredoxina peroxidase. A tabela A3 apresenta a relação completa de todas as proteínas identificadas, constando as informações dos dados oriundos da análise proteômica e análise GO. Essas proteínas responsáveis pela proteção das toxinas do veneno contra o estresse oxidativo foram descritas no veneno de abelhas, de algumas vespas como a *P. paulista*, e recentemente no veneno da formiga *Solenopsis invicta* (PEIREN et al., 2008; SANTOS et al., 2010; dos SANTOS-PINTO et al., 2012). Essas proteínas, possivelmente estão envolvidas na preservação das proteínas que são sintetizadas e armazenadas no reservatório de veneno contra o estresse oxidativo; quando estas estão sendo produzidas/sintetizadas pelas glândulas e secretadas junto ao veneno, no momento em que o veneno é inoculado na vítima. Além disso Santos e colaboradores (2010) sugerem que a presença dessas proteínas no veneno da vespa *P. paulista* deve-se também à ruptura do reservatório de veneno durante sua extração.

(IV) **proteínas relacionadas com a comunicação química:** neste grupo, foram identificadas 31 proteínas como as diversas proteoformas de proteínas receptores de odor, proteínas quimicosensoriais, proteínas ligantes de

odor e hidrolase de éster carboxílico. A tabela A4 apresenta a relação completa de todas as proteínas identificadas, constando informações dos dados oriundos da análise proteômica e análise GO. Essas proteínas identificadas pela primeira vez no veneno de *P. paulista*, não possuem suas funções fisiológicas completamente elucidadas. Porém, a proteína de ligação de odor (OBP) encontrada no presente estudo foi descrita pela primeira vez em insetos da ordem Hymenoptera nos venenos das vespas solitárias *Nasonia vitripennis* (de GRAAF et al., 2010), *Leptopilina heterotoma* (HEAVNER et al., 2013) e *Pteromalus puparum* (WANG et al., 2015). Estão envolvidas nos primeiros passos da recepção de odores, ligação e solubilização, para que as moléculas de odor sejam fornecidas aos receptores olfativos (DENG et al., 2013). Na vespa social *Polistes dominulus* as OBPs são igualmente expressas nas antenas, asas e pernas (CALVELLO et al., 2003), assim como algumas proteínas quimiosensoriais (CAVELLO et al., 2005). Nos estudos com o veneno da formiga *Solenopsis invicta* (dos SANTOS-PINTO et al., 2012), realizado pelo nosso grupo, foi mostrado através da análise proteômica a presença das OBP, proteínas quimiosensoriais e proteínas ligantes de ferormônios. Possivelmente, essas proteínas podem estar relacionadas com o complexo comportamento social dessas formigas, uma vez que, as mesmas dispersam o seu veneno nos ninhos ou trilhas, como uma forma de orientação para o forrageamento (KRIEGER et al. 2002; dos SANTOS-PINTO et al., 2012). Uma outra identificação, incluída nesse grupo, foi a hidrolase de éster carboxílico. Um vasto grupo de hidrolases foi encontrado no trabalho de Esteves e colaboradores (2017) como um dos componentes da secreção da glândula de *Dufour*, fonte de ferormônios de alarme localizada próxima a glândula de veneno de *P. paulista*. Possivelmente, durante a dissecação da glândula de veneno, pode ter ocorrido um extravasamento da glândula de *Dufour*, liberando a sua secreção junto ao veneno; o que poderia justificar a presença dessas hidrolases, relacionadas com a comunicação química, identificadas nas nossas análises.

(V) **proteínas housekeeping**: no quinto grupo foram incluídas 329 proteínas como, 6 *phosphogluconate dehydrogenase*, *Calcium-transporting ATPase*, *Dihydrolipoamide acetyltransferase*, *Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit A*, *Fatty acyl-CoA reductase*, *Histone acetyltransferase*, entre outras. A tabela A5 apresenta a relação completa de todas as proteínas identificadas, constando as informações dos dados oriundos da análise proteômica e análise GO. Essas proteínas provavelmente se originaram das células das glândulas de veneno e não constitui, portanto, verdadeiras toxinas do veneno; podem ser contaminantes que extravasaram dos tecidos próximos as glândulas de veneno durante o procedimento de dissecação dessas glândulas. As proteínas *housekeeping*, desempenham funções metabólicas em células secretoras das glândulas de veneno; e aparentemente, não apresentam participação no mecanismo de envenenamento. Estão associadas ao processo de produção de energia, possivelmente para suportar a grande síntese de proteínas na glândula de veneno; o que indica que a glândula está usando intensivamente o metabolismo mitocondrial para produzir energia, provavelmente para sustentar a biossíntese dos produtos que são secretados (SANTOS et al, 2010; dos SANTOS-PINTO et al., 2012).

(VI) **proteínas não caracterizadas**: neste último grupo foram incluídas 1049 proteínas identificadas como não caracterizadas, quando as buscas foram realizadas no banco de dados Hymenoptera. A tabela A6 apresenta a relação completa de todas as proteínas identificadas, constando as informações dos dados oriundos da análise proteômica e análise GO. Todas essas proteínas foram identificadas como pertencentes a vespa solitária *Nasonia vitripennis* e a abelha *Apis mellifera*, insetos da ordem Hymenoptera que apresentam dados genômicos disponíveis (DAVES & TAUBER, 2015; WERREN et al., 2010; WEINSTOCK et al., 2006). No entanto essas proteínas foram depositadas nos bancos de dados e designadas como proteínas de funções desconhecidas, devido à ausência de homologia com outras proteínas que apresentam funções, sequências e estruturas conhecidas (LUBEC et al.,

2005); e / ou também devido a não caracterização funcional através de ensaios experimentais, após as análises estruturais, denominando dessa forma, essas proteínas como não caracterizadas. Porém, essas proteínas podem ser analisadas através de uma predição funcional e estrutural de suas sequências utilizando de ferramentas de bioinformática, e constando assim nos bancos de dados como por exemplo, na base de dados Uniprot. Nesse banco de dados, muitas proteínas são inseridas no banco com algumas anotações, dentre elas anotações de GO incompletas. Dessa forma, essas proteínas podem apresentar informações de GO, porém, são denominadas como não caracterizadas (NURUL & MOHD, 2012). Podemos notar então, que ainda existe uma quantidade muito grande de proteínas, presentes no veneno de *P. paulista*, que apresentam funções desconhecidas dentro da glândula de veneno, ou até mesmo depois que são excretadas.

4.2. Perfilagem glicoproteômica do veneno da vespa social *Polybia paulista*

Como já mencionado anteriormente, em nosso laboratório, durante anos, o veneno de *P. paulista* tem sido investigado para elucidar a sua composição química. Porém, até o momento, nenhum estudo foi realizado considerando as modificações pós-traducionais (PTMs) como a glicosilação, por exemplo. Essa modificação é uma das principais PTMs em venenos animais, influenciando significativamente o dobramento e a conformação de proteínas, estabilidade, atividades biológicas e farmacodinâmicas, assim como também contribuindo para a compreensão sobre a complexidade do proteoma do veneno, e identificando uma enorme diversidade de funções das toxinas (ANDRADE-SILVA et al., 2016).

Considerando os resultados obtidos com a perfilagem proteômica do veneno total do presente estudo, em que proteínas relacionadas com a modificação de glicosilação como aldose 1-epimerase, alfa-1,2-manosidase, alfa-glucosidase, beta-galactosidase, proteína glicosiltransferase e 3-beta-glucuronosiltransferase foram identificadas; e também os resultados obtidos nos estudos de Santos et al. (2010) com o veneno de *P. paulista*, decidimos também

investigar o perfil glicoproteômico desse veneno submetido a um protocolo de enriquecimento de glicoproteínas, que foram analisadas posteriormente por abordagem proteômica *shotgun*. No presente estudo foi utilizado o kit Glycoprotein Isolation, ConA (Thermo Scientific™), que possibilita isolar glicoproteínas (N-glicosiladas), de misturas complexas, que apresentam uma forte afinidade pela concavanalina-A lectina (ConA lectina) imobilizada em agarose.

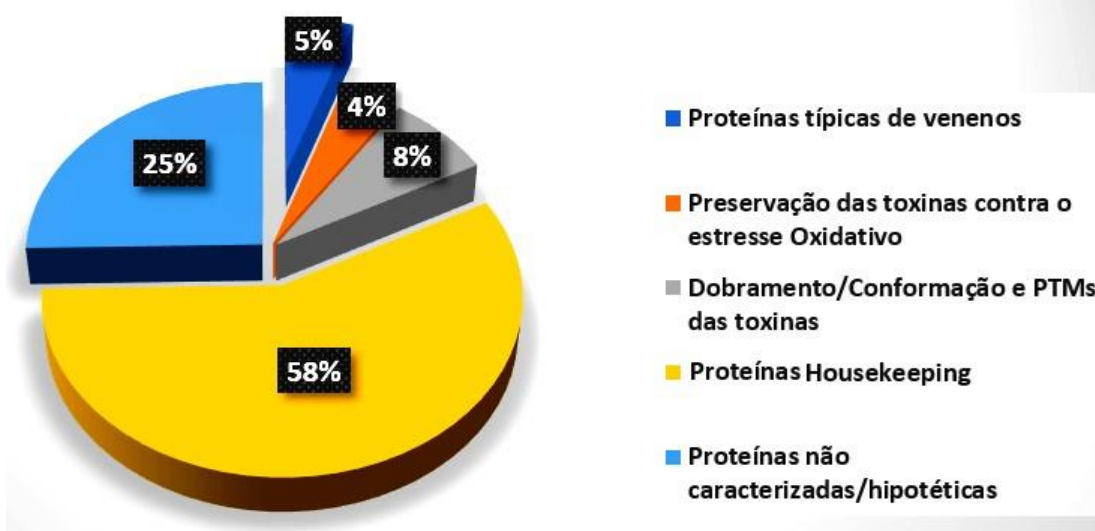
Após as análises de espectrometria de massas e processamento dos dados, foi possível identificar um total de 546 proteínas presentes no perfil glicoproteômico do veneno da vespa *P. paulista*, ou seja, proteínas N-glicosiladas que apresentaram uma afinidade pela resina ConA lectina. Também foi identificado um total de 722 proteínas não-glicosiladas, ou seja, essas proteínas correspondem a fração protéica que não demonstrou afinidade pela resina ConA lectina imobilizada em agarose. Para todas as identificações, as buscas foram realizadas contra o banco de dados de Hymenoptera. Considerando-se a grande quantidade de dados que foram gerados e processados, e para que a redação do trabalho possa ocorrer de forma contínua, de modo que a sua leitura não fosse interrompida, a relação completa de todas as proteínas identificadas está demonstrada no Apêndice, tabelas A7 e A8, constando as informações dos dados oriundos da análise proteômica e análise no *Gene Ontology* - GO.

As análises de espectrometria de massas para sequenciamento e identificação dos carboidratos foram realizadas com o uso de fragmentação do tipo CID (Dissociação Induzida por Colisão), que permite a detecção dos carboidratos ligados à cadeia lateral do resíduo de aminoácido de referência (asparagina, no caso dos carboidratos N-ligados). Neste caso, os espectros não apresentam picos correspondentes à fragmentação interna dos carboidratos.

A figura 8 apresenta a distribuição do total de proteínas identificadas na fração N-glicosilada no veneno da vespa social *P. paulista*, de acordo com o seu papel funcional – 5% do total de proteínas identificadas são proteínas tóxicas do veneno, 4% estão envolvidas na proteção das toxinas contra o estresse

oxidativo, 8% no dobramento/conformação e PTMs das toxinas; 58% são proteínas *housekeeping*, e ainda 25% são de proteínas não caracterizadas e/ou hipotéticas presentes na glândula de veneno.

Figura 8. Distribuição do total de proteínas identificadas na fração N-glicosilada no veneno da vespa social *Polybia paulista*, de acordo com o seu papel funcional.



Devido a grande quantidade de dados gerados, e à importância do grupo de proteínas denominadas como “proteínas tóxicas do veneno”, serão apresentados e discutidos os dados do perfil glicoproteômico desse grupo, ou seja, das proteínas N-glicosiladas; uma vez que, os demais grupos de proteínas já foram discutidos anteriormente.

• Proteínas tóxicas do veneno:

Esse grupo consiste em uma série de proteínas que são típicas de venenos animais, ou seja, toxinas, alérgenos e outras proteínas já descritos em venenos de Hymenoptera sociais. Foram identificadas um total de 25 proteínas N-glicosiladas e 23 proteínas não glicosiladas; as tabelas A7 e A8 apresentam a relação completa de todas as proteínas identificadas, constando as informações dos dados oriundos da análise proteômica e análise GO. A tabela 3 apresenta os dados da análise proteômica para as proteínas N-glicosiladas e não-glicosiladas identificadas no veneno da vespa social *P. paulista*. Neste

grupo, entre as proteínas N-glicosiladas, foram identificadas algumas proteínas como fosfolipase A1, dipeptidil peptidase, proteínas de choque térmico, tropomiosina, serino protease e quitinase.

Tabela 3. Identificação e agrupamento das proteínas tóxicas do veneno, organizadas como N-glicosiladas e não-glicosiladas, identificadas no veneno da vespa social *P. paulista*. A tabela mostra as informações dos dados oriundos da análise proteômica. #PIP % - escore, probabilidade de identificação da proteína, valores de íon-score das sequências identificadas, e resíduos de asparagina (N) assinalados em vermelho representam os sítios N-glicosilados. *n.d. – não detectado; **n.a. – não se aplica; Δ - acréscimo de valores de massas (Da) detectados nos fragmentos. Nesta tabela foram consideradas proteínas identificadas como semelhantes às toxinas pertencentes a ordem Hymenoptera. Valores de massas de PTMs podem ser encontrados em: <http://www.unimod.org>

Proteínas N-glicosiladas						
Código de acesso	Proteína	Massa (kDa)	#PIP (%)	Taxonomia	Sequências peptídicas (íon score)	Tipo de modificação de N-glicosilação detectada no fragmento
E2C0F1	Bullous pemphigoid antigen 1	460	100%	<i>Harpegnathos saltator</i>	ACEKCHVTGMRYK (45); ADEIKGLV N K (35); AGHMVPRDNPAAMEK (15); ALKDKAPKSDDELALR (38)	(N) Hex1HexNac2 (Δ = +568.21)
E2C982	Major antigen	225	100%	<i>Harpegnathos saltator</i>	SRINTLAQENDALR (23); QALQSFGVK (32)	n.d.
A2VBC4	Phospholipase A1	36	100%	<i>Polybia paulista</i>	PF N EYDILFFVYTR (55); PF N HYDILFFVYTR (43)	(N) Hex2HexNac2 (Δ = +730.26) (N) Hex2HexNac2dHex1 (Δ = +876.32)
E7D4M5	Phospholipase A1	33	100%	<i>Polybia paulista</i>	PF N EYDILFFVYTR (46); F N E YDILFFVYTR (51); ST N CPDRLCATDAQYVQLHTSSK (40); D N FLVMSVDWR (56); YVADFTK (40); AVLYMTECIK (43); DICVCGVLNAK (50)	(N) Hex2HexNac2 (Δ = +730.26) (N) Hex2HexNac2Pent1 (Δ = +862.31) (N) Hexose (Δ = +162.05) (N) Hexosamine (Δ = +161.07)
Q3ZU95	Phospholipase A1-like	33	100%	<i>Vespa germanica</i>	YSEIIGLDAPGPSFSS N KCSDDL (53); LVGQYIATITQK (48)	(N) Hex2HexNac2 (Δ = +730.26)
UPI00073D6DA6	Phospholipase A1 2-like	39	100%	<i>Polistes dominula</i>	EVQ N LKLGKYSEIIGLDAPGPSFR (49); NTRAVGQYVANFTK (44); IPLSKCTK (38)	(N) Hex1HexNac2 (Δ = +568.21)
UPI000719018C	Phospholipase A1-like	37	100%	<i>Polistes canadensis</i>	EVQ N LKLGKYSEIIGLDAPGPSFR (51); N LKLGKYSEIIGLDAPGPSFR (42); AVVYFTQCIK (31)	(N) Hex1HexNac2 (Δ = +568.21) (N) Hex3HexNac2P1 (Δ = +923.29)
UPI00071224FE	60 kDa heat shock protein	60	100%	<i>Dinoponera quadricaps</i>	EGFEKISK (22); GIELKDK (35)	n.d.

E2AUG7	ADAMTS-like protein 3	172	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	AHLFDYNIALMPQERADK (36); VGCDLR (25)	n.d.
UPI000258F4B0	Putative serine protease	54	100%	<i>Megachile rotundata</i>	MTATSLGSPQLQR (26); LAHVITDGNKK (30)	n.d.
UPI000718CB44	Serine-protein kinase	336	100%	<i>Polistes canadensis</i>	DMEAAMGVSGVEGIMR (22); QMEESAYK (32)	n.d.
UPI0005D41243	Maltase 1-like	66	100%	<i>Pogonomyrmex barbatus</i>	NSLIYQIYPR (50); HPKTADTK (32)	(N) Hexose ($\Delta = +162.05$)
UPI000718CCC5	Maltase 1-like	65	100%	<i>Polistes canadensis</i>	NSLIYQIYPR (50);	(N) Hex1HexNac1dHex1 ($\Delta = +511.19$)
					NVYSFWMNR (25)	
UPI000718D8DF	Venom dipeptidyl peptidase 4	88	100%	<i>Polistes canadensis</i>	NLGTVEVEDQITVTR (37); FLIGYDVQK (22)	(N) Hexose ($\Delta = +162.05$)
E2AWB2	Dipeptidase	21	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	IEDNYHSFLVGAGVNR (29); GWSERDIQK (30)	n.d.
UPI00046C9D13	Peroxioredoxin-5	26	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	VNLAQLSQGK (26); STLFVVTHIR (22)	n.d.
A0A151JR25	Tropomyosin	32	100%	<i>Trachymyrmex cornetzi</i>	LEKDNAMDR (20); ALLCEQQARDANAR (23)	(N) Hexose ($\Delta = +162.05$)
UPI000626A6B4	Tropomyosin isoform X9	32	100%	<i>Athalia rosae</i>	LATATAK (26); LAMVEADLER (23)	n.d.
UPI000580D67D	Tropomyosin-1	32	100%	<i>Acromyrmex echinator</i>	VLEEVADLT (26); SLTNAESEVAALNR (57); VQLIEEDLER (18); LLAEDADGKSDEVSR (56); LAFVEDELEVAEDR (48)	(N) Hexose ($\Delta = +162.05$)
UPI000718CA7A	Tropomyosin-1	32	100%	<i>Polistes canadensis</i>	SLTNAESEVAALNR (57); SEERLNTATAKLAESQAADSSR (23); LLAEDADGKSDEVSR (56); LAFVEDELEVAEDR (48); IMELEELKVVGNLSK (39)	(N) Hex1HexNac1dHex1 ($\Delta = +511.19$)
UPI000771B6A9	Tropomyosin-2 isoform X13	32	100%	<i>Cephus cinctus</i>	IVELEELR (56); DNAMDR (28)	(N) Hexosamine ($\Delta = +161.07$)
UPI0006261515	Tropomyosin-2 isoform X8	32	100%	<i>Athalia rosae</i>	AEEEEARSLQK (36); IQTIEFLDQQTQEALMQVNAK (32)	(N) Hex1HexNac2 ($\Delta = +568.21$)

UPI0006254231	Tropomyosin-2 isoform X9	32	100%	<i>Orussus abietinus</i>	ALQNAEVEVAALNR (40); IQLLEEDLER (56); IVELEEELRVVGNNLK (40); VVGNNLKSLEVSEEK (35); AIEREETFK (22)	(N) Hexose ($\Delta = +162.05$) (N) Hexosamine ($\Delta = +161.07$)
A0A026W1C9	Multidrug resistance proteinlike protein	145	100%	<i>Cerapachys biroi</i>	IAAKTMTTAKSPK (31); YFGGGK (21)	n.d.
UPI0005D363BD	Probable chitinase 3	26	100%	<i>Pogonomyrmex barbatus</i>	GLLPLVILATLSKAQFR (24); TLLQEPQPSK (30)	n.d.
Proteínas não-glicosiladas						
Código de acesso	Proteína	Massa (Da)	*PIP (%)	Taxonomia	Sequência peptídica	Tipo de modificação de N-glicosilação detectada no fragmento
UPI00062677F7	CD63 antigen-like	26	100%	<i>Athalia rosae</i>	MHESMAR (25); SHATHVVADK (29)	n.a.
Q7Z156	Venom allergen 5	23	100%	<i>Polybia scutellaris rioplatensis</i>	VSITSVGVTEEEK (28); VSITSVGVTEEEKK (63); KLIVDEHNR (44); LIVDEHNR (28); QKVAQGLETR (31); TKEVGCGSIK (32)	n.a.
D4P2Y4	Venom allergen 5 2	15	100%	<i>Polybia paulista</i>	VSITSVGVTEEEKK (72); VAQGLETR (35)	n.a.
UPI00046C9220	Venom dipeptidyl peptidase 4	98	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	LFYVDLEQVVK (32); DGTAFVLILPQK (25)	n.a.
UPI00063EF2F9	Venom metalloproteinase 3	66	100%	<i>Monomorium pharaonis</i>	PQIHLK (28); YLFRER (32)	n.a.
UPI0004CCD60C	Venom serine carboxypeptidase	54	100%	<i>Microplitis demolitor</i>	NDITRSEADK (25); VAALLQHYK (17)	n.a.
UPI0005CF29BE	Proliferating cell nuclear antigen	29	100%	<i>Ceratosolen solmsi marchali</i>	LAQTAEADK (31); EEEAVIIDMQEPVK (26)	n.a.
E0AD89	Hyaluronidase	40	100%	<i>Polybia paulista</i>	SFGGIGVIDFER (54); YARYFMEETLK (32)	n.a.
E7D4M5	Phospholipase A1	33	100%	<i>Polybia paulista</i>	DKQDGIILK (39); DKQDGIILKK (29); YSEIIGLDPAGPSFR (31); NSPYCHNEGKIL (38)	n.a.
UPI000719018C	Phospholipase A1-like	37	100%	<i>Polistes canadensis</i>	EIIGLDPAGPSFR (68); QDFTILSK (32)	n.a.
UPI0005CE836C	Plancitoxin-1	41	100%	<i>Ceratosolen solmsi marchali</i>	SGEKFTSFAK (24); QLVVGEYAYPSTGK (22)	n.a.
UPI0005AD1725	Heat shock protein 83	82	100%	<i>Fopius arisanus</i>	YESLTDPTK (31); TLTIIDTGIGMTK (25)	n.a.
UPI0006194B17	Matrix metalloproteinase-14	61	100%	<i>Bombus terrestris</i>	SGQVHIEIR (27); TYFFKGSK (25)	n.a.
A0A0U1YPP7	Arginine kinase	13	100%	<i>Polyrhachis abbreviata</i>	LIDDHFLFK (24); FWPTGR (32)	n.a.

UPI00076FC584	Neutral alpha-glucosidase	105	100%	<i>Neodiprion lecontei</i>	PEGEEGEK (28); TKPEPK (26)	n.a.
UPI0006263ADF	Alpha-glucosidase-like	69	100%	<i>Athalia rosae</i>	GGAVQKLVMAR (31); LIARSLPFLLLHLFLGGR (25)	n.a.
UPI000718DEFE	Serine/arginine protein 1-like	99	100%	<i>Polistes canadensis</i>	VNQRHVIK SDEKGNQK (34); TETCTEVK (26)	n.a.
UPI0006297077	Serine/arginine protein 2	107	100%	<i>Apis florea</i>	LLDNCKCKRNAEAER (21); LEDGHAQR (25)	n.a.
UPI0007718F6D	Arginine/serine-rich coiledcoil protein 2	46	100%	<i>Cephus cinctus</i>	SMLCEGLSSLPPSPIPK (43); LMGIKGDLPPTAPPAGAK (21)	n.a.
UPI0006238BC0	Probable maltase	72	100%	<i>Linepithema humile</i>	GIISRLDYIK (27); QYVDDWVSTR (24)	n.a.
UPI00059E2E5D	Tropomyosin isoform X5	50	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	IGEIEVK (23); LATATAK (28)	n.a.
A0A0C9RF68	Isotocin receptor-like ITR_1 protein	45	100%	<i>Fopius arisanus</i>	GEVKR (24); STIIGTMVR (27)	n.a.

Importante mencionar novamente, que após o enriquecimento das proteínas utilizando o kit Glycoprotein Isolation, ConA (Thermo Scientific™), a fração enriquecida foi submetida à uma digestão enzimática com tripsina, seguida de análises de espectrometria de massas (MS e MSⁿ). Podemos notar na tabela 3, que na fração protéica N-glicosilada não foi possível detectar a modificação de N-glicosilação para todas as proteínas identificadas. Essas proteínas N-glicosiladas apresentaram afinidade pela resina ConA lectina durante a realização do método de enriquecimento, dessa forma, sabemos que apresentam carboidratos ligados à cadeia lateral de alguns resíduos de asparagina, presentes nas sequências dessas proteínas. Porém, possivelmente, esses carboidratos podem ter sido perdidos durante as análises de espectrometria de massas, não sendo possível a detecção do acréscimo de valores de massas dos mesmos; deve-se considerar que a glicosilação nos resíduos de asparagina é considerada de instável à moderadamente estável, durante a fragmentação por MSⁿ (MANN et al., 2003; WIESNER et al., 2008; JOHNSON & EYERS et al., 2010; DRABIK et al., 2012). Um outro aspecto que deve ser mencionado é o fato de que nem todos os fragmentos peptídicos detectados e utilizados na identificação dessas proteínas apresentam o resíduo de asparagina na sequência; e quando apresentam, também devemos considerar que o resíduo de asparagina presente no fragmento detectado pode realmente não apresentar nenhuma modificação de N-glicosilação.

Nos resultados apresentados na Tabela 3 pode-se observar que a maioria das proteínas N-glicosiladas correspondem a alérgenos do veneno de *P. paulista*; uma análise mais cuidadosa desses resultados revela a presença de diversas proteoformas com diferentes códigos de acesso, ou seja, proteínas que apresentam pequenas diferenças em suas composições de aminoácidos e/ou modificações pós-traducionais, gerando diferentes propriedades estruturais e funcionais. Sendo assim, essas proteínas estão depositadas nos bancos de dados com diferentes códigos de acesso. Nos nossos resultados temos então, diferentes proteoformas N-glicosiladas e não-glicosiladas, como por exemplo, as proteínas fosfolipase A1, abundantemente detectada nas nossas análises. Podemos sugerir que a existência dessas diferentes proteoformas de toxinas no veneno de *P. paulista*, possibilita diferentes

respostas imunes, fisiológicas e farmacológicas com a finalidade de adaptar a ação dessas toxinas aos diferentes tipos de predadores nos quais a vespa injeta seu veneno.

Considerando que a grande maioria das proteínas detectadas como N-glicosiladas já foram discutidas anteriormente, na seção 5.1. (Perfilagem proteômica do veneno da vespa social *Polybia paulista*, utilizando uma abordagem livre de gel, do tipo *shotgun*), decidimos retomar apenas a discussão com relação as proteoformas N-glicosiladas de fosfolipases A1.

A fosfolipase A1 tem sido identificada como um dos principais alérgenos encontrados nos venenos de vespas (SANTOS et al., 2007; LOCKWOOD et al., 2012; KOROŠEC et al., 2012; SUKPRASERT et al., 2013; PEREZ-RIVEROL et al., 2016). Trata-se de uma enzima que hidrolisa os fosfolipídios das membranas biológicas, conduzindo à formação de poros e lise celular (DOTIMAS et al., 1987; SANTOS et al., 2007). No veneno da vespa *P. paulista*, esse alérgeno foi purificado, sequenciado e caracterizado estruturalmente; essa proteína apresentou uma identidade de 53-82% com as fosfolipases A1, já estudadas, das espécies de vespas do hemisfério norte. A estrutura tridimensional determinada para a fosfolipase de *P. paulista*, demonstrou que essa molécula apresenta 4 α -hélices e 6 folhas- β (SANTOS et al., 2007). Durante o processo de envenenamento, as fosfolipases A1 são capazes de romper a camada de fosfolipídeos da membrana biológica, causando hemólise; demonstrando dessa forma uma ação hemolítica direta contra as células sanguíneas (SANTOS et al., 2007; HOU et al., 2016). Em estudos de Santos et al. (2011), foi demonstrado que fosfolipase A1 se apresenta como uma mistura de múltiplas formas, algumas truncadas, no veneno de *P. paulista*, com diferentes níveis de reatividade com o soro de pacientes sensíveis ao veneno. Recentemente, em estudos de Perez-Riverol et al. (2016), foi descrito a expressão heteróloga, purificação e imunoreatividade da forma recombinante da fosfolipase A1 de *P. paulista*. Como podemos notar, esse alérgeno tem sido amplamente investigado no veneno da vespa *P. paulista*.

No presente estudo, a fosfolipase A1 foi identificada tanto na fração N-glicosilada, quanto na fração não glicosilada do veneno de *P. paulista*. Possivelmente, isso se deve a existência de proteoformas presentes no veneno,

conforme já relatado nos estudos de Santos e colaboradores (2011), ou seja, algumas dessas proteoformas se apresentam glicosiladas, enquanto outras não; e ainda nos estudos de Santos et al. (2010), algumas dessas proteoformas mostraram-se glicosiladas mediante ao ensaio de glicosilação para detecção de carboidratos totais. A existência de proteoformas da mesma proteína no veneno, segundo Santos e colaboradores. (2011) seria uma estratégia do organismo em estudo de contornar o sistema imunológico de suas vítimas, ou seja, trata-se de um processo natural, visando gerar diferentes formas moleculares imunorreativas e não imunorreativas; e talvez até direcionadas para diferentes destinos celulares.

Muitos alérgenos de venenos são descritos como glicoproteínas que apresentam o fator determinantes de carboidratos de reatividade cruzada (CCDs – *cross-reactive carbohydrate determinants*) através da adição da glicosilação α -1,3-fucose. Trata-se de uma N-glicosilação importante por estar diretamente relacionada com o diagnóstico de alergia, sendo altamente imunogênica (JAKOB et al., 2017; TOMSITZ et al., 2017). Estes carboidratos não são encontrados em humanos, porém são reconhecidos como antígenos quando em contato com o sistema imunológico humano. Embora seja considerado clinicamente irrelevante, os CCDs estão relacionados com as reatividades cruzadas nos diagnósticos de alergia e também como resultado falso positivo nos testes laboratoriais, em pacientes alérgicos que produzem IgEs específicas para estes CCDs ligados nos alérgenos (PEREZ-RIVEROL et al., 2016; JAKOB et al., 2017). Porém, no veneno da vespa *P. paulista* foi demonstrado recentemente através de ensaios específicos de detecção de CCDs com o anticorpo anti-HRP (*anti-horseradish peroxidase*), que esse veneno não apresenta CCDs (PEREZ-RIVEROL et al., 2018). O mesmo resultado já havia sido demonstrado anteriormente, para as vespas do gênero *Polistes*, filogeneticamente mais próximas de *P. paulista*.

No presente estudo, a fosfolipase A1 N-glicosilada identificada nas nossas análises não apresentou o tipo de glicosilação α -1,3-fucose que caracteriza a presença de CCDs, corroborando os resultados obtidos nos estudos de Perez-Riverol e colaboradores (2018). Porém, foram detectados

outros tipos de carboidratos N-ligados presentes em alguns fragmentos de sequências da proteína, como: Hex2HexNac2dHex1 ($\Delta = +876.32$ Da); Hex2HexNac2 ($\Delta = +730.26$ Da); Hex2HexNac2Pent1 ($\Delta = +862.31$ Da); Hexose ($\Delta = +162.05$ Da); Hexosamine ($\Delta = +161.07$ Da); e Hex1HexNac2 ($\Delta = +568.21$ Da).

Considerando que o número de proteínas glicosiladas é relativamente grande, e a representação de todos os espectros de massas consumiria um enorme espaço do TCC, decidiu-se apresentar alguns poucos espectros para exemplificar como a estratégia de identificação das proteínas e suas modificações pós-traducionais foi realizada neste trabalho. As figuras 9 e 10 mostram dois espectros de massas representativos obtidos para as modificações N-glicosiladas Hex2HexNac2 ($\Delta = +730.26$ Da) e Hex2HexNac2Pent1 ($\Delta = +862.31$ Da), respectivamente, detectadas em duas proteoformas de fosfolipases A1 de *P. paulista*.

Figura 9. Espectro CID representativo do peptídeo triptico PF^N*EYDILFFVYTR, selecionando-se o íon m/z 871.0637 $[M + 3H]^{3+}$, como precursor; e mostrando o sítio de N-glicosilação Hex2HexNac2 ($\Delta = +730.26$ Da), observado na proteína fosfolipase A1, código de acesso Uniprot A2VBC4, do veneno de *P. paulista*. Os picos correspondentes aos íons-fragmentos do tipo -y foram representados em vermelho, enquanto que aqueles correspondentes ao tipo -b foram representados em azul.

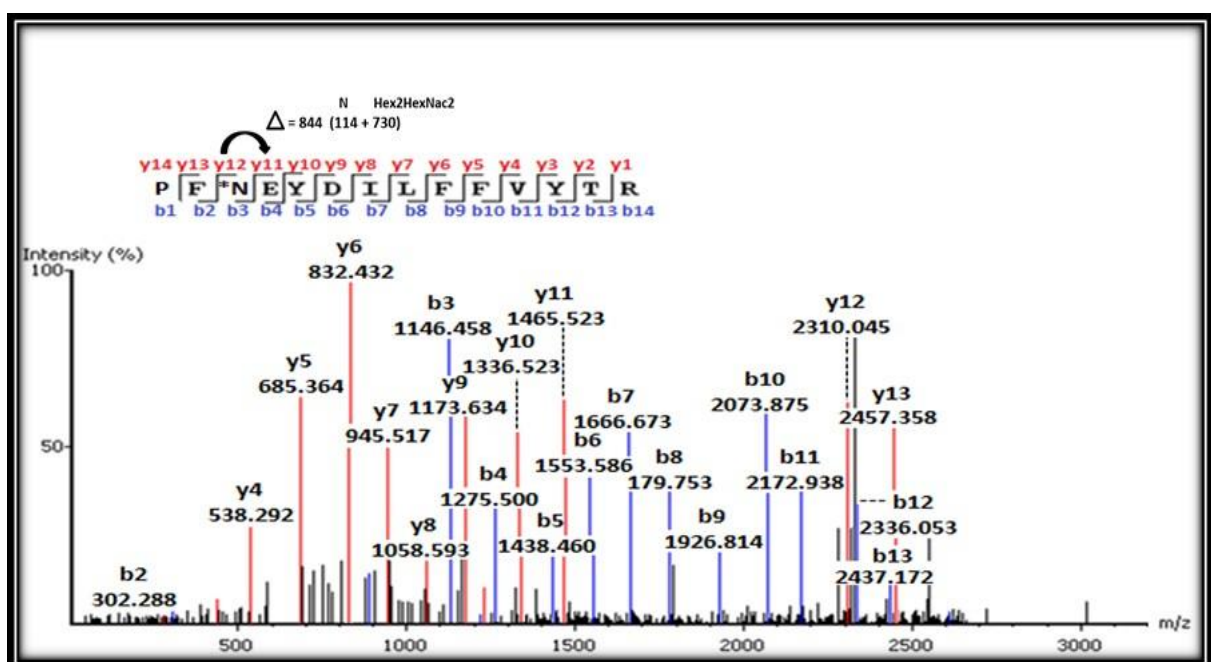
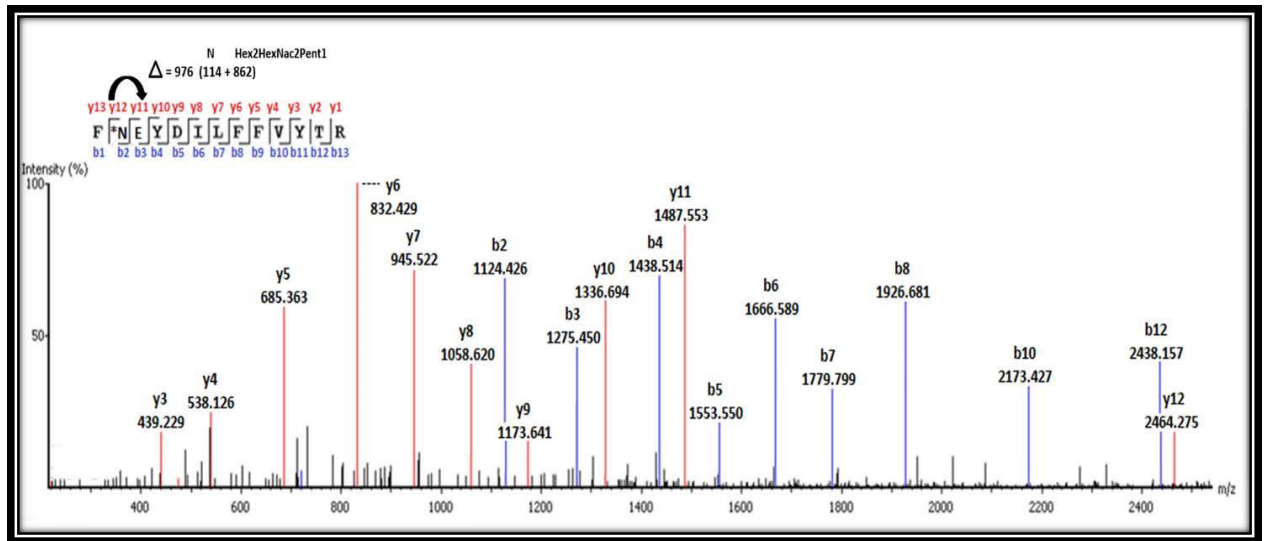
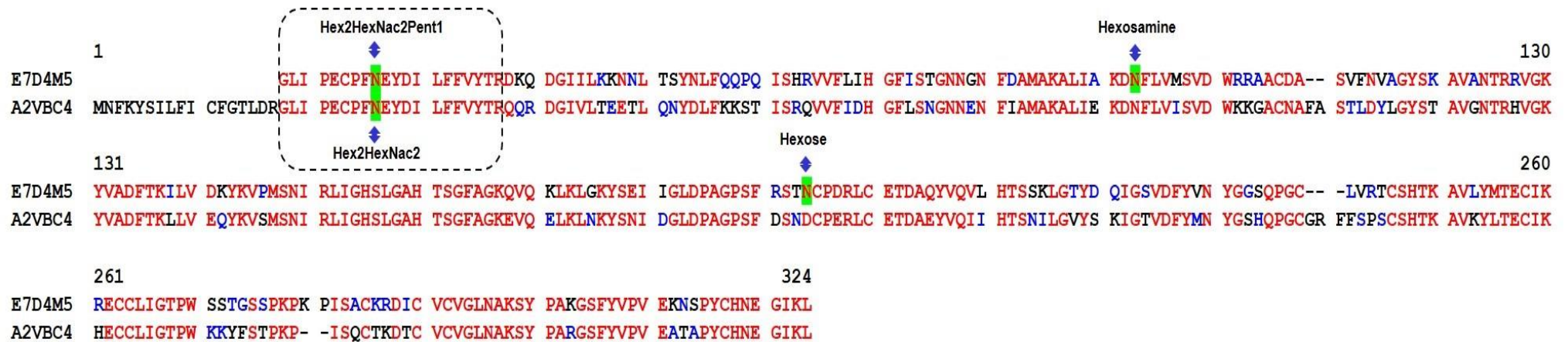


Figura 10. Espectro CID representativo do peptídeo triptico FN*EYDILFFVYTR, selecionando-se o íon m/z 871.0599 $[M + 3H]^{3+}$, como precursor; e mostrando o sítio de N-glicosilação Hex2HexNac2Pent1 ($\Delta = +862.31$ Da), observado na proteína fosfolipase A1, código de acesso Uniprot E7D4M5, do veneno de *P. paulista*. O resíduo de ácido glutâmico (E) também apresenta um acréscimo de massa ($\Delta = +21.98$ Da), caracterizando a presença de um aducto de sódio. Os picos correspondentes aos íons-fragmentos do tipo -y foram representados em vermelho, enquanto que aqueles correspondentes ao tipo -b foram representados em azul.



Podemos observar que as duas proteoformas de fosfolipases A1, com diferentes códigos de acesso, apresentaram diferentes tipos de N-glicosilação para o mesmo resíduo de asparagina posicionado no mesmo fragmento de aminoácidos, conforme mostrado na figura 11 do alinhamento entre as duas proteoformas. Sendo assim, podemos sugerir que os diferentes tipos de carboidratos N-ligados presentes para as duas proteoformas podem proporcionar diferentes propriedades estruturais e funcionais para essas proteínas dentro da glândula de veneno; e/ ou no momento em que o veneno é inoculado na vítima, devido a ferroadada por *P. paulista*.

Figura 11. Alinhamento entre as sequências das duas proteoformas de fosfolipases A1 (códigos de acesso E7D4M5 e A2VBC4) do veneno de *P. paulista*, destacando a posição dos diferentes tipos de N-glicosilação (assinalados em verde) detectados nas duas proteoformas; e a ocorrência de diferentes tipos de carboidratos N-ligados para o mesmo resíduo de asparagina, posicionado no mesmo fragmento de aminoácidos (quadrado pontilhado). Vermelho - região altamente conservada; azul - região de baixa conservação.



Como podemos notar, o veneno de *P. paulista* apresenta uma fração protéica N-glicosilada de proteínas típicas de veneno bem diversificada. A glicosilação tem sido descrita como uma das PTMs mais importantes em proteínas de venenos de Hymenoptera, contribuindo para atividades biológicas, imunogenicidade, solubilidade, adesão, estabilidade, interação célula-célula e resistência às proteases, crescimento e diferenciação celular, além de contribuir na diversificação das funções das toxinas (STEINBERG et al., 2001; SPIRO, 2002; BAAS, 2011); e dessa forma aumentar a complexidade do veneno. Muitos estudos tem demonstrado que tanto a N- quanto a O-glicosilação são importantes na interação dos epítomos com a IgE humana; sendo evidente que a glicosilação α -1,3-fucose (CCDs - *cross-reactive carbohydrate determinants*) é uma das modificações mais importantes de resposta à IgE em pacientes alérgicos (FOTISCH et al., 2001). Porém, como já mencionado anteriormente, o veneno da vespa *P. paulista* não apresenta CCDs (PEREZ-RIVEROL et al., 2018). Dessa forma, podemos sugerir que o significado biológico dos diversos tipos de N-glicosilação nas proteínas do veneno de *P. paulista* pode ser bem amplo, atuando em rotas distintas, tanto no aumento da estabilidade do dobramento das glicoproteínas quanto na prevenção da interação das toxinas glicosiladas com o sistema imune da vítima; e que a glicosilação de uma fração protéica do veneno poderia então, proporcionar uma novidade evolutiva para a adaptação do veneno em lidar com diferentes inibidores presentes em diferentes tipos de presas. Além de outras funções, os carboidratos podem proteger as glicoproteínas contra a desnaturação térmica e digestão enzimática. Isto sugere que a glicosilação, durante a biossíntese de proteínas, pode estar envolvida na formação e conservação de estruturas secundárias das proteínas conduzindo o dobramento da cadeia de aminoácidos; e assim desempenhar uma importante função na conservação da atividade biológica e capacidade de interação das glicoproteínas com a IgE (FOTISCH et al., 2001).

Os nossos resultados também demonstram uma grande quantidade de proteínas não caracterizadas (Tabela A7) presentes no veneno de *P. paulista*, que apresentam algum tipo de carboidrato N-ligado em suas sequências, sugerindo que esse veneno pode apresentar uma composição ainda mais

complexa, contendo proteínas que apresentam funções desconhecidas dentro da glândula de veneno, ou até mesmo depois que são excretadas. Como exemplo, as figuras 12 e 13 mostram dois espectros de massas representativos obtidos para as modificações de N-glicosilação: Hexose ($\Delta = +162.05$ Da) e Hex1HexNac2 ($\Delta = +568.21$ Da), respectivamente, detectadas em duas proteoformas de proteínas não caracterizadas presentes no veneno de *P. paulista*.

Figura 12. Espectro CID representativo do peptídeo triptico GN*LLGTRLDN*PEK, selecionando-se o íon m/z 875.8884 $[M + 2H]^{2+}$, como precursor; e mostrando os dois sítios de N-glicosilação Hexose ($\Delta = +162.05$ Da), observados na proteína não caracterizada (código de acesso XP_011309886.1) identificada no veneno de *P. paulista*. Os picos correspondentes aos íons-fragmentos do tipo -y foram representados em vermelho, enquanto que aqueles correspondentes ao tipo -b foram representados em azul.

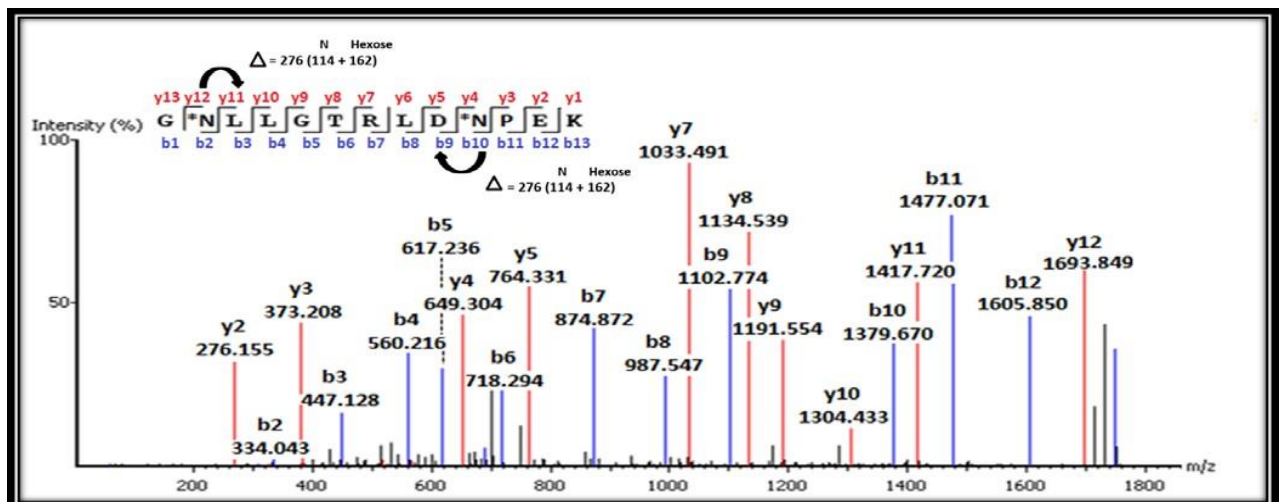
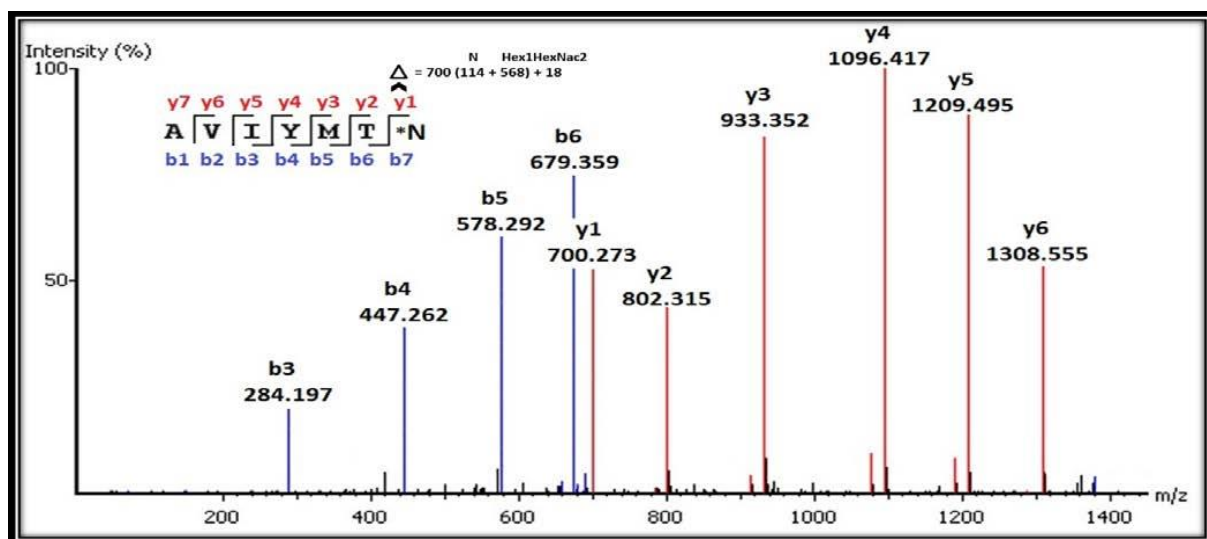


Figura 13. Espectro CID representativo do peptídeo triptico AVIYMTN*, selecionando-se o íon m/z 690.3064 $[M + 2H]^{2+}$, como precursor; e mostrando o sítio de N-glicosilação Hex1HexNac2 ($\Delta = +568.21$ Da), observado na proteína não caracterizada (código de acesso XP_011171526.1) identificada no veneno de *P. paulista*. Os picos correspondentes aos íons-fragmentos do tipo -y foram representados em vermelho, enquanto que aqueles correspondentes ao tipo -b foram representados em azul.



Além dos resultados mencionados e já discutidos anteriormente, também foi possível obter resultados de 36 sequências peptídicas, presentes no veneno de *P. paulista* que não apresentaram resultados de identificação com proteínas depositadas nos bancos de dados. Essas sequências foram obtidas utilizando da abordagem de sequenciamento *de novo* através do software Peaks studio 7 (complete software for proteomics and PTMs), e apresentam diferentes tipos de modificação de N-glicosilação como Hex1HexNac1dHex1 ($\Delta = +511.19$ Da); Hex1HexNac1NeuAc1 ($\Delta = +656.23$ Da); HexNac2 ($\Delta = +406.16$ Da); HexNac2dHex2 ($\Delta = +698.27$ Da); Hexose ($\Delta = +162.05$ Da); e Hexosamine ($\Delta = +161.07$ Da). Esse resultado está demonstrado na tabela 4; e as figuras 14, 15, 16 e 17 mostram espectros de massas representativos obtidos para as modificações N-glicosiladas Hexose ($\Delta = +162.05$ Da) e Hexosamine ($\Delta = +161.07$ Da), detectadas em diferentes sequências peptídicas presentes no veneno de *P. paulista*.

Tabela 4. Sequências peptídicas destacando os diferentes tipos de modificação de N-glicosilação detectados nos fragmentos presentes no veneno de *P. paulista*. Essas sequências foram obtidas utilizando a abordagem de sequenciamento *De novo* através do software Peaks studio 7 (complete software for proteomics and PTMs). A tabela mostra as informações como sequência peptídica, Δ - acréscimo de valores de massas (Da) da PTM detectada nos fragmentos, valores de m/z observados, carga, RT - tempo de retenção, massa do peptídeo e o tipo de modificação de N-glicosilação detectada nos fragmentos. Valores de massas de PTMs podem ser encontrados em: <http://www.unimod.org> - Hex1HexNAc1dHex1 (Δ = +511.19 Da); Hex1HexNAc1NeuAc1 (Δ = +656.23 Da); HexNAc2 (Δ = +406.16 Da); HexNAc2dHex2 (Δ = +698.27 Da); Hexose (Δ = +162.05 Da); Hexosamine (Δ = +161.07 Da); Carbamidometilação (Δ = +57.02 Da); Oxidação da metionina (Δ = +15.99 Da).

Sequência peptídica / Δ Massa PTM (Da)	m/z (carga)	RT	Massa do peptídeo	Tipo de modificação de N-glicosilação detectada no fragmento
N(+511.19)MGC(+57.02)VLLAWFK	617.3308 (+3)	19.70	1.848,8525	Hex1HexNAc1dHex1
N(+656.23)PFAVHWK	552.3512 (+3)	22.64	1.653,7410	Hex1HexNAc1NeuAc1
GN(+406.16)HM(+15.99)YVGGYGGSTVSGPLK	811.0488 (+3)	18.63	2.430,1008	HexNAc2
N(+698.27)VLYLLDC(+57.02)LDHDR	782.0594 (+3)	26.74	2.343,0674	HexNAc2dHex2
N(+161.07)VPVM(+15.99)K(+161.07)	1025.5269 (+1)	13.42	1.024,5110	Hexosamine
N(+161.07)VPVYC(+57.02)R	1068.5315 (+1)	16.20	1.067,5068	Hexosamine
QLAMVN(+161.07)QGPR	637.8389 (+1)	12.60	1.273,6448	Hexosamine
EDSLGVC(+57.02)PN(+161.07)PR	702.8536 (+2)	11.93	1.403,6350	Hexosamine
T(+161.07)LYESELGN(+161.07)SR	795.9014 (+2)	17.30	1.589,7419	Hexosamine
RLGHSSGPVVN(+161.07)RR	532.6121 (+3)	14.43	1.594,8652	Hexosamine
DC(+57.02)LLGQGAELM(+15.99)LLN(+161.07)R	940.4749 (+2)	15.72	1.878,9180	Hexosamine
SFMDSLFEGYC(+57.02)RN(+161.07)GR	667.3138 (+3)	16.48	1.998,8564	Hexosamine
HHLN(+161.07)QDGEVLVDK(+161.07)SLR	1042.0020 (+2)	17.78	2.082,0339	Hexosamine
MHN(+161.07)MQAHLLEYC(+57.02)VAPLC(+57.02)R	1138.0090 (+2)	21.20	2.274,0530	Hexosamine
LQDVELN(+161.07)AAAVQEALMQQR	806.0714 (+3)	20.13	2.415,2063	Hexosamine
APDLLC(+57.02)N(+161.07)LGLLDGGGM(+15.99)FVMK(+161.07)	820.3955 (+3)	24.92	2.458,1792	Hexosamine
VMC(+57.02)GPESLYGGYFDVSGLMN(+161.07)PR	1355.1160 (+2)	21.90	2.708,2283	Hexosamine
LVRN(+162.05)RDVK	581.3108 (+2)	14.15	1.160,6514	Hexose
N(+162.05)VTRTTEPK	604.3653 (+2)	21.10	1.206,6091	Hexose
AVN(+162.05)MTEC(+57.02)LK	614.3050 (+2)	14.67	1.226,5522	Hexose
LGN(+162.05)MTEC(+57.02)LK	614.3044 (+2)	14.74	1.226,5522	Hexose
LGN(+162.05)MTETATK	614.2995 (+2)	14.95	1.226,5701	Hexose
GM(+15.99)WVADAVN(+162.05)K	634.8796 (+2)	20.92	1.267,5754	Hexose
VAN(+162.05)MTC(+57.02)WHAK	690.3081 (+2)	15.84	1.378,6008	Hexose
AVN(+162.05)MTEAATWK	692.3597 (+2)	13.00	1.382,6387	Hexose
AVN(+162.05)MTEGAPGFK	692.3583 (+2)	12.86	1.382,6387	Hexose
AVN(+162.05)MTEC(+57.02)KLR	461.9047 (+3)	12.95	1.382,6533	Hexose
LLQAQTWKLN(+162.05)K	752.8917 (+2)	15.62	1.503,8296	Hexose
N(+162.05)RMGTPPAMTRR	775.4796 (+2)	22.34	1.548,7500	Hexose
MQPLTEQLAN(+162.05)K	782.3788 (+2)	18.08	1.562,7498	Hexose
LLVDN(+162.05)LLMQADR	559.3215 (+3)	13.34	1.674,8862	Hexose
LLVDN(+162.05)LLMWQR	559.3215 (+3)	13.46	1.674,9014	Hexose
LLVDN(+162.05)LLMLQTK	559.3206 (+3)	13.25	1.674,9478	Hexose
N(+162.05)GLLGTPVHGELPER	875.8835 (+2)	17.09	1.749,8896	Hexose
N(+162.05)JEQEQDGELVDN(+162.05)RGR	1042.0020 (+2)	17.78	2.081,8984	Hexose

KMLMLQDTLTGGGGGGN(+162.05)TDVR	761.7303 (+3)	18.45	2.282,0881	Hexose
--------------------------------	---------------	-------	------------	--------

Figura 14. Espectro CID representativo do peptídeo triptico LLQAQTTWKL^{N*}K, selecionando-se o íon m/z 752.8917 $[M + 2H]^{2+}$, como precursor; e mostrando o sítio de N-glicosilação Hexose ($\Delta = +162.05$ Da), observado na sequência peptídica presente no veneno de *P. paulista*. Os picos correspondentes aos íons-fragmentos do tipo -y foram representados em vermelho, enquanto que aqueles correspondentes ao tipo -b foram representados em azul.

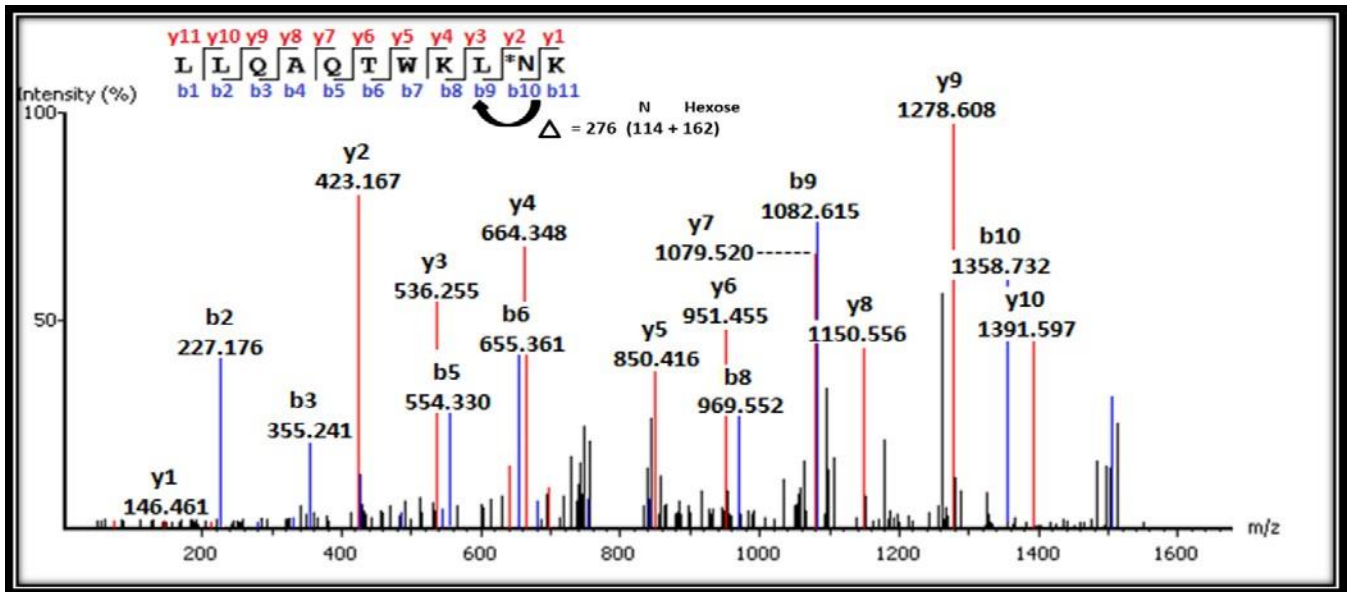
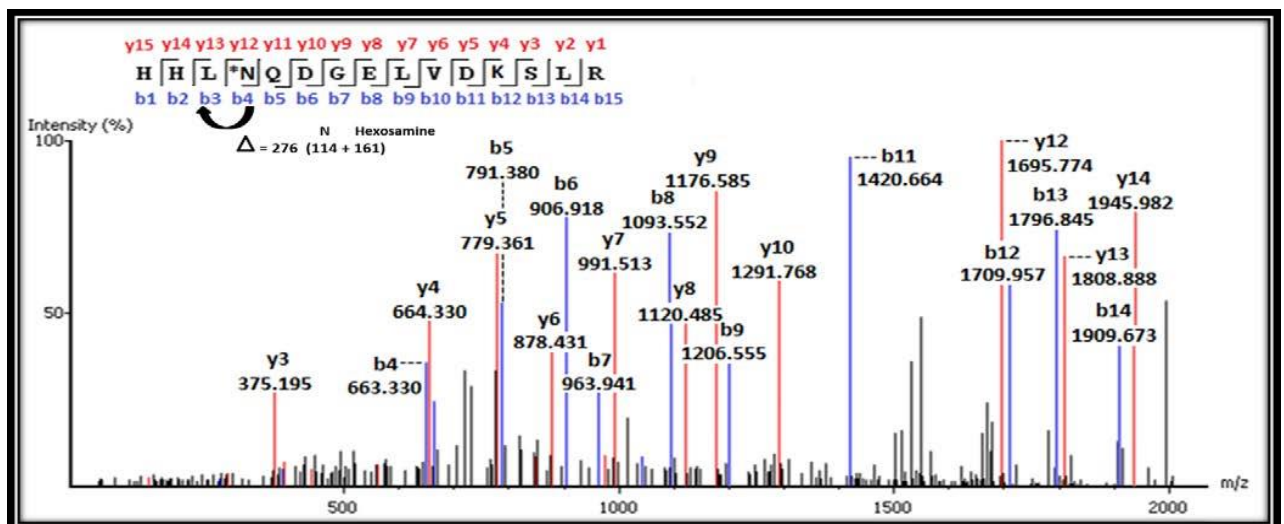
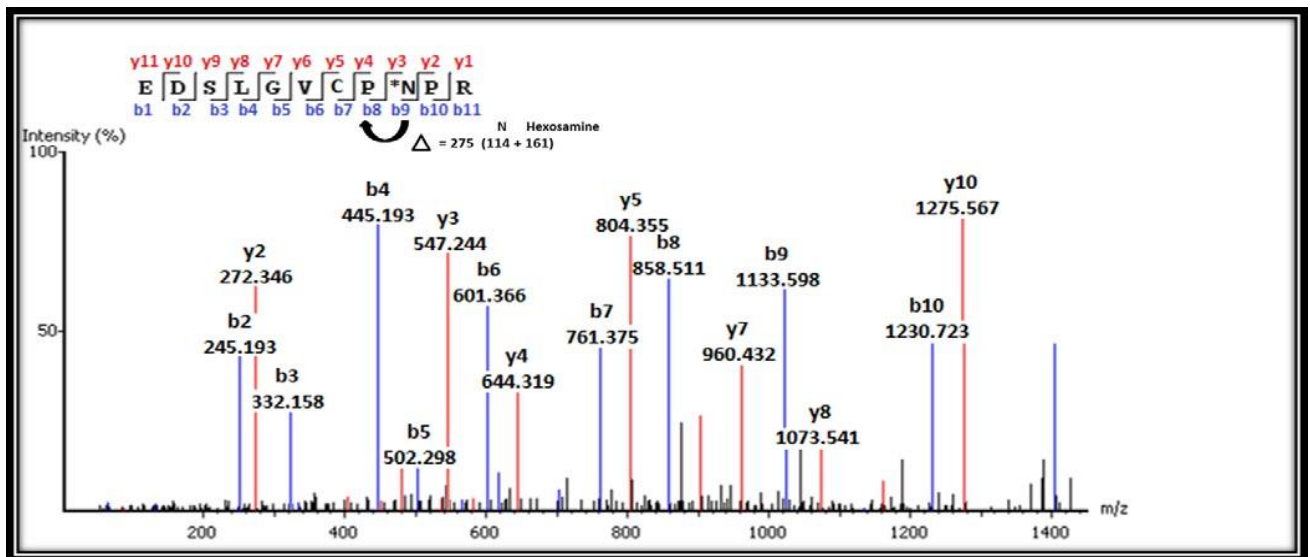


Figura 15. Espectro CID representativo do peptídeo triptico HHL^{N*}QDGELVDKSLR, selecionando-se o íon m/z 1042.0020 $[M + 2H]^{2+}$, como precursor; e mostrando o sítio de N-glicosilação Hexosamine ($\Delta = +161.07$ Da), observado na sequência peptídica presente no veneno de *P. paulista*. O resíduo de lisina (K) também apresenta um acréscimo de massa ($\Delta = +161.07$), caracterizando a modificação Hexosamine. Os picos correspondentes aos íons-fragmentos do tipo -y foram representados em



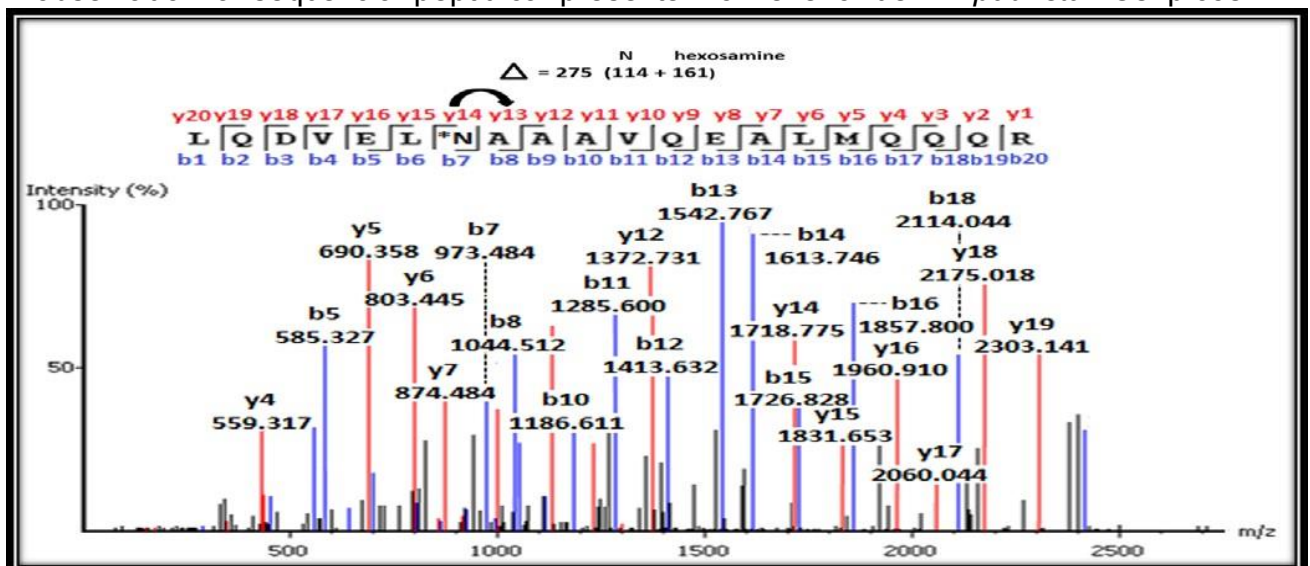
vermelho, enquanto que aqueles correspondentes ao tipo -b foram representados em azul.

Figura 16. Espectro CID representativo do peptídeo triptico EDSLGVCPN*PR, selecionando-se o íon m/z 702.8536 $[M + 2H]^{2+}$, como precursor; e mostrando o sítio de N-glicosilação Hexosamine ($\Delta = +161.07$ Da), observado na sequência peptídica presente no veneno de *P. paulista*. O resíduo de cisteína (C) também apresenta um acréscimo de massa ($\Delta = +57.02$ Da), caracterizando a modificação Carbamidometilação. Os picos correspondentes aos íons-fragmentos do tipo -y foram



representados em vermelho, enquanto que aqueles correspondentes ao tipo -b foram representados em azul.

Figura 17. Espectro CID representativo do peptídeo triptico LQDVELN*AAVQEALMQQQR, selecionando-se o íon m/z 806.0714 $[M + 3H]^{3+}$, como precursor; e mostrando o sítio de N-glicosilação Hexosamine ($\Delta = +161.07$ Da), observado na sequência peptídica presente no veneno de *P. paulista*. Os picos



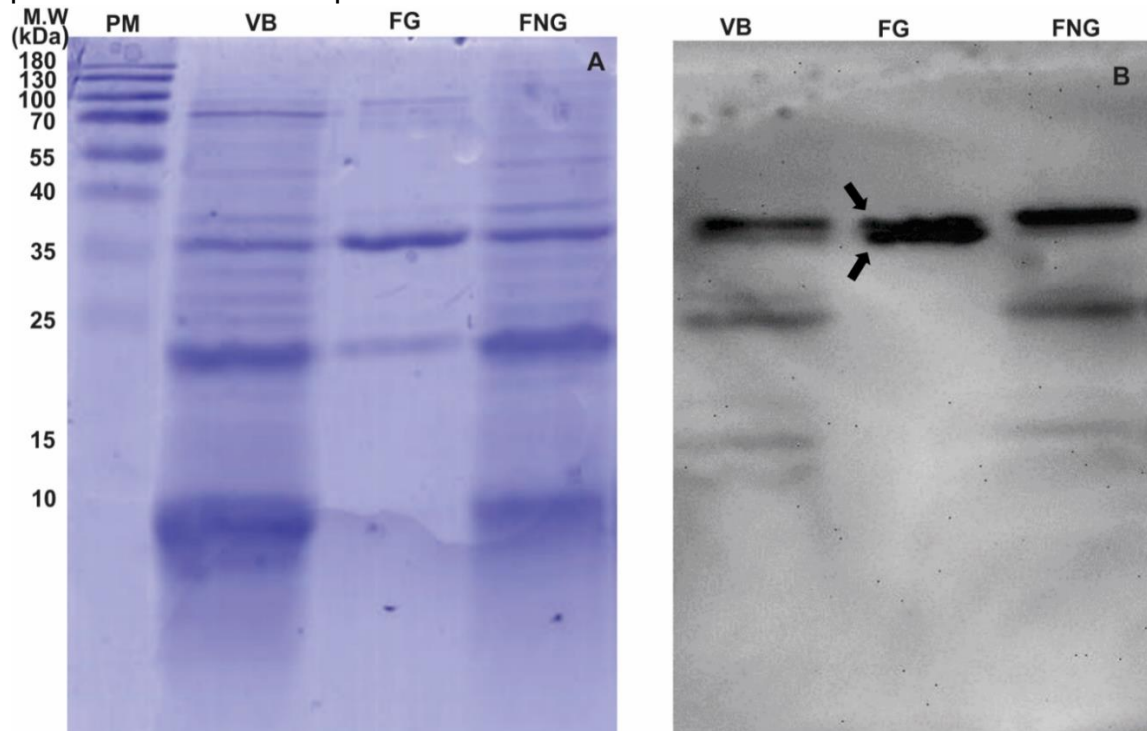
correspondentes aos ionsfragmentos do tipo -y foram representados em vermelho, enquanto que aqueles correspondentes ao tipo -b foram representados em azul.

A grande maioria dessas sequências peptídicas possivelmente podem ter se originado das proteínas “não caracterizadas”, discutidas anteriormente (Tabela A7), uma vez que se trata de fragmentos oriundos de digestão enzimática. Essas sequências peptídicas N-glicosiladas, obtidas utilizando da abordagem de sequenciamento de *novo*, demonstram que o veneno de *P. paulista* também pode apresentar peptídeos glicosilados com função tóxica ou alergênica envolvidos no mecanismo de envenenamento, causado pela ferroadada dessa vespa. Porém, como já mencionado, podem ser sequências peptídicas oriundas de digestão enzimática, ou seja, não são peptídeos naturais / intactos do veneno.

4.3. Ensaio imunoenzimático -Western Blotting

Considerando a presença de muitas proteínas típicas de veneno, relacionadas com a alergenicidade do veneno da vespa *P. paulista*, o perfil glicoproteômico obtido a partir do enriquecimento do veneno da vespa *P. paulista*, demonstrado no gel unidimensional (1-DE) (Figura 19A), também foi submetido a um immunoblotting utilizando o soro de pacientes sensíveis ao veneno de *P. paulista* (Figura 19B).

Figura 19. **A** - Perfil 1-DE representativo do veneno da vespa *P. paulista* com as frações do Veneno Bruto (VB), Fração N-glicosilada (FG) e Fração não-glicosilada (FNG); **B** - Immunoblotting com o soro de pacientes sensíveis ao veneno de *P. paulista*, revelando as bandas de proteínas que foram reconhecidas por IgE específica. As setas estão indicando a presença das duas bandas de proteoformas de fosfolipase A1.



O resultado apresentado na figura 19A, mostra o perfil de proteínas do veneno bruto (VB) anterior ao processo de enriquecimento de glicoproteínas, bem como o perfil das proteínas enriquecidas- fração N-glicosilada (FG) do veneno, e também o perfil das proteínas da fração não glicosilada (FNG). Na figura 19B, podemos observar a imunoreatividade de diversas bandas presentes no veneno bruto (VB); assim, como também duas bandas de elevada intensidade, presentes na fração N-glicosilada (FG), que correspondem a duas proteoformas de fosfolipase A1, com valores de massas bem próximas entre si, e em torno de ~35 kDa. Sendo o ensaio de immunoblotting, um método de quimioluminescência bem mais sensível do que a coloração por comassie, esse mesmo resultado mostrando a presença das duas proteoformas não fica evidente no gel (Figura 19A). Também podemos observar a presença de diversas bandas imunorreativas presentes na fração não glicosilada (FNG). E ainda, podemos notar que na fração

FNG, não fica evidente a presença de duas bandas em torno de ~35 kDa, sendo assim podemos sugerir que a FNG não apresenta uma segunda banda, com menor valor de massa, de proteoforma de fosfolipase A1 não glicosilada que seja imunorreativa. Esse padrão de imunorreatividade, com a presença de duas bandas de proteoformas de fosfolipases A1 com valores de massas bem próximos, também foi demonstrado nos estudos de Perez-Riverol e colaboradores (2018), com o veneno de *P. paulista*.

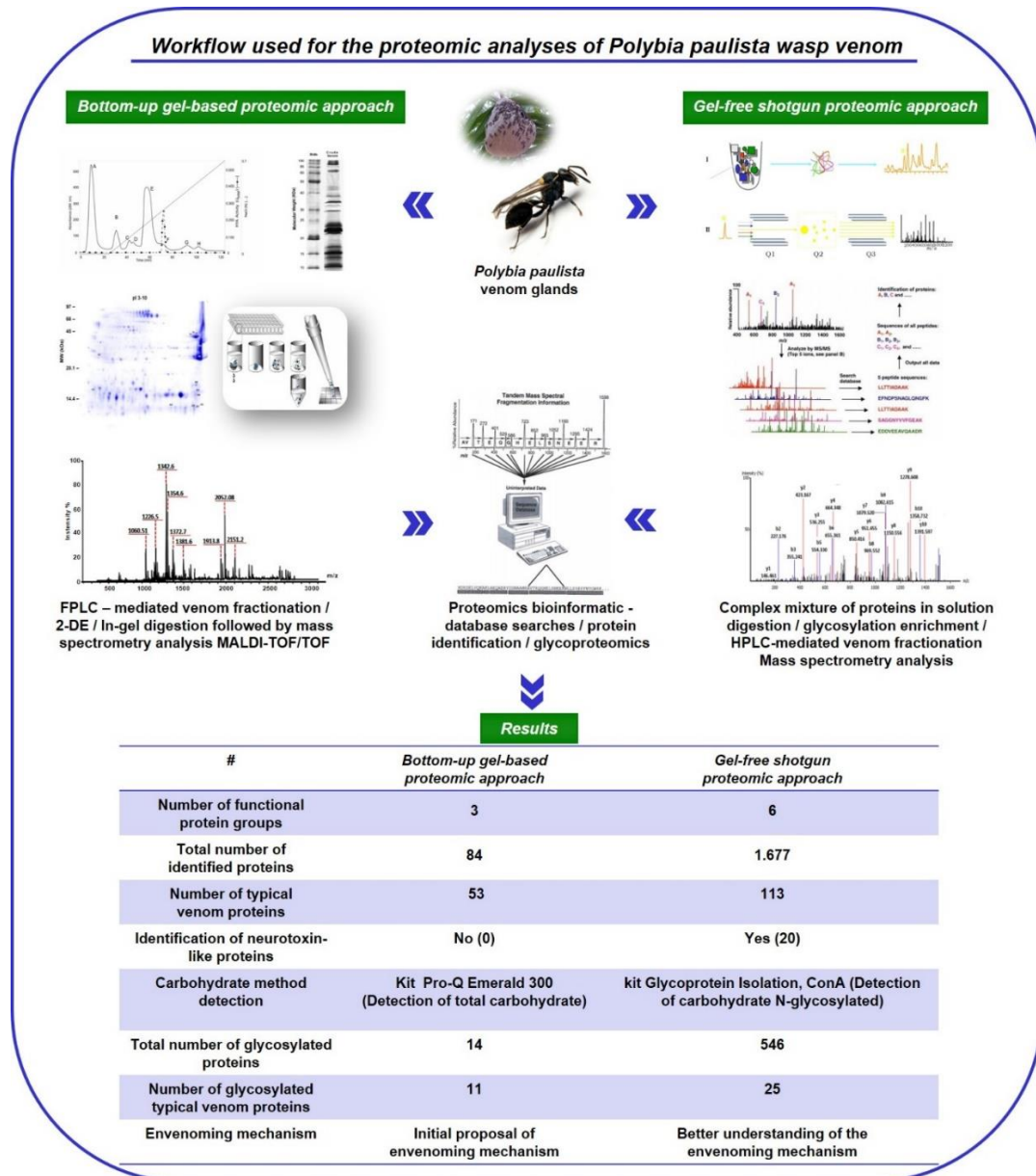
Podemos notar que nos nossos resultados, demonstrados na tabela 3, ocorreu a identificação de diversas proteoformas de fosfolipases com MW entre 33-39 kDa, presentes nos mais diferentes gêneros de vespas. Uma vez que, essas proteínas foram caracterizadas e sequenciadas, as mesmas foram depositadas nos bancos de dados, apresentando um valor de massa teórico obtido, sem considerar valores de massas de possíveis modificações pós-traducionais como glicosilação, hidroxilação, fosforilação e outras modificações. Dessa forma, as bandas presentes na fração N-glicosilada (Figura 19B), que se mostrou imunorreativa, são proteoformas de fosfolipase A1 N-glicosiladas com diferentes valores de massas; e assim, no gel estão sendo apresentadas com ~35 kDa.

A presença de proteoformas de fosfolipase A1 glicosiladas na amostra estudada, corrobora com os resultados prévios evidenciados por Santos e colaboradores (2010 e 2011), com o veneno bruto de *P. paulista*. Os dados apresentados pelo immunoblotting (Figura 19 B) relatam a imunorreatividade existente tanto entre proteoformas N-glicosiladas bem como, entre as Não-glicosiladas de fosfolipase A1 com IgE específica, presente em soros de pacientes sensíveis ao veneno da vespa *P. paulista*, o que confirma o enorme potencial alergênico dessa proteína (SANTOS et al., 2010; PEREZ-RIVEROL et al., 2018).

5. Conclusão

Com os resultados obtidos foi possível levantarmos algumas considerações com relação a abordagem proteômica *gel-free shotgun*, utilizada no presente estudo, em comparação com a abordagem proteômica *bottom-up gel-based*, utilizada nos estudos de Santos e colaboradores (2010), também com o veneno de *P. paulista*. A comparação entre as duas abordagens e os resultados obtidos estão demonstrados no esquema ilustrado na figura 20.

Figura 20. Esquema representativo comparando as abordagens proteômicas *bottom-up gel-based* e *gel-free shotgun* nos estudos do veneno de *P. paulista*. Em destaque, os resultados obtidos com o uso das duas diferentes abordagens.



contra o estresse oxidativo; (IV) proteínas relacionadas com a comunicação química; (V) proteínas *housekeeping*; e (VI) proteínas não caracterizadas. Um total de 113 proteínas foram identificadas e incluídas no grupo de proteínas tóxicas do veneno. E ainda, no presente estudo foram identificadas um total de 20 proteínas semelhantes a neurotoxinas, isoladas e caracterizadas originalmente em outros venenos animais. Essas proteínas não foram identificadas nos estudos de Santos e colaboradores (2010), e no presente estudo estão sendo descritas pela primeira vez no veneno de uma vespa social, uma vez que são muito características de venenos de predadores solitários como escorpiões, aranhas e vespas solitárias.

Com relação ao perfil glicoproteômico do veneno, nos resultados de Santos e colaboradores (2010), utilizando o kit Pro-Q Emerald 300 glycoprotein gel (GE Healthcare) para detecção de carboidratos totais, 14 proteínas mostraram-se glicosiladas: antígeno 5, fosfolipase A2, fosfolipase A1, proteína semelhante a zinco metaloproteinase-desintegrina, serino proteinase, VEGF e alfa-glucosidase, consideradas proteínas tóxicas do veneno; e as proteínas *housekeeping* apolipoproteína B-100, proteínas de membrana e N-acetilglucosamina-1-fosfato. Já no presente estudo, utilizando o kit Glycoprotein Isolation, ConA (Thermo Scientific™), 546 proteínas mostraram-se N-glicosiladas sendo que 25 são proteínas tóxicas do veneno. E ainda, no presente estudo, das 14 proteínas relatadas por Santos e colaboradores (2010), somente a fosfolipase A1, mostrou-se glicosilada. Importante mencionar que o método utilizado no presente estudo é específico para o enriquecimento de proteínas N-glicosiladas, em que a resina ConA lectina preferencialmente apresenta uma afinidade seletiva para o grupo de carboidratos de manose e seus derivados, e em menor proporção para os resíduos terminais de glicose.

Como podemos notar, muitas proteínas e peptídeos, incluindo os glicosilados, identificados no presente estudo, não foram identificados nos estudos de Santos e colaboradores (2010), devido às limitações técnicas da abordagem utilizada, durante o período em que o estudo foi realizado. Os resultados de Santos e colaboradores (2010), demonstraram que somente as proteínas mais abundantes foram identificadas, enquanto que as proteínas

menos abundantes, e também aquelas apresentando menores valores de massas deixaram de ser detectadas.

Utilizando a abordagem proteômica *gel-free shotgun* foi possível aumentarmos o número de identificações de proteínas, e até mesmo a identificação de neurotoxinas presentes no veneno; até então nunca relatadas antes em venenos de vespas sociais, a presença dessas neurotoxinas é um indicativo de que a neurotoxicidade deve ser considerada no mecanismo de envenenamento ocasionado pela ferroada de *P. paulista*. Além disso, o uso dessa abordagem possibilitou a utilização de um método de enriquecimento de glicosilação, permitindo assim, a análise e identificação de proteínas e peptídeos glicosilados presentes no veneno. Fazendo-se uma generalização, as modificações mais encontradas com essa estratégia no presente trabalho, foram os tipos de glicosilações: Hex₁₋₃HexNac₂, Hexose, e Hexosamina.

Sendo assim, no presente trabalho apresentamos resultados e informações das propriedades bioquímicas e imunológicas do veneno da vespa *P. paulista*, possibilitando uma melhor compreensão dos componentes moleculares do veneno que possam apresentar um grande potencial em aplicações farmacológicas; e também uma melhor compreensão sobre o mecanismo geral de envenenamento ocasionado pela ferroada de *P. paulista*.

6. Referências Bibliográficas

AGYEI, D.; DANQUAH, M.K. Industrial-scale manufacturing of pharmaceuticalgrade bioactive peptides. *Biotechnol. Adv.*, 2011; 29, 272–277.

AIRD, S.D. Snake venom dipeptidyl peptidase IV: Taxonomic distribution and quantitative variation. *Comparative Biochemistry and Physiology - B Biochemistry and Molecular Biology*, 2008; 150, 222–228.

ANDERSON, P.D. & BOKOR, G. Conotoxins: Potencial weapons from the sea. *J. Bioterr. Biodef*, 2012; 3, 2-4.

ANDRADE-SILVA, D.; et al. Proteomic and Glycoproteomic Profilings Reveal That Posttranslational Modifications of Toxins Contribute to Venom Phenotype in Snakes. *J. Proteome Res.* 2016, 15, 2658–2675.

ARCURI, H. A., et al. Paulistine-The Functional Duality of a Wasp Venom Peptide Toxin. *Toxins* 2016, 8(3), 61.

ARJUNWADKAR, A. V., and S. R. R. Reddy. Characterization and distribution of arginine kinase in the tissues of the scorpion, *Palamneus phipsoni*. *Can. J. Zool.* 1985; 63: 2262- 2266.

BAAS S., SHARROW M., KOTU V., MIDDLETON M., NGUYEN K., FLANAGAN-STEET H., et al. (2011). Sugarfree frosting, a homolog of SAD kinase, drives neural-specific glycan expression in the *Drosophila* embryo. *Development* 138, 553–563.

BAE, N., LI, L., LÖDL M., LUBEC G. Peptide toxin glacontryphan-M is present in the wings of the butterfly *Hebomoia glaucippe* (Linnaeus, 1758) (Lepidoptera: Pieridae). *Proc Natl Acad Sci USA*, 2012; 109, 17920-17924.

BAMDAD, F.; WU, J.; CHEN, L. Effects of enzymatic hydrolysis on molecular structure and antioxidant activity of barley hordein. *J. Cereal Sci.*, 2011; 54, 20-28.

BAPTISTA-SAIDEMBERG, N. B. Efeito das interações peptídeo-peptídeo e peptídeo-membrana nas atividades funcionais de toxinas peptídicas do veneno da vespa social *Agelaia pallipes pallipes* (Hymenoptera, Vespidae), 2007.

BAZON M.L, PEREZ-RIVEROL A, DOS SANTOS-PINTO J.R.A, FERNANDES L.G.R, LASA A.M, JUSTO JACOMINI D.L, PALMA M.S, ZOLLNER R.L, BROCHETTO-BRAGA M.R. Heterologous Expression, Purification and Immunoreactivity of the Antigen 5 from *Polybia paulista* Wasp Venom. *Toxins* 2017, 9(9), 259.

BIE Z.J, CHEN Y., LI H.Y., WU R.H., LIU Z. Off-line hyphenation of boronate affinity monolith-based extraction with matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry for efficient analysis of glycoproteins/glycopeptides, *Anal. Chim. Acta*, 834 (2014), pp. 1–8

BILÒ, M.B. Anaphylaxis caused by Hymenoptera stings: From epidemiology to treatment. *Allergy* 2011, 66, 35-37.

BILÒ, M.B., BONIFAZI, F. The natural history and epidemiology of insect venom allergy: Clinical implications. *Clin. Exp. Allergy* 2009, 39, 1467-1476.

BINFORD, G.J., BODNER, M.R., CORDES, M.H., BALDWIN, K.L., RYNERSON, M.R., BURNS, S.N., ZOBELTHROPP, P.A. Molecular evolution, functional variation, and proposed nomenclature of the gene family that includes sphingomyelinase D in sicariid spider venoms. *Mol Biol Evol.*, 2009; 26, 547566.

BLANK S., SEISMANN H., BOCKISCH B., BRAREN I., BREDEHORST R., ET AL. (2008) Identification and recombinant expression of a novel IgE-reactive 70 kDa carboxylesterase from *Apis mellifera* venom. Disponível em: <http://www.uniprot.org/uniprot/B2D0J5> Acessado em 30 Janeiro de 2018.

BLANK S., SEISMANN H., BOCKISCH B., BRAREN I., CIFUENTES L., MCINTYRE M., RÜHL D., RING J., BREDEHORST R., OLLERT M.W., GRUNWALD T., SPILLNER E. Identification, recombinant expression, and characterization of the 100 kDa high molecular weight Hymenoptera venom allergens Api m 5 and Ves v 3. *J Immunol.* 2010, 184(9), 5403-13.

BLANK S., SEISMANN H., MCINTYRE M., OLLERT M., WOLF S., BANTLEON F.I., SPILLNER E. Vitellogenins are new high molecular weight components and allergens (Api m 12 and Ves v 6) of *Apis mellifera* and *Vespula vulgaris* venom. *PLoS One*, 2013, 8(4).

BOHLE, B., ZWÖLFER, B., FISCHER, G. F., SEPPÄLÄ, U., KINACIYAN, T., BOLWIG, C., et al. Characterization of the human T cell response to antigen 5 from *Vespula vulgaris* (Ves v 5). *Clinical & Experimental Allergy*, 2005; 35(3), 367-373.

BORJA, M., NERI-CASTRO, E., CASTAÑEDA-GAYTÁN, G., STRICKLAND, J. L., PARKINSON, C. L., CASTAÑEDAGAYTÁN, J., et al. Biological and Proteolytic Variation in the Venom of *Crotalus scutulatus scutulatus* from Mexico, *Toxins*, 2018; 10(1), 35.

BORODINA, I., JENSEN, B.M., WAGNER, T., HACHEM, M.A., SØNDERGAARD, I., LARS, K. Expression of Enzymatically Inactive Wasp Venom Phospholipase A1 in *Pichia pastoris*. *PLoS ONE* 6, 2011.

BOUZID, W., VERDENAUD, M., KLOPP, C., DUCANCEL, F., NOIROT, C., & VÉTILLARD, A. De Novo sequencing and transcriptome analysis for *Tetramorium bicarinatum*: a comprehensive venom gland transcriptome analysis from an ant species. *BMC genomics*, 2014; 15(1), 987.

BRADY RO, KANFER J, SHAPIRO D. The metabolism of glucocerebrosides i. Purification and properties of a glucocerebroside-cleaving enzyme from spleen tissue. *J Biol Chem.* 1965;240(1):39–43.

BRAND, G.D.; MAGALHÃES, M.T.Q.; TINOCO, M.L.P.; ARAGÃO, F.J.L.; NICOLI, J.; KELLY, S.M.; COOPER, A.; BLOCH, C. Probing Protein Sequences as Sources for Encrypted Antimicrobial Peptides. *PLoS ONE*, 2012; 7, 9.

BUTTERFIELD, D.A.; CASTEGNA, A.; POCERNICH, C.B.; DRAKE, J.; SCAPAGNINI, G.; CALABRESE, V. Nutritional approaches to combat oxidative stress in Alzheimer's disease. *J. Nutr. Biochem.*, 2002; 13, 444–461.

BYUN, H.G.; LEE, J.K.; PARK, H.G.; JEON, J.K.; KIM, S.K. Antioxidant peptides isolated from the marine rotifer, *Brachionus rotundiformis*. *Process. Biochem.*, 2009; v. 44, p. 842–846.

CALVELLO, M., GUERRA, N., BRANDAZZA, A., D'AMBROSIO, C., SCALONI, A., DANI, F. R., ET al. Soluble proteins of chemical communication in the social wasp *Polistes dominulus*. *Cellular and Molecular Life Sciences CMLS*, 2003; 60(9), 1933-1943.

CALVETE J.J., LOMONTE B., A bright future for integrative venomomics, *Toxicon*. 2015, 107, 159–162.

CALVETE, J.J., SANZ, L., PLA, D., LOMONTE, B., GUTIÉRREZ, J.M., 2014. Omics Meets Biology: Application to the Design and Preclinical Assessment of Antivenoms. *Toxins* 6, 3388-3405.

CASEWELL, N.R., WÜSTER, W., VONK, F.J., HARRISON, R.A., FRY, B.G. Complex cocktails: the evolutionary novelty of venoms. *Trends. Ecol. Evol.*, 2013; 28, 219-229.

CASTRO, F.F.M., PALMA, M.S. Alergia a venenos de insetos. Ed. Manole, Barueri-SP, 230 p., 2009.

CATTERALL, W. A. From ionic currents to molecular mechanisms: the structure and function of voltage-gated sodium channels. *Neuron*, 2000; 26(1), 13-25.

Characterization of the major allergens purified from the venom of the paper wasp *Polistes gallicus*. *Biochim Biophys Acta*. 2003;1623(2-3):72-81.

CHEN J., SHAH P., ZHANG H. Solid phase extraction of N-linked glycopeptides using hydrazide tip, *Anal. Chem.*, 85 (2013), pp. 10670–10674.

CHIBA S. Molecular mechanism in alpha-glucosidase and glucoamylase. *Biosci Biotechnol Biochem*. 1997;61(8):1233–1239.

CIFUENTES, L. et al. Identification of Hymenoptera venom - allergic patients with negative specific IgE to venom extract by using recombinant allergens. *J Allergy Clin Immunol*. 2014;133:909-10.

COSTA, H., & PALMA, M. S. Agelotoxin: a phospholipase A2 from the venom of the neotropical social wasp *cassununga* (*Agelaia pallipes pallipes*)(Hymenoptera-Vespidae). *Toxicon*, 2000; 38(10), 1367-1379.

DAVIS, J., JONES, A., LEWIS, R.J. Remarkable inter- and intra-species complexity of conotoxins revealed by LC/MS. *Peptides*, 2009; 30, 1222–12277.

DE GRAAF D.C., AERTS M., BRUNAIN M., DESJARDINS C.A., JACOBS F.J., WERREN J.H., DEVREESE B. Insights into the venom composition of the

ectoparasitoid wasp *Nasonia vitripennis* from bioinformatic and proteomic studies. *Insect Mol. Biol.* 2010, 19:11–26.

DENG, Y., YAN, H., GU, J., XU, J., WU, K., TU, Z., ... & CHEN, X. Molecular and functional characterization of odorant-binding protein genes in an invasive vector mosquito, *Aedes albopictus*. *PLoS One*, 2013; 8(7), e68836.

DIAS, N.B., DE SOUZA, B.M., GOMES, P.C., BRIGATTE, P., PALMA, M.S. Peptidome profiling of venom from the social wasp *Polybia paulista*. *Toxicon* 2015, 107, 290-303.

DOLEY, R., MACKESSY, S., MANJUNATHA, R.M. Role of accelerated segment switch in exons to alter targeting (ASSET) in the molecular evolution of snake venom proteins. *BMC Evol Biol.*, 2009; 9, 146.

DOS SANTOS PINTO, J. R., FOX, E. G., SAIDEMBERG, D. M., SANTOS, L. D., DA SILVA MENEGASSO, A. R., COSTA-MANSO, E., & PALMA, M. S. Proteomic view of the venom from the fire ant *Solenopsis invicta* Buren. *J. Proteome Res*, 2012; 11(9), 4643-4653.

DOS SANTOS, L. D., DA SILVA MENEGASSO, A. R., DOS SANTOS PINTO, J. R. A., SANTOS, K. S., CASTRO, F. M., KALIL, J. E., & PALMA, M. S. Proteomic characterization of the multiple forms of the PLAs from the venom of the social wasp *Polybia paulista*. *Proteomics*, 2011; 11(8), 1403-1412.

DOS SANTOS-PINTO, J.R.; GARCIA, A.M.; ARCURI, H.A.; ESTEVES, F.G.; SALLES, H.C.; LUBEC, G.; PALMA, M.S. Silkomics: Insight into the Silk Spinning Process of Spiders. *J. Proteome Res.*, 15(4), 1179-1193, 2016.

DOS SANTOS-PINTO, J.R.A., et al. B-cell linear epitopes mapping of antigen5 allergen from *Polybia paulista* wasp venom. *Journal of Allergy and Clinical Immunology*, 2015 135(1), 264.

DOS SANTOS-PINTO, J.R.A., et al. Using proteomic strategies for sequencing and post-translational modifications assignment of antigen5, a major allergen from the venom of the social wasp *Polybia paulista*. *Journal of proteome research* 2014, 13(2), 855-865.

DOTIMAS, E.M., HIDER, R.C. Honeybee venom. *Bee World*, Bucks, 1987, 68, 57-71.

DRABIK, A.; BODZON-KULAKOWSKA, A.; SUDER, P. Application of the ETD/PTR reactions in top-down proteomics as a faster alternative to bottom-up nanoLC-MS/MS protein identification. *J Mass Spectrom.* 47(10),1347-52, 2012.

ESCALANTE, T.; RUCAVADO, A.; FOX, J.W.; GUTIÉRREZ, J.M.; RICA, C. Key events in microvascular damage induced by snake venom hemorrhagic metalloproteinases. *J. Proteom*, 2011, 74, 1781– 1794.

ESTEVEZ, F. G., SANTOS-PINTO, J. R., SAIDEMBERG, D. M., & PALMA, M. S. Using a proteometabolomic approach to investigate the role of Dufour's gland in pheromone biosynthesis in the social wasp *Polybia paulista*. *Journal of proteomics*, 2017; 151, 122.

FARIOLI, L., LOSAPPIO, L. M., GIUFFRIDA, M. G., PRAVETTONI, V., MICARELLI, G., NICHELATTI, M., & BALOSSI, L. G. Mite-Induced Asthma and IgE Levels to Shrimp, Mite, Tropomyosin, Arginine Kinase, and Der p 10 Are the Most Relevant Risk Factors for Challenge-Proven Shrimp Allergy. *International archives of allergy and immunology*, 2007; 174.

FENG M, FANG Y, HAN B, XU X, FAN P, HAO Y, ET AL. In-depth N-Glycosylation reveals species-specific modifications and functions of the royal jelly protein from western (*Apis mellifera*) and eastern honeybees (*Apis cerana*). *J Proteome Res*. 2015; 14:5327-40.

FITZGERALD, K.T., FLOOD, A.A. Hymenoptera stings. *Clin. Tech. Small Anim. Pract.* 2006; 21, 194-204.

FOTISCH, K., VIETHS S. N- and O-linked oligosaccharides of allergenic glycoproteins. *Glycoconjugate J.* In press, 200 18(5), 373-90.

FRY, B.G., VIDAL, N., NORMAN, J.A. Early evolution of the venom system in lizards and snakes. *Nature*, 2006; 439, 584-588.

GALLAGHER, P.; YONGDE BAO, Y.; SERRANO, S. M. T.; LAING, G. D.; THEAKSTON, R. D.; GUTIERREZ, J. M.; ESCALANTE, T.; ZIGRINO, P.; MOURA-DA-SILVA, A. M.; NISCHT, R.; MAUCH, C.; MOSKALUK, C.; FOX, J. W. Role of the snake venom toxin jararhagin in proinflammatory pathogenesis: In vitro and in vivo gene expression analysis of the effects of the toxin. *Arch. Biochem. Biophys.* 2005; 441, 1– 15.

GALVÃO CES, WAI LK, SANTOS LD, MENDES MA, PALMA MS, CASTRO FFM, ET AL. Identification of the major allergens of the venom from the South American social wasp *Agelaia pallipes*. *J Allergy Clin Immunol.* 2006;117(2):S308.

GARB, J.E., HAYASHI, C.Y. Molecular evolution of α -Latrotoxin, the exceptionally potent vertebrate neurotoxin in black widow spider venom. *Mol. Biol. Evol.*, 2013 30, 999-1014.

GEKAS, V., & LOPEZ-LEIVA, M. Hydrolysis of lactose: a literature review. *Process biochemistry*, 1985; 20(1), 2-12.

GIBBS, G.M., ROELANTS, K., O'BRYAN, M.K. The CAP superfamily: cysteine-rich secretory proteins, antigen 5, and pathogenesis-related 1 proteins-roles in

reproduction, cancer, and immune defense. *Endocrine reviews*, 2008 29(7), 865-897.

GONG, H., ZHANG, B., LITTLE, G., KOVAR, J., CHEN, H., XIE, W., et al. M. β -Galactosidase activity assay using far-red-shifted fluorescent substrate DDAOG. *Analytical biochemistry*, 2009; 386(1), 59-64.

GORDON D, KARBAT I, ILAN N, COHEN L, KAHN R, GILLES N, DONG K, STÜHMER W, TYTGAT J, GUREVITZ M. The differential preference of scorpion alpha-toxins for insect or mammalian sodium channels: implications for improved insect control. *Toxicon*, 2007; 49:452–472.

GRAHAM, J. M. *The Hive and the Honey Bee*; Dadant & Sons: Hamiltin, IL, 1992.

GREMSKI, L.H.; DA SILVEIRA, R.B.; CHAIM, O.M.; PROBST, C.M.; FERRER, V.P.; NOWATZKI, J.; WEINSCHUTZ, H.C.; MADEIRA, H.M.; GREMSKI, W.; NADER, H.B.; et al. A novel expression profile of the *Loxosceles intermedia* spider venomous gland revealed by transcriptome analysis. *Mol. Biosyst.* 6, 2403-2416, 2010.

GRUNWALD, T.; BOCKISCH, B.; SPILLNER, E.; RING, J.; BREDEHORST, R.; OLLERT, M.W. Molecular cloning and expression in insect cells of honeybee venom allergen acid phosphatase (api m 3). *J. Allergy Clin. Immunol*, 2006; 117, 848–854.

GUTIÉRREZ J. M., OWNBY C. L. Skeletal muscle degeneration induced by venom phospholipases A₂: insights into the mechanisms of local and systemic myotoxicity. *Toxicon*. 2003;42(8):915– 931.

GUTIERREZ, J. M.; RUCAVADO, A. Snake venom metalloproteinases: Their role in the pathogenesis of local tissue damage. *Biochimie*, 2000; 82, 841–850.

HAAS, W., et al. Optimization and use of peptide mass measurement accuracy in shotgun proteomics. *Mol Cell Proteomics* 2006, 5(7),1326-37.

HABERMANN, E., NEUMAN, W.P. Reinigung der phospholipase A des bienengiftes. *Biochem., Moscow*, v.28, p.465-473, 1957.

HANCOCK, R. E., & DIAMOND, G. The role of cationic antimicrobial peptides in innate host defences. *Trends in microbiology*, 2000; 8(9), 402-410.

HANEY, R.A., AYOUB, N.A., CLARKE, T.H., HAYASHI, C.Y., GARB, J.E. Dramatic expansion of the black widow toxin arsenal uncovered by multi-tissue transcriptomics and venom proteomics. *BMC Genomics*, 2014; 15, 366.

HEADING, C.E. Conus peptides and neuroprotection. *Curr. Opin. Investig. Drugs* 2002, 3(6), 915-920.

HEAVNER, M. E., GUEGUEN, G., RAJWANI, R., PAGAN, P. E., SMALL, C., & GOVIND, S. Partial venom gland transcriptome of a *Drosophila* parasitoid wasp, *Leptopilina heterotoma*, reveals novel and shared bioactive profiles with stinging Hymenoptera. *Gene*, 2013; 526(2), 195-204.

HELENIUS, A., AEBI, M. Roles of N-linked glycans in the endoplasmic reticulum. *Annu. Rev. Biochem* 2004, 73, 1019-1049.

HEMMER, W., ET AL. *J. Allergy Clin. Immunol*, 2001, 108, 1045-1052.

HENRIKSEN, A., ET AL. Major venom allergen of yellow jackets, Ves v 5: Structural characterization of a pathogenesis-related protein superfamily. *Proteins: Struct. Funct. Bioinf.* 2001, 45, 438-448.

HOFFMAN, D.R. Hymenoptera venom allergens. *Clinical reviews in Allergy & Immunology* 2006, 30(2), 109-128.

HOU, M.H. et al. Crystal structure of vespid phospholipase A 1 reveals insights into the mechanism for cause of membrane dysfunction. *Insect. biochem. Mol. Biol.*, 2016, 68, 79-88.

INCORVAIA, C., MONTAGNI, M., RIDOLO, E. The efficiency of peptide immunotherapy for respiratory allergy. *Expert review of clinical pharmacology*, 2016 1-7.

JAKOB T., MULLER U., HELBLING A., SPILLNER E. Component Resolved Diagnostics for Hymenoptera Venom Allergu. *Curr Opin Allergy Clin Immunol*. 2017, 17(5), 363-372.

JE, J.Y.; PARK, P.J.; KIM, S.K. Antioxidant activity of a peptide isolated from alaska pollack (*Theragra chalcogramma*) frame protein hydrolysate. *Food Res.Int*, 2005; 38, 45–50.

JENG, K. C. G., LIU, M. T., WU, C. H., WONG, D. W., & LAN, J. L. American cockroach Cr-PI allergen induces lymphocyte proliferation and cytokine production in atopic patients. *Clinical & Experimental Allergy*, 1996; 26(3), 349-356.

JOHANSEN, P.G., MARSHALL, R.D., AND NEUBERGER, A. Carbohydrates in protein. The preparation and some of the properties of a glycopeptide from hen egg ovalbumin. *Biochem. J.*, 1961, 78, 518–527.

JOHNSON, H.; EYERS, C.E. Analysis of post-translational modifications by LC-MS/MS. *Methods Mol Biol*. 658,93-108, 2010.

JUSTO-JACOMINI, D.L., et al. Hyaluronidase from the venom of the social wasp *Polybia paulista* (Hymenoptera, Vespidae): cloning, structural modeling, purification, and immunological analysis. *Toxicon* 2013, 64, 70-80.

JUSTO-JACOMINI, D.L., et al. Reactivity of IgE to the allergen hyaluronidase from *Polybia paulista* (Hymenoptera, Vespidae) venom. *Toxicon* 2014, 82, 104-111.

KAMATH D.S,JOHNSTON B.E., IYER S., SCHAEFFER M.P., KOPLIN J., ALLEN K., LOPATA L.A. IgE reactivity to shrimp allergens in infants and their cross-reactivity to house dust mite. *Pediatric, Allergy and Immunology*, 2017.

KEMPARAJU K, GIRISH KS. Snake venom hyaluronidase: a therapeutic target. *Cell Biochem Funct.* 2006;24:7–12.

KING, T. P.; JIM, S. Y.; WITTKOWSKI, K. M. Inflammatory role of two venom components of yellow jackets (*Vespula vulgaris*): a mast cell degranulating peptide mastoparan and phospholipase A1. *Int. Arch. Allergy Immunol.* 2003; 13, 25– 32.

KÖHLER J., BLANK S., MÜLLER S., BANTLEON F., FRICK M., HUSS-MARP J., LIDHOLM J., SPILLNER E., JAKOB T. Component resolution reveals additional major allergens in patients with honeybee venom allergy. *J Allergy Clin Immunol.* 2014, 133(5), 1389-9.

KOLARICH, D., LÉONARD, R., HERMMER, W., ALTMANN, F., The N-glycans of yellow jacket venom hyaluronidases and the protein sequence of its major isoform in *Vespula vulgaris*. *The FEBS Journal*, Amsterdam 2005, 272, 5182-5190.

KOROŠEC, P., et al. High sensitivity of CAP-FEIA rVes v 5 and rVes v 1 for diagnosis of *Vespula* venom allergy. *J. Allergy Clin. Immunol.* 2012, 129, 1406-1408.

KOYA, S.; CRENSHAW, D.; AGARWAL, A. Rhabdomyolysis and acute renal failure after fire ant bites. *J. Gen. Intern. Med.* 2007; 22, 145– 147.

KREIL, G. Hyaluronidases - a group of neglected enzymes. *Protein Science*, 1995; 4(9), 1666-1669.

KRIEGER, M. J. B.; ROSS, K. G. Identification of a major gene regulating complex social behavior. *Science*, 2002; 295, 328– 332.

LARSEN M.R., JENSEN S.S., JAKOBSEN L.A., HEEGAARD N.H.H. Exploring the sialome using titanium dioxide chromatography and mass spectrometry, *Mol. Cell. Proteomics*, 6 (2007), pp. 1778–1787.

LARSEN, M.R.; TRELLE, M.B.; THINGHOLM, T.E. Analysis of posttranslational modifications of proteins by tandem mass spectrometry. *BioTechniques*, 40:790-798, 2006.

LEE, S.H., BAEK, J.H., YOON, K.A. Differential properties of venom peptides and proteins in solitary vs. social hunting wasps. *Toxins* 2016, 8(2), 32.

LI, C.H.; MATSUI, T.; MATSUMOTO, K.; YAMASAKI, R.; KAWASAKI, T. Latent production of angiotensin I-converting enzyme inhibitors from buckwheat protein. *J. Pept. Sci*, 2002; 8, 267–274.

LI, W., ZHAO, X., ZOU, S., MA, Y., ZHANG, K., & ZHANG, M. Scanning assay of β -galactosidase activity. *Applied biochemistry and microbiology*, 2011; 48(6), 603-607.

LOCHER, G.A, TOGNI, O. C., SILVEIRA, O. T., GIANNOTTI, E. The social wasp fauna of a riparian forest in southeastern Brazil (Hymenoptera, Vespidae). *Sociobiology* 2014, 61(2), 225-233.

LOCKWOOD, S.A., HAGHI POUR-PEASLEY, J., HOFFMAN, D.R., DESLIPPE, R.J. Identification, expression, and immuno-reactivity of Sol i 2 and Sol i 4 venom proteins of queen red imported fire ants, *Solenopsis invicta* Buren (Hymenoptera: Formicidae). *Toxicon* 2012, 60, 752-759.

LOMONTE B., RANGEL J. Snake venom Lys49 myotoxins: from phospholipases A₂ to nonenzymatic membrane disruptors. *Toxicon*, 2012; 60(4):520–53057.

LU, G.; KOCHOUMIAN, L.; KING, T. P. Sequence identity and antigenic cross - reactivity of white face hornet venom allergy, also a hyaluronidase with other proteins *J. Biol. Chem*, 1995; 270, 4457– 4465

LUBEC, G.; AFJEHI-SADAT, L.; YANG, J.W.; JOHN, J.P. Searching for hypothetical proteins: Theory and practice based upon original data and literature. *Prog. Neurobiol.* 2005, 77, 90–127.

MANN, M.; JENSEN, O. N. Proteomic analysis of post-translational modifications. *Nat. Biotechnol.* 21:255-261, 2003.

MÄRZ, L.; KÜHNE, C.; MICHL, H. The glycoprotein nature of phospholipase A₂, hyaluronidase and acid phosphatase from honey-bee venom. *Toxicon*, 1983; 21, 893–896.

MATSUI, T., FUJIMURA, Y., & TITANI, K. Snake venom proteases affecting hemostasis and thrombosis. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Protein Structure and Molecular Enzymology*, 2000;1477(1-2), 146-156.

MATTEO, P. D., ARRIGONI, G. L., ALBERICI, L., CORTI, A., GALLO-STAMPINO, C., TRAVERSARI, C., et al. Enhanced expression of CD13 in vessels of inflammatory and neoplastic tissues. *Journal of Histochemistry & Cytochemistry*, 2011; 59(1), 47-59.

MATYSIAK, J. HAJDUK, J. PIETRZAK, L. SCHMELZER, C. KOKOT, Z. Shotgun proteome analysis of honeybee venom using targeted enrichment strategies. *Toxicon* 2014, 90, 255-264.

MCGIVERN, J.P. Ziconotide: a review of its pharmacology and use in the treatment of pain. *Neuropsychiatric Disease and Treatment*, 2007; 3, 69-85.

MEIRA, S.M.M.; DAROIT, D.J.; HELFER, V.E.; CORREA, A.P.F.; SEGALIN, J.; CARRO, S.; BRANDELLI, A. Bioactive peptides in water-soluble extracts of ovine cheeses from Southern Brazil and Uruguay. *Food Res. Int.*, 2012; 48, 322–329.

MONSALVE, R.I., VEGA, A., MARQUÉS, L., MIRANDA, A., FERNÁNDEZ, J., SORIANO, V., CRUZ, S., DOMÍNGUEZ-NOCHE, C., SÁNCHEZ-MORILLAS, L., ARMISEN-GIL, M., GUSPÍ, R., BARBER, D., 2012.

component-resolved diagnosis of vespid venom-allergic individuals: Phospholipases and antigen 5s are necessary to identify *Vespula* or *Polistes* sensitization. *Allergy: European Journal of Allergy and Clinical Immunology* 67, 528–536.

MONTEIRO, M.C., ROMÃO, P.R., SOARES, A.M. Pharmacological perspectives of wasp venom. *Protein Pept Lett.* 2009;16(8):944-52.

MORELLE, W., MICHALSKI, J.C. Analysis of protein glycosylation by mass spectrometry. *Nat. protoc.* 2, 2007, 1585-1602.

MORENO, M.; GIRALT, E. Three valuable peptides from bee and wasp venoms for therapeutic and biotechnological use: melittin, apamin and mastoparan. *Toxins (Basel)* 7, 1126-1150, 2015.

MÜLLER, U., SCHMID-GRENDELMEIER, P., HAUSMANN, O., HELBLING, A., 2012. IgE to recombinant allergens Api m 1, Ves v 1, and Ves v 5 distinguish double sensitization from crossreaction in venom allergy. *Allergy: European Journal of Allergy and Clinical Immunology* 67, 1069–1073.

NADZIRIN N., FIRDAUS-RAIH M. Proteins of Unknown function in the Protein Data Bank (PDB): an inventory of true uncharacterized proteins and computational tools for their analysis. *International journal of molecular sciences*, v. 13, n. 10, p. 12761-12772, 2012.

NAKAJIMA, T. Pharmacological biochemistry of vespid venoms. In *Venoms of the Hymenoptera: Biochemical, Pharmacological and Behavioural Aspects*; Piek, T., ed. Academic Press, London, UK, 1986, 309-327.

NI, M.W., ET AL. Modified FASP Method Increases Peptide and Protein Identifications for Shotgun Proteomics. *Rapid Commun Mass Spectrom.* 2016, doi: 10.1002/rcm.7779.

NONGONIERMA, A.B.; FITZGERALD, R.J. Bioactive properties of milk proteins in humans: A review. *Peptides*, 2015; 73, 20–34.

NOVOTNY, M. V.; MECHREF, Y. New hyphenated methodologies in high-sensitivity glycoprotein analysis. *J. Sep. Sci.* 2005, 28, 1956–1968.

OLIVEIRA, M.R., PALMA, M.S. Polybitoxins: a group of phospholipases A2 from the venom of the neotropical social wasp paulistinha (*Polybia paulista*). *Toxicon*, Elmsford, 1998, 36, 189-199.

OLIVERA, B.M., GRAY, W.R., ZEIKUS, R.D., MCINTOSH, J.M., VARGA, J., RIVIER, J.E., SANTOS, V., CRUZ, L.J. Peptide neurotoxins from fish-hunting cone snails. *Science* 230, 1985; 1338-1343.

OLLERT, M., BLANK, S. Anaphylaxis to insect venom allergens: role of molecular diagnostics. *Current allergy and asthma reports*, 2015 15(5), 1-11.

OTERO R., GUTIÉRREZ J., BEATRIZ MESA M., ET AL. Complications of Bothrops, Porthidium, and Bothriechis snakebites in Colombia. A clinical and epidemiological study of 39 cases attended in a university hospital. *Toxicon*, 2002;40(8):1107–111458.

PALMA, M. S. In *Handbook of Biologically Active Peptides*; Kastin, A., Ed.; Academic Press: San Diego, 2006; pp 409– 417.

PALMA, M.S. Hymenoptera insects peptides (Chapter 58) p. 416 e 422. In: Kastin, A. (Ed.), *Handbook of Biologically Active Peptides*, second ed. Academic Press, San Diego, USA, p. 1942. 2013.

PALMA, M.S., BRAGA, M.R.B. Venenos de Hymenoptera Sociais: Coleta, Composição, Bioquímica e Mecanismos de Ação. *Venenos Animais: uma Visão Integrada*. Editora de Publicações Científicas Ltda, Rio de Janeiro, p.251-258, 1994.

PARCELLIER, A.; GURBUXANI, S.; SCHMITT, E.; SOLARY, E.; GARRIDO, C. Heat shock proteins cellular chaperones that modulate mitochondrial cell death pathways. *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 2003; 304, p. 505-512.

PATHAN, M.; ET AL. FunRich: An open access standalone functional enrichment and interaction network analysis tool. *Proteomics*, 20150, 15(15):2597-601.

PEIREN, N.; GRAAF, D. C.; VANROBAEYS, F.; DANNEELS, B.; DEVREESE, B.; BEEUMEN, J. V.; JACOBS, F. J. Proteomic analysis of the honey bee worker venom gland focusing on the mechanisms of protection against tissue damage. *Toxicon* 2008, 52, 72-83.

PEREZ-RIVEROL, A., JUSTO-JACOMINI, D.L., ZOLLNER, R.D.L., BROCHETTO-BRAGA, M.R. Facing Hymenoptera Venom Allergy: From Natural to Recombinant Allergens. *Toxins* 2015, 7, 25512570.

PEREZ-RIVEROL, AMILCAR; DOS SANTOS-PINTO, JOSÉ ROBERTO APARECIDO; LASA, ALEXIS MUSACCHIO; PALMA, MARIO SERGIO; BROCHETTO-BRAGA, MÁRCIA REGINA. Wasp venom: Unravelling the toxins arsenal of *Polybia paulista* venom and its potential pharmaceutical applications. *Journal of Proteomics*, 161, 88-103, 2017.

PEREZ-RIVEROL, F.D. CAMPOS PEREIRA, A. MUSACCHIO LASA, L.G. ROMANI FERNANDES, J.R.A. DOS SANTOS-PINTO, D.L. JUSTO-JACOMINI, G. OLIVEIRA DE AZEVEDO, M.L. BAZON, M.S. PALMA, R. DE L. ZOLLNER, M.R. BROCHETTO-BRAGA, Molecular cloning, expression and IgE-immunoreactivity of phospholipase A1, a major allergen from *Polybia paulista* (Hymenoptera: Vespidae) venom, *Toxicon* 124 (2016) 44–52.

PEREZ-RIVEROL, A., FERNANDES, L.G.R., MUSACCHIO LASA, A., DOS SANTOS-PINTO, J.R.A., MOITINHO ABRAM, D., IZUKA MORAES, G.H., JABS, F., MIEHE, M., SEISMANN, H., PALMA, M.S., DE LIMA ZOLLNER, R., SPILLNER, E., BROCHETTO-BRAGA, M.R. Phospholipase A1-based cross-reactivity among venoms of clinically relevant Hymenoptera from Neotropical and temperate regions. *Molecular Immunology*, 2018 93, 87–93.

PEREZ-RIVEROL, A., MIEHE, M., JABS, F., SEISMANN, H., FERNANDES, L.G.R., DE LIMA ZOLLNER, R., JAKOB, T., BROCHETTO-BRAGA, M.R., SPILLNER, E. Venoms of Neotropical wasps lack cross-reactive carbohydrate determinants enabling reliable protein-based sIgE determination. *Journal of Allergy and Clinical Immunology*, 2018.

PINTO, J.R., SANTOS, L.D., ARCURI, H.A., DIAS, N.B., PALMA, M.S. Proteomic characterization of the hyaluronidase (E.C. 3.2.1.35) from the venom of the social wasp *Polybia paulista*. *Protein Pep. Lett.* 2012, 19, 624-634.

PRINGOS, E., VIGNES, M., MARTINEZ, J., & ROLLAND, V. Peptide neurotoxins that affect voltage-gated calcium channels: a close-up on ω -agatoxins. *Toxins*, 2011; 3(1), 17-42.

RATES, B.; BEMQUERER, M. P.; RICHARDSON, M.; BORGES, M. H.; MORALES, R. A. V.; DE LIMA, M. E.; PIMENTA, A. M. C. Venomic analyses of *Scolopendra viridicornis nigra* and *Scolopendra angulata* (Centipede, Scolopendromorpha): shedding light on venoms from a neglected group *Toxicon*, 2007; 49, 810– 826.

RICHARDS, O.W., RICHARDS, M.J. Observations on the social wasps of South America (Hym., Vespidae). Transactions Royal Entomological Society 1951, 102 (1), 1-170.

RODRÍGUEZ DE LA VEGA RC, POSSANI LD. Current views on scorpion toxins specific for K⁺channels. Toxicon, 2004; 43:865–875.

ROEPSTORFF, P. Mass spectrometry based proteomics, background, status and future needs. Protein Cell. 3(9), 641-7, 2012.

ROY, C.J, REED, D.S; HUTT J.A. Aerobiology and inhalation exposure to biological select agents and toxins. Vet Pathol., 2012; 47, 779-789.

SACHKOVA, M.Y., SLAVOKHOTOVA, A.A., GRISHIN, E.V., VASSILEVSKI, A.A. Structure of the yellow sac spider *Cheiracanthium punctorium* genes provides clues to evolution of insecticidal two-domain knottin toxins. Insect Molecular Biology, 2014; 23, 527-538.

SAMPATH KUMAR, N.S.; NAZEER, R.A.; JAIGANESH, R. Purification and biochemical characterization of antioxidant peptide from horse mackerel (*Magalaspis cordyla*) viscera protein. Peptides, 2011; 32, 1496–1501.

SANGGAARD, K.W., BECHSGAARD, J.S., FANG, X., DUAN, J., DYRLUND, T.F. Spider genomes provide insight into composition and evolution of venom and silk. Nature Communications 5, 2014; 3765. Santos, L.D., et al. Profiling the proteome of the venom from the social wasp *Polybia paulista*: A clue to understand the envenoming mechanism. J. Proteome Res. 2010, 9, 3867-3877.

SANTOS, L.D., et al. Proteomic characterization of the multiple forms of the PLAs from the venom of the social wasp *Polybia paulista*. Proteomics 2011, 11, 1403-1412.

SANTOS, L.D., et al. Purification, sequencing and structural characterization of the phospholipase A 1 from the venom of the social wasp *Polybia paulista* (Hymenoptera, Vespidae). Toxicon 2007, 50(7), 923-937.

SCHMIDT, A., FORNE, I., IMHOF, A. Bioinformatic analysis of proteomics data. BMC Systems Biology 2014, 8, Suppl 2, S3.

SCHWARTZ, E.F., MOURÃO, C.B., MOREIRA, K.G., CAMARGOS, T.S., MORTARI, M.R. Arthropod venoms: a vast arsenal of insecticidal neuropeptides. Biopolymers 2012; 98(4):385-405.

SEISMANN, H., BLANK, S., BRAREN, I., GREUNKE, K., CIFUENTES, L., GRUNWALD, T., BREDEHORST, R., OLLERT, M., SPILLNER, E., 2010a. Dissecting cross-reactivity in hymenoptera venom allergy by circumvention of α -1,3-core fucosylation. Molecular Immunology 47, 799–808.

SEISMANN, H., BLANK, S., CIFUENTES, L., BRAREN, I., BREDEHORST, R., GRUNWALD, T., OLLERT, M., SPILLNER, E., 2010B. Recombinant phospholipase A1 (Ves v 1) from yellow jacket venom for improved diagnosis of hymenoptera venom hypersensitivity. *Clinical and Molecular Allergy* 8, 7.

SINGH, B.P.; VIJ, S.; HATI, S. Functional significance of bioactive peptides derived from soybean. *Peptides*, 2014; 54, 171–179.

SKOV, L.K., ET AL. Structure of recombinant Ves v 2 at 2.0 Angstrom resolution: structural analysis of an allergenic hyaluronidase from wasp venom. *Acta Crystallogr., D. Biol. Crystallogr* 2006, 62, 595-604.

SNODGRASS, R.E. *Anatomy of the Honeybee*. Ithaca Comstock Publishing Associates, 1956.

SNUTCH, P.; HESCHL, M. F. P.; BAILLIE, D. L. The *Caenorhabditis elegans* Hsp70 gene family - a molecular genetic characterization *Gene*, 1988; 64, 241–255.

SPILLNER, E., BLANK, S., JAKOB, T. Hymenoptera allergens: From venom to “venome”. *Front. Immunol* 2014.

SPIRO, R. G. Protein glycosylation: nature, distribution, enzymatic formation, and disease implications of glycopeptide bonds. *Glycobiology* 2002, 12, 43R–56R.

STEEN, C.J., JANNIGER, C.K., SCHUTZER, S.E., SHUWARTZ, R.A. Insect sting reactions to bees, wasps and ants. *Int. J. Dermatol*, Philadelphia, 2005; v.44, p.01-94.

STEINBERG, T.H., TOP, K., BERGGREN, K.N. Rapid and simple single nanogram detection of glycoproteins in polyacrylamide gels and on electroblots. *Proteomics* 2001, 841-855.

STIPRIJA, V. & BOONPUKNAVIG, V. - Renal failure and myonecrosis following wasp sting. *Lancet*, 1(7753), 1972; 749-750.

SUKPRASERT, S., et al. Purification and structural characterisation of phospholipase A 1 (Vesapase, Ves a 1) from thai banded tiger wasp (*Vespa affinis*) venom. *Toxicon* 2013, 61, 151-164.

TANG, W. J., & GILMAN, A. G. (1992). Adenylyl cyclases. *Cell*, 70(6), 869-872.

TANG, Y., LUO, J., FLEMING, C.R., KONG, Y., OLINI, G.C.JR., WILDEY, M.J., CAVENDER, D.E., AND DEMAREST, K.T. *Assay Drug Dev. Technol*, 2004, vol. 2 (3), 281-289.

Taylor, A. L. L. E. N. Aminopeptidases: structure and function. *The FASEB Journal*, 1993; 7(2), 290-298.

TOMSITZ D., BROCKOW K. Component Resolved Diagnosis in Hymenoptera Anaphylaxis. *Curr Allergy Asthma Rep.* 2017.

TORRES, A. F., HUANG, C., CHONG, C. M., LEUNG, S. W., PRIETO-DA-SILVA, Á. R., HAVT, A., et al. Transcriptome analysis in venom gland of the predatory giant ant *Dinoponera quadricaps*: Insights into the polypeptide toxin arsenal of hymenopterans. *PLoS One*, 2014; 9(1), e87556.

TURILLAZZI S, MASTROBUONI G, DANIELI FR, MONETTI G, PIERACCINI G, LA MARCA G, BARTOLUCCI G, PERITO B, LAMBARDI D, CAVALLINI V, DAPPORTO L. Dominulin A and B: two new antibacterial peptides identified on the cuticle and in the venom of the social paper wasp *Polistes dominulus* using MALDI-TOF, MALDI-TOF/TOF, and ESI-ion trap. *J Am Soc Mass Spectrom*, 2006; 17:376–383.

TREVISAN-SILVA, D., GREMSKI, L. H., CHAIM, O. M., DA SILVEIRA, R. B., MEISSNER, G. O., MANGILI, O. C., et al. A. Astacin-like metalloproteases are a gene family of toxins present in the venom of different species of the brown spider (genus *Loxosceles*). *Biochimie*, 2010; 92(1), 21-32.

TYTGAT J, CHANDY KG, GARCIA ML, GUTMAN GA, MARTIN-EAUCCLAIRE MF, VAN DER WALT JJ, POSSANI LD. A unified nomenclature for short-chain peptides isolated from scorpion venoms: alpha-KTx molecular subfamilies. *Trends Pharmacol Sci.*, 1999; 20:444–447.

VAN VAERENBERGH, G., DEVREESE, B., DE GRAAF, D.C. Exploring the hidden honeybee (*Apis mellifera*) venom proteome by integrating a combinatorial peptide ligand library approach with FTMS. *J. Proteomics* 2014, 99, 169-178.

VIOLETTE, A., BIASS, D., DUTERTRE, S., KOUA, D., PIQUEMAL, D., PIERRAT, F. AND FAVREAU, P. Large-scale discovery of conopeptides and conoproteins in the injectable venom of a fish-hunting cone snail using a combined proteomic and transcriptomic approach. *J Proteomics* 2012, 75, 5215-5225.

WANG, C.Y., ET AL. Synthetic IgE peptide vaccine for immunotherapy of allergy. *Vaccine* 2003, 21, 1580-1590.

WANG, L., ZHU, J. Y., QIAN, C., FANG, Q., & YE, G. Y. Venom of the parasitoid wasp *Pteromalus puparum* contains an odorant binding protein. *Archives of insect biochemistry and physiology*, 2015; 88(2), 101-110.

WEINSTOCK, G. M., ROBINSON, G. E., GIBBS, R. A., WORLEY, K. C., EVANS, J. D., MALESZKA, R., ET AL. ELSIK, C. G. Insights into social insects from the genome of the honeybee *Apis mellifera*, 2006.

WARRELL, D. A. Snakebites in Central and South America: Epidemiology, Clinical Features, and Clinical Management. In *The Venomous Reptiles of the Western Hemisphere*; Campbell, J. A., Lamar, W. W., Eds.; Comstock Publishing Associates: London, 2004; pp 709-761.

WERREN JH, RICHARDS S, DESJARDINS CA, NIEHUIS O, GADAU J, ET AL. Functional and evolutionary insights from the genomes of three parasitoid *Nasonia* species. *Science*, 2010, 327: 343–348

WERREN, J. H., RICHARDS, S., DESJARDINS, C. A., NIEHUIS, O., GADAU, J., COLBOURNE, J. K., & NASONIA GENOME WORKING GROUP. Functional and evolutionary insights from the genomes of three parasitoid *Nasonia* species. *Science*, 2010; 327(5963), 343-348.

WIESNER, J.; PREMSLER, T.; SICKMANN, A. Application of electron transfer dissociation (ETD) for the analysis of posttranslational modifications. *Proteomics* 8, 4466-4483, 2008.

WIEZEL, G. A., DOS SANTOS, P. K., CORDEIRO, F. A., BORDON, K. C., SELISTRE-DE-ARAÚJO, H. S., UEBERHEIDE, B., & ARANTES, E. C. Identification of hyaluronidase and phospholipase B in *Lachesis muta rhombeata* venom. *Toxicon*, 2015; 107, 359-368.

WINCHESTER B. Role of alpha-D-mannosidases in the biosynthesis and catabolism of glycoproteins. *Biochem Soc T*, 1984;12(3):522–524.

WU S., LI X., ZHANG F., JIANG G., LIANG X., YANG B. An arginine-functionalized stationary phase for hydrophilic interaction liquid chromatography, *Analyst*, 140 (2015), pp. 3921–3924.

WU, H. Q., LIU, Z. G., RAN, P. X., ZHOU, Z. W., & GAO, B. Expression, purification, and immunological characterization of Cr PI. *Protein and peptide letters*, 2007;14(9), 881-885.

WUTOR, V. C., TOGO, C. A., & PLETSCHEKE, B. I. The effect of physico-chemical parameters and chemical compounds on the activity of β -d-galactosidase (B-GAL), a marker enzyme for indicator microorganisms in water. *Chemosphere*, 2007; 68(4), 622-627.

XIAO, H., PAN, H., LIAO, K., YANG, M., & HUANG, C. Snake Venom PLA2, a Promising Target for Broad-Spectrum Antivenom Drug Development. *BioMed research international*, 2017.

YU, C. J., LIN, Y. F., CHIANG, B. L., & CHOW, L. P. Proteomics and immunological analysis of a novel shrimp allergen, Pen m 2. *The Journal of Immunology*, 2003; 170(1), 445-453.

ZENG et al., A proteomics platform combining depletion multi lectin affinity chromatography (MLAC) and isoelectric focusing to study the breast cancer proteome. *Anal. Chem.* 83(2011) 4845-4854.

ZHANG, L., HAN, B., LI, R., LU, X., NIE, A., GUO, L., et al. Comprehensive identification of novel proteins and N-glycosylation sites in royal jelly. *BMC genomics*, 2014; 15(1), 135.

ZHAO, F., LAN, X., LI, T., XIANG, Y., ZHAO, F., ZHANG, Y., & LEE, W. Proteotranscriptomic Analysis and Discovery of the Profile and Diversity of Toxin-like Proteins in Centipede. *Molecular & Cellular Proteomics*, mcp-RA117, 2018.

ZHONG, S.Y.; MA, C.W.; LIN, Y.C.; LUO, Y.K. Antioxidant properties of peptide fractions from silver carp (*Hypophthalmichthys molitrix*) processing by-product protein hydrolysates evaluated by electron spin resonance spectrometry. *Food Chem.*, 2011; 126, 1636–1642.

Apêndice

Tabelas A1-A8

Tabela A1. (i) proteínas tóxicas do veneno. Identificação e agrupamento das proteínas de acordo com o seu papel funcional no veneno, constando as informações dos dados oriundos da análise proteômica e análise G.O. (processo biológico, componente celular e função molecular).

Código de acesso	Nome da Proteína	Taxonomia	Massa (kDa)	Processo biológico	Componente celular	Função molecular
gij328780480	97 kDa heat shock protein isoformX1	<i>Apis mellifera</i>	98 kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
Q6QAN5	70 kDa heat shock protein	<i>Megachile rotundata</i>	54 kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
E2AUG7	ADAMTS-like protein 3	<i>Camponotus floridanus</i>	172 kDa	-	-	metalloendopeptidase activity [GO:0004222]
gij345486559	A disintegrin and metalloproteinase domain-containing protein 10 isoformX2	<i>Nasonia vitripennis</i>	101 kDa	-	-	-
gij156554461	A disintegrin and metalloproteinase with thrombospondin motifs 15 isoformX2	<i>Nasonia vitripennis</i>	194 kDa	-	-	-
gij156543048	A disintegrin and metalloproteinase with thrombospondin motifs 16-like	<i>Nasonia vitripennis</i>	67 kDa	-	-	-
gij345493675	A disintegrin and metalloproteinase with thrombospondin motifs 16-like isoformX3	<i>Nasonia vitripennis</i>	90 kDa	-	-	-
Q25641	Allergen Cr-PI	<i>Periplaneta americana</i>	81 kDa	-	extracellular space [GO:0005615]	nutrient reservoir activity [GO:0045735]
A9UJY0	Allergen Pen m 2	<i>Fenneropenaeus chinensis</i>	6 kDa	-	-	kinase activity [GO:0016301]
Q25BT8	Alpha glucosidase 2	<i>Apis mellifera</i>	67 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	alpha-1,4-glucosidase activity [GO:0004558];
K7IXA0	Angiotensin-converting enzyme	<i>Nasonia vitripennis</i>	90 kDa	-	membrane [GO:0016020]	carboxypeptidase activity [GO:0004180]
Q06601	Apidaecin-2	<i>Apis mellifera</i>	19 kDa	defense response to bacterium [GO:0042742]	extracellular region [GO:0005576]	-
O61367	Arginine kinase	<i>Apis mellifera</i>	40 kDa	-	-	arginine kinase activity [GO:0004054]
R9RSL8	Arginine kinase	<i>Bombus perezii</i>	17 kDa	-	-	kinase activity [GO:0016301]
C9D7R3	Astacin-like metalloprotease toxin 3	<i>Loxosceles intermedia</i>	28 kDa	-	extracellular region [GO:0005576]	toxin activity [GO:0090729]
A1KXI9	Blot Gal d 1 allergen	<i>Blomia tropicalis</i>	31 kDa	regulation of cell growth [GO:0001558]	extracellular region [GO:0005576]	insulin-like growth factor binding [GO:0005520]
E2C0F1	Bullous pemphigoid antigen 1, isoforms 6/9/10	<i>Harpegnathos saltator</i>	460 kDa	-	cytoskeleton [GO:0005856]	calcium ion binding [GO:0005509]
K7J676	Carboxypeptidase	<i>Nasonia vitripennis</i>	49 kDa	-	-	serine-type carboxypeptidase activity [GO:0004185]
gij48095159	Chymotrypsin-1	<i>Apis mellifera</i>	28 kDa	-	-	serine-type endopeptidase activity [GO:0004252]

P00769	Chymotrypsin-2	Vespa crabro	24 kDa	-	extracellular space [GO:0005615]	serine-type endopeptidase activity [GO:0004252]
gij345480378	Chymotrypsin-2	Nasonia vitripennis	27 kDa	-	extracellular space [GO:0005615]	serine-type endopeptidase activity [GO:0004252]
Q8MMH0	Cysteine-rich venom protein 7	Pimpla hypocondriaca	12 kDa	-	extracellular region [GO:0005576]	-
gij238859591	Cysteine-rich/KU venom protein precursor	Nasonia vitripennis	87 kDa	-	extracellular region [GO:0005576]	-
D2DRC0	Cytotoxin A isoform 1-like	Malo kingi	51 kDa	-	-	toxin activity [GO:0090729]
I1ZEL1	Defensin 2-3	Nasonia vitripennis	11 kDa	defense response [GO:0006952]	-	-
Q8MVU3	Der f 16 allergen	Dermatophagoides farinae	55 kDa	-	-	-
E2AWB2	Dipeptidase	Camponotus floridanus	21 kDa	-	anchored component of membrane [GO:0031225]	dipeptidase activity [GO:0016805]
gij239050560	Endonuclease-like venom protein precursor	Nasonia vitripennis	57 kDa	-	-	-
A7XZL6	Group 14 allergen Blo t 14	Blomia tropicalis	87 kDa	-	-	-
gij156547889	Heat shock 70 kDa protein cognate 4-like	Nasonia vitripennis	71 kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
gij345479692	Heat shock 70 kDa protein-like	Nasonia vitripennis	9 kDa	-	-	-
gij345480729	Heat shock protein 83	Nasonia vitripennis	83 kDa	-	-	-
gij110757651	Heat shock protein beta-1-like isoformX1	Apis mellifera	26 kDa	-	-	-
gij229892210	Heat shock protein cognate 4	Apis mellifera	71 kDa	-	-	-
gij345485308	Heat shock protein DDB_G0288861-like isoformX5	Nasonia vitripennis	101 kDa	-	-	-
gij229892265	Heat shock protein Hsp70Ab-like	Apis mellifera	70 kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
Q9U785	High molecular weight allergen M-177	Euroglyphus maynei	191 kDa	-	-	lipid transporter activity [GO:0005319]
P86687	Hyaluronidase	Polybia paulista	34 kDa	defense response [GO:0006952]	extracellular region [GO:0005576]	hyaluronoglucosaminidase activity [GO:0004415]
Q08169	Hyaluronidase - Allergen Api m II	Apis mellifera	44 kDa	defense response [GO:0006952]	extracellular region [GO:0005576]	hyaluronoglucosaminidase activity [GO:0004415]
P49371	Hyaluronidase - allergen Dol m 2	Dolichovespula maculata	39 kDa	defense response [GO:0006952]	extracellular region [GO:0005576]	hyaluronoglucosaminidase activity [GO:0004415]
Q9U6V9	Hyaluronidase - allergen Pol a 2	Polistes annularis	43 kDa	defense response [GO:0006952]	-	hyaluronoglucosaminidase activity [GO:0004415]
R9RVN4	Hymenoptaecin	Bombus campestris	8 kDa	-	-	-
gij238859585	Kazal type serine protease inhibitor-like venom protein 1 precursor	Nasonia vitripennis	7 kDa	-	-	-
Q9BJC9	Major allergen	Brugia malayi	29 kDa	-	-	-
B2KSI1	Major allergen protein	Pieris rapae	74 kDa	-	-	-
E2C982	Major antigen	Harpegnathos saltator	225 kDa	-	-	-
Q17060	Major royal jelly protein 3	Apis mellifera	61 kDa	-	extracellular region [GO:0005576]	-
O97432	Major royal jelly protein 5	Apis mellifera	70 kDa	-	extracellular region [GO:0005576]	-

Q6IMJ9	Major royal jelly protein 7	<i>Apis mellifera</i>	50 kDa	-	-	-
Q4ZJX1	Major royal jelly protein 9	<i>Apis mellifera</i>	48 kDa	-	-	-
G5EF32	Nematode Polyprotein Allergen related	<i>Caenorhabditis elegans</i>	165 kDa	-	-	-
A2VBC4	Phospholipase A1	<i>Polybia paulista</i>	36 kDa	hemolysis in other organism [GO:0044179]	extracellular region [GO:0005576]	phosphatidylcholine 1-acylhydrolase activity [GO:0008970]
E7D4M5	Phospholipase A1	<i>Polybia paulista</i>	33 kDa	lipid catabolic process [GO:0016042]	extracellular region [GO:0005576]	phosphatidylcholine 1-acylhydrolase activity [GO:0008970]
P49369	Phospholipase A1	<i>Vespula vulgaris</i>	38 kDa	lipid metabolic process [GO:0006629]	-	phosphatidylcholine 1-acylhydrolase activity [GO:0008970]
P0CH86	Phospholipase A1	<i>Vespula squamosa</i>	32 kDa	hemolysis in other organism [GO:0044179]	extracellular region [GO:0005576]	phosphatidylcholine 1-acylhydrolase activity [GO:0008970]
Q06478	Phospholipase A1	<i>Dolichovespula maculata</i>	36 kDa	hemolysis in other organism [GO:0044179]	extracellular region [GO:0005576]	phosphatidylcholine 1-acylhydrolase activity [GO:0008970]
Q6Q249	Phospholipase A1	<i>Polistes dominula</i>	35 kDa	hemolysis in other organism [GO:0044179]	extracellular region [GO:0005576]	phosphatidylcholine 1-acylhydrolase activity [GO:0008970]
gij328791555	Phospholipase A2-like isoformX2	<i>Apis mellifera</i>	47 kDa	-	-	-
gij156553185	Protein lethal(2)essential for life	<i>Nasonia vitripennis</i>	19 kDa	-	-	-
P0C1R1	Protonectin	<i>Protonectarina sylvarae</i>	1 kDa	defense response to bacterium [GO:0042742]	extracellular region [GO:0005576]	-
gij156538621	Similar to A disintegrin and metalloproteinase with thrombospondin motifs like	<i>Nasonia vitripennis</i>	84 kDa	-	-	metalloendopeptidase activity [GO:0004222]
gij156538921	Similar to heat shock protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	58 kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
gij156545866	Similar to metalloproteinase-putative	<i>Nasonia vitripennis</i>	35 kDa	-	-	-
gij156550073	Similar to venom acid phosphatase	<i>Nasonia vitripennis</i>	45 kDa	-	-	-
gij156554475	Similar to venom acid phosphatase	<i>Nasonia vitripennis</i>	42 kDa	-	-	acid phosphatase activity [GO:0003993]
B2KSG8	Single domain major allergen protein	<i>Eucheira socialis</i>	24 kDa	-	-	-
C6JUN2	Snake venom metalloprotease	<i>Philodryas olfersii</i>	69 kDa	-	-	-
O61379	Tropomyosin - Allergen Pan s I	<i>Panulirus stimpsoni</i>	32 kDa	-	-	-
A0A087ZRC7	Venom acid phosphatase Acph-1	<i>Apis mellifera</i>	46 kDa	-	-	acid phosphatase activity [GO:0003993]
Q5BLY5	Venom acid phosphatase Acph-1 - allergen Api m 3	<i>Apis mellifera</i>	45 kDa	-	-	acid phosphatase activity [GO:0003993]
D6W9E7	Venom allergen 3-like	<i>Tribolium castaneum</i>	21 kDa	-	extracellular region [GO:0005576]	-
P81656	Venom allergen 5	<i>Polistes dominula</i>	25 kDa	-	extracellular region [GO:0005576]	-

P86686	Venom allergen 5	Polybia paulista	23 kDa	-	extracellular region [GO:0005576]	-
D4P2Y4	Venom allergen 5 2	Polybia paulista	15 kDa	-	extracellular region [GO:0005576]	-
Q7Z156	Venom allergen 5	Polybia scutellaris rioplatensis	23 kDa	-	extracellular region [GO:0005576]	-
gij156545770	Venom allergen 5-like	Nasonia vitripennis	34 kDa	-	extracellular region [GO:0005576]	-
K7J718	Venom carboxylesterase-6 isoformX1	Nasonia vitripennis	62 kDa	-	extracellular region [GO:0005576]	carboxylic ester hydrolase activity [GO:0052689]
B2D0J5	Venom carboxylesterase-6 precursor Allergen Api m 8	Apis mellifera	64 kDa	-	extracellular region [GO:0005576]	carboxylic ester hydrolase activity [GO:0052689]
Q23737	Venom chitinase	Chelonus sp.	52 kDa	chitin metabolic process [GO:0006030]	extracellular region [GO:0005576]	chitin binding [GO:0008061]
B2D0J4	Venom dipeptidyl peptidase 4 (allergen Api m 5)	Apis mellifera	87 kDa	-	extracellular region [GO:0005576]	aminopeptidase activity [GO:0004177]
B1A4F7	Venom dipeptidyl peptidase 4 - allergen Ves v 3	Vespula vulgaris	88 kDa	-	extracellular region [GO:0005576]	aminopeptidase activity [GO:0004177]
gij193634351	Venom protease- like	Acyrtosiphon pisum	45 kDa	-	-	-
gij328700427	Venom protease-like	Acyrtosiphon pisum	40 kDa	-	-	-
gij239787114	Venom protein F precursor	Nasonia vitripennis	28 kDa	-	-	-
gij239787134	Venom protein U precursor	Nasonia vitripennis	24 kDa	-	-	-
C9WMM5	Venom serine carboxypeptidase (allergen Api m 9)	Apis mellifera	53 kDa	-	-	-
gij345483324	Venom serine carboxypeptidase isoformX1	Nasonia vitripennis	54 kDa	-	extracellular region [GO:0005576]	serine-type carboxypeptidase activity [GO:0004185]
Q8MQS8	Venom serine protease 34 precursor Allergen Api m 7	Apis mellifera	46 kDa	-	extracellular region [GO:0005576]	serine-type endopeptidase activity [GO:0004252]
J9KAT6	Venom serine protease-like	Acyrtosiphon pisum	50 kDa	-	extracellular region [GO:0005576]	serine-type endopeptidase activity [GO:0004252]
O44931	Vespid allergen antigen homolog	Onchocerca volvulus	25 kDa	-	-	-
Q868N5	Vitellogenin	Apis mellifera	201 kDa	-	extracellular region [GO:0005576]	lipid transporter activity [GO:0005319]
gij345495674	Zinc metalloproteinase nas-6	Nasonia vitripennis	44 kDa	-	-	-
gij345484862	Zinc metalloproteinase nas-7-like	Nasonia vitripennis	34 kDa	-	-	-
P15147	Beta-insect excitatory toxin 2 (AaHIT2)-like	Androctonus australis	10 kDa	defense response [GO:0006952]	extracellular region [GO:0005576]	toxin activity [GO:0090729]
P0C910	Alpha-toxin Amm3-like	Androctonus mauritanicus mauritanicus	7 kDa	defense response [GO:0006952]	extracellular region [GO:0005576]	toxin activity [GO:0090729]
D2Y2L8	Omega-theraphotoxin-Hhn1e (Hainantoxin-IX-6)-like	Haplopelma hainanum	9 kDa	-	extracellular region [GO:0005576]	toxin activity [GO:0090729]
P0DJE4	Alpha-latrotoxin-Lm1a-like	Latrodectus mactans	22 kDa	exocytosis [GO:0006887]	extracellular region [GO:0005576]	toxin activity [GO:0090729]

O76199	Delta-ctenitoxin-Pn2c- Neurotoxin Pn2-like	Phoneutria nigriventer	9 kDa	-	extracellular region [GO:0005576]	toxin activity [GO:0090729]
Q5Y4Y0	U2-agatoxin-Ao1f -like	Agelena orientalis	8 kDa	-	extracellular region [GO:0005576]	toxin activity [GO:0090729]
B1P1D7	U13-theraphotoxin-Cg1a-like	Chilobrachys guangxiensis	9 kDa	-	extracellular region [GO:0005576]	toxin activity [GO:0090729]
Q68PG3	Toxin Cex12-like	Centruroides exilicauda	9 kDa	-	extracellular region [GO:0005576]	toxin activity [GO:0090729]
Q0GY41	Potassium channel toxin Hge-beta-KTx-like	Hadrurus gertschi	9 kDa	-	extracellular region [GO:0005576]	toxin activity [GO:0090729]
P0C5I3	Beta-insect depressant toxin Lqh-dprIT3a-like	Leiurus quinquestriatus hebraeus	9 kDa	defense response [GO:0006952]	extracellular region [GO:0005576]	ion channel inhibitor activity [GO:0008200]
P17728	Alpha-insect toxin LqhαIT -like	Leiurus quinquestriatus hebraeus	9 kDa	defense response [GO:0006952]	extracellular region [GO:0005576]	ion channel inhibitor activity [GO:0008200]
D9U298	Neurotoxin LmNaTx3-like	Lychas mucronatus	9 kDa	defense response [GO:0006952]	extracellular region [GO:0005576]	toxin activity [GO:0090729]
P59936	Potassium channel toxin alpha-KTx 12.1-like	Tityus serrulatus	5 kDa	-	extracellular region [GO:0005576]	toxin activity [GO:0090729]
P56609	Toxin Tb2 (P-beta* NaTx5.3) (Toxin III-8)-like	Tityus bahiensis	7 kDa	defense response [GO:0006952]	extracellular region [GO:0005576]	toxin activity [GO:0090729]
B8XGY7	Putative alpha toxin Tx405-like	Buthus occitanus israelis	9 kDa	defense response [GO:0006952]	extracellular region [GO:0005576]	ion channel inhibitor activity [GO:0008200]
P0C8D4	Scolopendra 20528.11 Da toxin -like	Scolopendra angulata	3 kDa	-	extracellular region [GO:0005576]	toxin activity [GO:0090729]
C5J896	Potassium channel toxin alpha-KTx 6.16-like	Opisthacanthus cayaporum	8 kDa	-	extracellular region [GO:0005576]	toxin activity [GO:0090729]
Q9U659	Conotoxin PnMKLT1-0122-like	Conus pennaceus	9 kDa	-	extracellular region [GO:0005576]	toxin activity [GO:0090729]
Q3YEF1	Conotoxin Malr34-like	Conus marmoreus	10 kDa	-	extracellular region [GO:0005576]	toxin activity [GO:0090729]
Q9BP53	Conotoxin VnMLCL-031-like	Conus ventricosus	7 kDa	-	extracellular region [GO:0005576]	toxin activity [GO:0090729]

Tabela A2. (ii) proteínas relacionadas com o dobramento/conformação e modificações pós-traducionais das toxinas. Identificação e agrupamento das proteínas de acordo com o seu papel funcional no veneno, constando as informações dos dados oriundos da análise proteômica e análise G.O. (processo biológico, componente celular e função molecular).

Código de acesso	Proteína	Taxonomia	Massa (kDa)	Processo biológico	Componente celular	Função molecular
A0A087ZNJ7	Aldose 1-epimerase	<i>Apis mellifera</i>	42 kDa	hexose metabolic process [GO:0019318]	-	carbohydrate binding [GO:0030246]
K7ISW9	Alkaline phosphatase	<i>Nasonia vitripennis</i>	59 kDa	-	-	alkaline phosphatase activity [GO:0004035]
A0A087ZNQ5	alpha-1,2-Mannosidase	<i>Apis mellifera</i>	78 kDa	metabolic process [GO:0008152]	membrane [GO:0016020]	mannosyl-oligosaccharide 1,2-alpha-mannosidase activity [GO:0004571]
Q25BT8	Alpha-glucosidase	<i>Apis mellifera</i>	67 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	maltose alpha-glucosidase activity [GO:0032450]
Q17058	Alpha-glucosidase	<i>Apis mellifera</i>	65 kDa	-	-	maltose alpha-glucosidase activity [GO:0032450]
K7J111	Alpha-mannosidase	<i>Nasonia vitripennis</i>	128 kDa	mannose metabolic process [GO:0006013]	integral component of membrane [GO:0016021]	carbohydrate binding [GO:0030246]
A0A087ZZQ3	Alpha-mannosidase	<i>Apis mellifera</i>	130 kDa	mannose metabolic process [GO:0006013]	integral component of membrane [GO:0016021]	carbohydrate binding [GO:0030246]
K7J217	Alpha-mannosidase	<i>Nasonia vitripennis</i>	127 kDa	mannose metabolic process [GO:0006013]	-	carbohydrate binding [GO:0030246]
A0A087ZTK0	Aminopeptidase	<i>Apis mellifera</i>	98 kDa	-	-	aminopeptidase activity [GO:0004177]
A0A087ZUG8	Aminopeptidase	<i>Apis mellifera</i>	112 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	aminopeptidase activity [GO:0004177]
K7JAK6	Beta-galactosidase	<i>Nasonia vitripennis</i>	71 kDa	carbohydrate metabolic process [GO:0005975]	-	beta-galactosidase activity [GO:0004565]
A0A088A3V9	Beta-galactosidase	<i>Apis mellifera</i>	73 kDa	carbohydrate metabolic process [GO:0005975]	-	beta-galactosidase activity [GO:0004565]
K7ITE8	Protein glycosyltransferase 48 kDa	<i>Nasonia vitripennis</i>	47 kDa	protein N-linked glycosylation via asparagine [GO:0018279]	endoplasmic reticulum membrane [GO:0005789]	transferase activity, transferring glycosyl groups [GO:0016757]
A0A088A512	3-beta-glucuronosyltransferase	<i>Apis mellifera</i>	40 kDa	protein glycosylation [GO:0006486]	Golgi membrane [GO:0000139]	galactosylgalactosylxylosylprotein activity [GO:0015018]
Q9U8X6	Glucose oxidase	<i>Apis mellifera</i>	67 kDa	-	-	glucose oxidase activity [GO:0046562]
A0A087ZS11	Glucose-6-phosphate 1-epimerase	<i>Apis mellifera</i>	31 kDa	carbohydrate metabolic process [GO:0005975]	-	carbohydrate binding [GO:0030246]
K7J470	Glucose-6-phosphate isomerase	<i>Nasonia vitripennis</i>	62 kDa	glycolytic process [GO:0006096]	-	glucose-6-phosphate isomerase activity [GO:0004347]

A0A087ZV12	Gram-negative bacteria-binding protein 1-2	<i>Apis mellifera</i>	54 kDa	carbohydrate metabolic process [GO:0005975]	-	carbohydrate binding [GO:0030246]
C7AHQ2	Gram-negative bacteria-binding protein 1-2	<i>Apis mellifera</i>	44 kDa	carbohydrate metabolic process [GO:0005975]	-	carbohydrate binding [GO:0030246]
gil229892203	Heat shock protein cognate 5	<i>Apis mellifera</i>	75 kDa	protein folding [GO:0006457]	-	ATP binding [GO:0005524]
C1JYH6	Heat shock protein 90	<i>Apis mellifera</i>	83 kDa	protein folding [GO:0006457]	-	ATP binding [GO:0005524]
C1K657	Heat shock protein 90	<i>Pteromalus puparum</i>	82 kDa	protein folding [GO:0006457]	-	ATP binding [GO:0005524]
gil156553644	Heat shock protein 75 kDa, mitochondrial	<i>Nasonia vitripennis</i>	80 kDa	protein folding [GO:0006457]	-	ATP binding [GO:0005524]; unfolded protein binding [GO:0051082]
A0A087ZN64	Hexosyltransferase	<i>Apis mellifera</i>	94 kDa	-	Golgi cisterna membrane [GO:0032580]	acetylgalactosaminyltransferase activity [GO:0008376]
A0A088A1X0	Hexosyltransferase	<i>Apis mellifera</i>	90 kDa	-	Golgi cisterna membrane [GO:0032580]	acetylgalactosaminyltransferase activity [GO:0008376]
A0A087ZUX8	Mannosyltransferase	<i>Apis mellifera</i>	78 kDa	-	endoplasmic reticulum membrane [GO:0005789]	transferase activity, transferring glycosyl groups [GO:0016757]
K7J2F2	Peptidylprolyl isomerase	<i>Nasonia vitripennis</i>	16 kDa	-	-	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase activity [GO:0003755]
A0A088A245	Phosphomannomutase	<i>Apis mellifera</i>	30 kDa	GDP-mannose biosynthetic process [GO:0009298]	cytoplasm [GO:0005737]	phosphomannomutase activity [GO:0004615]
A0A088ANK9	Polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase	<i>Apis mellifera</i>	67 kDa	protein glycosylation [GO:0006486]	Golgi membrane [GO:0000139]	carbohydrate binding [GO:0030246]
A0A088AGU3	Serine/threonine-protein kinase PLK	<i>Apis mellifera</i>	83 kDa	-	-	protein serine/threonine kinase activity [GO:0004674]
A0A088ANA1	Serine/threonine-protein kinase receptor	<i>Apis mellifera</i>	59 kDa	transforming growth factor beta receptor signaling pathway [GO:0007179]	integral component of membrane [GO:0016021]	ATP binding [GO:0005524]
A0A087ZTR8	Serine/threonine-protein kinase receptor	<i>Apis mellifera</i>	108 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	ATP binding [GO:0005524]
A0A088AUP5	Serine/threonine-protein phosphatase	<i>Apis mellifera</i>	37kDa	-	-	phosphoprotein phosphatase activity [GO:0004721]
A0A088AVZ9	T-complex protein 1 subunit alpha	<i>Apis mellifera</i>	59kDa	protein folding [GO:0006457]	cytoplasm [GO:0005737]	unfolded protein binding [GO:0051082]
K7ILV5	T-complex protein 1 subunit delta	<i>Nasonia vitripennis</i>	57kDa	protein folding [GO:0006457]	cytoplasm [GO:0005737]	unfolded protein binding [GO:0051082]
UPI00021A7DB6	serine/threonine-protein kinase atr	<i>Bombus terrestris</i>	286kDa	-	-	-
UPI000580F1C9	serine/threonine-protein kinase mig-15 isoform X3	<i>Acromyrmex echinator</i>	145kDa	-	-	-
UPI0005D436B7	serine/threonine-protein kinase mig-15 isoform X9	<i>Pogonomyrmex barbatus</i>	141kDa	-	-	-

UPI0006C9B1BC	serine/threonine-protein kinase tousled-like 2 isoform X4	<i>Copidosoma floridanum</i>	97kDa	-	-	-
UPI00077196D7	serine/threonine-protein kinase unc-51 isoform X1	<i>Cephus cinctus</i>	81kDa	-	-	-
A0A195BHF2	Aminopeptidase N	<i>Atta colombica</i>	474kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	aminopeptidase activity [GO:0004177]
F4W629	Aminopeptidase N	<i>Acromyrmex echinator</i>	285kDa	-	-	aminopeptidase activity [GO:0004177]
UPI00061A0374	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP8	<i>Bombus terrestris</i>	40kDa	-	-	-
A0A151I239	Titin	<i>Atta colombica</i>	2kDa	-	-	-
UPI0005CE8E38	Titin	<i>Ceratosolen solmsi marchali</i>	348kDa	-	-	-
UPI0005ACC289	titin isoform X5	<i>Fopius arisanus</i>	879kDa	-	-	-
UPI0007D88D24	titin isoform X7	<i>Apis mellifera</i>	2kDa	-	-	-
UPI000623CBB6	titin-like	<i>Bombus impatiens</i>	693kDa	-	-	-
UPI0006152052	titin-like isoform X1	<i>Megachile rotundata</i>	925kDa	-	-	-
UPI000771D39F	probable serine/threonine-protein kinase mkcC isoform X3	<i>Cephus cinctus</i>	144 kDa	-	-	-
UPI0006C9E44E	glucosamine-6-phosphate isomerase	<i>Copidosoma floridanum</i>	31 kDa	-	-	-
UPI0006D505C8	dipeptidyl aminopeptidase-like protein 6	<i>Microplitis demolitor</i>	99 kDa	-	-	-
UPI0005ACC2D4	coiled-coil domain-containing protein 102A isoform X1	<i>Fopius arisanus</i>	63 kDa	-	-	-
UPI0006267BB6	coiled-coil domain-containing protein A GAP005037-like	<i>Orussus abietinus</i>	121 kDa	-	-	-
R4RPP7	Carbamoylphosphate synthase	<i>Platythyrea lamellosa</i>	54 kDa	nitrogen compound metabolic process [GO:0006807]	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A088FC94	Carbamoylphosphate synthase	<i>Epopostruma monstrosa</i>	35 kDa	nitrogen compound metabolic process [GO:0006807]	-	ATP binding [GO:0005524]
UPI0003DF7B36	enolase-phosphatase E1-like	<i>Apis dorsata</i>	104 kDa	-	-	-
UPI0005D402B6	transmembrane protease serine 6-like	<i>Pogonomyrmex barbatus</i>	39 kDa	-	-	-
UPI00022CA6F1	sugar phosphate exchanger 2 isoform X1	<i>Bombus impatiens</i>	58 kDa	-	-	-
UPI0003DF79B0	1-phosphatidylinositol 3-phosphate 5-kinase-like isoform X1	<i>Apis dorsata</i>	230 kDa	-	-	-
A0A0N0BG73	28 kDa heat-and acid-stable phosphoprotein	<i>Melipona quadrifasciata</i>	37 kDa	-	-	-
UPI000771E188	A-kinase anchor protein 9-like isoform X6	<i>Cephus cinctus</i>	368 kDa	-	-	-
UPI000771D824	alpha-N-acetylgalactosaminidase isoform X1	<i>Cephus cinctus</i>	49 kDa	-	-	-
UPI00073D7E92	alpha-protein kinase 1-like	<i>Polistes dominula</i>	65 kDa	-	-	-
UPI0005ACFA08	aminopeptidase N	<i>Fopius arisanus</i>	112 kDa	-	-	-
UPI0006256CD2	aminopeptidase N-like	<i>Orussus abietinus</i>	119 kDa	-	-	-
UPI000771A4BB	arginine/serine-rich protein PNISR-like	<i>Cephus cinctus</i>	88 kDa	-	-	-
A0A154PPT3	Atrial natriuretic peptide-converting enzyme	<i>Dufourea novaeangliae</i>	280 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	serine-type endopeptidase activity [GO:0004252]
F4WY87	BAG family molecular chaperone regulator 2	<i>Acromyrmex echinator</i>	20 kDa	-	-	-
S6A7J7	Carbamoylphosphate synthetase	<i>Anacharis sp. DM277</i>	37 kDa	-	-	-

UPI0005AC21DD	coiled-coil domain-containing protein 42 homolog	<i>Fopius arisanus</i>	38 kDa	-	-	-
UPI0005B79ADC	coiled-coil domain-containing protein AGAP005037-like	<i>Cerapachys biroi</i>	130 kDa	-	-	-
UPI0007672D88	dual specificity protein kinase CLK2 isoform X2	<i>Dufourea novaeangliae</i>	83 kDa	-	-	-
UPI0004CD955E	dual specificity protein kinase pyk3 isoform X2	<i>Microplitis demolitor</i>	131 kDa	-	-	-
UPI00063F7A38	dual specificity protein phosphatase 12-like isoform X2	<i>Monomorium pharaonis</i>	38 kDa	-	-	-
A0A0J7K4Z5	Gamma-glutamyl kinase	<i>Lasius niger</i>	39 kDa	proline biosynthetic process [GO:0006561]	cytoplasm [GO:0005737]	glutamate 5-kinase activity [GO:0004349]
A0A154P9T2	Geranylgeranyl pyrophosphate synthase	<i>Dufourea novaeangliae</i>	29 kDa	isoprenoid biosynthetic process [GO:0008299]	-	transferase activity [GO:0016740]
A0A195ERA0	Hexosyltransferase	<i>Trachymyrmex septentrionalis</i>	42 kDa	protein glycosylation [GO:0006486]	Golgi membrane [GO:0000139]	galactosyltransferase activity [GO:0008378]
UPI000629D1C0	Tyrosine-protein kinase Abl	<i>Apis florea</i>	133 kDa	-	-	-
A0A151J475	Lysyl oxidase like protein 4	<i>Trachymyrmex cornetzi</i>	257 kDa	-	membrane [GO:0016020]	scavenger receptor activity [GO:0005044]
UPI0005F41476	N-acetylglucosamine-1-phosphotransferase	<i>Vollenhovia emeryi</i>	87 kDa	-	-	-
UPI00062309D1	phosphatase and actin regulator 4-like isoform X2	<i>Linepithema humile</i>	33 kDa	-	-	-
UPI0007382581	protein arginine N-methyltransferase 5	<i>Diachasma alloeum</i>	73 kDa	-	-	-
UPI0007E2B54F	protein O-mannosyl-transferase 2 isoform X1	<i>Apis cerana</i>	82 kDa	-	-	-
UPI0007384ACB	protein phosphatase 1 regulatory subunit 36-like	<i>Diachasma alloeum</i>	52 kDa	-	-	-
UPI0005CF7405	putative aminopeptidase W07G4.4 isoform X1	<i>Ceratosolen solmsi marchali</i>	66 kDa	-	-	-
A0A026X3C3	Putative methyltransferase NSUN6	<i>Cerapachys biroi</i>	50 kDa	-	-	methyltransferase activity [GO:0008168]
A0A0J7JTR4	Putative serine threonine-protein kinase tsua	<i>Lasius niger</i>	13 kDa	-	-	kinase activity [GO:0016301]
A0A151IHL0	Putative serine/threonine-protein kinase haspin like protein	<i>Cyphomyrmex costatus</i>	140 kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
F4WL89	Ribulose-phosphate 3-epimerase	<i>Acromyrmex echinator</i>	27 kDa	carbohydrate metabolic process [GO:0005975]	-	metal ion binding [GO:0046872]
UPI00020641F6	serine/threonine-protein kinase Genghis Khan isoform X3	<i>Apis mellifera</i>	203 kDa	-	-	-
UPI00059BB168	serine/threonine-protein kinase tousled-like 2 isoform X4	<i>Camponotus floridanus</i>	89 kDa	-	-	-

Tabela A3. (iii) proteínas relacionadas com a preservação das toxinas do veneno contra o estresse oxidativo. Identificação e agrupamento das proteínas de acordo com o seu papel funcional no veneno, constando as informações dos dados oriundos da análise proteômica e análise G.O. (processo biológico, componente celular e função molecular).

Código de acesso	Proteína	Taxonomia	Massa (kDa)	Processo biológico	Componente celular	Função molecular
E0WBN4	Cytochrome c oxidase subunit 1	<i>Wallacidia oculata</i>	58kDa	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]

P20374	Cytochrome c oxidase subunit 1	<i>Apis mellifera ligustica</i>	59kDa	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
R4JQR7	Cytochrome c oxidase subunit 1	<i>Macrogalea mombasae</i>	23kDa	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
R4JQT9	Cytochrome c oxidase subunit 1	<i>Macrogalea mombasae</i>	17kDa	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
G8J9Y2	Cytochrome c oxidase subunit 1	<i>Notiospathius sp.</i>	19kDa	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
G8JA34	Cytochrome c oxidase subunit 1	<i>Notiospathius sp.</i>	19kDa	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
G8J9Q9	Cytochrome c oxidase subunit 1	<i>Sergey tzeltal</i>	19kDa	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
P29875	Cytochrome c oxidase subunit 2	<i>Lasius sp.</i>	26kDa	electron transport chain [GO:0022900]	integral component of membrane [GO:0016021]	copper ion binding [GO:0005507]
R4JUE0	Cytochrome oxidase subunit I	<i>Inquilina sp. 'holsworthi'</i>	23kDa	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
F1DPP0	Cytochrome P450	<i>Apis mellifera</i>	59kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	heme binding [GO:0020037]
Q306I1	Cytochrome P450 monooxygenase	<i>Apis mellifera</i>	62kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	heme binding [GO:0020037]
Q306I2	Cytochrome P450 monooxygenase	<i>Apis mellifera</i>	58kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	heme binding [GO:0020037]
A0A159XTF1	Cytochrome c oxidase subunit 1	<i>Diapriidae</i>	22kDa	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
A0A159XUI8	Cytochrome c oxidase subunit 1	<i>Ichneumoninae</i>	21kDa	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
A0A159YF79	Cytochrome c oxidase subunit 1	<i>Megaspilidae</i>	20kDa	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
A0A097IBG8	Cytochrome c oxidase subunit 1	<i>Microgastrinae</i>	19kDa	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
Q1PLX3	Cytochrome c oxidase subunit 1	<i>Acropyga epedana</i>	38kDa	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
A0A0M3N4K9	Cytochrome c oxidase subunit 1	<i>Hymenoptera sp.</i>	22kDa	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
A0A0M3XBA0	Cytochrome c oxidase subunit 1	<i>Scambus sp.</i>	21kDa	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
A0A161FHB2	Cytochrome c oxidase subunit 1	<i>Platygastridae</i>	20kDa	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
A0A159U796	Cytochrome c oxidase subunit 1	<i>Telenomus</i>	20kDa	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
A0A161ELE4	Cytochrome c oxidase subunit 1	<i>Platygastrinae</i>	21kDa	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
A0A159Y7K9	Cytochrome c oxidase subunit 1	<i>Ectemnius</i>	20kDa	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]

A0A159YH66	Cytochrome c oxidase subunit 1	<i>Gonatocerus</i>	20kDa	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
E2RVB1	Cytochrome c oxidase subunit 1	<i>Blastophaga nipponica</i>	31kDa	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
G9FU79	Cytochrome c oxidase subunit 1	<i>Heterospilus</i>	33kDa	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
L7PJM2	Cytochrome c oxidase subunit 1	<i>Lissonota coracina</i>	24kDa	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
L7PLN0	Cytochrome c oxidase subunit 1	<i>Alysiinae</i>	24kDa	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
L7PQF0	Cytochrome c oxidase subunit 1	<i>Pantisarthrus</i>	24kDa	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
A0A0C4MN67	Cytochrome c oxidase subunit 1	<i>Colletes impunctatus</i>	22kDa	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
D3XER2	Cytochrome oxidase subunit I	<i>Ceratina azurea</i>	30kDa	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
Q4KWT9	Cytochrome oxidase subunit I	<i>Disorygma pacifica</i>	13kDa	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
R4JNE9	Cytochrome oxidase subunit II	<i>Stilbula quinqueguttata</i>	9kDa	-	membrane [GO:0016020]	copper ion binding [GO:0005507]
A0A026WNC6	Cytochrome P450 9e2	<i>Cerapachys biroi</i>	132kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	heme binding [GO:0020037]
UPI0007678DF2	stress response protein NST1-I	<i>Dufourea novaeangliae</i>	125kDa	-	-	-
A0A195F5Z1	Stress-activated protein kinases	<i>Trachymyrmex septentrionalis</i>	52kDa	-	intracellular [GO:0005622]	ATP binding [GO:0005524]
R9QMT4	Thioredoxin peroxidase 3	<i>Apis cerana cerana</i>	27kDa	cell redox homeostasis [GO:0045454]	peroxidase activity [GO:0004601]	-
UPI00076FDC6C	NAD(P)H-hydrate epimerase	<i>Neodiprion lecontei</i>	25kDa	-	-	-
UPI0005D3C27B	NADH dehydrogenase	<i>Pogonomyrmex barbatus</i>	50kDa	-	-	-
A0A0U1WEH3	NADH-ubiquinone oxidoreductase	<i>Paroligoneurus</i>	38kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	NADH dehydrogenase activity [GO:0008137]
V9MN71	Cytochrome b	<i>Pseudomyrmex flavicornis</i>	15kDa	respiratory electron transport chain [GO:0022904]	integral component of membrane [GO:0016021]	electron carrier activity [GO:0009055]
A0A0N7B884	Cytochrome c oxidase subunit 1	<i>Hymenoptera sp.</i>	23kDa	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
A0A0M3WUS1	Cytochrome c oxidase subunit 1	<i>Platygastridae sp.</i>	20kDa	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
D0QJZ2	Cytochrome c oxidase subunit 1	<i>Bombus ternarius</i>	23kDa	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
A0A159P585	Cytochrome c oxidase subunit 1	<i>Platygastridae sp.</i>	20kDa	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]

A0A159XWW3	Cytochrome c oxidase subunit 1	<i>Hormius sp.</i> <i>BOLD:ACE6264</i>	21kDa	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
A0A168T2C3	Cytochrome c oxidase subunit 1	<i>Aleiodes albitibia</i>	20kDa	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
D0Q557	Cytochrome c oxidase subunit 1	<i>Formica cf.</i> <i>neorufibarbis</i> 2	23kDa	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
D6BMD8	Cytochrome c oxidase subunit 1	<i>Syrphoctonus</i> <i>longiventris</i>	24kDa	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
Q85BE8	Cytochrome c oxidase subunit 1	<i>Bombus muscorum</i>	39kDa	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
A0A023W4V3	Cytochrome c oxidase subunit 1	<i>Cataglyphis bicolor</i>	20kDa	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
A0A0B4U4G9	Cytochrome c oxidase subunit 1	<i>Sclerodermus pupariae</i>	22kDa	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
A0A0M3XEY7	Cytochrome c oxidase subunit 1	<i>Mymaridae sp.</i>	20kDa	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
UPI00073D6CEA	cytochrome P450 4C1-like isofo	<i>Polistes dominula</i>	61kDa	-	-	-
UPI0001C4D007	cytochrome P450 6AS30	<i>Nasonia vitripennis</i>	58kDa	-	-	-
UPI000595C69C	cytochrome P450 6k1-like	<i>Solenopsis invicta</i>	43kDa	-	-	-
UPI0005ED5C29	cytochrome P450 CYP12A2-like	<i>Wasmannia</i> <i>auropunctata</i>	61kDa	-	-	-
UPI0006250ABB	dual oxidase 2-like isoformX2	<i>Orussus abietinus</i>	186kDa	-	-	-
UPI0006197BBD	NADH dehydrogenase	<i>Bombus terrestris</i>	17kDa	-	-	-
Q85SY9	NADH dehydrogenase subunit 2	<i>Apis mellifera</i> <i>pomonella</i>	25kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
UPI000738244E	NADPH-dependent diflavin oxido	<i>Diachasma alloenum</i>	68kDa	-	-	-
UPI0005961089	probable cytochrome P450 9h1	<i>Solenopsis invicta</i>	26kDa	-	-	-

Tabela A4. (iv) proteínas relacionadas com a comunicação química. Identificação e agrupamento das proteínas de acordo com o seu papel funcional no veneno, constando as informações dos dados oriundos da análise proteômica e análise G.O. (processo biológico, componente celular e função molecular).

Código de acesso	Proteína	Taxonomia	Massa (kDa)	Processo biológico	Componente celular	Função molecular
K7IN32	Carboxylic ester hydrolase	<i>Nasonia vitripennis</i>	59 Kda	-	-	hydrolase activity [GO:0016787]
K7IVN5	Carboxylic ester hydrolase	<i>Nasonia vitripennis</i>	63 kDa	metabolic process [GO:0008152]	-	hydrolase activity [GO:0016787]
K7J718	Carboxylic ester hydrolase	<i>Nasonia vitripennis</i>	62 kDa	-	-	hydrolase activity [GO:0016787]
K7IND2	Carboxylic ester hydrolase	<i>Nasonia vitripennis</i>	61 kDa	-	-	hydrolase activity [GO:0016787]
K7IW29	Carboxylic ester hydrolase	<i>Nasonia vitripennis</i>	58 kDa	-	-	hydrolase activity [GO:0016787]
Q3LBA6	Chemosensory protein 4	<i>Apis mellifera</i>	14 kDa	-	-	-
Q3LBA4	Chemosensory protein 6	<i>Apis mellifera</i>	14 kDa	-	-	-
Q1W633	Odorant binding protein 21	<i>Apis mellifera</i>	15 kDa	-	-	odorant binding [GO:0005549]
Q1W646	Odorant binding protein 7	<i>Apis mellifera</i>	18 kDa	-	-	odorant binding [GO:0005549]
Q8WRW2	Odorant binding protein ASP5	<i>Apis mellifera</i>	16 kDa	-	-	odorant binding [GO:0005549]
A0A088ALB2	Odorant receptor	<i>Apis mellifera</i>	45 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	odorant binding [GO:0005549]
A0A088ALD3	Odorant receptor	<i>Apis mellifera</i>	46 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	odorant binding [GO:0005549]
A0A088ALF1	Odorant receptor	<i>Apis mellifera</i>	46 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	odorant binding [GO:0005549]
A0A087ZPQ3	Odorant receptor	<i>Apis mellifera</i>	53 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	odorant binding [GO:0005549]
A0A088ALB3	Odorant receptor	<i>Apis mellifera</i>	45 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	odorant binding [GO:0005549]
A0A088AK65	Odorant receptor	<i>Apis mellifera</i>	44 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	odorant binding [GO:0005549]
K7J8S3	Odorant receptor	<i>Nasonia vitripennis</i>	42 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	odorant binding [GO:0005549]
A0A088ALD0	Odorant receptor	<i>Apis mellifera</i>	47 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	odorant binding [GO:0005549]
A0A088ALF2	Odorant receptor	<i>Apis mellifera</i>	46 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	odorant binding [GO:0005549]
A0A088ALB0	Odorant receptor	<i>Apis mellifera</i>	46 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	odorant binding [GO:0005549]

A0A088ALD5	Odorant receptor	<i>Apis mellifera</i>	46 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	odorant binding [GO:0005549]
H9KT53	Odorant receptor	<i>Apis mellifera</i>	45 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	odorant binding [GO:0005549]
G8B1K6	Putative odorant binding protein 1	<i>Nasonia vitripennis</i>	15 kDa	-	-	odorant binding [GO:0005549]
G8B1M1	Putative odorant binding protein 16	<i>Nasonia vitripennis</i>	15 kDa	-	-	odorant binding [GO:0005549]
G8B1R3	Putative odorant binding protein 58	<i>Nasonia vitripennis</i>	15 kDa	-	-	odorant binding [GO:0005549]
G8B1R7	Putative odorant binding protein 62	<i>Nasonia vitripennis</i>	15 kDa	-	-	odorant binding [GO:0005549]
G8B1S0	Putative odorant binding protein 65	<i>Nasonia vitripennis</i>	13 kDa	-	-	odorant binding [GO:0005549]
G8B1S6	Putative odorant binding protein 71	<i>Nasonia vitripennis</i>	16 kDa	-	-	odorant binding [GO:0005549]
G8B1T1	Putative odorant binding protein 76	<i>Nasonia vitripennis</i>	15 kDa	-	-	odorant binding [GO:0005549]
G8B1T3	Putative odorant binding protein 78	<i>Nasonia vitripennis</i>	16 kDa	-	-	odorant binding [GO:0005549]
G8B1T6	Putative odorant binding protein 81	<i>Nasonia vitripennis</i>	14 kDa	-	-	odorant binding [GO:0005549]

Tabela A5. (v) proteínas *housekeeping*. Identificação e agrupamento das proteínas de acordo com o seu papel funcional no veneno, constando as informações dos dados oriundos da análise proteômica e análise G.O. (processo biológico, componente celular e função molecular).

Código de acesso	Nome da Proteína	Taxonomia	Massa (kDa)	Processo biológico	Componente celular	Função molecular
A0A088AS00	1,2-dihydroxy-3-keto-5-methylthiopentene dioxygenase	<i>Apis mellifera</i>	22 kDa	L-methionine salvage from methylthioadenosine [GO:0019509]	cytoplasm[GO:0005737]	acireductone dioxygenase [iron(II)-requiring] activity [GO:0010309]
K7ILV9	10-formyltetrahydrofolate dehydrogenase	<i>Nasonia vitripennis</i>	98 kDa	10-formyltetrahydrofolate catabolic process [GO:0009258]	cytoplasm[GO:0005737]	formyltetrahydrofolate dehydrogenase activity [GO:0016155]
A0A088AK38	1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase	<i>Apis mellifera</i>	31 kDa	phospholipid biosynthetic process [GO:0008654]	integral component of membrane [GO:0016021]	1-acylglycerol-3-phosphate O-acyltransferase activity [GO:0003841]
A0A088AJ82	3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A reductase	<i>Apis mellifera</i>	99 kDa	coenzyme A metabolic process [GO:0015936]	endoplasmic reticulum membrane [GO:0005789]	hydroxymethylglutaryl-CoA reductase (NADPH) activity [GO:0004420]

K7IT07	3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase	<i>Nasonia vitripennis</i>	48 kDa	fatty acid biosynthetic process [GO:0006633]	-	transferase activity, transferring acyl groups other than amino-acyl groups [GO:0016747]
K7IVQ7	40S ribosomal protein S12	<i>Nasonia vitripennis</i>	15 kDa	translation [GO:0006412]	ribosome [GO:0005840]	structural constituent of ribosome [GO:0003735]
A0A088AHT9	40S ribosomal protein S4	<i>Apis mellifera</i>	29 kDa	translation [GO:0006412]	ribosome [GO:0005840]	rRNA binding [GO:0019843]
A0A088A7I3	5-formyltetrahydrofolate cyclo-ligase	<i>Apis mellifera</i>	22 kDa	-	-	5-formyltetrahydrofolate cyclo-ligase activity [GO:0030272]
A0A088AJK8	60S ribosomal export protein NMD3	<i>Apis mellifera</i>	58 kDa	-	-	-
Q56FG6	60S ribosomal protein L5	<i>Lysiphlebus testaceipes</i>	34 kDa	translation [GO:0006412]	nucleus [GO:0005634]	5S rRNA binding [GO:0008097]
K7J4Y2	6-phosphogluconate dehydrogenase	<i>Nasonia vitripennis</i>	52 kDa	D-gluconate metabolic process [GO:0019521]	-	phosphogluconate dehydrogenase (decarboxylating) activity [GO:0004616]
A0A087ZXK3	Aconitate hydratase	<i>Apis mellifera</i>	85 kDa	tricarboxylic acid cycle [GO:0006099]	mitochondrion [GO:0005739]	4 iron, 4 sulfur cluster binding [GO:0051539]
A0A087ZVT1	Acyl-coenzyme A oxidase	<i>Apis mellifera</i>	77 kDa	fatty acid beta-oxidation [GO:0006635]	peroxisome [GO:0005777]	acyl-CoA oxidase activity [GO:0003997]
A0A0B4J2L5	Adenylate kinase	<i>Apis mellifera</i>	28 kDa	ADP biosynthetic process [GO:0006172]	cytosol [GO:0005829]	adenylate kinase activity [GO:0004017]
A0A088ADU4	Alpha-tubulin N-acetyltransferase	<i>Apis mellifera</i>	40 kDa	alpha-tubulin acetylation [GO:0071929]	microtubule [GO:0005874]	tubulin N-acetyltransferase activity [GO:0019799]
Q9XZJ1	Amino acid transporter	<i>Apis mellifera</i>	59 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	symporter activity [GO:0015293]
K7ING3	Aminomethyltransferase	<i>Nasonia vitripennis</i>	45 kDa	glycine catabolic process [GO:0006546]	mitochondrion [GO:0005739]	aminomethyltransferase activity [GO:0004047]
A0A087ZV75	Anamorsin homolog	<i>Apis mellifera</i>	30 kDa	apoptotic process [GO:0006915]	mitochondrial intermembrane space [GO:0005758]	2 iron, 2 sulfur cluster binding [GO:0051537]
Q4PKR8	Anarchy 1	<i>Apis mellifera</i>	55 kDa	-	-	-
A0A088A1W4	Annexin	<i>Apis mellifera</i>	56 kDa	-	-	calcium-dependent phospholipid binding [GO:0005544]
K7IMU6	Anoctamin	<i>Nasonia vitripennis</i>	101 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	protein dimerization activity [GO:0046983]
Q9GYV0	Antennapedia protein	<i>Apis mellifera</i>	39 kDa	multicellular organism development [GO:0007275]	nucleus [GO:0005634]	sequence-specific DNA binding [GO:0043565]
C7AHP0	Aspartate aminotransferase	<i>Apis mellifera</i>	48 kDa	biosynthetic process [GO:0009058]	-	L-aspartate:2-oxoglutarate aminotransferase activity [GO:0004069]

E0WBN6	ATP synthase F0 subunit 8	<i>Wallacidia oculata</i>	6 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A087ZQI5	ATP synthase subunit alpha	<i>Apis mellifera</i>	59 kDa	ATP synthesis coupled proton transport [GO:0015986]	proton-transporting ATP synthase complex, catalytic core F(1) [GO:0045261]	ATP binding [GO:0005524]
K7IME4	ATPase ASNA1 homolog	<i>Nasonia vitripennis</i>	38kDa	protein insertion into ER membrane [GO:0045048]	endoplasmic reticulum [GO:0005783]	ATPase activity [GO:0016887]
A0A088ASR6	ATP-dependent DNA helicase PIF1	<i>Apis mellifera</i>	69kDa	DNA recombination [GO:0006310]	mitochondrion [GO:0005739]	ATP binding [GO:0005524]
A0A088ATD1	Autophagy-related protein 3	<i>Apis mellifera</i>	37kDa	autophagy [GO:0006914]	cytoplasm [GO:0005737]	-
A0A087ZP33	Autophagy-related protein 9	<i>Apis mellifera</i>	96kDa	autophagy [GO:0006914]	cytoplasmic vesicle membrane [GO:0030659]	-
K7IZ19	Bardet-Biedl syndrome 2 protein homolog	<i>Nasonia vitripennis</i>	76kDa	non-motile cilium assembly [GO:1905515]	BBSome [GO:0034464]	-
A0A088AAI1	Calcium load-activated calcium channel	<i>Apis mellifera</i>	21kDa	endoplasmic reticulum calcium ion homeostasis [GO:0032469]	integral component of endoplasmic reticulum membrane [GO:0030176]	calcium channel activity [GO:0005262]
A0A087ZVD3	Calcium-transporting ATPase	<i>Apis mellifera</i>	104kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	ATP binding [GO:0005524]
A1BXU2	Capa-like receptor	<i>Apis mellifera</i>	52kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	neuromedin U receptor activity [GO:0001607]
Q8I9W0	Catalase	<i>Apis mellifera ligustica</i>	57kDa	hydrogen peroxide catabolic process [GO:0042744]	-	catalase activity [GO:0004096]
A0A088ALT2	Cation-transporting ATPase	<i>Apis mellifera</i>	130kDa	cation transport [GO:0006812]	integral component of membrane [GO:0016021]	ATPase activity [GO:0016887]
Q8SSX4	cGMP-dependent protein kinase	<i>Apis mellifera</i>	77kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A088AM85	Chloride channel protein	<i>Apis mellifera</i>	111kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	voltage-gated chloride channel activity [GO:0005247]
A0A088AKI2	Citrate synthase	<i>Apis mellifera</i>	51kDa	tricarboxylic acid cycle [GO:0006099]	-	citrate (S)-synthase activity [GO:0004108]
A0A087ZPQ5	Citrate synthase	<i>Apis mellifera</i>	54kDa	-	-	transferase activity, transferring acyl groups, acyl groups converted into alkyl on transfer [GO:0046912]
K7ITB1	Clathrin heavy chain	<i>Nasonia vitripennis</i>	192kDa	clathrin coat assembly [GO:0048268]	clathrin coat of coated pit [GO:0030132]	clathrin light chain binding [GO:0032051]
A0A088AFV6	Clathrin heavy chain	<i>Apis mellifera</i>	192kDa	clathrin coat assembly [GO:0048268]	clathrin coat of coated pit [GO:0030132]	clathrin light chain binding [GO:0032051]
A0A088APW1	Clustered mitochondria protein homolog	<i>Apis mellifera</i>	159kDa	intracellular distribution of mitochondria [GO:0048312]	cytoplasm [GO:0005737]	RNA binding [GO:0003723]
B7ZKE3	Corazonin receptor	<i>Apis mellifera</i>	47kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	G-protein coupled receptor activity [GO:0004930]

A0A088AIR9	CTP synthase	<i>Apis mellifera</i>	67kDa	'de novo' CTP biosynthetic process [GO:0044210]	-	ATP binding [GO:0005524]
K7IXS1	Cyclin-dependent kinases regulatory subunit	<i>Nasonia vitripennis</i>	10kDa	cell cycle [GO:0007049]	-	cyclin-dependent protein serine/threonine kinase regulator activity [GO:0016538]
D3UAF5	Cys-loop ligand-gated ion channel subunit	<i>Nasonia vitripennis</i>	50kDa	-	cell junction [GO:0030054]	extracellular ligand-gated ion channel activity [GO:0005230]
Q2V0C9	Cystathionine beta-synthase	<i>Apis mellifera</i>	56kDa	cysteine biosynthetic process from serine [GO:0006535]	cytoplasm [GO:0005737]	cystathionine beta-synthase activity [GO:0004122]
K7J973	Cystathionine beta-synthase	<i>Nasonia vitripennis</i>	54kDa	cysteine biosynthetic process from serine [GO:0006535]	cytoplasm [GO:0005737]	cystathionine beta-synthase activity [GO:0004122]
K7JTR4	Cytoplasmic tRNA 2-thiolation protein 1	<i>Nasonia vitripennis</i>	76kDa	protein urmylation [GO:0032447]	cytoplasm [GO:0005737]	nucleotidyltransferase activity [GO:0016779]
A0A088AKB9	Defective in cullin neddylation protein	<i>Apis mellifera</i>	30kDa	-	-	-
A0A088A822	Delta-1-pyrroline-5-carboxylate synthase	<i>Apis mellifera</i>	85kDa	L-proline biosynthetic process [GO:0055129]	mitochondrion [GO:0005739]	ATP binding [GO:0005524]
K7IN20	Deoxyhypusine hydroxylase	<i>Nasonia vitripennis</i>	34kDa	peptidyl-lysine modification to peptidyl-hypusine [GO:0008612]	-	deoxyhypusine monooxygenase activity [GO:0019135]
A0A088A176	Dihydrolipoamide acetyltransferase	<i>Apis mellifera</i>	50kDa	metabolic process [GO:0008152]	-	transferase activity, transferring acyl groups [GO:0016746]
A0A088APL2	Dihydrolipoamide acetyltransferase	<i>Apis mellifera</i>	66kDa	metabolic process [GO:0008152]	-	transferase activity, transferring acyl groups [GO:0016746]
A0A088AI9	Dihydrolipoyl dehydrogenase	<i>Apis mellifera</i>	54kDa	cell redox homeostasis [GO:0045454]	cell [GO:0005623]	dihydrolipoyl dehydrogenase activity [GO:0004148]
A0A088AF14	Dihydroorotate dehydrogenase	<i>Apis mellifera</i>	43kDa	'de novo' pyrimidine nucleobase biosynthetic process [GO:0006207]	mitochondrial inner membrane [GO:0005743]	dihydroorotate dehydrogenase activity [GO:0004152]
K7IV72	Dihydroorotate dehydrogenase	<i>Nasonia vitripennis</i>	43kDa	'de novo' pyrimidine nucleobase biosynthetic process [GO:0006207]	mitochondrial inner membrane [GO:0005743]	dihydroorotate dehydrogenase activity [GO:0004152]
K7IQT0	Dihydropyrimidine dehydrogenase	<i>Nasonia vitripennis</i>	111kDa	beta-alanine biosynthetic process [GO:0019483]	cytoplasm [GO:0005737]	4 iron, 4 sulfur cluster binding [GO:0051539]
Q1T6Y3	Dscam family member AbsCAM-Ig7A	<i>Apis mellifera</i>	209kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A8D435	DSX protein male form	<i>Apis mellifera</i>	37kDa	-	nucleus [GO:0005634]	metal ion binding [GO:0046872]

R9RUD0	Elongation factor 1 alpha	<i>Bombus perezii</i>	19kDa	-	-	GTPase activity [GO:0003924]
K7IVS1	Elongation factor 1-alpha	<i>Nasonia vitripennis</i>	50kDa	-	cytoplasm[GO:0005737]	GTPase activity [GO:0003924]
K7J3V0	Elongation factor 1-alpha	<i>Nasonia vitripennis</i>	50kDa	-	cytoplasm[GO:0005737]	GTPase activity [GO:0003924]
P19039	Elongation factor 1-alpha	<i>Apis mellifera</i>	50kDa	-	cytoplasm[GO:0005737]	GTPase activity [GO:0003924]
R4JU90	Elongation factor 1-alpha	<i>Braunsapis hirsuta</i>	27kDa	-	-	GTPase activity [GO:0003924]
R4JMD6	Elongation factor 1-alpha	<i>Exoneura sp. Cobboboonee</i>	26kDa	-	-	GTPase activity [GO:0003924]
R4JMD9	Elongation factor 1-alpha	<i>Braunsapis sp. Malaysian Parasite 1</i>	25kDa	-	-	GTPase activity [GO:0003924]
R4JU96	Elongation factor 1-alpha	<i>Macrogalea candida</i>	25kDa	-	-	GTPase activity [GO:0003924]
R4JQU6	Elongation factor 1-alpha	<i>Macrogalea aff. ellioti Morondava</i>	27kDa	-	-	GTPase activity [GO:0003924]
K7JA58	Elongation factor G, mitochondrial	<i>Nasonia vitripennis</i>	83kDa	mitochondrial translational elongation [GO:0070125]	mitochondrion [GO:0005739]	GTPase activity [GO:0003924]
R9TCI9	Elongation factor-1 alpha	<i>Monitoriella rufithorax</i>	15kDa	-	-	GTPase activity [GO:0003924]
R9TDY1	Elongation factor-1 alpha	<i>Notiospathius sp. 26 AZR-2013</i>	15kDa	-	-	GTPase activity [GO:0003924]
R9TH40	Elongation factor-1 alpha	<i>Ecphylus sp. 1 AZR-2013</i>	15kDa	-	-	GTPase activity [GO:0003924]
K7J7X7	Elongation of very long chain fatty acids protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	33kDa	fatty acid biosynthetic process [GO:0006633]	integral component of membrane [GO:0016021]	3-oxo-arachidoyl-CoA synthase activity [GO:0102336]
K7J7Y4	Elongation of very long chain fatty acids protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	38kDa	fatty acid biosynthetic process [GO:0006633]	integral component of membrane [GO:0016021]	3-oxo-arachidoyl-CoA synthase activity [GO:0102336]
A0A088AJ05	Elongator complex protein 3	<i>Apis mellifera</i>	63kDa	regulation of transcription, DNA-templated [GO:0006355]	-	histone acetyltransferase activity [GO:0004402]
A0A087ZQ02	Endoglucanase	<i>Apis mellifera</i>	54kDa	cellulose catabolic process [GO:0030245]	-	cellulase activity [GO:0008810]
A0A088AMH5	Enhancer of polycomb-like protein	<i>Apis mellifera</i>	96kDa	regulation of transcription from RNA polymerase II promoter [GO:0006357]	Piccolo NuA4 histone acetyltransferase complex [GO:0032777]	-
K7J1K1	Enolase-phosphatase E1	<i>Nasonia vitripennis</i>	70kDa	L-methionine salvage from methylthioadenosine [GO:0019509]	cytoplasm[GO:0005737]	2,3-diketo-5-methylthiopentyl-1-phosphate enolase activity [GO:0043715]

Q5D184	Ephrin receptor	<i>Apis mellifera</i>	109kDa	-	integral component of plasma membrane [GO:0005887]	ATP binding [GO:0005524]
K7IW06	Epoxide hydrolase	<i>Nasonia vitripennis</i>	52kDa	aromatic compound catabolic process [GO:0019439]	endoplasmic reticulum membrane [GO:0005789]	cis-stilbene-oxide hydrolase activity [GO:0033961]
A0A087ZVE8	Epoxide hydrolase	<i>Apis mellifera</i>	51kDa	aromatic compound catabolic process [GO:0019439]	endoplasmic reticulum membrane [GO:0005789]	cis-stilbene-oxide hydrolase activity [GO:0033961]
B3U0E6	Epoxide hydrolase	<i>Nasonia vitripennis</i>	53kDa	aromatic compound catabolic process [GO:0019439]	endoplasmic reticulum membrane [GO:0005789]	cis-stilbene-oxide hydrolase activity [GO:0033961]
K7IXY7	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit A	<i>Nasonia vitripennis</i>	128kDa	formation of translation preinitiation complex [GO:0001731]	eukaryotic 43S preinitiation complex [GO:0016282]	translation initiation factor activity [GO:0003743]
A0A088A560	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit A	<i>Apis mellifera</i>	129kDa	formation of translation preinitiation complex [GO:0001731]	eukaryotic 43S preinitiation complex [GO:0016282]	translation initiation factor activity [GO:0003743]
A0A088AC80	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit B	<i>Apis mellifera</i>	81kDa	formation of translation preinitiation complex [GO:0001731]	eukaryotic 43S preinitiation complex [GO:0016282]	translation initiation factor activity [GO:0003743]
A0A088AQJ3	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit E	<i>Apis mellifera</i>	51kDa	formation of translation preinitiation complex [GO:0001731]	eukaryotic 43S preinitiation complex [GO:0016282]	translation initiation factor activity [GO:0003743]
A0A088A223	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit F	<i>Apis mellifera</i>	31kDa	formation of translation preinitiation complex [GO:0001731]	eukaryotic 43S preinitiation complex [GO:0016282]	translation initiation factor activity [GO:0003743]
K7IS46	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit H	<i>Nasonia vitripennis</i>	38kDa	formation of translation preinitiation complex [GO:0001731]	eukaryotic 43S preinitiation complex [GO:0016282]	translation initiation factor activity [GO:0003743]
A0A088AQX2	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit L	<i>Apis mellifera</i>	63kDa	formation of translation preinitiation complex [GO:0001731]	eukaryotic 43S preinitiation complex [GO:0016282]	translation initiation factor activity [GO:0003743]
K7J845	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit L	<i>Nasonia vitripennis</i>	63kDa	formation of translation preinitiation complex [GO:0001731]	eukaryotic 43S preinitiation complex [GO:0016282]	translation initiation factor activity [GO:0003743]
K7J4F0	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit M	<i>Nasonia vitripennis</i>	44kDa	formation of translation preinitiation complex [GO:0001731]	eukaryotic 43S preinitiation complex [GO:0016282]	translation initiation factor activity [GO:0003743]
A9ZSY2	Facilitated trehalose transporter Tret1	<i>Apis mellifera ligustica</i>	55kDa	trehalose transport [GO:0015771]	integral component of membrane [GO:0016021]	trehalose transmembrane transporter activity [GO:0015574]
G9JWG5	Fatty acid synthase	<i>Bombus terrestris</i>	262kDa	biosynthetic process [GO:0009058]	-	[acyl-carrier-protein] S-acetyltransferase activity [GO:0004313]

H6WCY9	Fatty acid synthase	<i>Bombus lucorum</i>	262kDa	biosynthetic process [GO:0009058]	-	[acyl-carrier-protein] S- acetyltransferase activity [GO:0004313]
K7J1J5	Fatty acyl-CoA reductase	<i>Nasonia vitripennis</i>	61kDa	lipid metabolic process [GO:0006629]	integral component of membrane [GO:0016021]	alcohol-forming fatty acyl- CoA reductase activity [GO:0102965]
K7J1Z9	Fatty acyl-CoA reductase	<i>Nasonia vitripennis</i>	57kDa	lipid metabolic process [GO:0006629]	integral component of membrane [GO:0016021]	alcohol-forming fatty acyl- CoA reductase activity [GO:0102965]
A0A088AL59	Fatty acyl-CoA reductase	<i>Apis mellifera</i>	59kDa	lipid metabolic process [GO:0006629]	integral component of membrane [GO:0016021]	alcohol-forming fatty acyl- CoA reductase activity [GO:0102965]
K7J6N4	Fatty acyl-CoA reductase	<i>Nasonia vitripennis</i>	62kDa	lipid metabolic process [GO:0006629]	integral component of membrane [GO:0016021]	alcohol-forming fatty acyl- CoA reductase activity [GO:0102965]
K7J1J7	Fatty acyl-CoA reductase	<i>Nasonia vitripennis</i>	60kDa	lipid metabolic process [GO:0006629]	integral component of membrane [GO:0016021]	alcohol-forming fatty acyl- CoA reductase activity [GO:0102965]
D9MX52	Fatty acyl-CoA reductase	<i>Apis mellifera</i>	62kDa	lipid metabolic process [GO:0006629]	integral component of membrane [GO:0016021]	alcohol-forming fatty acyl- CoA reductase activity [GO:0102965]
K7J200	Fatty acyl-CoA reductase	<i>Nasonia vitripennis</i>	57kDa	lipid metabolic process [GO:0006629]	integral component of membrane [GO:0016021]	alcohol-forming fatty acyl- CoA reductase activity [GO:0102965]
K7J1J6	Fatty acyl-CoA reductase	<i>Nasonia vitripennis</i>	61kDa	lipid metabolic process [GO:0006629]	integral component of membrane [GO:0016021]	alcohol-forming fatty acyl- CoA reductase activity [GO:0102965]
K7IN99	Flavin-containing monooxygenase	<i>Nasonia vitripennis</i>	48kDa	-	-	flavin adenine dinucleotide binding [GO:0050660]
A0A087ZTT5	Flavin-containing monooxygenase	<i>Apis mellifera</i>	48kDa	-	-	flavin adenine dinucleotide binding [GO:0050660]
K7J4J5	Fructose-bisphosphate aldolase	<i>Nasonia vitripennis</i>	39kDa	glycolytic process [GO:0006096]	-	fructose-bisphosphate aldolase activity [GO:0004332]
C7F7T3	Fruitless transcript variant P2-1-B	<i>Nasonia vitripennis</i>	41kDa	-	-	nucleic acid binding [GO:0003676]
K7J1B4	Fushi-tarazu-like protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	50kDa	regulation of transcription, DNA-templated [GO:0006355]	nucleus [GO:0005634]	sequence-specific DNA binding [GO:0043565]
K7IM99	G protein-coupled receptor kinase	<i>Nasonia vitripennis</i>	68kDa	signal transduction [GO:0007165]	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A088ADE1	G protein-coupled receptor kinase	<i>Apis mellifera</i>	68kDa	signal transduction [GO:0007165]	-	ATP binding [GO:0005524]
K7IV58	G protein-coupled receptor kinase	<i>Nasonia vitripennis</i>	78kDa	signal transduction [GO:0007165]	-	ATP binding [GO:0005524]

K7J485	Gamma-tubulin complex component	<i>Nasonia vitripennis</i>	76kDa	microtubule nucleation [GO:0007020]	cytoplasm [GO:0005737]	gamma-tubulin binding [GO:0043015]
A0A088AHA3	General transcription factor IIF subunit 2	<i>Apis mellifera</i>	31kDa	regulation of transcription, DNA-templated [GO:0006355]	transcription factor TFIIF complex [GO:0005674]	ATP binding [GO:0005524]
Q2XUJ0	Giant	<i>Nasonia vitripennis</i>	42kDa	-	-	transcription factor activity, sequence-specific DNA binding [GO:0003700]
K7IYA3	Glutamate dehydrogenase	<i>Nasonia vitripennis</i>	60kDa	cellular amino acid metabolic process [GO:0006520]	-	oxidoreductase activity, acting on the CH-NH2 group of donors, NAD or NADP as acceptor [GO:0016639]
D3UAF9	Glutamate-gated chloride channel	<i>Nasonia vitripennis</i>	51kDa	-	cell junction [GO:0030054]	extracellular ligand-gated ion channel activity [GO:0005230]
A0A087ZPS0	Glutathione synthetase	<i>Apis mellifera</i>	55kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
K7IWP0	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase	<i>Nasonia vitripennis</i>	35kDa	glucose metabolic process [GO:0006006]	-	glyceraldehyde-3- phosphate dehydrogenase (NAD+) (phosphorylating) activity [GO:0004365]
K7JBG8	Glycerol-3-phosphate dehydrogenase	<i>Nasonia vitripennis</i>	80kDa	glycerol-3-phosphate metabolic process [GO:0006072]	glycerol-3-phosphate dehydrogenase complex [GO:0009331]	calcium ion binding [GO:0005509]
K7IWB2	GMP reductase	<i>Nasonia vitripennis</i>	37kDa	purine nucleobase metabolic process [GO:0006144]	GMP reductase complex [GO:1902560]	GMP reductase activity [GO:0003920]
A0A087ZPR9	GMP reductase	<i>Apis mellifera</i>	37kDa	purine nucleobase metabolic process [GO:0006144]	GMP reductase complex [GO:1902560]	GMP reductase activity [GO:0003920]
Q6J4Q1	Hexamerin	<i>Apis mellifera</i>	79kDa	-	-	-
A5YV87	Hexamerin 70c	<i>Apis mellifera</i>	81kDa	-	-	-
A0A087ZZM3	Histone acetyltransferase	<i>Apis mellifera</i>	52kDa	regulation of transcription, DNA-templated [GO:0006355]	nucleus [GO:0005634]	histone acetyltransferase activity [GO:0004402]
A0A087ZR86	Histone acetyltransferase	<i>Apis mellifera</i>	53kDa	regulation of transcription, DNA-templated [GO:0006355]	nucleus [GO:0005634]	histone acetyltransferase activity [GO:0004402]
A0A088AP92	Histone deacetylase	<i>Apis mellifera</i>	56kDa	regulation of transcription, DNA-templated [GO:0006355]	nucleus [GO:0005634]	metal ion binding [GO:0046872]
K7IT94	Histone H2A	<i>Nasonia vitripennis</i>	13kDa	-	nucleosome [GO:0000786]	DNA binding [GO:0003677]
A0A088AIE1	Homeobox protein abdominal-A homolog	<i>Apis mellifera</i>	42kDa	regulation of transcription, DNA-templated [GO:0006355]	nucleus [GO:0005634]	sequence-specific DNA binding [GO:0043565]

B0M288	Homeobox protein H17	<i>Apis mellifera</i>	55kDa	regulation of transcription, DNA-templated [GO:0006355]	nucleus [GO:0005634]	sequence-specific DNA binding [GO:0043565]
C7AHS4	Immune deficiency	<i>Apis mellifera</i>	18kDa	signal transduction [GO:0007165]	-	-
A0A088ADL2	Inhibitor of growth protein	<i>Apis mellifera</i>	35kDa	covalent chromatin modification [GO:0016569]	nucleus [GO:0005634]	metal ion binding [GO:0046872]
K7IWP4	Integrin beta	<i>Nasonia vitripennis</i>	94kDa	cell adhesion [GO:0007155]	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A088A188	Integrin beta	<i>Apis mellifera</i>	89kDa	cell adhesion [GO:0007155]	integral component of membrane [GO:0016021]	-
Q8WSR1	IP3phosphatase	<i>Apis mellifera</i>	45kDa	phosphatidylinositol dephosphorylation [GO:0046856]	-	hydrolase activity [GO:0016787]
K7IQH5	Katanin p60 ATPase-containing subunit A1	<i>Nasonia vitripennis</i>	59kDa	cell cycle [GO:0007049]	centrosome [GO:0005813]	ATP binding [GO:0005524]
A0A088A1B3	Katanin p80 WD40 repeat-containing subunit B1	<i>Apis mellifera</i>	95kDa	cell cycle [GO:0007049]	centrosome [GO:0005813]	microtubule binding [GO:0008017]
A0A087ZNH0	Kinesin-like protein	<i>Apis mellifera</i>	91kDa	microtubule-based movement [GO:0007018]	microtubule [GO:0005874]	ATP binding [GO:0005524]
A0A088AEK9	Kinesin-like protein	<i>Apis mellifera</i>	82kDa	microtubule-based movement [GO:0007018]	microtubule [GO:0005874]	ATP binding [GO:0005524]
A0A088AM76	Kinesin-like protein	<i>Apis mellifera</i>	100kDa	actomyosin contractile ring assembly [GO:0000915]	microtubule [GO:0005874]	ATP binding [GO:0005524]
A0A088A808	Kinesin-like protein	<i>Apis mellifera</i>	113kDa	microtubule-based movement [GO:0007018]	microtubule [GO:0005874]	ATP binding [GO:0005524]
K7IYV7	Kynurenine 3-monooxygenase	<i>Nasonia vitripennis</i>	51kDa	'de novo' NAD biosynthetic process from tryptophan [GO:0034354]	integral component of membrane [GO:0016021]	FAD binding [GO:0071949]
A1A659	Leucine rich repeat G protein coupled receptor	<i>Apis mellifera</i>	80kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	G-protein coupled receptor activity [GO:0004930]
A0A088A8H9	Lipase	<i>Apis mellifera</i>	47kDa	lipid catabolic process [GO:0016042]	-	hydrolase activity, acting on ester bonds [GO:0016788]
K7J2Y2	Lipase	<i>Nasonia vitripennis</i>	47kDa	lipid catabolic process [GO:0016042]	-	hydrolase activity, acting on ester bonds [GO:0016788]
A0A088AN52	Lipase maturation factor	<i>Apis mellifera</i>	75kDa	-	endoplasmic reticulum membrane [GO:0005789]	-
K7ISU2	Lissencephaly-1 homolog	<i>Nasonia vitripennis</i>	46kDa	cell division [GO:0051301]	cytoplasm [GO:0005737]	dynein complex binding [GO:0070840]
K7J616	L-lactate dehydrogenase	<i>Nasonia vitripennis</i>	35kDa	carbohydrate metabolic process [GO:0005975]	cytoplasm [GO:0005737]	L-lactate dehydrogenase activity [GO:0004459]
A0A088ACI9	Lysine--tRNA ligase	<i>Apis mellifera</i>	67kDa	lysyl-tRNA aminoacylation [GO:0006430]	cytoplasm [GO:0005737]	ATP binding [GO:0005524]
K7IQ24	Lysine--tRNA ligase	<i>Nasonia vitripennis</i>	67kDa	lysyl-tRNA aminoacylation [GO:0006430]	cytoplasm [GO:0005737]	ATP binding [GO:0005524]

Q4ACB4	Mahya	<i>Apis mellifera</i>	101kDa	-	-	calcium ion binding [GO:0005509]
A0A087ZUK9	Malate dehydrogenase	<i>Apis mellifera</i>	35kDa	carbohydrate metabolic process [GO:0005975]	-	L-malate dehydrogenase activity [GO:0030060]
A0A087ZYQ1	Malate dehydrogenase	<i>Apis mellifera</i>	36kDa	carbohydrate metabolic process [GO:0005975]	-	L-malate dehydrogenase activity [GO:0030060]
Q75QW7	Metabotropic glutamate receptor	<i>Apis mellifera</i>	103kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	G-protein coupled receptor activity [GO:0004930]
Q75QW6	Metabotropic glutamate receptor	<i>Apis mellifera</i>	116kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	G-protein coupled receptor activity [GO:0004930]
K7J6V4	Methionine aminopeptidase 2	<i>Nasonia vitripennis</i>	52kDa	protein initiator methionine removal [GO:0070084]	cytoplasm [GO:0005737]	metal ion binding [GO:0046872]
A0A088A0V6	Methylthioribose-1-phosphate isomerase	<i>Apis mellifera</i>	39kDa	L-methionine salvage from methylthioadenosine [GO:0019509]	cytoplasm [GO:0005737]	S-methyl-5-thioribose-1-phosphate isomerase activity [GO:0046523]
A0A088A8C1	MICOS complex subunit	<i>Apis mellifera</i>	27kDa	cristae formation [GO:0042407]	MICOS complex [GO:0061617]	-
K7IPW0	Mitochondrial Rho GTPase	<i>Nasonia vitripennis</i>	71kDa	mitochondrion organization [GO:0007005]	integral component of mitochondrial outer membrane [GO:0031307]	calcium ion binding [GO:0005509]
A0A088AJ01	Mitogen-activated protein kinase	<i>Apis mellifera</i>	42kDa	-	intracellular [GO:0005622]	ATP binding [GO:0005524]
A0A087ZZ64	Mitogen-activated protein kinase	<i>Apis mellifera</i>	85kDa	-	intracellular [GO:0005622]	ATP binding [GO:0005524]
A0A088AF28	Mothers against decapentaplegic homolog	<i>Apis mellifera</i>	71kDa	transcription, DNA-templated [GO:0006351]	cytoplasm [GO:0005737]	DNA binding [GO:0003677]
K7IPT8	mRNA-capping enzyme	<i>Nasonia vitripennis</i>	68kDa	7-methylguanosine mRNA capping [GO:0006370]	nucleus [GO:0005634]	GTP binding [GO:0005525]
Q95YM8	Mushroom body large-type Kenyon cell-specific protein 1	<i>Apis mellifera</i>	174kDa	memory [GO:0007613]	nucleus [GO:0005634]	protein homodimerization activity [GO:0042803]
K7J9X6	NADH dehydrogenase	<i>Nasonia vitripennis</i>	49kDa	mitochondrial electron transport, NADH to ubiquinone [GO:0006120]	mitochondrial matrix [GO:0005759]	-
E0WBN3	NADH dehydrogenase subunit 2	<i>Wallacidia oculata</i>	35kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
E0WBP0	NADH dehydrogenase subunit 5	<i>Wallacidia oculata</i>	61kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
E0WBP3	NADH dehydrogenase subunit 6	<i>Wallacidia oculata</i>	18kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
E0WBP5	NADH-ubiquinone oxidoreductase chain 1	<i>Wallacidia oculata</i>	34kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	NADH dehydrogenase (ubiquinone) activity [GO:0008137]
P34853	NADH-ubiquinone oxidoreductase chain 4	<i>Apis mellifera ligustica</i>	52kDa	ATP synthesis coupled electron transport [GO:0042773]	integral component of membrane [GO:0016021]	NADH dehydrogenase (ubiquinone) activity [GO:0008137]

P34855	NADH-ubiquinone oxidoreductase chain 5	<i>Apis mellifera ligustica</i>	65kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	NADH dehydrogenase (ubiquinone) activity [GO:0008137]
D7R4M3	Nasonin-2	<i>Nasonia vitripennis</i>	17kDa	-	-	-
B9VMQ5	Neuroigin 3	<i>Apis mellifera</i>	89kDa	olfactory learning [GO:0008355]	integral component of membrane [GO:0016021]	neurexin family protein binding [GO:0042043]
B9VMQ6	Neuroigin 4	<i>Apis mellifera</i>	90kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
Q8MUR0	Neuronal nicotinic acetylcholine receptor alpha-3	<i>Apis mellifera</i>	61kDa	-	cell junction [GO:0030054]	acetylcholine-gated cation-selective channel activity [GO:0022848]
A0A087ZYD4	Nicalin	<i>Apis mellifera</i>	61kDa	regulation of signal transduction [GO:0009966]	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0EIZ1	Nicotinic acetylcholine receptor alpha1 subunit	<i>Apis mellifera</i>	67kDa	-	cell junction [GO:0030054]	acetylcholine-gated cation-selective channel activity [GO:0022848]
A0EIZ6	Nicotinic acetylcholine receptor alpha6 subunit	<i>Apis mellifera</i>	59kDa	-	cell junction [GO:0030054]	acetylcholine-gated cation-selective channel activity [GO:0022848]
A0EIZ7	Nicotinic acetylcholine receptor alpha9 subunit	<i>Apis mellifera</i>	49kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	extracellular ligand-gated ion channel activity [GO:0005230]
D3UA23	Nicotinic acetylcholine receptor subunit alpha 11	<i>Nasonia vitripennis</i>	53kDa	-	cell junction [GO:0030054]	acetylcholine-gated cation-selective channel activity [GO:0022848]
D3UA14	Nicotinic acetylcholine receptor subunit alpha 2	<i>Nasonia vitripennis</i>	64kDa	-	cell junction [GO:0030054]	acetylcholine-gated cation-selective channel activity [GO:0022848]
D5FNB0	Nicotinic acetylcholine receptor subunit alpha 4	<i>Nasonia vitripennis</i>	65kDa	-	cell junction [GO:0030054]	acetylcholine-gated cation-selective channel activity [GO:0022848]
D3UA17	Nicotinic acetylcholine receptor subunit alpha 5	<i>Nasonia vitripennis</i>	56kDa	-	cell junction [GO:0030054]	acetylcholine-gated cation-selective channel activity [GO:0022848]
D3UA20	Nicotinic acetylcholine receptor subunit alpha 8	<i>Nasonia vitripennis</i>	61kDa	-	cell junction [GO:0030054]	acetylcholine-gated cation-selective channel activity [GO:0022848]
A0A087ZYH2	Nitric oxide synthase-interacting protein homolog	<i>Apis mellifera</i>	32kDa	regulation of nitric-oxide synthase activity [GO:0050999]	cytoplasm [GO:0005737]	-
K7J4S3	Non-lysosomal glucosylceramidase	<i>Nasonia vitripennis</i>	95kDa	glucosylceramide catabolic process [GO:0006680]	membrane [GO:0016020]	glucosylceramidase activity [GO:0004348]
K7IWQ2	Non-specific serine/threonine protein kinase	<i>Nasonia vitripennis</i>	58kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
K7IMH1	Nuclear pore protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	91kDa	mRNA transport [GO:0051028]	membrane [GO:0016020]	-

A0A088A1B8	Nuclear pore protein	<i>Apis mellifera</i>	93kDa	mRNA transport [GO:0051028]	membrane [GO:0016020]	-
A0A088AT10	Nuclear transcription factor Y subunit gamma	<i>Apis mellifera</i>	38kDa	transcription, DNA-templated [GO:0006351]	CCAAT-binding factor complex [GO:0016602]	DNA binding [GO:0003677]
A0A088AUU3	Nucleolar GTP-binding protein 1	<i>Apis mellifera</i>	74kDa	ribosome biogenesis [GO:0042254]	nucleolus [GO:0005730]	GTP binding [GO:0005525]
K7J2V8	Nucleolar GTP-binding protein 1	<i>Nasonia vitripennis</i>	74kDa	ribosome biogenesis [GO:0042254]	nucleolus [GO:0005730]	GTP binding [GO:0005525]
A0A088ADG2	O-phosphoserine-tRNA	<i>Apis mellifera</i>	55kDa	selenocysteinyl-tRNA(Sec) biosynthetic process [GO:0097056]	cytoplasm [GO:0005737]	transferase activity, transferring selenium- containing groups [GO:0016785]
P90680	Opsin, blue-sensitive	<i>Apis mellifera</i>	42kDa	detection of light stimulus involved in visual perception [GO:0050908]	integral component of membrane [GO:0016021]	G-protein coupled receptor activity [GO:0004930]
Q1MU16	ORF for hypothetical protein	<i>Apis mellifera</i>	110kDa	cyclic nucleotide biosynthetic process [GO:0009190]	integral component of membrane [GO:0016021]	nucleotide binding [GO:0000166]
E1A883	Oskar	<i>Nasonia vitripennis</i>	44kDa	-	-	-
A0A088ADV8	Palmitoyltransferase	<i>Apis mellifera</i>	43kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	protein-cysteine S- palmitoyltransferase activity [GO:0019706]
A0A088AEH3	PAN2-PAN3 deadenylation complex catalytic subunit PAN2	<i>Apis mellifera</i>	149kDa	mRNA processing [GO:0006397]	nucleus [GO:0005634]	nucleic acid binding [GO:0003676]
K7J711	Peptidoglycan-recognition protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	23kDa	innate immune response [GO:0045087]	-	N-acetylmuramoyl-L- alanine amidase activity [GO:0008745]
A0A088A8W0	Peptidoglycan-recognition protein	<i>Apis mellifera</i>	21kDa	innate immune response [GO:0045087]	-	N-acetylmuramoyl-L- alanine amidase activity [GO:0008745]
C7AHR2	Peptidoglycan-recognition protein S2	<i>Apis mellifera</i>	17kDa	innate immune response [GO:0045087]	-	N-acetylmuramoyl-L- alanine amidase activity [GO:0008745]
Q9NDF3	Period clock protein	<i>Apis mellifera</i>	124kDa	regulation of transcription, DNA-templated [GO:0006355]	-	-
K7J4C5	Phosphate transporter	<i>Nasonia vitripennis</i>	52kDa	phosphate ion transport [GO:0006817]	integral component of membrane [GO:0016021]	inorganic phosphate transmembrane transporter activity [GO:0005315]
A0A088ADF4	Phosphodiesterase	<i>Apis mellifera</i>	122kDa	signal transduction [GO:0007165]	-	3',5'-cyclic-nucleotide phosphodiesterase activity [GO:0004114]
A0A087ZZ32	Phosphoinositide phospholipase C	<i>Apis mellifera</i>	144kDa	intracellular signal transduction [GO:0035556]	intracellular [GO:0005622]	calcium ion binding [GO:0005509]

Q0GQQ8	PH-sensitive chloride channel variant 3	<i>Apis mellifera</i>	53kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	extracellular ligand-gated ion channel activity [GO:0005230]
Q0GQQ7	PH-sensitive chloride channel variant 4	<i>Apis mellifera</i>	55kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	extracellular ligand-gated ion channel activity [GO:0005230]
O77168	Pipsqueak	<i>Apis mellifera</i>	71kDa	-	-	DNA binding [GO:0003677]
K7IV61	Poly [ADP-ribose] polymerase	<i>Nasonia vitripennis</i>	112kDa	protein ADP-ribosylation [GO:0006471]	nucleus [GO:0005634]	DNA binding [GO:0003677]
A0A088ADB5	Poly [ADP-ribose] polymerase	<i>Apis mellifera</i>	131kDa	-	-	NAD+ ADP-ribosyltransferase activity [GO:0003950]
A0A088AH12	POU domain protein	<i>Apis mellifera</i>	49kDa	brain development [GO:0007420]	nucleus [GO:0005634]	sequence-specific DNA binding [GO:0043565]
A0A088AUX7	PRA1 family protein	<i>Apis mellifera</i>	22kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A087ZT87	Presenilin	<i>Apis mellifera</i>	55kDa	Notch signaling pathway [GO:0007219]	endoplasmic reticulum membrane [GO:0005789]	aspartic-type endopeptidase activity [GO:0004190]
K7IPS6	Probable methyltransferase BMT2 homolog	<i>Nasonia vitripennis</i>	40kDa	-	-	rRNA (adenine) methyltransferase activity [GO:0016433]
K7IR58	Probable tRNA N6-adenosine threonylcarbamoyltransferase	<i>Nasonia vitripennis</i>	36kDa	tRNA threonylcarbamoyladenine modification [GO:0002949]	cytoplasm [GO:0005737]	metal ion binding [GO:0046872]
P85798	Prohormone-1	<i>Apis mellifera</i>	10kDa	-	extracellular region [GO:0005576]	-
P85799	Prohormone-2	<i>Apis mellifera</i>	40kDa	-	extracellular region [GO:0005576]	-
P85831	Prohormone-4	<i>Apis mellifera</i>	22kDa	-	extracellular region [GO:0005576]	-
K7IXK6	Proliferating cell nuclear antigen	<i>Nasonia vitripennis</i>	29kDa	DNA replication [GO:0006260]	nucleus [GO:0005634]	DNA binding [GO:0003677]
Q86MV4	Prophenoloxidase	<i>Apis mellifera</i>	80kDa	-	-	metal ion binding [GO:0046872]
K7ITT6	Proteasome subunit alpha type	<i>Nasonia vitripennis</i>	31kDa	ubiquitin-dependent protein catabolic process [GO:0006511]	cytoplasm [GO:0005737]	threonine-type endopeptidase activity [GO:0004298]
A0A088AQ82	Proteasome subunit alpha type	<i>Apis mellifera</i>	25kDa	ubiquitin-dependent protein catabolic process [GO:0006511]	cytoplasm [GO:0005737]	threonine-type endopeptidase activity [GO:0004298]
A0A088AP06	Proteasome subunit alpha type	<i>Apis mellifera</i>	27kDa	ubiquitin-dependent protein catabolic process [GO:0006511]	cytoplasm [GO:0005737]	threonine-type endopeptidase activity [GO:0004298]

A0A088AM79	Proteasome subunit beta	<i>Apis mellifera</i>	30kDa	proteolysis involved in cellular protein catabolic process [GO:0051603]	cytoplasm[GO:0005737]	threonine-type endopeptidase activity [GO:0004298]
K7IPQ8	Proteasome subunit beta	<i>Nasonia vitripennis</i>	29kDa	proteolysis involved in cellular protein catabolic process [GO:0051603]	cytoplasm[GO:0005737]	threonine-type endopeptidase activity [GO:0004298]
K7J4Z1	Proteasome subunit beta type	<i>Nasonia vitripennis</i>	24kDa	proteolysis involved in cellular protein catabolic process [GO:0051603]	proteasome core complex [GO:0005839]	threonine-type endopeptidase activity [GO:0004298]
A0A087ZWB2	Proteasome subunit beta type	<i>Apis mellifera</i>	23kDa	proteolysis involved in cellular protein catabolic process [GO:0051603]	cytoplasm[GO:0005737]	threonine-type endopeptidase activity [GO:0004298]
K7J9Q1	Proteasome subunit beta type	<i>Nasonia vitripennis</i>	23kDa	proteolysis involved in cellular protein catabolic process [GO:0051603]	cytoplasm[GO:0005737]	threonine-type endopeptidase activity [GO:0004298]
K7JC08	Proteasome subunit beta type	<i>Nasonia vitripennis</i>	22kDa	proteasome-mediated ubiquitin-dependent protein catabolic process [GO:0043161]	cytoplasm[GO:0005737]	threonine-type endopeptidase activity [GO:0004298]
A0A088A1E9	Proteasome subunit beta type	<i>Apis mellifera</i>	30kDa	proteolysis involved in cellular protein catabolic process [GO:0051603]	cytoplasm[GO:0005737]	threonine-type endopeptidase activity [GO:0004298]
A0A088AW37	Protein CLP1 homolog	<i>Apis mellifera</i>	46kDa	mRNA 3'-end processing [GO:0031124]	mRNA cleavage factor complex [GO:0005849]	ATP binding [GO:0005524]
K7IM38	Protein disulfide-isomerase	<i>Nasonia vitripennis</i>	55kDa	cell redox homeostasis [GO:0045454]	endoplasmic reticulum [GO:0005783]	protein disulfide isomerase activity [GO:0003756]
A0A088A7Y2	Protein disulfide-isomerase	<i>Apis mellifera</i>	55kDa	cell redox homeostasis [GO:0045454]	endoplasmic reticulum [GO:0005783]	protein disulfide isomerase activity [GO:0003756]
A0A088AJC3	Protein HIRA	<i>Apis mellifera</i>	94kDa	covalent chromatin modification [GO:0016569]	nucleus [GO:0005634]	-
K7IYS5	Protein kinase C	<i>Nasonia vitripennis</i>	76kDa	intracellular signal transduction [GO:0035556]	intracellular [GO:0005622]	ATP binding [GO:0005524]
A0A088A8P9	Protein kinase C	<i>Apis mellifera</i>	87kDa	establishment or maintenance of cell polarity [GO:0007163]	intracellular [GO:0005622]	ATP binding [GO:0005524]
A0A088AUS2	Protein kish	<i>Apis mellifera</i>	8kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A088ACU6	Protein phosphatase methylesterase 1	<i>Apis mellifera</i>	41kDa	protein demethylation [GO:0006482]	-	protein methylesterase activity [GO:0051723]
G8JAN7	Protein Wnt	<i>Notiospathius sp. AZR-2011</i>	11kDa	multicellular organism development [GO:0007275]	proteinaceous extracellular matrix [GO:0005578]	receptor binding [GO:0005102]
G8JAU4	Protein Wnt	<i>Sergey tzeltal</i>	15kDa	multicellular organism development [GO:0007275]	proteinaceous extracellular matrix [GO:0005578]	receptor binding [GO:0005102]

G8JAV0	Protein Wnt	<i>Notiospathius sp. 57</i> AZR-2011	12kDa	multicellular organism development [GO:0007275]	proteinaceous extracellular matrix [GO:0005578]	receptor binding [GO:0005102]
G8JAV6	Protein Wnt	<i>Notiospathius sp. 60</i> AZR-2011	15kDa	multicellular organism development [GO:0007275]	proteinaceous extracellular matrix [GO:0005578]	receptor binding [GO:0005102]
R9TGN6	Protein Wnt	<i>Aivalykus sp. 1</i> AZR- 2013	15kDa	multicellular organism development [GO:0007275]	proteinaceous extracellular matrix [GO:0005578]	receptor binding [GO:0005102]
A0A088ARK6	Purine nucleoside phosphorylase	<i>Apis mellifera</i>	36kDa	nucleoside metabolic process [GO:0009116]	-	purine-nucleoside phosphorylase activity [GO:0004731]
A0A087ZS28	Putative ATP-dependent RNA helicase DDX46-like protein	<i>Apis mellifera</i>	116kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
Q5F4H9	Putative corticotropin releasing hormone-binding protein	<i>Apis mellifera</i>	37kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	corticotropin-releasing hormone binding [GO:0051424]
K7J2Z2	Putative hydroxypyruvate isomerase	<i>Nasonia vitripennis</i>	29kDa	-	-	hydroxypyruvate isomerase activity [GO:0008903]
A0A088AE84	Putative tRNA		41kDa	cytoplasmic translation [GO:0002181]	cytoplasm[GO:0005737]	tRNA methyltransferase activity [GO:0008175]
C6YBD0	Pyrokinin-like receptor 1	<i>Apis mellifera</i>	59kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	neuromedin U receptor activity [GO:0001607]
A0A0B4J2M9	Pyrroline-5-carboxylate reductase	<i>Apis mellifera</i>	29kDa	L-proline biosynthetic process [GO:0055129]	-	pyrroline-5-carboxylate reductase activity [GO:0004735]
K7JBS6	Pyruvate carboxylase	<i>Nasonia vitripennis</i>	132kDa	gluconeogenesis [GO:0006094]	-	ATP binding [GO:0005524]
Q03269	Retrovirus-related Pol polyprotein from type-1 retrotransposable element R1	<i>Nasonia vitripennis</i>	38kDa	-	-	endonuclease activity [GO:0004519]
Q03272	Retrovirus-related Pol polyprotein from type-1 retrotransposable element R1 4	<i>Nasonia vitripennis</i>	43kDa	-	-	endonuclease activity [GO:0004519]
Q03278	Retrovirus-related Pol polyprotein from type-1 retrotransposable element R2	<i>Nasonia vitripennis</i>	115kDa	-	-	endonuclease activity [GO:0004519]
A0A088ARF3	Ribokinase	<i>Apis mellifera</i>	33kDa	D-ribose catabolic process [GO:0019303]	cytoplasm[GO:0005737]	ATP binding [GO:0005524]
K7J6Q1	Ribonuclease	<i>Nasonia vitripennis</i>	38kDa	-	-	RNA binding [GO:0003723]
A0A088AHX0	Ribosome assembly factor mrt4	<i>Apis mellifera</i>	28kDa	ribosomal large subunit assembly [GO:0000027]	cytoplasm[GO:0005737]	-
K7IYJ4	RNA cytidine acetyltransferase	<i>Nasonia vitripennis</i>	115kDa	ribosomal small subunit biogenesis [GO:0042274]	nucleolus [GO:0005730]	ATP binding [GO:0005524]
K7IS49	RNA helicase	<i>Nasonia vitripennis</i>	67kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
K7IZH3	RuvB-like helicase	<i>Nasonia vitripennis</i>	51kDa	covalent chromatin modification [GO:0016569]	nucleus [GO:0005634]	ATP binding [GO:0005524]

A0A087ZN54	Secretory carrier-associated membrane protein	<i>Apis mellifera</i>	39kDa	protein transport [GO:0015031]	integral component of membrane [GO:0016021]	-
E5BBP2	Serotonin receptor	<i>Apis mellifera</i>	80kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	G-protein coupled receptor activity [GO:0004930]
E5BBP1	Serotonin receptor	<i>Apis mellifera</i>	71kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	G-protein coupled receptor activity [GO:0004930]
D2U6U8	Serotonin receptor	<i>Apis mellifera</i>	44kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	G-protein coupled receptor activity [GO:0004930]
A0A088A4I8	Sideroflexin	<i>Apis mellifera</i>	36kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	ion transmembrane transporter activity [GO:0015075]
A9X454	SlFamide receptor	<i>Apis mellifera</i>	54kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	neuropeptide Y receptor activity [GO:0004983]
A0A088AFN8	Signal recognition particle 54 kDa protein	<i>Apis mellifera</i>	55kDa	SRP-dependent cotranslational protein targeting to membrane [GO:0006614]	signal recognition particle, endoplasmic reticulum targeting [GO:0005786]	7S RNA binding [GO:0008312]
K7IX87	Signal recognition particle subunit SRP68	<i>Nasonia vitripennis</i>	65kDa	SRP-dependent cotranslational protein targeting to membrane [GO:0006614]	signal recognition particle, endoplasmic reticulum targeting [GO:0005786]	7S RNA binding [GO:0008312]
A0A088AEX7	Signal transducer and activator of transcription	<i>Apis mellifera</i>	92kDa	JAK-STAT cascade involved in growth hormone signaling pathway [GO:0060397]	cytoplasm [GO:0005737]	DNA binding [GO:0003677]
A0A088A2F9	Small nuclear ribonucleoprotein-associated protein	<i>Apis mellifera</i>	22kDa	-	intracellular ribonucleoprotein complex [GO:0030529]	RNA binding [GO:0003723]
C9D7C5	Sodium channel protein	<i>Apis mellifera</i>	232kDa	-	voltage-gated sodium channel complex [GO:0001518]	calcium ion binding [GO:0005509]
K7IWP3	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit alpha	<i>Nasonia vitripennis</i>	114kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	ATP binding [GO:0005524]
A0A087ZR23	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit alpha	<i>Apis mellifera</i>	112kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	ATP binding [GO:0005524]
Q5UAF0	Soluble guanylyl cyclase beta 1 subunit	<i>Apis mellifera</i>	68kDa	intracellular signal transduction [GO:0035556]	intracellular [GO:0005622]	guanylate cyclase activity [GO:0004383]
Q5FAN0	Soluble guanylyl cyclase beta-3	<i>Apis mellifera</i>	95kDa	intracellular signal transduction [GO:0035556]	intracellular [GO:0005622]	guanylate cyclase activity [GO:0004383]
K7J1H5	Sphingomyelin phosphodiesterase	<i>Nasonia vitripennis</i>	74kDa	sphingomyelin catabolic process [GO:0006685]	-	hydrolase activity, acting on glycosyl bonds [GO:0016798]
K7J410	Structural maintenance of chromosomes protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	134kDa	chromosome organization [GO:0051276]	chromosome [GO:0005694]	ATP binding [GO:0005524]
A0A088A7F2	Structural maintenance of chromosomes protein	<i>Apis mellifera</i>	135kDa	chromosome organization [GO:0051276]	chromosome [GO:0005694]	ATP binding [GO:0005524]

A0A088A6T4	Succinate dehydrogenase	<i>Apis mellifera</i>	72kDa	electron transport chain [GO:0022900]	mitochondrial inner membrane [GO:0005743]	flavin adenine dinucleotide binding [GO:0050660]
A0A088ADV3	Succinate--CoA ligase	<i>Apis mellifera</i>	36kDa	tricarboxylic acid cycle [GO:0006099]	mitochondrion [GO:0005739]	cofactor binding [GO:0048037]
A0A087ZSQ3	Succinyl-CoA:3-ketoacid-coenzyme A transferase	<i>Apis mellifera</i>	58kDa	ketone body catabolic process [GO:0046952]	mitochondrion [GO:0005739]	3-oxoacid CoA-transferase activity [GO:0008260]
A0A087ZRA4	Sugar transporter SWEET	<i>Apis mellifera</i>	24kDa	carbohydrate transport [GO:0008643]	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A088A7I5	Sulfhydryl oxidase	<i>Apis mellifera</i>	76kDa	cell redox homeostasis [GO:0045454]	cell [GO:0005623]	thiol oxidase activity [GO:0016972]
C0K3M9	Synaptotagmin I isoformA	<i>Apis mellifera</i>	48kDa	neurotransmitter secretion [GO:0007269]	integral component of membrane [GO:0016021]	calcium-dependent phospholipid binding [GO:0005544]
K7IRY8	Transcription elongation factor SPT4	<i>Nasonia vitripennis</i>	13kDa	positive regulation of DNA-templated transcription, elongation [GO:0032786]	nucleus [GO:0005634]	zinc ion binding [GO:0008270]
K7J825	Transcription elongation factor SPT5	<i>Nasonia vitripennis</i>	122kDa	regulation of DNA-templated transcription, elongation [GO:0032784]	nucleus [GO:0005634]	-
K7IUJ4	Transcription initiation factor IIA subunit 2	<i>Nasonia vitripennis</i>	12kDa	regulation of transcription, DNA-templated [GO:0006355]	transcription factor TFIIA complex [GO:0005672]	-
K7IYW8	Translation factor GUF1 homolog, mitochondrial	<i>Nasonia vitripennis</i>	72kDa	positive regulation of translation [GO:0045727]	mitochondrial inner membrane [GO:0005743]	GTPase activity [GO:0003924]
O77136	Translation initiation factor 2	<i>Apis mellifera</i>	78kDa	-	-	GTPase activity [GO:0003924]
A0A088A1M4	Transmembrane 9 superfamily member	<i>Apis mellifera</i>	72kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
K7J157	Transmembrane 9 superfamily member	<i>Nasonia vitripennis</i>	67kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A088A292	Transmembrane 9 superfamily member	<i>Apis mellifera</i>	75kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A087ZZD7	Transporter	<i>Apis mellifera</i>	80kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	neurotransmitter:sodium symporter activity [GO:0005328]
A0A088AFL2	Transporter	<i>Apis mellifera</i>	72kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	neurotransmitter:sodium symporter activity [GO:0005328]
A0A088AI46	Transporter	<i>Apis mellifera</i>	79kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	neurotransmitter:sodium symporter activity [GO:0005328]
K7J4G0	Transporter	<i>Nasonia vitripennis</i>	110kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	neurotransmitter:sodium symporter activity [GO:0005328]

B9A0V7	Transporter	<i>Apis mellifera</i>	71kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	neurotransmitter:sodium symporter activity [GO:0005328]
K7IX81	Transporter	<i>Nasonia vitripennis</i>	69kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	neurotransmitter:sodium symporter activity [GO:0005328]
A0A088A4T6	Transporter	<i>Apis mellifera</i>	99kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	neurotransmitter:sodium symporter activity [GO:0005328]
K7IPG0	tRNA pseudouridine synthase	<i>Nasonia vitripennis</i>	34kDa	pseudouridine synthesis [GO:0001522]	-	pseudouridine synthase activity [GO:0009982]
A0A088APT9	tRNA pseudouridine synthase	<i>Apis mellifera</i>	36kDa	pseudouridine synthesis [GO:0001522]	-	pseudouridine synthase activity [GO:0009982]
K7IMR7	tRNA-dihydrouridine synthase	<i>Nasonia vitripennis</i>	39kDa	-	-	flavin adenine dinucleotide binding [GO:0050660]
K7IQN6	tRNA-splicing endonuclease subunit Sen34	<i>Nasonia vitripennis</i>	35kDa	tRNA-type intron splice site recognition and cleavage [GO:0000379]	tRNA-intron endonuclease complex [GO:0000214]	lyase activity [GO:0016829]
K7IRR0	tRNA-splicing ligase RtcB homolog	<i>Nasonia vitripennis</i>	55kDa	tRNA splicing, via endonucleolytic cleavage and ligation [GO:0006388]	tRNA-splicing ligase complex [GO:0072669]	ATP binding [GO:0005524]
A0A088AVQ8	tRNA-splicing ligase RtcB homolog	<i>Apis mellifera</i>	56kDa	tRNA splicing, via endonucleolytic cleavage and ligation [GO:0006388]	tRNA-splicing ligase complex [GO:0072669]	ATP binding [GO:0005524]
Q3B711	Troponin T isoform 1	<i>Apis mellifera</i>	49kDa	regulation of muscle contraction [GO:0006937]	troponin complex [GO:0005861]	-
A0A088A436	Tubulin alpha chain	<i>Apis mellifera</i>	49kDa	microtubule-based process [GO:0007017]	cytoplasm[GO:0005737]	GTPase activity [GO:0003924]
K7IY21	Tubulin alpha chain	<i>Nasonia vitripennis</i>	50kDa	microtubule-based process [GO:0007017]	cytoplasm[GO:0005737]	GTPase activity [GO:0003924]
K7J856	Tubulin beta chain	<i>Nasonia vitripennis</i>	49kDa	microtubule-based process [GO:0007017]	cytoplasm[GO:0005737]	GTPase activity [GO:0003924]
K7IQM7	Tubulin beta chain	<i>Nasonia vitripennis</i>	50kDa	microtubule-based process [GO:0007017]	cytoplasm[GO:0005737]	GTPase activity [GO:0003924]
K7JAC8	Tubulin beta chain	<i>Nasonia vitripennis</i>	50kDa	microtubule-based process [GO:0007017]	cytoplasm[GO:0005737]	GTPase activity [GO:0003924]
A0A088ACY5	Tubulin gamma chain	<i>Apis mellifera</i>	51kDa	cytoplasmic microtubule organization [GO:0031122]	gamma-tubulin complex [GO:0000930]	GTPase activity [GO:0003924]
Q5W1Q9	Twist protein	<i>Apis mellifera</i>	42kDa	-	-	protein dimerization activity [GO:0046983]
Q147S1	Tyramine beta hydroxylase	<i>Apis mellifera</i>	70kDa	-	-	copper ion binding [GO:0005507]
A0A088A072	Tyrosine-protein kinase	<i>Apis mellifera</i>	132kDa	-	cytoskeleton [GO:0005856]	ATP binding [GO:0005524]
A0A087ZQN7	Tyrosine-protein kinase	<i>Apis mellifera</i>	57kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]

K7IS78	U3 small nucleolar ribonucleoprotein protein MPP10	<i>Nasonia vitripennis</i>	75kDa	rRNA processing [GO:0006364]	Mpp10 complex [GO:0034457]	-
A0A088AE86	U3 small nucleolar RNA-associated protein 11	<i>Apis mellifera</i>	30kDa	rRNA processing [GO:0006364]	nucleolus [GO:0005730]	-
K7ISW5	Ubiquinone biosynthesis O-methyltransferase	<i>Nasonia vitripennis</i>	32kDa	ubiquinone biosynthetic process [GO:0006744]	extrinsic component of mitochondrial inner membrane [GO:0031314]	2-polyprenyl-6-methoxy-1,4-benzoquinone methyltransferase activity [GO:0008425]
A0A088A5Z8	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase	<i>Apis mellifera</i>	294kDa	protein deubiquitination [GO:0016579]	-	thiol-dependent ubiquitinyl hydrolase activity [GO:0036459]
A0A088A4X8	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase	<i>Apis mellifera</i>	116kDa	protein deubiquitination [GO:0016579]	-	thiol-dependent ubiquitinyl hydrolase activity [GO:0036459]
A0A088A9Q7	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase	<i>Apis mellifera</i>	147kDa	protein deubiquitination [GO:0016579]	-	thiol-dependent ubiquitinyl hydrolase activity [GO:0036459]
K7J0N8	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase	<i>Nasonia vitripennis</i>	35kDa	protein deubiquitination [GO:0016579]	intracellular [GO:0005622]	thiol-dependent ubiquitin-specific protease activity [GO:0004843]
A0A087ZTP1	Ubiquitin-related modifier 1 homolog	<i>Apis mellifera</i>	11kDa	protein urmylation [GO:0032447]	cytosol [GO:0005829]	-
K7IUR6	Ubiquitinyl hydrolase 1	<i>Nasonia vitripennis</i>	102kDa	protein deubiquitination [GO:0016579]	-	thiol-dependent ubiquitinyl hydrolase activity [GO:0036459]
K7IYF3	Ubiquitinyl hydrolase 1	<i>Nasonia vitripennis</i>	58kDa	protein deubiquitination [GO:0016579]	-	thiol-dependent ubiquitinyl hydrolase activity [GO:0036459]
K7ISY3	UDP-glucuronosyltransferase	<i>Nasonia vitripennis</i>	59kDa	metabolic process [GO:0008152]	integral component of membrane [GO:0016021]	glucuronosyltransferase activity [GO:0015020]
A0A088AVU5	UDP-glucuronosyltransferase	<i>Apis mellifera</i>	60kDa	metabolic process [GO:0008152]	integral component of membrane [GO:0016021]	glucuronosyltransferase activity [GO:0015020]
K7ISY5	UDP-glucuronosyltransferase	<i>Nasonia vitripennis</i>	59kDa	metabolic process [GO:0008152]	integral component of membrane [GO:0016021]	glucuronosyltransferase activity [GO:0015020]
Q9NG48	Ultraspicle protein	<i>Apis mellifera</i>	47kDa	transcription, DNA-templated [GO:0006351]	nucleus [GO:0005634]	sequence-specific DNA binding [GO:0043565]

Tabela A6. (vi) proteínas não caracterizadas. Identificação e agrupamento das proteínas de acordo com o seu papel funcional no veneno, constando as informações dos dados oriundos da análise proteômica e análise G.O. (processo biológico, componente celular e função molecular).

Código de acesso	Nome da Proteína	Taxonomia	Massa (kDa)	Processo biológico	Componente celular	Função molecular
A0A088AK74	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	75 kDa	vesicle docking involved in exocytosis [GO:0006904]	-	-
A0A088A47	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	460 kDa	microtubule-based movement [GO:0007018]	dynein complex [GO:0030286]	ATPase activity [GO:0016887]
K7J496	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	457 kDa	microtubule-based movement [GO:0007018]	dynein complex [GO:0030286]	ATP binding [GO:0005524]
A0A088A0I5	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	205 kDa	microtubule-based movement [GO:0007018]	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A088ARP9	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	41 kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
K7JA96	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	41 kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
K7J803	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	41 kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A088ABA5	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	293 kDa	cellular response to stress [GO:0033554]	-	protein kinase binding [GO:0019901]
A0A088AE00	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	135 kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A087ZYL7	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	148 kDa	-	-	extracellular matrix structural constituent [GO:0005201]
K7IZ10	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	460 kDa	microtubule-based movement [GO:0007018]	dynein complex [GO:0030286]	ATPase activity [GO:0016887]
K7IZC9	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	266 kDa	biosynthetic process [GO:0009058]	-	hydrolase activity, acting on ester bonds [GO:0016788]
K7IQC3	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	44 kDa	peptidyl-tyrosine sulfation [GO:0006478]	-	protein-tyrosine sulfotransferase activity [GO:0008476]
K7J0R2	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	203 kDa	-	-	lipid transporter activity [GO:0005319]
A0A088AF22	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	218 kDa	-	membrane [GO:0016020]	hydrolase activity, acting on glycosyl bonds [GO:0016798]
A0A087ZTB0	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	140 kDa	RNA catabolic process [GO:0006401]	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A088AU4	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	147 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	ATPase activity, coupled to transmembrane [GO:0042626]
A0A088ABJ8	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	230 kDa	intracellular signal transduction [GO:0035556]	intracellular [GO:0005622]	ATP binding [GO:0005524]
K7J1Z4	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	102 kDa	ATP-dependent chromatin remodeling [GO:0043044]	NURF complex [GO:0016589]	ATPase activity [GO:0016887]
A0A087ZPR6	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	105 kDa	RNA processing [GO:0006396]	-	RNA binding [GO:0003723]
K7J9D0	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	181 kDa	-	-	nucleic acid binding [GO:0003676]
K7ITF7	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	135 kDa	DNA replication, Okazaki fragment processing [GO:0033567]	-	5'-flap endonuclease activity [GO:0017108]
A0A088AUS4	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	91 kDa	ubiquitin-dependent protein catabolic process [GO:0006511]	cullin-RING ubiquitin ligase complex [GO:0031461]	ubiquitin protein ligase binding [GO:0031625]
K7IY97	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	169 kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]

K7J4A3	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	240 kDa	-	nucleus [GO:0005634]	transcription factor activity, sequence-specific DNA binding [GO:0003700]
K7J5H9	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	124 kDa	convergent extension [GO:0060026]	integral component of plasma membrane [GO:0005887]	ATP binding [GO:0005524]
A0A088AU77	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	60 kDa	chemical synaptic transmission [GO:0007268]	synapse [GO:0045202]	acetylcholine receptor binding [GO:0033130]
A0A088AGW8	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	97 kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A087ZUX3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	98 kDa	microtubule-based movement [GO:0007018]	-	microtubule motor activity [GO:0003777]
A0A087ZXT9	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	104 kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A087ZNZ3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	192 kDa	regulation of ARF protein signal transduction [GO:0032012]	-	ARF guanyl-nucleotide exchange factor activity [GO:0005086]
K7J7M0	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	60 kDa	protein refolding [GO:0042026]	cytoplasm [GO:0005737]	ATP binding [GO:0005524]
A0A088ART2	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	60 kDa	protein refolding [GO:0042026]	cytoplasm [GO:0005737]	ATP binding [GO:0005524]
A0A087ZSP5	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	125 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	phosphatidylinositol binding [GO:0035091]
K7IRR9	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	179 kDa	chromatin remodeling [GO:0006338]	SWI/SNF complex [GO:0016514]	ATPase activity [GO:0016887]
K7J7V0	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	114 kDa	tricarboxylic acid cycle [GO:0006099]	-	oxoglutarate dehydrogenase (succinyl-transferring) activity [GO:0004591]
A0A088AE51	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	63 kDa	chitin metabolic process [GO:0006030]	extracellular region [GO:0005576]	chitin binding [GO:0008061]
A0A087ZZQ0	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	103 kDa	protein ubiquitination [GO:0016567]	ubiquitin ligase complex [GO:0000151]	zinc ion binding [GO:0008270]
K7JH50	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	239 kDa	transcription, DNA-templated [GO:0006351]	-	hydrolase activity, acting on acid anhydrides [GO:0016817]
A0A088ASX2	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	78 kDa	GMP biosynthetic process [GO:0006177]	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A088AHH6	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	137 kDa	gene silencing by RNA [GO:0031047]	-	nucleic acid binding [GO:0003676]
A0A087ZTJ1	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	85 kDa	-	-	nucleic acid binding [GO:0003676]
K7IQI0	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	80 kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
K7ITA2	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	60 kDa	-	-	metal ion binding [GO:0046872]
K7IMX1	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	56 kDa	CAAX-box protein processing [GO:0071586]	integral component of membrane [GO:0016021]	metalloendopeptidase activity [GO:0004222]
K7IVE7	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	36 kDa	cell redox homeostasis [GO:0045454]	cell [GO:0005623]	electron carrier activity [GO:0009055]
K7ITD6	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	103 kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
K7ILW9	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	137 kDa	transcription, DNA-templated [GO:0006351]	-	DNA binding [GO:0003677]

A0A088ANZ6	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	101 kDa	intracellular protein transport [GO:0006886]	HOPS complex [GO:0030897]	-
A0A088A0H9	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	213 kDa	-	-	lysine-acetylated histone binding [GO:0070577]
K7ILZ6	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	80 kDa	-	-	-
K7J5A5	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	79 kDa	-	-	oxidoreductase activity [GO:0016491]
A0A088A5A3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	151 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	carbohydrate binding [GO:0030246]
A0A087ZNV6	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	75 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A087ZWN2	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	112 kDa	-	-	metallopeptidase activity [GO:0008237]
K7IQL9	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	106 kDa	intracellular protein transport [GO:0006886]	nucleus [GO:0005634]	Ran GTPase binding [GO:0008536]
A0A088AJV2	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	71 kDa	-	-	flavin adenine dinucleotide binding [GO:0050660]
A0A088ARV3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	109 kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
K7IMB4	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	58 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
K7JLL0	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	132 kDa	regulation of Rho protein signal transduction [GO:0035023]	cytoplasm [GO:0005737]	Rho guanyl-nucleotide exchange factor activity [GO:0005089]
K7JJD6	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	154 kDa	-	-	-
A0A087ZSP9	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	151 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	extracellular-glutamate-gated ion channel activity [GO:0005234]
K7IT71	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	62 kDa	-	-	-
K7IWH6	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	78 kDa	carbohydrate metabolic process [GO:0005975]	integral component of membrane [GO:0016021]	catalytic activity [GO:0003824]
K7IXK0	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	100 kDa	intracellular signal transduction [GO:0035556]	intracellular [GO:0005622]	ATP binding [GO:0005524]
A0A088A8E2	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	58 kDa	-	-	-
K7JJJ5	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	73 kDa	-	-	-
K7IWS9	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	69 kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A088A0F5	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	101 kDa	-	nucleus [GO:0005634]	chromatin binding [GO:0003682]
A0A088ABF9	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	64 kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
K7IXB7	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	75 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A088ARK3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	51 kDa	-	-	RNA binding [GO:0003723]
A0A087ZW41	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	123 kDa	phosphatidylinositol-mediated signaling [GO:0048015]	intracellular [GO:0005622]	1-phosphatidylinositol-3-kinase activity [GO:0016303]
K7J7D6	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	127 kDa	phosphatidylinositol-mediated signaling [GO:0048015]	intracellular [GO:0005622]	1-phosphatidylinositol-3-kinase activity [GO:0016303]
K7JQK6	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	294 kDa	-	-	-
A0A088ARN5	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	88 kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
K7J0D4	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	207 kDa	-	-	-

A0A087ZNH9	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	110 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	cation:chloride symporter activity [GO:0015377]
A0A087ZY59	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	76 kDa	peroxisomal long-chain fatty acid import [GO:0015910]	integral component of membrane [GO:0016021]	ATPase activity, coupled to transmembrane movement of substances [GO:0042626]
K7J3F4	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	278 kDa	-	-	calcium ion binding [GO:0005509]
A0A087ZXH1	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	55 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A088AD84	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	130 kDa	-	Golgi membrane [GO:0000139]	-
A0A088AJB9	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	85 kDa	-	nucleus [GO:0005634]	phosphoprotein phosphatase activity [GO:0004721]
K7J9J7	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	108 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A088ARB0	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	96 kDa	actomyosin contractile ring assembly [GO:0000915]	intracellular [GO:0005622]	ATP binding [GO:0005524]
A0A088AJ40	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	134 kDa	-	-	-
A0A088AL06	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	295 kDa	-	-	-
A0A088AMZ7	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	36 kDa	-	-	nucleic acid binding [GO:0003676]
K7IVJ8	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	157 kDa	-	-	-
A0A087ZWC3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	105 kDa	mRNA splicing, via spliceosome [GO:0000398]	nucleus [GO:0005634]	-
A0A088AB38	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	163 kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A088A3U0	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	73 kDa	metabolic process [GO:0008152]	integral component of membrane [GO:0016021]	catalytic activity [GO:0003824]
A0A087ZVG4	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	93 kDa	ubiquitin-dependent protein catabolic process [GO:0006511]	cullin-RING ubiquitin ligase complex [GO:0031461]	ubiquitin protein ligase binding [GO:0031625]
A0A088AUL6	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	67 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	cation transmembrane transporter activity [GO:0008324]
K7J9U0	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	54 kDa	spliceosomal tri-snRNP complex assembly [GO:0000244]	U4/U6 x U5 tri-snRNP complex [GO:0046540]	-
K7J245	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	35 kDa	metabolic process [GO:0008152]	-	lyase activity [GO:0016829]
A0A088A9E6	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	49 kDa	intracellular protein transport [GO:0006886]	clathrin adaptor complex [GO:0030131]	lipid binding [GO:0008289]
A0A088A660	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	118 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	G-protein coupled receptor activity [GO:0004930]
K7IU28	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	32 kDa	-	-	-
K7J2H3	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	80 kDa	-	-	-
A0A088AM86	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	56 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	substrate-specific transmembrane transporter activity [GO:0022891]
A0A088ADL1	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	128 kDa	mismatch repair [GO:0006298]	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A087ZUN0	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	47 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	catalytic activity [GO:0003824]

K7MWW2	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	131 kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
K7J7L3	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	244 kDa	-	-	-
A0A088AH84	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	225 kDa	regulation of mitotic cell cycle [GO:0007346]	centrosome [GO:0005813]	-
A0A088AJU5	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	71 kDa	-	-	flavin adenine dinucleotide binding [GO:0050660]
A0A087ZR13	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	248 kDa	cilium organization [GO:0044782]	centrosome [GO:0005813]	-
K7IZ58	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	39 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A087ZZQ8	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	79 kDa	-	-	GTP binding [GO:0005525]
K7IMU3	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	257 kDa	-	extracellular space [GO:0005615]	-
K7JWG8	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	66 kDa	DNA recombination [GO:0006310]	Ku70:Ku80 complex [GO:0043564]	damaged DNA binding [GO:0003684]
K7IP82	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	42 kDa	regulation of signal transduction [GO:0009966]	-	-
A0A088ALL1	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	50 kDa	-	-	RNA binding [GO:0003723]
K7ITM6	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	54 kDa	-	-	-
A0A088AMS7	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	88 kDa	steroid hormone mediated signaling pathway [GO:0043401]	nucleus [GO:0005634]	sequence-specific DNA binding [GO:0043565]
A0A088ABY4	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	38 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
K7JBZ4	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	40 kDa	galactose metabolic process [GO:0006012]	-	UDP-glucose 4-epimerase activity [GO:0003978]
K7J0U5	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	59 kDa	-	-	RNA binding [GO:0003723]
A0A088ACV0	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	104 kDa	-	cell junction [GO:0030054]	extracellular-glutamate-gated ion channel activity [GO:0005234]
K7J1Y9	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	57 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	transmembrane transporter activity [GO:0022857]
A0A088AJK2	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	124 kDa	-	WASH complex [GO:0071203]	-
K7IN84	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	61 kDa	carbohydrate metabolic process [GO:0005975]	-	intramolecular transferase activity, phosphotransferases [GO:0016868]
A0A087ZVW1	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	58 kDa	-	-	-
K7IPK1	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	34 kDa	-	-	protein-N-terminal asparagine amidohydrolase activity [GO:0008418]
A0A087ZNB0	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	57 kDa	-	-	-
K7J7Q8	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	57 kDa	-	-	-
K7JLM2	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	150 kDa	-	nucleus [GO:0005634]	nucleic acid binding [GO:0003676]
K7J030	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	96 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A087ZR06	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	64 kDa	DNA replication initiation [GO:0006270]	-	-
K7J3L7	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	56 kDa	-	-	heme binding [GO:0020037]

A0A088AH52	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	199 kDa	-	-	-
A0A088A5V3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	165 kDa	microtubule-based movement [GO:0007018]	-	ATP binding [GO:0005524]
K7JUG1	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	105 kDa	-	-	nucleic acid binding [GO:0003676]
A0A088AF23	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	147 kDa	-	-	-
A0A088ARM6	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	65 kDa	-	-	GTP binding [GO:0005525]
K7J8E0	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	80 kDa	gluconeogenesis [GO:0006094]	-	GTP binding [GO:0005525]
A0A088A291	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	110 kDa	intracellular protein transport [GO:0006886]	nucleus [GO:0005634]	Ran GTPase binding [GO:0008536]
K7IMD6	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	83 kDa	glycyl-tRNA aminoacylation [GO:0006426]	cytoplasm [GO:0005737]	ATP binding [GO:0005524]
A0A088AKS3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	131 kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A088AS77	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	221 kDa	small GTPase mediated signal transduction [GO:0007264]	intracellular [GO:0005622]	guanyl-nucleotide exchange factor activity [GO:0005085]
K7IU73	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	34 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
K7IVD3	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	68 kDa	-	-	-
K7J6M6	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	69 kDa	-	-	flavin adenine dinucleotide binding [GO:0050660]
K7IZB1	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	55 kDa	intracellular transport [GO:0046907]	nuclear pore [GO:0005643]	-
A0A088AUY4	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	67 kDa	metabolic process [GO:0008152]	-	catalytic activity [GO:0003824]
A0A088AR54	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	35 kDa	-	-	-
A0A088A8Z7	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	135 kDa	intracellular protein transport [GO:0006886]	AP-3 adaptor complex [GO:0030123]	-
A0A087ZY64	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	69 kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
K7JYM1	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	130 kDa	-	-	-
A0A088AJJ3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	160 kDa	regulation of transcription, DNA-templated [GO:0006355]	chromosome [GO:0005694]	histone-lysine N-methyltransferase activity [GO:0018024]
K7J8J9	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	77 kDa	centromere complex assembly [GO:0034508]	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A088AEJ9	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	57 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	heme binding [GO:0020037]
K7IYY0	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	145 kDa	isoleucyl-tRNA aminoacylation [GO:0006428]	cytoplasm [GO:0005737]	aminoacyl-tRNA editing activity [GO:0002161]
K7JA46	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	99 kDa	transport [GO:0006810]	nuclear pore [GO:0005643]	-
K7J3F2	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	125 kDa	glycogen metabolic process [GO:0005977]	-	calmodulin binding [GO:0005516]
K7IPN4	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	41 kDa	spermine biosynthetic process [GO:0006597]	-	spermine synthase activity [GO:0016768]

A0A088AG69	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	59 kDa	carbohydrate metabolic process [GO:0005975]	-	phosphotransferase activity, alcohol group as acceptor [GO:0016773]
A0A088ARA6	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	99 kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
K7J5G5	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	57 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
K7ITN6	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	97 kDa	chromosome separation [GO:0051304]	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A087ZWM6	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	156 kDa	-	-	nucleic acid binding [GO:0003676]
K7J8I3	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	94 kDa	ubiquitin-dependent protein catabolic process [GO:0006511]	cullin-RING ubiquitin ligase complex [GO:0031461]	ubiquitin protein ligase binding [GO:0031625]
A0A087ZZC9	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	252 kDa	-	-	-
A0A088AV98	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	141 kDa	histone modification [GO:0016570]	-	-
A0A088AR19	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	35 kDa	-	-	-
K7J301	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	109 kDa	mitotic chromosome condensation [GO:0007076]	condensin complex [GO:0000796]	lipid transporter activity [GO:0005319]
K7J4A7	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	136 kDa	-	-	-
K7IY54	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	75 kDa	metabolic process [GO:0008152]	integral component of membrane [GO:0016021]	catalytic activity [GO:0003824]
K7J5R2	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	57 kDa	protein folding [GO:0006457]	cytoplasm [GO:0005737]	ATP binding [GO:0005524]
A0A088A151	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	112 kDa	-	-	-
K7IWH1	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	39 kDa	post-chaperonin tubulin folding pathway [GO:0007023]	-	tubulin binding [GO:0015631]
A0A088AE55	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	59 kDa	transcription, DNA-templated [GO:0006351]	nucleus [GO:0005634]	sequence-specific DNA binding [GO:0043565]
A0A088ACF7	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	80 kDa	intracellular signal transduction [GO:0035556]	intracellular [GO:0005622]	ATP binding [GO:0005524]
A0A088AES2	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	108 kDa	-	-	-
A0A088AJB0	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	57 kDa	-	-	-
K7IR14	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	124 kDa	intracellular signal transduction [GO:0035556]	intracellular [GO:0005622]	Rho guanyl-nucleotide exchange factor activity [GO:0005089]
A0A088A673	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	59 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	heme binding [GO:0020037]
K7J4V7	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	24 kDa	-	-	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
A0A088ASU9	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	60 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	heme binding [GO:0020037]
K7IVX6	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	37 kDa	signal transduction [GO:0007165]	-	-
K7ITY6	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	34 kDa	-	intracellular [GO:0005622]	transporter activity [GO:0005215]

A0A088AB81	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	69 kDa	carbohydrate metabolic process [GO:0005975]	integral component of membrane [GO:0016021]	catalytic activity [GO:0003824]
K7JL15	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	87 kDa	-	-	-
K7IW60	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	163 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	protein tyrosine phosphatase activity [GO:0004725]
A0A088AMA5	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	79 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	mannosyltransferase activity [GO:0000030]
A0A088A5V7	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	141 kDa	-	-	-
A0A087ZTB3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	145 kDa	-	extracellular region [GO:0005576]	serine-type endopeptidase inhibitor activity [GO:0004867]
A0A088AH35	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	61 kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
K7JK8	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	98 kDa	negative regulation of Wnt signalling pathway [GO:0030178]	-	beta-catenin binding [GO:0008013]
A0A088AV57	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	92 kDa	-	-	-
K7JX31	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	62 kDa	-	-	serine-type endopeptidase inhibitor activity [GO:0004867]
A0A087ZX94	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	86 kDa	-	-	-
K7IY90	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	58 kDa	positive regulation of transcription elongation from RNA polymerase II promoter [GO:0032968]	nucleus [GO:0005634]	DNA binding [GO:0003677]
A0A088ALG6	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	208 kDa	-	-	-
K7IYK5	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	201 kDa	-	-	-
A0A088AJH9	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	170 kDa	-	mediator complex [GO:0016592]	RNA polymerase II transcription cofactor activity [GO:0001104]
K7J3B1	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	53 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	nucleoside transmembrane transporter activity [GO:0005337]
K7IZ71	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	34 kDa	-	-	-
K7IQ46	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	46 kDa	'de novo' IMP biosynthetic process [GO:0006189]	-	phosphoribosylaminoimidazolesuccinocarboxamide synthase activity [GO:0004639]
A0A088ADH1	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	55 kDa	ATP hydrolysis coupled proton transport [GO:0015991]	proton-transporting V-type ATPase, V1 domain [GO:0033180]	ATP binding [GO:0005524]
A0A088A354	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	84 kDa	-	-	-
A0A088ANQ3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	51 kDa	-	-	-
K7J5Z4	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	92 kDa	-	-	-
A0A088AF49	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	48 kDa	heme a biosynthetic process [GO:0006784]	integral component of membrane [GO:0016021]	oxidoreductase activity, acting on the CH-CH group of donors [GO:0016627]
K7J235	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	40 kDa	L-serine biosynthetic process [GO:0006564]	-	O-phospho-L-serine:2-oxoglutarate aminotransferase activity [GO:0004648]
K7J3M0	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	62 kDa	-	-	cysteine-type peptidase activity [GO:0008234]
A0A088AEI3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	98 kDa	-	-	lipid transporter activity [GO:0005319]
K7INT8	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	106 kDa	-	-	-

K7JK08	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	106 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A088ABZ9	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	74 kDa	cell death [GO:0008219]	-	-
K7IZM6	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	108 kDa	methionyl-tRNA aminoacylation [GO:0006431]	cytoplasm[GO:0005737]	ATP binding [GO:0005524]
K7J1S8	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	73 kDa	-	-	-
A0A087ZPJ7	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	104 kDa	-	-	-
A0A088ALX7	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	167 kDa	intracellular signal transduction [GO:0035556]	intracellular [GO:0005622]	metal ion binding [GO:0046872]
A0A088AJ02	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	63 kDa	transmembrane transport [GO:0055085]	integral component of membrane [GO:0016021]	transporter activity [GO:0005215]
A0A087ZVL0	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	210 kDa	-	-	-
K7ITZ4	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	35 kDa	-	intracellular [GO:0005622]	transporter activity [GO:0005215]
K7ITU4	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	134 kDa	ER to Golgi vesicle-mediated transport [GO:0006888]	COPII vesicle coat [GO:0030127]	zinc ion binding [GO:0008270]
K7IV31	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	59 kDa	protein folding [GO:0006457]	cytoplasm[GO:0005737]	ATP binding [GO:0005524]
A0A087ZYZ7	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	42 kDa	-	-	-
K7IZ24	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	81 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
K7IXV3	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	57 kDa	-	-	heme binding [GO:0020037]
A0A088AUY6	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	84 kDa	-	-	-
A0A088AE83	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	46 kDa	-	-	-
A0A088AKB2	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	84 kDa	glycyl-tRNA aminoacylation [GO:0006426]	cytoplasm[GO:0005737]	ATP binding [GO:0005524]
A0A087ZNV5	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	101 kDa	nuclear-transcribed mRNA catabolic process, nonsense-mediated decay [GO:0000184]	-	-
K7IY76	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	41 kDa	metabolic process [GO:0008152]	-	transferase activity, transferring acyl groups other than aminoacyl groups [GO:0016747]
A0A088A7B1	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	73 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
K7ITP8	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	67 kDa	-	-	-
A0A088AKM8	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	24 kDa	cell redox homeostasis [GO:0045454]	cell [GO:0005623]	peroxiredoxin activity [GO:0051920]
K7IQV4	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	44 kDa	ER to Golgi vesicle-mediated transport [GO:0006888]	cytoplasm[GO:0005737]	hydrolase activity [GO:0016787]
K7J830	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	96 kDa	-	-	N-acetyltransferase activity [GO:0008080]
K7J2K2	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	65 kDa	transmembrane transport [GO:0055085]	integral component of membrane [GO:0016021]	-

A0A087ZN21	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	61 kDa	carboxylic acid metabolic process [GO:0019752]	-	carboxy-lyase activity [GO:0016831]
A0A088A253	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	101 kDa	-	-	-
A0A088A629	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	51 kDa	transmembrane transport [GO:0055085]	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A088AB39	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	64 kDa	-	-	-
A0A088AMG3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	73 kDa	-	-	metal ion binding [GO:0046872]
A0A087ZVX4	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	69 kDa	-	-	flavin adenine dinucleotide binding [GO:0050660]
K7J5Y1	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	102 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	ion channel activity [GO:0005216]
A0A088ABP6	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	65 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	transmembrane transporter activity [GO:0022857]
K7JNY5	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	124 kDa	intracellular protein transport [GO:0006886]	nucleus [GO:0005634]	Ran GTPase binding [GO:0008536]
K7J2M6	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	98 kDa	regulation of protein catabolic process [GO:0042176]	proteasome complex [GO:0000502]	enzyme regulator activity [GO:0030234]
A0A088APW7	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	111 kDa	multicellular organism development [GO:0007275]	integral component of membrane [GO:0016021]	transmembrane signaling receptor activity [GO:0004888]
A0A088AQ84	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	95 kDa	-	-	serine-type peptidase activity [GO:0008236]
A0A088AEV6	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	69 kDa	positive regulation of cell cycle G2/M phase transition [GO:1902751]	intracellular [GO:0005622]	protein tyrosine phosphatase activity [GO:0004725]
K7J925	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	45 kDa	-	-	acyl-CoA dehydrogenase activity [GO:0003995]
K7J291	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	79 kDa	-	-	-
K7JW87	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	32 kDa	transmembrane transport [GO:0055085]	integral component of membrane [GO:0016021]	transporter activity [GO:0005215]
A0A088A8N0	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	57 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	substrate-specific transmembrane transporter activity [GO:0022891]
A0A087ZPK0	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	35 kDa	fatty acid metabolic process [GO:0006631]	-	3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase activity [GO:0003857]
A0A088A1C2	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	48 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
K7JYR2	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	67 kDa	-	-	-
K7J306	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	37 kDa	-	-	oxidoreductase activity [GO:0016491]
K7J2S2	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	49 kDa	carbohydrate metabolic process [GO:0005975]	-	hydrolase activity, hydrolyzing O-glycosyl compounds [GO:0004553]
A0A087ZYZ6	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	50 kDa	-	-	oxidoreductase activity [GO:0016491]
K7J762	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	132 kDa	-	-	-
K7ISA0	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	33 kDa	rRNA processing [GO:0006364]	-	methyltransferase activity [GO:0008168]
K7J193	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	78 kDa	metabolic process [GO:0008152]	-	catalytic activity [GO:0003824]
A0A088AQ15	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	138 kDa	-	-	RNA binding [GO:0003723]

A0A088A4A7	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	54 kDa	spliceosomal tri-snRNP complex assembly [GO:0000244]	U4/U6 x U5 tri-snRNP complex [GO:0046540]	-
A0A087ZUZ1	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	72 kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
K7J0A2	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	88 kDa	centriole replication [GO:0007099]	centriole [GO:0005814]	ATP binding [GO:0005524]
A0A088AB12	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	83 kDa	-	-	-
K7J0P1	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	88 kDa	carbohydrate metabolic process [GO:0005975]	-	poly(ADP-ribose) glycohydrolase activity [GO:0004649]
A0A088ATi8	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	108 kDa	endocytosis [GO:0006897]	-	actin binding [GO:0003779]
K7IZU4	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	44 kDa	transport [GO:0006810]	integral component of membrane [GO:0016021]	-
K7J084	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	71 kDa	intra-Golgi vesicle-mediated transport [GO:0006891]	Golgi transport complex [GO:0017119]	-
A0A088AKE7	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	87 kDa	RNA processing [GO:0006396]	-	RNA binding [GO:0003723]
A0A088APS1	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	50 kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A088ATi2	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	69 kDa	histone modification [GO:0016570]	Cdc73/Paf1 complex [GO:0016593]	-
A0A0B4J2P0	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	26 kDa	pentose-phosphate shunt, non-oxidative branch [GO:0009052]	-	ribose-5-phosphate isomerase activity [GO:0004751]
A0A088AGA7	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	65 kDa	metabolic process [GO:0008152]	integral component of membrane [GO:0016021]	transferase activity, transferring acyl groups [GO:0016746]
K7WN4	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	154 kDa	nucleobase-containing compound metabolic process [GO:0006139]	-	DNA binding [GO:0003677]
K7IT61	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	52 kDa	RNA processing [GO:0006396]	-	RNA binding [GO:0003723]
A0A088A338	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	123 kDa	-	-	DNA binding [GO:0003677]
A0A088ASW7	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	85 kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A088APV7	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	96 kDa	-	-	-
K7J952	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	11 kDa	translational elongation [GO:0006414]	ribosome [GO:0005840]	structural constituent of ribosome [GO:0003735]
K7IPV4	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	90 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	metalloendopeptidase activity [GO:0004222]
A0A088AJH6	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	64 kDa	-	integral component of plasma membrane [GO:0005887]	G-protein coupled acetylcholine receptor activity [GO:0016907]
K7IYJ2	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	44 kDa	-	-	-
K7J1T4	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	76 kDa	-	-	-
A0A087ZTY7	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	75 kDa	protein folding [GO:0006457]	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A087ZP04	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	71 kDa	-	-	ATPase activity [GO:0016887]
A0A088AKC4	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	99 kDa	-	-	-

A0A088AVY4	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	150 kDa	-	intracellular [GO:0005622]	calcium-dependent cysteine-type endopeptidase activity [GO:0004198]
A0A087ZP24	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	51 kDa	biosynthetic process [GO:0009058]	-	nucleotidyltransferase activity [GO:0016779]
K7J412	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	122 kDa	signal transduction [GO:0007165]	-	-
A0A088ASU3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	100 kDa	-	-	ubiquitin-protein transferase activity [GO:0004842]
K7J9D3	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	60 kDa	-	-	-
K7IQ98	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	31 kDa	cell redox homeostasis [GO:0045454]	cell [GO:0005623]	-
K7JA29	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	242 kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A088ABA4	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	88 kDa	posttranslational protein targeting to membrane, translocation [GO:0031204]	integral component of membrane [GO:0016021]	protein transporter activity [GO:0008565]
A0A088ANZ0	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	68 kDa	ATP hydrolysis coupled proton transport [GO:0015991]	proton-transporting V-type ATPase, V1 domain [GO:0033180]	ATP binding [GO:0005524]
K7IN65	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	27 kDa	-	-	-
K7J4U7	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	60 kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A087ZXW6	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	41 kDa	-	-	-
A0A087ZSR9	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	47 kDa	intracellular transport [GO:0046907]	intracellular [GO:0005622]	-
A0A088AM59	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	171 kDa	microtubule nucleation [GO:0007020]	microtubule organizing center [GO:0005815]	gamma-tubulin binding [GO:0043015]
K7IPK0	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	67 kDa	-	-	flavin adenine dinucleotide binding [GO:0050660]
A0A088AT24	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	49 kDa	-	-	metal ion binding [GO:0046872]
A0A088A7B5	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	135 kDa	intracellular protein transport [GO:0006886]	nucleus [GO:0005634]	Ran GTPase binding [GO:0008536]
K7IW62	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	121 kDa	intracellular protein transport [GO:0006886]	nucleus [GO:0005634]	Ran GTPase binding [GO:0008536]
K7IT05	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	60 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	substrate-specific transmembrane transporter activity [GO:0022891]
A0A088ANI3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	144 kDa	isoleucyl-tRNA aminoacylation [GO:0006428]	cytoplasm [GO:0005737]	aminoacyl-tRNA editing activity [GO:0002161]
K7J7Z9	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	80 kDa	protein folding [GO:0006457]	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A087ZWE5	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	100 kDa	Golgi to plasma membrane transport [GO:0006893]	exocyst [GO:0000145]	-
K7IYN1	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	105 kDa	protein deubiquitination [GO:0016579]	-	thiol-dependent ubiquitinyl hydrolase activity [GO:0036459]
A0A087ZTV1	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	45 kDa	-	-	-
K7J8W6	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	26 kDa	translation [GO:0006412]	small ribosomal subunit [GO:0015935]	RNA binding [GO:0003723]

A0A088AF43	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	37 kDa	transport [GO:0006810]	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A088AG06	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	86 kDa	RNA processing [GO:0006396]	-	RNA binding [GO:0003723]
A0A088AUU1	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	116 kDa	intracellular protein transport [GO:0006886]	nucleus [GO:0005634]	Ran GTPase binding [GO:0008536]
K7J8T0	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	94 kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A087ZZF7	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	101 kDa	transmembrane transport [GO:0055085]	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A088AAM1	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	51 kDa	-	-	-
K7J9H6	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	81 kDa	mRNA processing [GO:0006397]	cytoplasm [GO:0005737]	RNA binding [GO:0003723]
K7ISU8	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	45 kDa	-	-	-
K7IVZ2	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	42 kDa	-	-	catalytic activity [GO:0003824]
K7JX21	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	43 kDa	-	-	-
A0A088A8B1	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	49 kDa	Golgi organization [GO:0007030]	-	-
K7IZZ6	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	67 kDa	double-strand break repair via nonhomologous end joining [GO:0006303]	Ku70:Ku80 complex [GO:0043564]	ATP-dependent DNA helicase activity [GO:0004003]
A0A088AF88	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	125 kDa	intracellular protein transport [GO:0006886]	nucleus [GO:0005634]	Ran GTPase binding [GO:0008536]
K7IMH5	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	24 kDa	-	-	-
A0A088A1M5	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	84 kDa	fatty acid beta-oxidation [GO:0006635]	mitochondrial fatty acid beta-oxidation multienzyme complex [GO:0016507]	3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase activity [GO:0003857]
A0A088A2U8	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	52 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	substrate-specific transmembrane transporter activity [GO:0022891]
K7J6H9	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	30 kDa	transport [GO:0006810]	integral component of membrane [GO:0016021]	-
K7JRK5	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	65 kDa	-	-	-
A0A087ZQ66	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	42 kDa	-	-	protein dimerization activity [GO:0046983]
K7J0H1	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	22 kDa	-	-	-
A0A088A0N4	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	35 kDa	transport [GO:0006810]	integral component of membrane [GO:0016021]	-
K7IZP7	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	40 kDa	-	-	-
A0A088A2Q4	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	39 kDa	nucleoside metabolic process [GO:0009116]	-	magnesium ion binding [GO:0000287]
A0A088AET0	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	61 kDa	carboxylic acid metabolic process [GO:0019752]	-	carboxy-lyase activity [GO:0016831]
A0A088AJ76	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	36 kDa	multicellular organism development [GO:0007275]	nucleus [GO:0005634]	sequence-specific DNA binding [GO:0043565]
A0A087ZTX1	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	42 kDa	biosynthetic process [GO:0009058]	-	catalytic activity [GO:0003824]

A0A087ZXW7	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	104 kDa	ion transport [GO:0006811]	integral component of membrane [GO:0016021]	transporter activity [GO:0005215]
A0A088AL99	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	87 kDa	nucleotide-excision repair [GO:0006289]	nucleus [GO:0005634]	ATP binding [GO:0005524]
A0A088ASX6	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	114 kDa	-	-	-
A0A088AVM2	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	43 kDa	peptidyl-tyrosine sulfation [GO:0006478]	integral component of membrane [GO:0016021]	protein-tyrosine sulfotransferase activity [GO:0008476]
A0A088A0K9	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	56 kDa	metabolic process [GO:0008152]	integral component of membrane [GO:0016021]	transferase activity, transferring hexosyl groups [GO:0016758]
K7J4D4	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	81 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	transferase activity, transferring acyl groups other than amino-acyl groups [GO:0016747]
K7IY64	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	53 kDa	microtubule-based process [GO:0007017]	microtubule [GO:0005874]	GTPase activity [GO:0003924]
A0A088AHR4	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	49 kDa	-	-	nucleic acid binding [GO:0003676]
K7IZR9	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	61 kDa	-	-	-
A0A087ZY20	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	66 kDa	protein polyglutamylation [GO:0018095]	-	-
K7J049	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	49 kDa	-	-	oxidoreductase activity [GO:0016491]
A0A088AP37	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	69 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A088AC75	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	59 kDa	cardiolipin biosynthetic process [GO:0032049]	-	CDP-diacylglycerol-glycerol-3-phosphate 3-phosphatidyltransferase activity [GO:0008444]
K7JWG3	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	56 kDa	-	-	-
A0A088ALI7	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	47 kDa	-	-	-
K7IZ06	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	63 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	heme binding [GO:0020037]
K7J8I9	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	24 kDa	-	membrane [GO:0016020]	-
A0A088AH83	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	36 kDa	transmembrane transport [GO:0055085]	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A087ZU95	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	107 kDa	-	integral component of plasma membrane [GO:0005887]	ATP binding [GO:0005524]
K7IY41	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	48 kDa	prolyl-tRNA aminoacylation [GO:0006433]	cytoplasm [GO:0005737]	ATP binding [GO:0005524]
A0A088AGP1	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	59 kDa	protein folding [GO:0006457]	cytoplasm [GO:0005737]	ATP binding [GO:0005524]
A0A088AIY8	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	45 kDa	-	-	NAD ⁺ binding [GO:0070403]
K7IU27	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	42 kDa	-	-	-
A0A087ZQI6	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	40 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A088A8Y1	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	68 kDa	tRNA wobble uridine modification [GO:0002098]	-	nucleic acid binding [GO:0003676]
A0A088AM14	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	71 kDa	-	nucleus [GO:0005634]	sequence-specific DNA binding [GO:0043565]
K7J6V7	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	37 kDa	-	-	oxidoreductase activity [GO:0016491]

A0A088A1P7	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	62 kDa	carbohydrate metabolic process [GO:0005975]	extracellular region [GO:0005576]	catalytic activity [GO:0003824]
K7IQ49	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	96 kDa	endoplasmic reticulum unfolded protein response [GO:0030968]	endomembrane system [GO:0012505]	cAMP response element binding [GO:0035497]
A0A087ZS35	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	61 kDa	-	-	ligase activity [GO:0016874]
H9K909	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	50 kDa	exocytosis [GO:0006887]	integral component of membrane [GO:0016021]	-
K7J3G1	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	38 kDa	metabolic process [GO:0008152]	-	calcium ion binding [GO:0005509]
A0A088AKF0	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	40 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A088AV68	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	71 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A088AVS9	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	117 kDa	cellular protein modification process [GO:0006464]	-	ATP binding [GO:0005524]
K7ITM4	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	11 kDa	microtubule-based process [GO:0007017]	dynein complex [GO:0030286]	-
K7J997	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	20 kDa	-	-	-
K7J7Q6	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	21 kDa	cell redox homeostasis [GO:0045454]	cell [GO:0005623]	peroxiredoxin activity [GO:0051920]
K7JA12	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	140 kDa	innate immune response [GO:0045087]	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A088A7U4	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	73 kDa	mRNA export from nucleus [GO:0006406]	cytoplasm [GO:0005737]	RNA binding [GO:0003723]
K7JPK2	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	64 kDa	-	-	-
A0A087ZYC4	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	140 kDa	DNA replication, Okazaki fragment processing [GO:0033567]	-	5'-flap endonuclease activity [GO:0017108]
A0A087ZPP8	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	22 kDa	-	-	catalytic activity [GO:0003824]
A0A088A9K8	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	71 kDa	sulfate assimilation [GO:0000103]	-	adenylylsulfate kinase activity [GO:0004020]
K7J072	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	65 kDa	signal transduction [GO:0007165]	-	metal ion binding [GO:0046872]
A0A088AT19	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	44 kDa	-	-	oxidoreductase activity [GO:0016491]
K7J9C6	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	60 kDa	metabolic process [GO:0008152]	integral component of membrane [GO:0016021]	transferase activity, transferring hexosyl groups [GO:0016758]
A0A088A5D0	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	70 kDa	-	-	-
A0A088AM73	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	20 kDa	-	-	RNA binding [GO:0003723]
A0A088A1I5	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	54 kDa	-	-	-
A0A088A166	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	140 kDa	-	-	metal ion binding [GO:0046872]
A0A088ARZ9	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	20 kDa	signal transduction [GO:0007165]	membrane [GO:0016020]	GTPase activity [GO:0003924]

K7IZQ8	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	102 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	[heparan sulfate]-glucosamine N-sulfotransferase activity [GO:0015016]
K7J1W5	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	152 kDa	DNA repair [GO:0006281]	-	-
A0A088AJK1	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	26 kDa	translation [GO:0006412]	ribosome [GO:0005840]	structural constituent of ribosome [GO:0003735]
A0A087ZRU5	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	85 kDa	regulation of transcription, DNA-templated [GO:0006355]	nucleus [GO:0005634]	-
A0A088A8S2	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	47 kDa	-	-	-
K7IXY4	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	73 kDa	-	-	metal ion binding [GO:0046872]
A0A088A409	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	20 kDa	-	-	-
K7IMZ0	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	22 kDa	translation [GO:0006412]	small ribosomal subunit [GO:0015935]	rRNA binding [GO:0019843]
A0A088A030	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	69 kDa	-	-	flavin adenine dinucleotide binding [GO:0050660]
A0A088AFK7	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	66 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A088A1Z0	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	33 kDa	-	Elongator holoenzyme complex [GO:0033588]	-
K7IZG8	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	12 kDa	-	-	-
K7IZQ0	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	31 kDa	-	-	alcohol dehydrogenase (NAD) activity [GO:0004022]
K7J6Z6	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	93 kDa	regulation of transcription, DNA-templated [GO:0006355]	nucleus [GO:0005634]	histone acetyltransferase activity [GO:0004402]
K7J772	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	46 kDa	-	-	-
K7JZN2	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	29 kDa	-	-	-
A0A088A1W8	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	98 kDa	regulation of protein catabolic process [GO:0042176]	proteasome complex [GO:0000502]	enzyme regulator activity [GO:0030234]
K7J4M2	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	55 kDa	-	-	oxidoreductase activity [GO:0016491]
K7J2P8	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	52 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
K7J8T2	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	77 kDa	-	-	-
K7JL83	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	85 kDa	-	membrane [GO:0016020]	growth factor activity [GO:0008083]
A0A088ACJ2	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	46 kDa	microtubule-based process [GO:0007017]	dynactin complex [GO:0005869]	-
A0A087ZZ49	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	34 kDa	defense response to Gram-negative bacterium [GO:0050829]	lipopolysaccharide receptor complex [GO:0046696]	lipopolysaccharide receptor activity [GO:0001875]
A0A087ZR21	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	24 kDa	-	mediator complex [GO:0016592]	RNA polymerase II transcription cofactor activity [GO:0001104]
K7J2L0	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	60 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	heme binding [GO:0020037]
A0A087ZUT0	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	26 kDa	-	-	protein tyrosine/serine/threonine phosphatase activity [GO:0008138]
K7ITP5	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	72 kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]

A0A087ZW02	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	59 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	transmembrane transporter activity [GO:0022857]
A0A087ZZI7	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	68 kDa	DNA recombination [GO:0006310]	-	ATP binding [GO:0005524]
K7J590	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	60 kDa	carbohydrate metabolic process [GO:0005975]	extracellular region [GO:0005576]	chitin binding [GO:0008061]
A0A087ZP68	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	54 kDa	-	-	oxidoreductase activity [GO:0016491]
A0A087ZSK4	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	72 kDa	chitin metabolic process [GO:0006030]	extracellular region [GO:0005576]	chitin binding [GO:0008061]
K7J4W3	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	158 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
K7IU16	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	65 kDa	transmembrane transport [GO:0055085]	integral component of membrane [GO:0016021]	transporter activity [GO:0005215]
K7IZZ5	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	97 kDa	-	-	NAD ⁺ binding [GO:0070403]
A0A088A7Y6	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	111 kDa	-	-	-
K7IQK6	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	44 kDa	apoptotic process [GO:0006915]	intracellular [GO:0005622]	protein complex scaffold activity [GO:0032947]
K7IVH7	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	142 kDa	actin cytoskeleton organization [GO:0030036]	-	actin filament binding [GO:0051015]
K7IMD5	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	99 kDa	regulation of transcription, DNA-templated [GO:0006355]	-	DNA binding [GO:0003677]
A0A088ADX2	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	89 kDa	-	-	DNA binding [GO:0003677]
A0A088ADW9	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	41 kDa	metabolic process [GO:0008152]	-	catalytic activity [GO:0003824]
K7IQJ4	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	122 kDa	intracellular protein transport [GO:0006886]	nucleus [GO:0005634]	Ran GTPase binding [GO:0008536]
K7JTF3	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	43 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	melatonin receptor activity [GO:0008502]
K7WR1	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	31 kDa	transport [GO:0006810]	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A088AIY7	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	51 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
K7IRA5	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	143 kDa	-	-	-
A0A088AP45	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	69 kDa	SRP-dependent cotranslational protein targeting to membrane [GO:0006614]	signal recognition particle receptor complex [GO:0005785]	GTPase activity [GO:0003924]
A0A087ZWF9	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	64 kDa	RNA processing [GO:0006396]	-	RNA binding [GO:0003723]
K7ITE1	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	34 kDa	transport [GO:0006810]	integral component of membrane [GO:0016021]	-

K7IMJ3	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	10 kDa	protein import into mitochondrial inner membrane [GO:0045039]	mitochondrial intermembrane space protein transporter complex [GO:0042719]	metal ion binding [GO:0046872]
A0A088AVF3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	40 kDa	-	-	nucleic acid binding [GO:0003676]
K7J415	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	95 kDa	-	-	-
A0A087ZZZ2	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	46 kDa	-	-	-
A0A088AMA7	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	65 kDa	nucleotide catabolic process [GO:0009166]	-	hydrolase activity, acting on ester bonds [GO:0016788]
A0A087ZNG6	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	105 kDa	-	small-subunit processome [GO:0032040]	-
A0A088AD52	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	175 kDa	signal transduction [GO:0007165]	-	phosphatidylinositol binding [GO:0035091]
A0A088AUT1	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	28 kDa	-	-	protein complex scaffold activity [GO:0032947]
A0A0B4J2L4	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	47 kDa	protein catabolic process [GO:0030163]	cytoplasm [GO:0005737]	ATP binding [GO:0005524]
A0A087ZS87	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	55 kDa	transmembrane transport [GO:0055085]	integral component of membrane [GO:0016021]	-
K7J396	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	61 kDa	carbohydrate metabolic process [GO:0005975]	extracellular region [GO:0005576]	chitin binding [GO:0008061]
K7INK7	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	45 kDa	negative regulation of gluconeogenesis [GO:0045721]	-	-
K7INL9	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	57 kDa	DNA replication [GO:0006260]	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A087ZU34	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	18 kDa	-	-	-
A0A088A1B9	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	61 kDa	-	-	-
A0A088AAZ3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	51 kDa	-	endoplasmic reticulum [GO:0005783]	transferase activity, transferring hexosyl groups [GO:0016758]
K7JC63	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	55 kDa	-	-	heme binding [GO:0020037]
A0A088AJE0	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	52 kDa	transmembrane transport [GO:0055085]	integral component of membrane [GO:0016021]	-
K7MT7	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	59 kDa	protein folding [GO:0006457]	-	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase activity [GO:0003755]
K7J5U4	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	36 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
K7JXC2	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	130 kDa	-	-	-
K7J458	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	27 kDa	mRNA processing [GO:0006397]	cytoplasm [GO:0005737]	RNA binding [GO:0003723]
K7IZ68	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	73 kDa	-	-	-
K7J280	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	68 kDa	-	-	flavin adenine dinucleotide binding [GO:0050660]
A0A088AEH6	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	32 kDa	-	-	-
K7MW5	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	49 kDa	transmembrane transport [GO:0055085]	integral component of membrane [GO:0016021]	-

A0A087ZR94	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	10 kDa	protein transport [GO:0015031]	mitochondrion [GO:0005739]	metal ion binding [GO:0046872]
K7J5D2	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	90 kDa	protein folding [GO:0006457]	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A087ZUD4	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	63 kDa	RNA processing [GO:0006396]	-	-
A0A087ZZM7	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	96 kDa	-	-	nucleic acid binding [GO:0003676]
K7J4R4	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	41 kDa	-	-	acid phosphatase activity [GO:0003993]
K7J6W2	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	25 kDa	-	-	GTPase activity [GO:0003924]
A0A088A5I9	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	16 kDa	-	-	translation initiation factor activity [GO:0003743]
K7MWH0	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	10 kDa	ATP synthesis coupled proton transport [GO:0015986]	mitochondrial proton-transporting ATP synthase complex, coupling factor F(o) [GO:0000276]	hydrogen ion transmembrane transporter activity [GO:0015078]
A0A087ZNW6	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	84 kDa	-	-	-
A0A088A3Z9	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	44 kDa	NAD metabolic process [GO:0019674]	-	NAD+ kinase activity [GO:0003951]
A0A088AFN9	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	75 kDa	-	-	serine-type endopeptidase activity [GO:0004252]
K7J5G3	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	68 kDa	DNA recombination [GO:0006310]	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A087ZRM9	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	92 kDa	signal transduction [GO:0007165]	-	GTPase activator activity [GO:0005096]
A0A088A458	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	73 kDa	-	-	-
A0A087ZPD8	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	70 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A087ZMY1	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	65 kDa	metabolic process [GO:0008152]	-	catalytic activity [GO:0003824]
K7J358	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	31 kDa	-	-	-
A0A087ZR91	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	50 kDa	-	-	-
K7J786	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	58 kDa	transcription, DNA-templated [GO:0006351]	nucleus [GO:0005634]	DNA-directed 5'-3' RNA polymerase activity [GO:0003899]
A0A088AJP8	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	111 kDa	-	-	-
K7ZS7	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	45 kDa	dolichol-linked oligosaccharide biosynthetic process [GO:0006488]	integral component of membrane [GO:0016021]	phospho-N-acetylmuramoyl-pentapeptide-transferase activity [GO:0008963]
K7ILS9	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	37 kDa	-	-	oxidoreductase activity [GO:0016491]
K7J5W5	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	65 kDa	carbohydrate metabolic process [GO:0005975]	integral component of membrane [GO:0016021]	glycerol kinase activity [GO:0004370]
K7ITS9	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	57 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	transmembrane transporter activity [GO:0022857]
K7J691	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	42 kDa	-	-	-
A0A088ACX9	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	123 kDa	cell adhesion [GO:0007155]	integrin complex [GO:0008305]	-

K7IP61	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	74 kDa	carbohydrate metabolic process [GO:0005975]	-	hydrolase activity, hydrolyzing O-glycosyl compounds [GO:0004553]
K7IPS7	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	74 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	ATP binding [GO:0005524]
K7INI0	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	97 kDa	-	-	-
A0A088A583	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	120 kDa	metabolic process [GO:0008152]	integral component of membrane [GO:0016021]	catalytic activity [GO:0003824]
A0A087ZW92	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	56 kDa	-	-	-
K7J2C1	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	13 kDa	-	-	-
K7IZD0	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	176 kDa	intracellular signal transduction [GO:0035556]	intracellular [GO:0005622]	metal ion binding [GO:0046872]
A0A087ZT19	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	46 kDa	-	-	acyl-CoA dehydrogenase activity [GO:0003995]
A0A088AW65	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	25 kDa	-	-	GTPase activity [GO:0003924]
K7IWA4	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	73 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A088A309	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	29 kDa	signal transduction [GO:0007165]	-	-
A0A088AV72	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	42 kDa	-	-	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase activity [GO:0003755]
K7JV48	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	60 kDa	-	-	-
A0A087ZXD3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	36 kDa	-	-	-
A0A087ZMS1	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	122 kDa	intracellular protein transport [GO:0006886]	nucleus [GO:0005634]	Ran GTPase binding [GO:0008536]
A0A088AEF3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	58 kDa	retrograde transport, endosome to Golgi [GO:0042147]	cytosol [GO:0005829]	phosphatidylinositol binding [GO:0035091]
A0A087ZVB3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	27 kDa	-	-	-
K7IVD2	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	136 kDa	ER to Golgi vesicle-mediated transport [GO:0006888]	COPII vesicle coat [GO:0030127]	zinc ion binding [GO:0008270]
A0A088A3X5	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	54 kDa	cellular amino acid metabolic process [GO:0006520]	-	carboxy-lyase activity [GO:0016831]
K7IWI7	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	33 kDa	transport [GO:0006810]	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A088AAN5	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	80 kDa	-	intracellular [GO:0005622]	zinc ion binding [GO:0008270]
K7J1U5	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	148 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	ATPase activity, coupled to transmembrane movement of substances [GO:0042626]
A0A088A7Y0	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	58 kDa	anaphase-promoting complex-dependent catabolic process [GO:0031145]	-	anaphase-promoting complex binding [GO:0010997]
A0A088AMA9	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	63 kDa	signal transduction [GO:0007165]	-	-

A0A088AIZ3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	84 kDa	mRNA splicing, via spliceosome [GO:0000398]	-	-
A0A088AAV5	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	57 kDa	protein folding [GO:0006457]	cytoplasm [GO:0005737]	ATP binding [GO:0005524]
K7IZH4	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	34 kDa	transport [GO:0006810]	integral component of membrane [GO:0016021]	-
K7J010	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	53 kDa	deadenylation-dependent decapping of nuclear-transcribed mRNA [GO:0000290]	-	enzyme activator activity [GO:0008047]
A0A088AW45	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	97 kDa	-	kinesin complex [GO:0005871]	kinesin binding [GO:0019894]
A0A088A9F7	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	84 kDa	regulation of transcription, DNA-templated [GO:0006355]	nucleus [GO:0005634]	-
A0A088AR40	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	123 kDa	intracellular protein transport [GO:0006886]	intracellular [GO:0005622]	-
A0A088A445	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	76 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	hydrolase activity [GO:0016787]
K7IZ13	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	53 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A087ZNK0	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	52 kDa	intracellular signal transduction [GO:0035556]	intracellular [GO:0005622]	-
A0A088AET2	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	61 kDa	-	-	RNA binding [GO:0003723]
K7IYT8	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	83 kDa	-	-	-
A0A087ZT75	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	82 kDa	exocytosis [GO:0006887]	exocyst [GO:0000145]	-
A0A087ZWL9	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	48 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	G-protein coupled receptor activity [GO:0004930]
A0A088AAP0	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	75 kDa	-	-	methyltransferase activity [GO:0008168]
K7JH18	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	59 kDa	negative regulation of Wnt signalling pathway [GO:0030178]	-	beta-catenin binding [GO:0008013]
A0A088AKH1	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	44 kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A088AML5	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	30 kDa	-	-	GTPase activity [GO:0003924]
A0A088AVE2	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	116 kDa	intracellular protein transport [GO:0006886]	nucleus [GO:0005634]	Ran GTPase binding [GO:0008536]
A0A088A7S4	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	45 kDa	regulation of transcription, DNA-templated [GO:0006355]	nucleus [GO:0005634]	sequence-specific DNA binding [GO:0043565]
A0A088A2Z9	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	35 kDa	-	-	nucleic acid binding [GO:0003676]
K7JPB2	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	50 kDa	cell surface receptor signalling pathway [GO:0007166]	integral component of membrane [GO:0016021]	G-protein coupled receptor activity [GO:0004930]
K7J7B3	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	88 kDa	-	-	-

A0A087ZXM0	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	112 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
K7IV01	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	30 kDa	-	-	serine-type endopeptidase activity [GO:0004252]
K7JGQ0	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	107 kDa	-	-	-
A0A088AGF3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	32 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
K7IPN8	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	26 kDa	mRNA processing [GO:0006397]	cytoplasm[GO:0005737]	RNA binding [GO:0003723]
A0A087ZWW7	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	43 kDa	CTP biosynthetic process [GO:0006241]	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A087ZYT6	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	49 kDa	microtubule-based process [GO:0007017]	cytoplasm[GO:0005737]	GTPase activity [GO:0003924]
A0A088ARE2	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	125 kDa	-	myosin complex [GO:0016459]	ATP binding [GO:0005524]
A0A087ZQU8	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	60 kDa	-	-	-
K7J2H9	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	50 kDa	-	-	-
A0A087ZTQ0	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	58 kDa	regulation of Rho protein signal transduction [GO:0035023]	-	Rho guanyl-nucleotide exchange factor activity [GO:0005089]
A0A087ZR19	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	58 kDa	cell surface receptor signaling pathway [GO:0007166]	integral component of membrane [GO:0016021]	G-protein coupled receptor activity [GO:0004930]
A0A088A892	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	59 kDa	protein folding [GO:0006457]	cytoplasm[GO:0005737]	ATP binding [GO:0005524]
A0A087ZWH8	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	109 kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A087ZP90	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	41 kDa	-	-	nucleic acid binding [GO:0003676]
K7J2L9	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	78 kDa	metabolic process [GO:0008152]	integral component of membrane [GO:0016021]	sulfuric ester hydrolase activity [GO:0008484]
K7J5K3	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	41 kDa	-	-	-
K7J299	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	72 kDa	intracellular signal transduction [GO:0035556]	intracellular [GO:0005622]	guanylate cyclase activity [GO:0004383]
K7J3H4	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	58 kDa	-	-	-
K7J3T1	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	42 kDa	DNA repair [GO:0006281]	-	RNA binding [GO:0003723]
A0A088ANP8	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	39 kDa	-	-	-
A0A088AJL0	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	68 kDa	-	-	DNA binding [GO:0003677]
K7IPT1	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	88 kDa	rRNA processing [GO:0006364]	small-subunit processome [GO:0032040]	-
A0A088AHW7	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	38 kDa	protein deneddylation [GO:0000338]	COP9 signalosome [GO:0008180]	-
A0A088A9Y1	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	40 kDa	fatty acid biosynthetic process [GO:0006633]	integral component of membrane [GO:0016021]	oxidoreductase activity, acting on paired donors, with oxidation of a pair of donors resulting in the reduction of molecular oxygen to two molecules of water [GO:0016717]
A0A088ASS0	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	20 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-

A0A088AQM9	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	37 kDa	transmembrane transport [GO:0055085]	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A087ZYT3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	78 kDa	-	intracellular [GO:0005622]	zinc ion binding [GO:0008270]
K7J4A6	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	51 kDa	regulation of transcription, DNA-templated [GO:0006355]	nucleus [GO:0005634]	sequence-specific DNA binding [GO:0043565]
A0A088AGJ8	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	70 kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A088AAB2	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	55 kDa	signal transduction [GO:0007165]	membrane [GO:0016020]	GTPase activity [GO:0003924]
K7J6V8	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	50 kDa	biosynthetic process [GO:0009058]	-	nucleotidyltransferase activity [GO:0016779]
K7JKN9	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	80 kDa	-	-	-
A0A087ZXS6	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	56 kDa	-	-	heme binding [GO:0020037]
A0A087ZX58	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	56 kDa	-	-	serine-type peptidase activity [GO:0008236]
K7IRF5	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	29 kDa	nucleoside metabolic process [GO:0009116]	-	-
K7IY18	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	61 kDa	carboxylic acid metabolic process [GO:0019752]	-	carboxy-lyase activity [GO:0016831]
A0A088AA42	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	28 kDa	translation [GO:0006412]	ribosome [GO:0005840]	rRNA binding [GO:0019843]
H9K5X4	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	26 kDa	-	-	oxidoreductase activity [GO:0016491]
A0A088AP94	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	50 kDa	carbohydrate catabolic process [GO:0016052]	-	L-fuconate dehydratase activity [GO:0050023]
A0A088AS47	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	27 kDa	small GTPase mediated signal transduction [GO:0007264]	integral component of membrane [GO:0016021]	GTP binding [GO:0005525]
A0A087ZV89	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	44 kDa	-	-	structural constituent of cuticle [GO:0042302]
K7IVU2	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	37 kDa	potassium ion transport [GO:0006813]	sodium:potassium-exchanging ATPase complex [GO:0005890]	-
K7ISE2	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	53 kDa	-	-	lipid binding [GO:0008289]
A0A088AJC2	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	75 kDa	spindle assembly [GO:0051225]	HAUS complex [GO:0070652]	-
A0A088AVV4	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	31 kDa	-	-	-
A0A087ZN38	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	63 kDa	-	-	metalloprotease activity [GO:0004181]
K7IVG7	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	16 kDa	translation [GO:0006412]	small ribosomal subunit [GO:0015935]	RNA binding [GO:0003723]
A0A088ALN7	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	46 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	catalytic activity [GO:0003824]
K7J2W3	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	68 kDa	-	-	-
K7IT03	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	66 kDa	DNA recombination [GO:0006310]	nucleus [GO:0005634]	DNA binding [GO:0003677]
A0A088AC33	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	50 kDa	transmembrane transport [GO:0055085]	integral component of membrane [GO:0016021]	-
K7IUQ2	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	28 kDa	-	-	-
K7IRD0	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	69 kDa	-	-	nucleic acid binding [GO:0003676]

K7IQA9	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	109 kDa	intracellular protein transport [GO:0006886]	nucleus [GO:0005634]	Ran GTPase binding [GO:0008536]
K7J6W0	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	25 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
K7JAH8	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	26 kDa	-	-	-
A0A087ZY22	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	28 kDa	regulation of transcription, DNA-templated [GO:0006355]	nucleus [GO:0005634]	DNA binding [GO:0003677]
K7J320	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	51 kDa	-	nucleus [GO:0005634]	-
K7JMK2	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	44 kDa	-	-	-
K7J5M5	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	112 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
K7JAJ5	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	52 kDa	L-phenylalanine catabolic process [GO:0006559]	-	iron ion binding [GO:0005506]
K7J542	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	38 kDa	-	-	-
A0A088A041	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	13 kDa	spliceosomal snRNP assembly [GO:0000387]	intracellular ribonucleoprotein complex [GO:0030529]	-
A0A088A1E4	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	34 kDa	-	-	-
K7IRB2	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	40 kDa	-	-	FMN binding [GO:0010181]
K7IQ29	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	25 kDa	-	exosome (RNase complex) [GO:0000178]	RNA binding [GO:0003723]
K7IQ26	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	122 kDa	-	-	-
K7IU6	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	113 kDa	-	-	-
K7IVH3	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	44 kDa	-	-	-
A0A087ZNY3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	62 kDa	carboxylic acid metabolic process [GO:0019752]	-	carboxy-lyase activity [GO:0016831]
K7IM52	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	92 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	metalloendopeptidase activity [GO:0004222]
K7INS7	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	52 kDa	arginyl-tRNA aminoacylation [GO:0006420]	-	arginine-tRNA ligase activity [GO:0004814]
A0A088AFE9	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	53 kDa	DNA damage checkpoint [GO:0000077]	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A087ZXF0	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	64 kDa	protein deubiquitination [GO:0016579]	-	thiol-dependent ubiquitin-specific protease activity [GO:0004843]
K7J9A1	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	39 kDa	cellular metabolic process [GO:0044237]	-	-
K7J5B3	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	35 kDa	lipid metabolic process [GO:0006629]	cytoplasm [GO:0005737]	oxidoreductase activity, acting on the CH-CH group of donors [GO:0016627]
K7IVM2	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	152 kDa	G-protein coupled receptor signaling pathway [GO:0007186]	-	GDP-dissociation inhibitor activity [GO:0005092]
A0A088AGX0	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	32 kDa	-	CCAAT-binding factor complex [GO:0016602]	DNA binding [GO:0003677]

A0A088AAP6	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	110 kDa	carbohydrate metabolic process [GO:0005975]	extracellular region [GO:0005576]	chitin binding [GO:0008061]
K7IP18	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	36 kDa	-	-	oxidoreductase activity [GO:0016491]
A0A088ATA2	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	62 kDa	-	-	nucleic acid binding [GO:0003676]
A0A088A1X2	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	37 kDa	DNA replication [GO:0006260]	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A087ZV98	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	15 kDa	mRNA splicing, via spliceosome [GO:0000398]	intracellular ribonucleoprotein complex [GO:0030529]	-
A0A087ZYR9	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	62 kDa	metabolic process [GO:0008152]	integral component of membrane [GO:0016021]	transferase activity, transferring hexosyl groups [GO:0016758]
A0A088A6F5	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	45 kDa	transport [GO:0006810]	integral component of membrane [GO:0016021]	-
K7IUG1	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	68 kDa	-	-	GTPase regulator activity [GO:0030695]
A0A088AQU4	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	27 kDa	-	-	-
A0A088A3B9	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	109 kDa	methionyl-tRNA aminoacylation [GO:0006431]	cytoplasm [GO:0005737]	ATP binding [GO:0005524]
K7IQR4	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	48 kDa	translation [GO:0006412]	mitochondrion [GO:0005739]	structural constituent of ribosome [GO:0003735]
A0A088AI91	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	44 kDa	unsaturated fatty acid biosynthetic process [GO:0006636]	integral component of membrane [GO:0016021]	stearoyl-CoA 9-desaturase activity [GO:0004768]
A0A088AAB8	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	82 kDa	RNA processing [GO:0006396]	-	-
K7IMU4	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	62 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	transmembrane transporter activity [GO:0022857]
A0A088AB34	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	43 kDa	-	-	-
A0A088AJJ6	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	48 kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
K7INF1	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	57 kDa	transmembrane transport [GO:0055085]	integral component of membrane [GO:0016021]	-
K7IRC1	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	40 kDa	-	-	FMN binding [GO:0010181]
A0A087ZNN9	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	68 kDa	-	-	-
K7IXL7	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	11 kDa	oxidation-reduction process [GO:0055114]	mitochondrion [GO:0005739]	electron carrier activity [GO:0009055]
K7IZH2	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	38 kDa	-	nuclear pore [GO:0005643]	structural constituent of nuclear pore [GO:0017056]
A0A088A439	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	75 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
K7INI6	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	59 kDa	-	-	-
A0A087ZWR4	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	56 kDa	nitrogen compound metabolic process [GO:0006807]	-	hydrolase activity, acting on carbon-nitrogen (but not peptide) bonds, in linear amides [GO:0016811]
A0A087ZPN1	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	103 kDa	carbohydrate metabolic process [GO:0005975]	-	beta-N-acetylhexosaminidase activity [GO:0004563]
K7IZG9	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	24 kDa	translation [GO:0006412]	ribosome [GO:0005840]	structural constituent of ribosome [GO:0003735]

K7J3M4	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	31 kDa	neuropeptide signaling pathway [GO:0007218]	integral component of membrane [GO:0016021]	-
K7IUR0	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	46 kDa	-	-	acyl-CoA dehydrogenase activity [GO:0003995]
K7IYN3	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	60 kDa	-	-	protein domain specific binding [GO:0019904]
A0A088AC64	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	58 kDa	transcription, DNA-templated [GO:0006351]	nucleus [GO:0005634]	DNA-directed 5'-3' RNA polymerase activity [GO:0003899]
A0A088AVN7	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	122 kDa	-	-	insulin receptor binding [GO:0005158]
A0A088A551	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	51 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
K7JLR6	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	67 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A088A8N2	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	19 kDa	DNA repair [GO:0006281]	-	8-oxo-7,8-dihydroguanosine triphosphate pyrophosphatase activity [GO:0008413]
K7J426	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	46 kDa	-	-	-
A0A088AJG3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	24 kDa	-	-	-
K7IPF7	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	53 kDa	-	-	metal ion binding [GO:0046872]
K7J2F8	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	44 kDa	tRNA processing [GO:0008033]	-	sulfurtransferase activity [GO:0016783]
K7IQE4	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	37 kDa	-	-	metal ion binding [GO:0046872]
A0A088A037	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	64 kDa	-	-	transcription factor activity, sequence-specific DNA binding [GO:0003700]
K7MW40	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	24 kDa	-	-	GTPase activity [GO:0003924]
K7J583	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	34 kDa	-	intracellular [GO:0005622]	transporter activity [GO:0005215]
K7ITB7	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	25 kDa	-	-	-
K7J745	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	24 kDa	nucleosome assembly [GO:0006334]	nucleosome [GO:0000786]	DNA binding [GO:0003677]
K7IRK3	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	22 kDa	-	-	-
A0A088AHS7	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	109 kDa	-	-	nucleic acid binding [GO:0003676]
K7IPJ0	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	121 kDa	-	-	ubiquitin-protein transferase activity [GO:0004842]
A0A088AE92	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	38 kDa	lipid storage [GO:0019915]	integral component of membrane [GO:0016021]	-
K7J600	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	57 kDa	inositol biosynthetic process [GO:0006021]	-	inositol-3-phosphate synthase activity [GO:0004512]
K7IMA5	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	87 kDa	steroid hormone mediated signaling pathway [GO:0043401]	nucleus [GO:0005634]	sequence-specific DNA binding [GO:0043565]
A0A088ATB5	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	36 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
K7IR93	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	27 kDa	-	-	electron carrier activity [GO:0009055]
A0A088ANZ1	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	32 kDa	-	-	-
K7IVV9	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	58 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	heme binding [GO:0020037]
K7J6U0	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	64 kDa	-	-	GTP binding [GO:0005525]

K7J891	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	59 kDa	carbohydrate metabolic process [GO:0005975]	-	phosphotransferase activity, alcohol group as acceptor [GO:0016773]
A0A087ZST0	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	14 kDa	protein folding [GO:0006457]	prefoldin complex [GO:0016272]	unfolded protein binding [GO:0051082]
A0A088ADV4	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	38 kDa	ribosome biogenesis [GO:0042254]	nucleolus [GO:0005730]	catalytic activity [GO:0003824]
A0A088A065	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	21 kDa	translation [GO:0006412]	ribosome [GO:0005840]	structural constituent of ribosome [GO:0003735]
K7J053	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	54 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	transmembrane transporter activity [GO:0022857]
K7JEN4	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	57 kDa	-	-	-
A0A088ASA1	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	87 kDa	-	-	-
A0A088A591	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	38 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A088AUM4	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	32 kDa	-	-	-
A0A0B4J2M2	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	31 kDa	peptidyl-diphthamide biosynthetic process from peptidyl-histidine [GO:0017183]	-	diphthine synthase activity [GO:0004164]
K7IZ85	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	49 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	substrate-specific transmembrane transporter activity [GO:0022891]
K7ISH6	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	51 kDa	-	-	-
K7INJ9	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	14 kDa	-	-	DNA binding [GO:0003677]
A0A088AFJ2	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	43 kDa	-	-	-
A0A088A5K6	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	53 kDa	-	-	metal ion binding [GO:0046872]
A0A088AT21	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	77 kDa	arginyl-tRNA aminoacylation [GO:0006420]	cytoplasm [GO:0005737]	arginine-tRNA ligase activity [GO:0004814]
A0A088A6Q1	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	77 kDa	-	-	-
A0A088A111	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	52 kDa	metabolic process [GO:0008152]	-	uridylyltransferase activity [GO:0070569]
A0A087ZR40	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	49 kDa	phosphatidylinositol dephosphorylation [GO:0046856]	-	hydrolase activity [GO:0016787]
A0A088A938	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	59 kDa	-	-	heme binding [GO:0020037]
A0A088A6G3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	23 kDa	-	-	-
K7J896	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	54 kDa	transmembrane transport [GO:0055085]	integral component of membrane [GO:0016021]	transporter activity [GO:0005215]
K7IZW2	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	50 kDa	phenylalanyl-tRNA aminoacylation [GO:0006432]	cytoplasm [GO:0005737]	ATP binding [GO:0005524]
A0A088AET5	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	41 kDa	-	-	-
K7JKM6	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	79 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	ATP binding [GO:0005524]

K7J9U8	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	23 kDa	cell wall macromolecule catabolic process [GO:0016998]	-	chitinase activity [GO:0004568]
K7IXC8	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	40 kDa	-	-	sulfotransferase activity [GO:0008146]
A0A088AFD4	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	29 kDa	-	-	-
A0A088A9T8	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	40 kDa	Arp2/3 complex-mediated actin nucleation [GO:0034314]	Arp2/3 protein complex [GO:0005885]	-
K7IWI2	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	49 kDa	-	-	-
A0A088AIQ1	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	80 kDa	phenylalanyl-tRNA aminoacylation [GO:0006432]	cytoplasm [GO:0005737]	ATP binding [GO:0005524]
K7INN8	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	33 kDa	-	-	serine-type endopeptidase activity [GO:0004252]
A0A087ZY94	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	50 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	DNA binding [GO:0003677]
A0A088A9P3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	121 kDa	intracellular protein transport [GO:0006886]	intracellular [GO:0005622]	Ran GTPase binding [GO:0008536]
A0A088AR72	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	38 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
K7IMQ9	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	51 kDa	-	-	GTPase activity [GO:0003924]
A0A087ZVV2	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	34 kDa	metabolic process [GO:0008152]	-	lyase activity [GO:0016829]
A0A087ZZ43	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	44 kDa	G-protein coupled receptor signaling pathway [GO:0007186]	-	G-protein beta/gamma-subunit complex binding [GO:0031683]
A0A088AS57	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	48 kDa	-	-	-
A0A087ZY45	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	50 kDa	protein polyglutamylation [GO:0018095]	-	-
A0A0B4J2M3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	21 kDa	small GTPase mediated signal transduction [GO:0007264]	intracellular [GO:0005622]	GTPase activity [GO:0003924]
K7ITS3	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	70 kDa	-	-	protein tyrosine phosphatase activity [GO:0004725]
K7IUQ7	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	32 kDa	pyridoxal 5'-phosphate salvage [GO:0009443]	-	pyridoxal kinase activity [GO:0008478]
A0A088A337	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	43 kDa	-	-	-
K7JPA8	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	143 kDa	-	-	nucleic acid binding [GO:0003676]
A0A088AB10	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	81 kDa	anaphase-promoting complex-dependent catabolic process [GO:0031145]	anaphase-promoting complex [GO:0005680]	-
K7IZR4	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	60 kDa	-	intracellular [GO:0005622]	ATP binding [GO:0005524]
K7JF93	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	38 kDa	lipid storage [GO:0019915]	integral component of membrane [GO:0016021]	-

A0A087ZWL2	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	84 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	ATPase activity, coupled to transmembrane movement of substances [GO:0042626]
K7JTY4	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	63 kDa	-	-	-
A0A088AEN0	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	108 kDa	signaling [GO:0023052]	-	-
A0A088A2H6	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	47 kDa	intracellular protein transport [GO:0006886]	clathrin adaptor complex [GO:0030131]	-
K7J629	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	21 kDa	-	-	DNA binding [GO:0003677]
A0A087ZWA8	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	59 kDa	-	-	-
K7IUK8	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	45 kDa	-	-	-
K7JDH0	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	46 kDa	-	-	-
K7MWF4	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	31 kDa	-	-	-
A0A088ARR1	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	59 kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A088AS65	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	48 kDa	regulation of transcription, DNA-templated [GO:0006355]	nucleus [GO:0005634]	sequence-specific DNA binding [GO:0043565]
A0A087ZSH3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	50 kDa	GPI anchor biosynthetic process [GO:0006506]	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A088A1C1	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	61 kDa	pseudouridine synthesis [GO:0001522]	-	pseudouridine synthase activity [GO:0009982]
K7IZD8	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	78 kDa	regulation of lipid kinase activity [GO:0043550]	PAS complex [GO:0070772]	-
K7J3K4	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	61 kDa	carbohydrate metabolic process [GO:0005975]	-	glycerol kinase activity [GO:0004370]
K7J0D5	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	27 kDa	signal transduction [GO:0007165]	membrane [GO:0016020]	GTPase activity [GO:0003924]
A0A088A0P6	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	46 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
K7J4N9	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	56 kDa	-	-	-
K7JGS0	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	61 kDa	-	-	DNA binding [GO:0003677]
A0A088ANL1	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	35 kDa	RNA processing [GO:0006396]	-	ribonuclease III activity [GO:0004525]
A0A088A342	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	103 kDa	-	-	-
A0A088A9W3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	47 kDa	-	-	-
A0A088AC45	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	59 kDa	-	-	protein dimerization activity [GO:0046983]
K7MW93	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	42 kDa	-	-	-
K7J499	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	47 kDa	cell redox homeostasis [GO:0045454]	cell [GO:0005623]	isomerase activity [GO:0016853]
A0A088ACR2	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	53 kDa	microtubule-based process [GO:0007017]	microtubule [GO:0005874]	GTPase activity [GO:0003924]
K7J9A0	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	19 kDa	-	-	-
A0A088A833	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	20 kDa	-	dynactin complex [GO:0005869]	-
A0A087ZVE3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	103 kDa	-	-	metal ion binding [GO:0046872]
K7IMG4	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	103 kDa	intra-Golgi vesicle-mediated transport [GO:0006891]	Golgi transport complex [GO:0017119]	-

K7IPW1	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	108 kDa	-	-	-
K7J9T5	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	55 kDa	signal transduction [GO:0007165]	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A088ADR1	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	26 kDa	-	-	-
A0A087ZQ41	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	176 kDa	protein ubiquitination [GO:0016567]	-	-
K7IZH7	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	37 kDa	-	-	-
K7INZ0	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	34 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A088AI62	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	8 kDa	-	-	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
K7IUB3	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	53 kDa	-	-	-
A0A088A467	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	28 kDa	mRNA processing [GO:0006397]	cytoplasm [GO:0005737]	RNA binding [GO:0003723]
A0A088A4A4	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	39 kDa	DNA replication [GO:0006260]	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A087ZNK4	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	42 kDa	-	-	-
A0A088ASY7	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	54 kDa	regulation of gene silencing by miRNA [GO:0060964]	-	-
K7JQL9	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	103 kDa	-	-	GTPase activator activity [GO:0005096]
K7IVQ5	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	52 kDa	-	-	-
A0A088A7J9	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	43 kDa	-	-	RNA binding [GO:0003723]
K7J2M9	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	77 kDa	-	-	-
A0A087ZT38	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	80 kDa	regulation of transcription, DNA-templated [GO:0006355]	nucleus [GO:0005634]	zinc ion binding [GO:0008270]
A0A088A9U5	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	109 kDa	mRNA processing [GO:0006397]	-	nucleic acid binding [GO:0003676]
K7JEP2	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	61 kDa	-	-	-
K7J4F6	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	11 kDa	oxidation-reduction process [GO:0055114]	mitochondrion [GO:0005739]	electron carrier activity [GO:0009055]
K7IX51	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	23 kDa	-	membrane [GO:0016020]	4 iron, 4 sulfur cluster binding [GO:0051539]
K7IYJ5	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	100 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A088AP84	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	42 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	oxidoreductase activity [GO:0016491]
A0A088A1M3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	120 kDa	DNA topological change [GO:0006265]	chromosome [GO:0005694]	DNA binding [GO:0003677]
K7J0S5	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	10 kDa	protein transport [GO:0015031]	mitochondrion [GO:0005739]	metal ion binding [GO:0046872]
A0A087ZVX3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	70 kDa	-	-	flavin adenine dinucleotide binding [GO:0050660]
K7IPT0	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	45 kDa	-	nucleus [GO:0005634]	DNA binding [GO:0003677]
A0A087ZYL4	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	20 kDa	cell redox homeostasis [GO:0045454]	cell [GO:0005623]	oxidoreductase activity [GO:0016491]

A0A088AUH3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	79 kDa	histone modification [GO:0016570]	Cdc73/Paf1 complex [GO:0016593]	DNA binding [GO:0003677]
A0A087ZYC0	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	110 kDa	-	-	-
A0A088A073	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	225 kDa	RNA processing [GO:0006396]	-	ribonuclease III activity [GO:0004525]
K7ILX8	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	30 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	metal ion transmembrane transporter activity [GO:0046873]
K7J967	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	56 kDa	seryl-tRNA aminoacylation [GO:0006434]	cytoplasm [GO:0005737]	ATP binding [GO:0005524]
A0A088AIP8	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	45 kDa	-	-	-
A0A087ZRN6	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	84 kDa	cysteinyl-tRNA aminoacylation [GO:0006423]	-	ATP binding [GO:0005524]
K7IW30	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	31 kDa	-	-	serine-type endopeptidase activity [GO:0004252]
K7IN97	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	18 kDa	protein folding [GO:0006457]	prefoldin complex [GO:0016272]	unfolded protein binding [GO:0051082]
K7JNE1	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	23 kDa	-	-	-
A0A088A7Y1	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	106 kDa	-	-	-
A0A088AHE4	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	47 kDa	translation [GO:0006412]	mitochondrion [GO:0005739]	structural constituent of ribosome [GO:0003735]
A0A088AH66	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	22 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A087ZSL6	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	128 kDa	-	-	metal ion binding [GO:0046872]
K7JC86	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	38 kDa	organelle organization [GO:0006996]	integral component of membrane [GO:0016021]	ubiquitin-protein transferase activity [GO:0004842]
K7J0I6	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	46 kDa	-	-	-
K7J0A0	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	37 kDa	cell cycle [GO:0007049]	-	-
A0A088AE19	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	52 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	substrate-specific transmembrane transporter activity [GO:0022891]
A0A088AFB9	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	80 kDa	-	-	-
A0A088AS49	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	24 kDa	-	-	GTPase activity [GO:0003924]
K7J8B2	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	50 kDa	deadenylation-independent decapping of nuclear- transcribed mRNA [GO:0031087]	-	mRNA binding [GO:0003729]
K7INT2	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	21 kDa	-	exosome (RNase complex) [GO:0000178]	RNA binding [GO:0003723]
A0A088AVX1	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	21 kDa	-	-	hydrolase activity [GO:0016787]
K7JLZ3	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	50 kDa	-	-	nucleic acid binding [GO:0003676]
K7IMS8	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	22 kDa	small GTPase mediated signal transduction [GO:0007264]	intracellular [GO:0005622]	GTP binding [GO:0005525]
K7JC90	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	23 kDa	small GTPase mediated signal transduction [GO:0007264]	intracellular [GO:0005622]	GTP binding [GO:0005525]

A0A087ZSI3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	64 kDa	chromatin remodeling [GO:0006338]	Ino80 complex [GO:0031011]	-
K7IX88	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	51 kDa	'de novo' pyrimidine nucleobase biosynthetic process [GO:0006207]	-	orotate phosphoribosyltransferase activity [GO:0004588]
K7IRV1	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	11 kDa	mRNA splicing, via spliceosome [GO:0000398]	intracellular ribonucleoprotein complex [GO:0030529]	-
A0A087ZVQ8	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	35 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A088ATG7	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	90 kDa	protein O-linked glycosylation [GO:0006493]	integral component of membrane [GO:0016021]	mannosyltransferase activity [GO:0000030]
K7J1J4	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	91 kDa	protein glycosylation [GO:0006486]	integral component of membrane [GO:0016021]	oligosaccharyl transferase activity [GO:0004576]
A0A088AP31	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	60 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A087ZZU7	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	40 kDa	arachidonic acid secretion [GO:0050482]	-	phospholipase A2 activity [GO:0004623]
A0A087ZSP6	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	128 kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
K7IZ90	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	65 kDa	DNA repair [GO:0006281]	nucleus [GO:0005634]	phosphoric diester hydrolase activity [GO:0008081]
A0A088ACB7	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	82 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	transferase activity, transferring acyl groups other than amino-acyl groups [GO:0016747]
K7JJC6	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	22 kDa	translation [GO:0006412]	ribosome [GO:0005840]	structural constituent of ribosome [GO:0003735]
A0A087ZQ56	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	33 kDa	-	-	-
A0A087ZRH4	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	39 kDa	-	-	RNA binding [GO:0003723]
A0A087ZUG0	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	46 kDa	-	-	hydrolase activity, acting on ester bonds [GO:0016788]
A0A088A4D7	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	43 kDa	G-protein coupled receptor signaling pathway [GO:0007186]	intracellular [GO:0005622]	G-protein beta/gamma-subunit complex binding [GO:0031683]
H9KUJ6	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	92 kDa	protein folding [GO:0006457]	-	ATP binding [GO:0005524]
K7IR90	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	92 kDa	-	-	-
K7IXI2	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	52 kDa	-	-	-
A0A088A4V4	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	30 kDa	-	-	pigment binding [GO:0031409]
K7IX48	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	65 kDa	-	-	endoribonuclease activity [GO:0004521]
A0A088AF33	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	57 kDa	-	-	oxidoreductase activity [GO:0016491]
K7JDG3	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	34 kDa	-	nucleus [GO:0005634]	-
A0A088A256	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	55 kDa	carbohydrate metabolic process [GO:0005975]	extracellular region [GO:0005576]	catalytic activity [GO:0003824]
K7JL19	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	130 kDa	-	-	-
K7JTW5	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	78 kDa	-	-	-
K7J791	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	54 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	hydrolase activity, acting on glycosyl bonds [GO:0016798]
K7J3Y1	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	79 kDa	cellular lipid metabolic process [GO:0044255]	-	O-acyltransferase activity [GO:0008374]

A0A088A176	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	25 kDa	oxidation-reduction process [GO:0055114]	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A088A179	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	9 kDa	protein transport [GO:0015031]	mitochondrion [GO:0005739]	metal ion binding [GO:0046872]
A0A088A9U0	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	38 kDa	ribosome biogenesis [GO:0042254]	nucleus [GO:0005634]	-
A0A087ZV90	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	58 kDa	covalent chromatin modification [GO:0016569]	nucleus [GO:0005634]	-
K7JA10	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	62 kDa	tRNA processing [GO:0008033]	mitochondrion [GO:0005739]	-
K7J8S1	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	53 kDa	transport [GO:0006810]	integral component of membrane [GO:0016021]	-
K7J3T0	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	121 kDa	actin filament organization [GO:0007015]	-	actin binding [GO:0003779]
K7IQU5	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	119 kDa	DNA topological change [GO:0006265]	chromosome [GO:0005694]	DNA binding [GO:0003677]
K7IRT0	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	81 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
K7IS31	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	22 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
K7ITC2	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	44 kDa	carbohydrate metabolic process [GO:0005975]	-	chitin binding [GO:0008061]
K7IVJ4	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	28 kDa	oxidation-reduction process [GO:0055114]	integral component of membrane [GO:0016021]	-
K7IW46	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	16 kDa	-	-	sequence-specific DNA binding [GO:0043565]
K7WFO	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	32 kDa	-	-	-
K7IYH2	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	24 kDa	transcription from RNA polymerase III promoter [GO:0006383]	-	DNA-directed 5'-3' RNA polymerase activity [GO:0003899]
K7IYL3	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	54 kDa	transmembrane transport [GO:0055085]	integral component of membrane [GO:0016021]	-
K7IYM7	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	22 kDa	nucleosome assembly [GO:0006334]	nucleosome [GO:0000786]	DNA binding [GO:0003677]
K7IYS6	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	131 kDa	ER to Golgi vesicle-mediated transport [GO:0006888]	COPII vesicle coat [GO:0030127]	zinc ion binding [GO:0008270]
K7IZG3	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	38 kDa	signal transduction [GO:0007165]	-	-
K7IZS1	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	62 kDa	-	-	flavin adenine dinucleotide binding [GO:0050660]
K7J139	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	29 kDa	-	-	-
K7J274	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	69 kDa	-	-	flavin adenine dinucleotide binding [GO:0050660]
K7J7A1	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	23 kDa	-	-	-
K7J789	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	64 kDa	nitrate assimilation [GO:0042128]	integral component of membrane [GO:0016021]	heme binding [GO:0020037]

K7J3Q9	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	73 kDa	-	-	copper ion binding [GO:0005507]
K7J4V0	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	41 kDa	-	-	-
K7J4Y7	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	40 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
K7J646	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	82 kDa	-	-	-
K7J6K3	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	72 kDa	mRNA splicing, via spliceosome [GO:0000398]	U4/U6 x U5 tri-snRNP complex [GO:0046540]	-
K7IYP3	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	57 kDa	-	-	hydrolase activity [GO:0016787]
K7J5P9	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	79 kDa	-	-	metal ion binding [GO:0046872]
K7IY45	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	28 kDa	-	-	serine-type endopeptidase activity [GO:0004252]
A0A087ZUS7	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	18 kDa	-	-	-
K7IRW4	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	7 kDa	-	-	-
A0A088AE10	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	59 kDa	-	-	DNA binding [GO:0003677]
A0A087ZNZ9	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	32 kDa	metabolic process [GO:0008152]	-	catalytic activity [GO:0003824]
A0A087ZXF4	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	14 kDa	-	-	-
A0A088ACR6	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	13 kDa	-	mitochondrial ribosome [GO:0005761]	-
A0A087ZQ67	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	69 kDa	oxidation-reduction process [GO:0055114]	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A087ZY84	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	105 kDa	intracellular protein transport [GO:0006886]	nucleus [GO:0005634]	Ran GTPase binding [GO:0008536]
A0A087ZY98	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	40 kDa	-	-	-
A0A088ARH2	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	53 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A087ZQD4	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	100 kDa	gene silencing by RNA [GO:0031047]	RISC complex [GO:0016442]	-
A0A088AC47	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	18 kDa	-	-	-
A0A088ALL4	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	36 kDa	-	-	lipid transporter activity [GO:0005319]
A0A088AHK3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	56 kDa	signal transduction [GO:0007165]	-	phosphatidylinositol binding [GO:0035091]
A0A088AHU5	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	33 kDa	-	-	-
A0A088AHX6	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	76 kDa	DNA integration [GO:0015074]	-	DNA binding [GO:0003677]
A0A088A0A3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	19 kDa	-	-	-
A0A087ZZE0	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	31 kDa	metabolic process [GO:0008152]	-	catalytic activity [GO:0003824]
A0A087ZZE8	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	45 kDa	-	-	-
A0A087ZT32	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	38 kDa	regulation of cyclin-dependent protein serine/threonine kinase activity [GO:0000079]	-	protein kinase binding [GO:0019901]
A0A087ZT20	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	33 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-

A0A088A9V3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	65 kDa	transcription, DNA-templated [GO:0006351]	-	transcription corepressor activity [GO:0003714]
A0A087ZWB0	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	113 kDa	-	-	-
A0A088A7U3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	33 kDa	-	-	-
A0A088AJA3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	90 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A087ZTZ0	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	42 kDa	-	-	-
K7ILY1	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	53 kDa	seryl-tRNA aminoacylation [GO:0006434]	cytoplasm [GO:0005737]	ATP binding [GO:0005524]
A0A087ZS63	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	37 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	metal ion transmembrane transporter activity [GO:0046873]
A0A087ZPT1	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	41 kDa	intracellular protein transport [GO:0006886]	integral component of membrane [GO:0016021]	SNAP receptor activity [GO:0005484]
A0A087ZSV5	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	41 kDa	-	-	GTP binding [GO:0005525]
A0A088A0U4	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	65 kDa	purine nucleotide biosynthetic process [GO:0006164]	-	IMP cyclohydrolase activity [GO:0003937]
A0A088AHV1	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	66 kDa	-	-	-
A0A088ATF5	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	19 kDa	-	-	-
A0A088ACG1	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	74 kDa	-	-	protein tyrosine phosphatase activity [GO:0004725]
A0A088A7I9	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	27 kDa	endocytosis [GO:0006897]	membrane [GO:0016020]	-
A0A088A8B9	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	47 kDa	-	-	-
A0A088A1Z2	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	36 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	prenyltransferase activity [GO:0004659]
K7J3Q8	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	27 kDa	-	-	-
A0A088AFI0	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	96 kDa	cell adhesion [GO:0007155]	cytoplasm [GO:0005737]	actin filament binding [GO:0051015]
K7IWB9	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	55 kDa	cleavage involved in rRNA processing [GO:0000469]	-	endoribonuclease activity [GO:0004521]
A0A087ZU42	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	64 kDa	protein folding [GO:0006457]	-	ATP binding [GO:0005524]
K7J2W9	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	36 kDa	-	-	oxidoreductase activity [GO:0016491]
K7IRG8	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	44 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	metal ion transmembrane transporter activity [GO:0046873]
K7JTC7	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	58 kDa	-	-	-
K7J372	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	45 kDa	-	-	-
A0A088AP20	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	50 kDa	-	-	translation initiation factor activity [GO:0003743]
A0A088APZ0	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	13 kDa	regulation of Wnt signaling pathway [GO:0030111]	intracellular [GO:0005622]	-
A0A087ZQ49	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	52 kDa	CAAX-box protein processing [GO:0071586]	integral component of membrane [GO:0016021]	metalloendopeptidase activity [GO:0004222]
A0A088AN55	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	125 kDa	hippo signaling [GO:0035329]	intracellular [GO:0005622]	ATP binding [GO:0005524]
A0A088AC65	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	36 kDa	chitin metabolic process [GO:0006030]	extracellular region [GO:0005576]	chitin binding [GO:0008061]

A0A087ZZR9	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	55 kDa	tricarboxylic acid cycle [GO:0006099]	oxoglutarate dehydrogenase complex [GO:0045252]	dihydropyridyllysine-residue succinyltransferase activity [GO:0004149]
A0A088A345	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	117 kDa	regulation of cell cycle [GO:0051726]	nucleus [GO:0005634]	-
K7J0V0	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	37 kDa	fatty acid biosynthetic process [GO:0006633]	integral component of membrane [GO:0016021]	oxidoreductase activity, acting on paired donors, with oxidation of a pair of donors resulting in the reduction of molecular oxygen to two molecules of water [GO:0016717]
A0A088AV74	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	18 kDa	-	-	translation initiation factor activity [GO:0003743]
A0A087ZUF5	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	48 kDa	lipid metabolic process [GO:0006629]	-	lipase activity [GO:0016298]
A0A088A4F9	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	19 kDa	-	-	-
K7IQN3	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	86 kDa	response to oxidative stress [GO:0006979]	-	heme binding [GO:0020037]
A0A087ZWP7	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	84 kDa	-	-	calcium ion binding [GO:0005509]
K7J1T5	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	52 kDa	tRNA processing [GO:0008033]	mitochondrion [GO:0005739]	-
A0A088ABQ9	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	37 kDa	-	-	-
A0A088AJ54	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	117 kDa	-	-	-
K7IT69	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	16 kDa	-	-	-
A0A088A3M1	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	46 kDa	Arp2/3 complex-mediated actin nucleation [GO:0034314]	Arp2/3 protein complex [GO:0005885]	ATP binding [GO:0005524]
K7IVR7	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	44 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
K7IZT0	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	39 kDa	-	Golgi membrane [GO:0000139]	sugar:proton symporter activity [GO:0005351]
K7J4M3	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	105 kDa	mRNA splicing, via spliceosome [GO:0000398]	nucleus [GO:0005634]	-
A0A087ZQ93	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	53 kDa	positive regulation of autophagy [GO:0010508]	-	-
K7J0E4	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	43 kDa	protein folding [GO:0006457]	-	unfolded protein binding [GO:0051082]
K7IR41	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	76 kDa	protein autophosphorylation [GO:0046777]	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A087ZXB5	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	66 kDa	-	integral component of plasma membrane [GO:0005887]	aromatic amino acid transmembrane transporter activity [GO:0015173]
K7IND3	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	50 kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A088APW3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	44 kDa	-	-	-
K7ITM5	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	11 kDa	microtubule-based process [GO:0007017]	dynein complex [GO:0030286]	-
A0A088AHB0	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	28 kDa	-	-	-
K7IN16	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	97 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	voltage-gated calcium channel activity [GO:0005245]
A0A087ZZF8	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	110 kDa	transmembrane transport [GO:0055085]	integral component of membrane [GO:0016021]	-

K7J4U9	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	7 kDa	-	-	-
K7IRV2	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	65 kDa	actin cytoskeleton organization [GO:0030036]	cytoskeleton [GO:0005856]	actin binding [GO:0003779]
K7J6L8	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	59 kDa	metabolic process [GO:0008152]	integral component of membrane [GO:0016021]	transferase activity, transferring acyl groups [GO:0016746]
K7ITR9	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	56 kDa	proteasome assembly [GO:0043248]	-	-
K7IYS2	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	53 kDa	-	nucleus [GO:0005634]	-
K7IXB4	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	35 kDa	-	-	-
K7J3V9	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	35 kDa	-	-	serine-type endopeptidase inhibitor activity [GO:0004867]
A0A088APW0	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	14 kDa	transcription, DNA-templated [GO:0006351]	-	DNA-directed 5'-3' RNA polymerase activity [GO:0003899]
A0A0B4J2N5	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	78 kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A087ZY19	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	24 kDa	regulation of transcription, DNA-templated [GO:0006355]	nucleus [GO:0005634]	DNA binding [GO:0003677]
K7IUF7	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	31 kDa	regulation of cell growth [GO:0001558]	extracellular region [GO:0005576]	insulin-like growth factor binding [GO:0005520]
K7IXY5	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	31 kDa	-	-	-
A0A088AIA6	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	21 kDa	small GTPase mediated signal transduction [GO:0007264]	intracellular [GO:0005622]	GTP binding [GO:0005525]
A0A0B4J2N7	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	38 kDa	-	-	-
A0A088AA35	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	20 kDa	glycine biosynthetic process [GO:0006545]	-	dihydrofolate reductase activity [GO:0004146]
K7IN79	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	45 kDa	-	-	protein dimerization activity [GO:0046983]
A0A088AIS6	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	50 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A088AHT4	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	20 kDa	-	-	-
K7J797	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	44 kDa	-	-	aspartic-type endopeptidase activity [GO:0004190]
K7JFZ0	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	46 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
K7J8Z1	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	60 kDa	-	nucleus [GO:0005634]	RNA polymerase II core promoter proximal region sequence-specific DNA binding [GO:0000978]
A0A088AT87	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	159 kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A087ZW71	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	55 kDa	-	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A088AUH8	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	23 kDa	-	-	GTPase activity [GO:0003924]
K7IV62	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	44 kDa	biosynthetic process [GO:0009058]	-	glycine C-acetyltransferase activity [GO:0008890]
A0A088AN98	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	29 kDa	-	-	-
K7J4U8	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	13 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-

A0A088A172	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	29 kDa	regulation of transcription, DNA-templated [GO:0006355]	nucleus [GO:0005634]	DNA binding [GO:0003677]
A0A088AU01	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	53 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	amino acid transmembrane transporter activity [GO:0015171]
K7J81	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	17 kDa	-	-	-
K7J3G7	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	44 kDa	lysosome organization [GO:0007040]	clathrin-coated vesicle [GO:0030136]	phosphatidylinositol-3,5-bisphosphate binding [GO:0080025]
K7ITU2	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	33 kDa	-	extracellular region [GO:0005576]	-
A0A088A8V7	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	27 kDa	small GTPase mediated signal transduction [GO:0007264]	integral component of membrane [GO:0016021]	GTP binding [GO:0005525]
K7IQP4	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	55 kDa	-	-	-
A0A087ZV36	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	42 kDa	DNA repair [GO:0006281]	-	RNA binding [GO:0003723]
A0A088A102	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	62 kDa	immune response [GO:0006955]	extracellular space [GO:0005615]	cytokine activity [GO:0005125]
K7J0H5	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	35 kDa	-	intracellular [GO:0005622]	transporter activity [GO:0005215]
K7J7J7	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	31 kDa	DNA-templated transcription, initiation [GO:0006352]	-	DNA binding [GO:0003677]
K7J239	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	17 kDa	-	-	-
A0A088AF07	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	20 kDa	small GTPase mediated signal transduction [GO:0007264]	intracellular [GO:0005622]	GTP binding [GO:0005525]
A0A088AF31	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	24 kDa	-	-	calcium ion binding [GO:0005509]
K7JDP4	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	51 kDa	-	-	-
A0A087ZVW6	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	23 kDa	iron-sulfur cluster assembly [GO:0016226]	mitochondrion [GO:0005739]	ferric iron binding [GO:0008199]
A0A088AM93	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	24 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
K7JFY8	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	16 kDa	-	-	structural constituent of cuticle [GO:0042302]
K7IX10	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	27 kDa	-	-	structural constituent of cuticle [GO:0042302]
A0A087ZSQ2	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	38 kDa	-	-	-
K7JU43	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	12 kDa	chitin metabolic process [GO:0006030]	extracellular region [GO:0005576]	chitin binding [GO:0008061]
K7J9V0	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	47 kDa	-	-	-
K7J564	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	41 kDa	CTP biosynthetic process [GO:0006241]	-	nucleoside diphosphate kinase activity [GO:0004550]
K7IMA2	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	23 kDa	-	-	DNA binding [GO:0003677]
K7ISY7	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	59 kDa	protein homooligomerization [GO:0051260]	voltage-gated potassium channel complex [GO:0008076]	voltage-gated potassium channel activity [GO:0005249]
A0A088AHB4	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	22 kDa	-	-	-

K7IUK1	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	37 kDa	-	-	-
A0A088AJI1	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	58 kDa	actin filament organization [GO:0007015]	-	actin filament binding [GO:0051015]
A0A088A1P2	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	34 kDa	-	intracellular [GO:0005622]	transporter activity [GO:0005215]
A0A088AI26	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	12 kDa	-	SMN-Sm protein complex [GO:0034719]	-
K7IPX4	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	47 kDa	aromatic amino acid family metabolic process [GO:0009072]	-	L-tyrosine:2-oxoglutarate aminotransferase activity [GO:0004838]
A0A087ZW69	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	26 kDa	transport [GO:0006810]	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A088AEE2	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	25 kDa	-	-	RNA binding [GO:0003723]
K7IQM5	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	28 kDa	mRNA splicing, via spliceosome [GO:0000398]	U2AF [GO:0089701]	metal ion binding [GO:0046872]
K7JNG0	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	54 kDa	cell surface receptor signaling pathway [GO:0007166]	integral component of membrane [GO:0016021]	transmembrane signaling receptor activity [GO:0004888]
K7IV84	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	14 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	heme binding [GO:0020037]
K7JG03	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	43 kDa	-	-	-
K7J599	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	39 kDa	-	nucleus [GO:0005634]	DNA binding [GO:0003677]
K7JBV6	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	99 kDa	-	-	-
K7JNJ1	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	46 kDa	transcription initiation from RNA polymerase II promoter [GO:0006367]	transcription factor TFIID complex [GO:0005669]	-
A0A088AEX5	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	48 kDa	transmembrane transport [GO:0055085]	integral component of membrane [GO:0016021]	-
K7IRU8	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	56 kDa	-	-	methyltransferase activity [GO:0008168]
A0A088AB10	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	48 kDa	-	-	-
K7IM79	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	98 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	ATPase activity [GO:0016887]
A0A088AIG1	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	16 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A088AM3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	62 kDa	GPI anchor biosynthetic process [GO:0006506]	integral component of membrane [GO:0016021]	phosphatidylinositol N-acetylglucosaminyltransferase activity [GO:0017176]
A0A088ATC6	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	40 kDa	protein deubiquitination [GO:0016579]	-	thiol-dependent ubiquitinyl hydrolase activity [GO:0036459]
K7J5D1	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	52 kDa	protein transport [GO:0015031]	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A087ZY71	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	31 kDa	cell redox homeostasis [GO:0045454]	cell [GO:0005623]	-
A0A088AHE1	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	11 kDa	translational elongation [GO:0006414]	ribosome [GO:0005840]	structural constituent of ribosome [GO:0003735]

K7IYX8	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	33 kDa	cellular metabolic process [GO:0044237]	-	-
A0A087ZZU4	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	59 kDa	carbohydrate metabolic process [GO:0005975]	-	phosphotransferase activity, alcohol group as acceptor [GO:0016773]
A0A088AGJ3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	14 kDa	-	-	-
A0A088AW80	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	44 kDa	nucleobase-containing compound metabolic process [GO:0006139]	-	methyltransferase activity [GO:0008168]
A0A087ZRS0	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	23 kDa	-	-	nucleic acid binding [GO:0003676]
K7J9L3	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	32 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A088ANF1	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	37 kDa	phosphate-containing compound metabolic process [GO:0006796]	cytoplasm [GO:0005737]	inorganic diphosphatase activity [GO:0004427]
A0A088A2P2	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	10 kDa	protein import into mitochondrial inner membrane [GO:0045039]	mitochondrial intermembrane space protein transporter complex [GO:0042719]	metal ion binding [GO:0046872]
K7IVQ9	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	25 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	carbohydrate binding [GO:0030246]
K7IZU7	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	118 kDa	-	-	GTPase activity [GO:0003924]
K7J2D8	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	37 kDa	DNA repair [GO:0006281]	mitochondrion [GO:0005739]	-
A0A088APU7	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	38 kDa	organelle organization [GO:0006996]	integral component of membrane [GO:0016021]	ubiquitin-protein transferase activity [GO:0004842]
K7IW01	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	62 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
K7J9P5	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	44 kDa	-	-	N-acetyltransferase activity [GO:0008080]
A0A088A0N1	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	66 kDa	-	-	-
A0A088A567	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	34 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A088A1L9	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	91 kDa	actin filament organization [GO:0007015]	-	actin filament binding [GO:0051015]
K7JLQ3	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	45 kDa	-	-	nucleic acid binding [GO:0003676]
K7JF05	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	31 kDa	regulation of transcription, DNA-templated [GO:0006355]	nucleus [GO:0005634]	DNA binding [GO:0003677]
K7IR12	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	60 kDa	-	-	heme binding [GO:0020037]
A0A088ADX1	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	87 kDa	exocytosis [GO:0006887]	exocyst [GO:0000145]	-
K7INM0	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	89 kDa	protein O-linked glycosylation [GO:0006493]	integral component of membrane [GO:0016021]	mannosyltransferase activity [GO:0000030]
A0A087ZZQ2	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	24 kDa	-	-	N-acetyltransferase activity [GO:0008080]
A0A088AAX0	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	20 kDa	-	-	calcium ion binding [GO:0005509]
K7IMY7	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	40 kDa	lipid metabolic process [GO:0006629]	extracellular region [GO:0005576]	carboxylic ester hydrolase activity [GO:0052689]
K7JUJ8	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	42 kDa	-	-	-

A0A088AHJ0	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	42 kDa	metabolic process [GO:0008152]	-	transferase activity, transferring acyl groups other than amino-acyl groups [GO:0016747]
A0A088A7B3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	42 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	sulfotransferase activity [GO:0008146]
K7JJ9	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	24 kDa	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A088AD26	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	37 kDa	oxidation-reduction process [GO:0055114]	-	-
A0A088ADX3	Uncharacterized protein	<i>Apis mellifera</i>	41 kDa	L-serine biosynthetic process [GO:0006564]	-	O-phospho-L-serine:2-oxoglutarate aminotransferase activity [GO:0004648]
K7J4F2	Uncharacterized protein	<i>Nasonia vitripennis</i>	48 kDa	male mating behavior [GO:0060179]	-	-

Tabela A7. Proteínas N-glicosiladas identificadas no veneno da vespa social *Polybia paulista* através do método de enriquecimento por afinidade de proteínas e peptídeos glicosilados, utilizando o kit Glycoprotein Isolation, ConA (Thermo Scientific™), e abordagem proteômica *shotgun*. Essas proteínas apresentaram uma forte afinidade pela concavanalina-A lectina (ConA lectina) imobilizada em agarose. A tabela mostra as informações dos dados oriundos da análise proteômica e análise G.O. *PIP % - score, probabilidade de identificação da proteína.

Código de acesso	Proteína	Massa (Da)	*PIP (%)	Taxonomia	GO - Processo biológico	GO - Componente celular	GO - Função molecular
A0A195DI06	AP-3 complex subunit delta-1	133,358	100%	<i>Trachymyrmex cornetzi</i>	intracellular protein transport [GO:0006886]	AP-3 adaptor complex [GO:0030123]	-
A0A195ASZ0	ATP-dependent RNA helicase DDX54	92,715	100%	<i>Atta colombica</i>	-	nucleus [GO:0005634]	ATP binding [GO:0005524]
A0A0L7RG39	ATPase family AAA domain-containing protein 2B	56,192	100%	<i>Habropoda laboriosa</i>	-	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A154PPT3	Atrial natriuretic peptide-converting enzyme	280,165	100%	<i>Dufourea novaeangliae</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	serine-type endopeptidase activity [GO:0004252]
A0A195ERA0	Hexosyltransferase (EC 2.4.1.-)	42,080	100%	<i>Trachymyrmex septentrionalis</i>	protein glycosylation [GO:0006486]	Golgi membrane [GO:0000139]	galactosyltransferase activity [GO:0008378]
E2C0F1	Bullous pemphigoid antigen 1, isoforms 6/9/10	460,669	100%	<i>Harpegnathos saltator</i>	-	cytoskeleton [GO:0005856]	calcium ion binding [GO:0005509]
A0A0M9A7H7	E3 ubiquitin-protein ligase RNF31	404,149	100%	<i>Melipona quadrifasciata</i>	-	LUBAC complex [GO:0071797]	ligase activity [GO:0016874]
A0A0L7QN56	Fatty acid synthase	259,198	100%	<i>Habropoda laboriosa</i>	biosynthetic process [GO:0009058]	-	hydrolase activity, acting on ester bonds [GO:0016788]

A0A195EM91	Integrator complex subunit 2	127,072	100%	<i>Trachymyrmex cornetzi</i>	snRNA processing [GO:0016180]	integrator complex [GO:0032039]	-
A0A151WQ15	Lysosomal aspartic protease	87,586	100%	<i>Trachymyrmex zeteki</i>	-	lysosome [GO:0005764]	aspartic-type endopeptidase activity [GO:0004190]
E2C982	Major antigen	225,053	100%	<i>Harpegnathos saltator</i>	-	-	-
A0A026W1C9	Multidrug resistance protein-like protein	145,777	100%	<i>Cerapachys biroi</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	A TPase activity, coupled to transmembrane movement of substances [GO:0042626]
Q85SY9	NADH dehydrogenase subunit 2	25,261	100%	<i>Apis mellifera pomonella</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A195BBD6	Nesprin-1	915,918	100%	<i>Atta colombica</i>	-	-	actin binding [GO:0003779]
A0A154PKJ7	Neurotactin	79,189	100%	<i>Dufourea novaeangliae</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A195ECF1	Nose resistant to fluoxetine protein 6	188,079	100%	<i>Trachymyrmex cornetzi</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	transferase activity, transferring acyl groups other than amino-acyl groups [GO:0016747]
A0A158P2V9	Uncharacterized protein	38,282	100%	<i>Atta cephalotes</i>	glutamine metabolic process [GO:0006541]	-	omega peptidase activity [GO:0008242]
A0A088AR50	Uncharacterized protein	430,880	100%	<i>Apis mellifera</i>	histone acetylation [GO:0016573]	histone acetyltransferase complex [GO:0000123]	kinase activity [GO:0016301]
K7IQZ9	Uncharacterized protein	120,313	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	metal ion binding [GO:0046872]
A0A195AV33	Phosphatidylinositol-4,5-bisphosphate 3-kinase catalytic subunit beta isoform	129,162	100%	<i>Atta colombica</i>	phosphatidylinositol-mediated signaling [GO:0048015]	intracellular [GO:0005622]	kinase activity [GO:0016301]
A0A195CG79	Potassium/sodium hyperpolarization-activated cyclic nucleotide-gated channel 2	90,272	100%	<i>Cyphomyrmex costatus</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	ion channel activity [GO:0005216]
E1ZY08	Pyruvate dehydrogenase E1 component subunit alpha (EC 1.2.4.1)	43,592	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	acetyl-CoA biosynthetic process from pyruvate [GO:0006086]	intracellular membrane-bounded organelle [GO:0043231]	pyruvate dehydrogenase (acetyl-transferring) activity [GO:0004739]

A0A026WV23	Protein SCAF8	180,049	100%	<i>Cerapachys biroi</i>	-	-	RNA binding [GO:0003723]
A0A0L7QX63	Protein SOGA3	160,670	100%	<i>Habropoda laboriosa</i>	-	-	-
A0A154PSW2	Protein TRC8 like protein	69,373	100%	<i>Dufourea novaeangliae</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A154PF34	Protein tiptop	181,705	100%	<i>Dufourea novaeangliae</i>	compound eye development [GO:0048749]	-	nucleic acid binding [GO:0003676]
F4W874	Protoheme IX farnesyltransferase, mitochondrial (EC 2.5.1.-) (Heme O synthase)	41,195	100%	<i>Acromyrmex echinator</i>	heme O biosynthetic process [GO:0048034]	integral component of membrane [GO:0016021]; mitochondrial membrane [GO:0031966]	protoheme IX farnesyltransferase activity [GO:0008495]
E2ATN3	Putative ATP-dependent RNA helicase DHX57	145,085	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	-	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A151XI31	Putative gustatory receptor 28b	131,424	100%	<i>Trachymyrmex zeteki</i>	sensory perception of taste [GO:0050909]	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A151IHL0	Putative serine/threonine-protein kinase haspin like protein	140,125	100%	<i>Cyphomyrmex costatus</i>	-	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A0L7R4B8	Regulating synaptic membrane exocytosis protein 2	254,832	100%	<i>Habropoda laboriosa</i>	intracellular protein transport [GO:0006886]	intracellular [GO:0005622]	metal ion binding [GO:0046872]
A0A195CBE0	Retinal dehydrogenase 1	53,261	100%	<i>Cyphomyrmex costatus</i>	-	-	oxidoreductase activity [GO:0016491]
A0A154PN66	Ribosomal protein S6 kinase (EC 2.7.11.1)	51,638	100%	<i>Dufourea novaeangliae</i>	signal transduction [GO:0007165]	-	ATP binding [GO:0005524]
S6A7J7	Carbamoylphosphate synthetase (Fragment)	37,387	100%	<i>Anacharis sp. DM277</i>	-	-	-
A0A0J7L3J9	Centrosomal protein isoformx3 protein	202,356	100%	<i>Lasius niger</i>	metabolic process [GO:0008152]	-	transferase activity, transferring acyl groups other than amino-acyl groups [GO:0016747]
B7S8H1	Uncharacterized protein	46,087	100%	<i>Glyptapanteles flavicoxis</i>	-	-	-
D0QJZ2	Cytochrome c oxidase subunit 1 (EC 1.9.3.1)	23,746	100%	<i>Bombus ternarius</i>	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
A0A159P585	Cytochrome c oxidase subunit 1 (EC 1.9.3.1)	20,138	100%	<i>Platygastridae sp.</i>	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]

						membrane [GO:0016021]	
A0A0J7JTX0	Dna excision repair protein ercc-8	24,106	100%	<i>Lasius niger</i>	-	-	-
A0A0J7KZD2	Girdin-like isoformx2 protein	92,014	100%	<i>Lasius niger</i>	-	-	-
A0A195B101	Transcriptional adapter 1	36,275	100%	<i>Atta colombica</i>	-	SAGA-type complex [GO:0070461]	-
A0A195BAR7	Signal transducer and activator of transcription	94,926	100%	<i>Atta colombica</i>	transcription, DNA-templated [GO:0006351]	cytoplasm [GO:0005737]	DNA binding [GO:0003677]
A0A195BR81	ATP-binding cassette sub-family A member 13	458,970	100%	<i>Atta colombica</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	ATPase activity [GO:0016887]
A0A195CFH1	Chaoptin	152,842	100%	<i>Cyphomyrmex costatus</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A151IIZ5	Uncharacterized protein	57,010	100%	<i>Cyphomyrmex costatus</i>	-	-	-
A0A195D5E8	Armadiillo repeat-containing protein 6 like protein	52,008	100%	<i>Cyphomyrmex costatus</i>	-	-	-
A0A195DD10	Cystathionine gamma-lyase	42,468	100%	<i>Trachymyrmex cornetzi</i>	-	-	lyase activity [GO:0016829]
A0A151J475	Lysyl oxidase like protein 4	257,595	100%	<i>Trachymyrmex cornetzi</i>	-	membrane [GO:0016020]	scavenger receptor activity [GO:0005044]
A0A195DXU6	Putative aldehyde dehydrogenase family 7 member A1 like protein	54,973	100%	<i>Trachymyrmex cornetzi</i>	-	-	oxidoreductase activity [GO:0016491]
A0A195EF72	NCK-interacting protein with SH3 domain	74,758	100%	<i>Trachymyrmex cornetzi</i>	-	-	-
A0A195ESB9	Tectonin beta-propeller repeat-containing protein	149,579	100%	<i>Trachymyrmex septentrionalis</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	carbohydrate binding [GO:0030246]
A0A195F027	Cysteinyl-tRNA synthetase, mitochondrial	59,952	100%	<i>Trachymyrmex septentrionalis</i>	cysteinyl-tRNA aminoacylation [GO:0006423]	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A195F490	Uncharacterized protein	111,471	100%	<i>Trachymyrmex septentrionalis</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A195F590	Acyl-coenzyme A oxidase	77,584	100%	<i>Trachymyrmex septentrionalis</i>	fatty acid beta-oxidation [GO:0006635]	peroxisome [GO:0005777]	acyl-CoA oxidase activity [GO:0003997]
A0A151JUJ3	Putative E3 ubiquitin-protein ligase MYCBP2	238,481	100%	<i>Trachymyrmex septentrionalis</i>	-	-	ligase activity [GO:0016874]

A0A195FC93	E3 ubiquitin-protein ligase TRIM23	62,129	100%	<i>Trachymyrmex septentrionalis</i>	small GTPase mediated signal transduction [GO:0007264]	intracellular [GO:0005622]	GTP binding [GO:0005525]
A0A151WFE3	Nostrin	128,395	100%	<i>Trachymyrmex zeteki</i>	-	-	-
A0A151WQE4	DNA helicase (EC 3.6.4.12)	102,093	100%	<i>Trachymyrmex zeteki</i>	DNA replication initiation [GO:0006270]	MCM complex [GO:0042555]; nucleus [GO:0005634]	ATP binding [GO:0005524]
A0A151WX05	Uncharacterized protein	31,836	100%	<i>Trachymyrmex zeteki</i>	-	-	-
A0A151XF12	G2/M phase-specific E3 ubiquitin-protein ligase	155,660	100%	<i>Trachymyrmex zeteki</i>	-	-	ligase activity [GO:0016874]
A0A154NXJ7	Otopetrin-3	87,609	100%	<i>Dufourea novaeangliae</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A154P8Q5	Homeobox protein caupolican	61,089	100%	<i>Dufourea novaeangliae</i>	regulation of transcription, DNA-templated [GO:0006355]	nucleus [GO:0005634]	sequence-specific DNA binding [GO:0043565]
A0A154P9T2	Geranylgeranyl pyrophosphate synthase	29,416	100%	<i>Dufourea novaeangliae</i>	isoprenoid biosynthetic process [GO:0008299]	-	transferase activity [GO:0016740]
A0A154PUJ9	Eukaryotic translation initiation factor 2-alpha kinase 4	130,706	100%	<i>Dufourea novaeangliae</i>	-	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A154PNM4	Headcase protein	30,805	100%	<i>Dufourea novaeangliae</i>	-	-	-
A0A159XWW3	Cytochrome c oxidase subunit 1 (EC 1.9.3.1)	21,188	100%	<i>Hormius sp. BOLD:ACE6264</i>	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
A0A168T2C3	Cytochrome c oxidase subunit 1 (EC 1.9.3.1)	20,385	100%	<i>Aleiodes albitibia</i>	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
V9II56	Protein transport protein Sec24D	142,933	100%	<i>Apis cerana</i>	ER to Golgi vesicle-mediated transport [GO:0006888]	COPII vesicle coat [GO:0030127]	zinc ion binding [GO:0008270]
D0Q557	Cytochrome c oxidase subunit 1 (EC 1.9.3.1)	23,544	100%	<i>Formica cf. neorufibarbis 2</i>	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
K7JGC4	Uncharacterized protein	53,188	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	lipid metabolic process [GO:0006629]	-	hydrolase activity, acting on ester bonds [GO:0016788]
D6BMD8	Cytochrome c oxidase subunit 1 (EC 1.9.3.1)	24,125	100%	<i>Syrphoctonus longiventris</i>	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]

Q85BE8	Cytochrome c oxidase subunit 1 (EC 1.9.3.1)	39,614	100%	<i>Bombus muscorum</i>	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
E2AWB2	Dipeptidase (EC 3.4.13.19)	21,125	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	-	anchored component of membrane [GO:0031225]	dipeptidase activity [GO:0016805]
E2AVF0	Transcriptional repressor protein YY1	41,689	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	-	-	nucleic acid binding [GO:0003676]
E2AUG7	ADAMTS-like protein 3	172,484	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	-	-	metalloendopeptidase activity [GO:0004222]
E2ARG7	ELKS/RAB6-interacting/CAST family member 1	248,126	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	-	presynaptic active zone [GO:0048786]	-
E2C2C2	Uncharacterized protein	15,407	100%	<i>Harpegnathos saltator</i>	-	-	-
E9IHR5	Uncharacterized protein	173,515	100%	<i>Solenopsis invicta</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	ion channel activity [GO:0005216]
E9IAZ0	DNA-directed RNA polymerase subunit beta (EC 2.7.7.6)	127,011	100%	<i>Solenopsis invicta</i>	transcription, DNA-templated [GO:0006351]	nucleus [GO:0005634]	DNA binding [GO:0003677]
A0A087ZSV6	Uncharacterized protein	57,650	100%	<i>Apis mellifera</i>	apoptotic process [GO:0006915]	intracellular [GO:0005622]	-
F4WY87	BAG family molecular chaperone regulator 2	20,463	100%	<i>Acromyrmex echinator</i>	-	-	-
F4WL89	Ribulose-phosphate 3-epimerase (EC 5.1.3.1)	27,634	100%	<i>Acromyrmex echinator</i>	carbohydrate metabolic process [GO:0005975]	-	metal ion binding [GO:0046872]
F4WD68	Putative lysine-specific demethylase 4B	161,364	100%	<i>Acromyrmex echinator</i>	-	nucleus [GO:0005634]	metal ion binding [GO:0046872]
V9IGF2	Putative adenosylhomocysteinase 3	20,200	100%	<i>Apis cerana</i>	-	-	-
V9MN71	Cytochrome b	15,736	100%	<i>Pseudomyrmex flavicornis</i>	respiratory electron transport chain [GO:0022904]	integral component of membrane [GO:0016021]	electron carrier activity [GO:0009055]
A0A088ADA3	Uncharacterized protein	119,599	100%	<i>Apis mellifera</i>	proteolysis [GO:0006508]	-	catalytic activity [GO:0003824]
A0A026W638	Uncharacterized protein	11,361	100%	<i>Cerapachys biroi</i>	-	-	-
A0A026W774	Protein NLRC5	104,725	100%	<i>Cerapachys biroi</i>	-	-	-
A0A026W7L8	NIF3-like protein 1	34,707	100%	<i>Cerapachys biroi</i>	-	-	-
A0A026WZ04	DNA polymerase theta	218,406	100%	<i>Cerapachys biroi</i>	DNA-dependent DNA replication [GO:0006261]	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A026X3C3	Putative methyltransferase NSUN6	50,475	100%	<i>Cerapachys biroi</i>	-	-	methyltransferase activity [GO:0008168]

A0A023W4V3	Cytochrome c oxidase subunit 1 (EC 1.9.3.1)	20,010	100%	<i>Cataglyphis bicolor</i>	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
A0A0B4U4G9	Cytochrome c oxidase subunit 1 (EC 1.9.3.1)	22,012	100%	<i>Sclerodermus pupariae</i>	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
A0A0U1YNG8	Elongation factor 1-alpha	12,749	100%	<i>Polyrhachis clio</i>	-	-	GTPase activity [GO:0003924]
A0A0N7B884	Cytochrome c oxidase subunit 1 (EC 1.9.3.1)	23,997	100%	<i>Hymenoptera sp.</i>	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
A0A158NZ40	Uncharacterized protein	154,607	100%	<i>Atta cephalotes</i>	-	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A158NQJ0	Uncharacterized protein	135,945	100%	<i>Atta cephalotes</i>	intracellular protein transport [GO:0006886]	AP-3 adaptor complex [GO:0030123]	-
A0A0J7K4Z5	Gamma-glutamyl kinase	39,657	100%	<i>Lasius niger</i>	proline biosynthetic process [GO:0006561]	cytoplasm [GO:0005737]	glutamate 5-kinase activity [GO:0004349]
A0A0J7KMQ3	Supporter of activation of yellow protein	101,572	100%	<i>Lasius niger</i>	-	-	-
A0A0J7KU77	Protein lifeguard 1-like protein	16,169	100%	<i>Lasius niger</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A0J7KV16	Intraflagellar transport protein 43-like protein	22,007	100%	<i>Lasius niger</i>	-	intracellular transport particle A [GO:0030991]	-
A0A0J7P3P3	Atp-dependent rna helicase vasa	79,745	100%	<i>Lasius niger</i>	-	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A0M3WUS1	Cytochrome c oxidase subunit 1 (EC 1.9.3.1)	20,287	100%	<i>Platygastridae sp.</i>	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
A0A0M3XEY7	Cytochrome c oxidase subunit 1 (EC 1.9.3.1)	20,270	100%	<i>Mymaridae sp.</i>	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
A0A0L7QQK8	WAP four-disulfide core domain protein 2	20,700	100%	<i>Habropoda laboriosa</i>	-	extracellular region [GO:0005576]	peptidase inhibitor activity [GO:0030414]

A0A0L7QZ17	Sorbin and SH3 domain-containing protein 1	385,409	100%	<i>Habropoda laboriosa</i>	actin filament organization [GO:0007015]	-	-
A0A0L7R1G7	Methionyl-tRNA formyltransferase, mitochondrial	49,049	100%	<i>Habropoda laboriosa</i>	biosynthetic process [GO:0009058]	-	hydroxymethyl-, formyl- and related transferase activity [GO:0016742]
A0A0L7R6W9	Armadillo segment polarity protein	88,789	100%	<i>Habropoda laboriosa</i>	adherens junction assembly [GO:0034333]	-	signal transducer activity [GO:0004871]
A0A0L7RD49	Serine/threonine-protein kinase/endoribonuclease ire-1	112,760	100%	<i>Habropoda laboriosa</i>	mRNA processing [GO:0006397]	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A0L7RHX5	Uncharacterized protein	6,104	100%	<i>Habropoda laboriosa</i>	-	-	-
A0A0M8ZWC6	Uncharacterized protein	63,935	100%	<i>Melipona quadrifasciata</i>	-	bicellular tight junction [GO:0005923]	structural molecule activity [GO:0005198]
A0A0M8ZZH4	Uncharacterized protein	19,019	100%	<i>Melipona quadrifasciata</i>	-	-	-
A0A0N0BG73	28 kDa heat-and acid-stable phosphoprotein	37,598	100%	<i>Melipona quadrifasciata</i>	-	-	-
A0A0M9A3S9	Collagen alpha-4(VI) chain	80,687	100%	<i>Melipona quadrifasciata</i>	-	collagen trimer [GO:0005581]	-
A0A195B7G2	Uncharacterized protein	74,508	100%	<i>Atta colombica</i>	-	-	-
A0A195AUR9	Uncharacterized protein	69,157	100%	<i>Atta colombica</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A195XS0	Uncharacterized protein	25,075	100%	<i>Trachymyrmex septentrionalis</i>	-	-	-
A0A151JMH8	Uncharacterized protein	38,899	100%	<i>Trachymyrmex cornetzi</i>	-	-	-
A0A151IUE7	Uncharacterized protein	38,539	100%	<i>Trachymyrmex cornetzi</i>	-	-	-
A0A151XGC2	Uncharacterized protein	32,203	100%	<i>Trachymyrmex zeteki</i>	-	-	-
A0A151X9Q7	Uncharacterized protein	31,878	100%	<i>Trachymyrmex zeteki</i>	-	-	-
A0A151X434	Uncharacterized protein	15,655	100%	<i>Trachymyrmex zeteki</i>	-	-	-
A0A195D324	Uncharacterized protein	338,234	100%	<i>Cyphomyrmex costatus</i>	microtubule anchoring [GO:0034453]	centrosome [GO:0005813]	microtubule binding [GO:0008017]
E2AHK8	Uncharacterized protein	50,141	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	-	-	-
E2AMP4	Uncharacterized protein	288,792	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	-	-	-
E2AWP3	Uncharacterized protein	20,597	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	-	-	nucleic acid binding [GO:0003676]
E2BTL4	Uncharacterized protein	10,960	100%	<i>Harpegnathos saltator</i>	-	-	-
E2BI72	Uncharacterized protein	65,345	100%	<i>Harpegnathos saltator</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
E2BXA4	Uncharacterized protein	38,412	100%	<i>Harpegnathos saltator</i>	-	integral component of	-

						membrane [GO:0016021]	
F4X655	Uncharacterized protein	14,274	100%	<i>Acromyrmex echinator</i>	-	-	-
A0A0J7NTW9	Uncharacterized protein	14,050	100%	<i>Lasius niger</i>	-	-	-
A0A0J7P3K0	Uncharacterized protein	153,846	100%	<i>Lasius niger</i>	-	-	-
E9J0I1	Uncharacterized protein	17,112	100%	<i>Solenopsis invicta</i>	-	-	-
E9IMM7	Uncharacterized protein	126,611	100%	<i>Solenopsis invicta</i>	actin cytoskeleton organization [GO:0030036]	nucleus [GO:0005634]	-
E9J9L5	Uncharacterized protein	99,456	100%	<i>Solenopsis invicta</i>	-	-	metal ion binding [GO:0046872]
E9J9I8	Uncharacterized protein	45,089	100%	<i>Solenopsis invicta</i>	-	-	flavin adenine dinucleotide binding [GO:0050660]
E9IVB8	Uncharacterized protein	34,793	100%	<i>Solenopsis invicta</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	G-protein coupled receptor activity [GO:0004930]
A0A0L7QJ33	Uncharacterized protein	29,069	100%	<i>Habropoda laboriosa</i>	-	-	nucleic acid binding [GO:0003676]
A0A0M8ZUS0	Uncharacterized protein	6,676	100%	<i>Melipona quadrifasciata</i>	-	-	-
A0A0M9A749	Uncharacterized protein	55,215	100%	<i>Melipona quadrifasciata</i>	-	-	-
A0A154PM99	Uncharacterized protein	190,055	100%	<i>Dufourea novaeangliae</i>	-	-	-
A0A026VRQ5	Uncharacterized protein	37,860	100%	<i>Cerapachys biroi</i>	-	-	-
A0A026W6Q5	Uncharacterized protein	86,740	100%	<i>Cerapachys biroi</i>	-	-	-
A0A026W3A9	Odorant receptor	46,083	100%	<i>Cerapachys biroi</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	odorant binding [GO:0005549]
A0A026WWY3	Uncharacterized protein	7,365	100%	<i>Cerapachys biroi</i>	-	-	-
A0A0J7NWX9	Methyltransferase-like protein 13 isoform x3 protein	68,163	100%	<i>Lasius niger</i>	-	-	methyltransferase activity [GO:0008168]
A0A0J7NLJ9	Mucin-like protein	69,645	100%	<i>Lasius niger</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
E7D4M5	Phospholipase A1	33,330	100%	<i>Polybia paulista</i>	lipid metabolic process [GO:0006629]	-	phosphatidylcholine 1- acylhydrolase activity [GO:0008970]
A0A0J7KXQ8	Proline-rich p65 protein	58,467	100%	<i>Lasius niger</i>	-	-	nucleic acid binding [GO:0003676]
A0A0J7JTR4	Putative serine threonine-protein kinase tsua	13,180	100%	<i>Lasius niger</i>	-	-	kinase activity [GO:0016301]

E9IEL9	Uncharacterized protein	92,123	100%	<i>Solenopsis invicta</i>	carbohydrate metabolic process [GO:0005975]	-	hydrolase activity, hydrolyzing O-glycosyl compounds [GO:0004553]
E2ASZ1	Trimethylguanosine synthase-like protein	117,148	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	7-methylguanosine RNA capping [GO:0009452]	-	methyltransferase activity [GO:0008168]
S6CWG9	Uncharacterized protein	37,380	100%	<i>Cotesia congregata</i>	-	-	-
A0A151J4W3	U7 snRNA-associated Sm-like protein LSm11	23,904	100%	<i>Trachymyrmex cornetzi</i>	-	intracellular ribonucleoprotein complex [GO:0030529]	-
A0A0J7K022	Uncharacterized protein	17,256	100%	<i>Lasius niger</i>	-	-	-
A0A026X4G9	Ubiquitin-like modifier-activating enzyme ATG7	77,983	100%	<i>Cerapachys biroi</i>	autophagy [GO:0006914]	cytoplasm [GO:0005737]	small protein activating enzyme activity [GO:0008641]
A0A0L7RJ54	Protein retinal degeneration B	140,167	100%	<i>Habropoda laboriosa</i>	transport [GO:0006810]	intracellular [GO:0005622]	metal ion binding [GO:0046872]
A0A0M9A0X9	Uncharacterized protein	22,706	100%	<i>Melipona quadrifasciata</i>	-	-	-
E2ARK0	Uncharacterized protein	87,506	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	-	-	-
A0A0M9A0W0	Troponin C, isoform3	18,679	100%	<i>Melipona quadrifasciata</i>	-	-	calcium ion binding [GO:0005509]
A0A0L7QS35	DDB1-and CUL4-associated factor 11	48,888	100%	<i>Habropoda laboriosa</i>	-	-	-
A0A0N0U7R0	Chromodomain Y-like protein 2	118,675	100%	<i>Melipona quadrifasciata</i>	-	nucleus [GO:0005634]	-
A0A026X334	Protein lethal(2)denticleless	75,035	100%	<i>Cerapachys biroi</i>	-	-	-
A0A0C9RZV4	Znht6 protein	12,613	100%	<i>Fopius arisanus</i>	-	-	-
A0A0C9R7T7	CYP4C1_7 protein	59,879	100%	<i>Fopius arisanus</i>	-	-	-
A0A0C9QCX8	Rad50_3 protein	64,336	100%	<i>Fopius arisanus</i>	-	-	-
A0A0C9R3U6	GPRC5C protein	12,091	100%	<i>Fopius arisanus</i>	-	-	-
A0A0C9RC82	KDM1A protein	87,337	100%	<i>Fopius arisanus</i>	-	-	-
UPI0007E2AD9C	2-oxoglutarate dehydrogenase, mitochondrial-like isoformX1	118,748	100%	<i>Apis cerana</i>	-	-	-
UPI00063EED74	4-hydroxybenzoate polyprenyltransferase, mitochondrial-like	46,764	100%	<i>Monomorium pharaonis</i>	-	-	-
UPI00071224FE	60 kDa heat shock protein, mitochondrial-like	60,440	100%	<i>Dinoponera quadricaps</i>	-	-	-
UPI0007E2D8DF	ATP-dependent DNA helicase PIF1	69,711	100%	<i>Apis cerana</i>	-	-	-
UPI000258ED8C	BRCA1-associated RING domain protein 1-like isoformX1	59,528	100%	<i>Megachile rotundata</i>	-	-	-
UPI0006C9C254	CCR4-NOT transcription complex subunit 6-like isoformX1	63,566	100%	<i>Trichogramma pretiosum</i>	-	-	-
UPI0002246C03	DNA ligase 1-like	47,414	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-

UPI0007115A10	DNA polymerase theta isoformX1	240,901	100%	<i>Dinoponera quadriceps</i>	-	-	-
UPI0006C9D2F9	DNA repair endonuclease XPF isoform X1	98,787	100%	<i>Trichogramma pretiosum</i>	-	-	-
UPI000580E0D1	KN motif and ankyrin repeat domain-containing protein 1 isoformX3	103,187	100%	<i>Acromyrmex echinator</i>	-	-	-
UPI0006150748	mushroom body large-type Kenyon cell-specific protein 1	171,274	100%	<i>Megachile rotundata</i>	-	-	-
UPI0005F06BEF	protein FAM98B	56,347	100%	<i>Wasmannia auropunctata</i>	-	-	-
UPI00046CF2F6	protein jim lovell	78,418	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-
UPI00062371B3	synaptic vesicle glycoprotein 2B-like	64,619	100%	<i>Linepithema humile</i>	-	-	-
UPI000711DDE2	titin-like	987,578	100%	<i>Dinoponera quadriceps</i>	-	-	-
UPI0005D402B6	transmembrane protease serine 6-like	39,059	100%	<i>Pogonomyrmex barbatus</i>	-	-	-
UPI000580DC3D	uncharacterized protein LOC105143825	58,731	100%	<i>Acromyrmex echinator</i>	-	-	-
UPI00021A745A	MATH and LRR domain-containing protein PFE0570w -like	389,514	100%	<i>Bombus terrestris</i>	-	-	-
UPI0005F41476	N-acetylglucosamine-1-phosphotransferase subunits alpha/beta isoformX1	87,141	100%	<i>Vollenhovia emeryi</i>	-	-	-
UPI0006197BBD	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha subcomplex subunit 13	17,389	100%	<i>Bombus terrestris</i>	-	-	-
UPI0007D9F80F	PHD finger protein rhinoceros isoform X1	337,659	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-
UPI00063EF611	POC1 centriolar protein homolog A isoformX1	56,756	100%	<i>Monomorium pharaonis</i>	-	-	-
UPI00073D2ED7	PR domain zinc finger protein 13	46,431	100%	<i>Polistes dominula</i>	-	-	-
UPI0003DE8DF5	RISC-loading complex subunit tarbp2-like isoformX1	43,158	100%	<i>Apis mellifera</i>	-	-	-
UPI00073D3655	S1 RNA-binding domain-containing protein 1	104,740	100%	<i>Polistes dominula</i>	-	-	-

UPI00022474BE	T-complex protein 11-like protein 1-like isoform 1	57,584	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-
UPI0007E2C9DB	U3 small nucleolar ribonucleoprotein protein IMP4	36,557	100%	<i>Apis cerana</i>	-	-	-
UPI00021A7029	UV excision repair protein RAD23 homolog B	39,608	100%	<i>Bombus terrestris</i>	-	-	-
UPI0006239CB2	VWFA and cache domain-containing protein 1 isoform X1	133,473	100%	<i>Linepithema humile</i>	-	-	-
UPI0007718C6E	adenylate cyclase type 6-like	158,015	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI000718D4F4	adenylate kinase 9-like	230,863	100%	<i>Polistes canadensis</i>	-	-	-
UPI000771D824	alpha-N-acetylgalactosaminidase isoform X1	49,907	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI0006C9C9B1	ankycorbin-like	152,867	100%	<i>Trichogramma pretiosum</i>	-	-	-
UPI000623FFC4	ankyrin repeat domain-containing protein 20A1-like	104,455	100%	<i>Bombus impatiens</i>	-	-	-
UPI0007D9B343	ankyrin-2-like	20,781	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-
UPI0007D896DE	argininosuccinate synthase isoform X2	44,479	100%	<i>Apis mellifera</i>	-	-	-
UPI0005F46E55	centromere-associated protein E	525,149	100%	<i>Vollenhovia emeryi</i>	-	-	-
UPI000625DF94	centrosomal protein of 164 kDa isoform X1	147,988	100%	<i>Orussus abietinus</i>	-	-	-
UPI000252B0FA	circadian locomotor output cycles protein kaput	83,107	100%	<i>Apis florea</i>	-	-	-
UPI0007D94AB2	coronin-7 isoform X3	132,452	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-
UPI000595C69C	cytochrome P450 6k1-like	43,419	100%	<i>Solenopsis invicta</i>	-	-	-
UPI0004CD97E0	diphthine--ammonia ligase	79,479	100%	<i>Microplitis demolitor</i>	-	-	-
UPI00063F59BD	discoidin domain-containing receptor 2-like	112,055	100%	<i>Monomorium pharaonis</i>	-	-	-
UPI0006D4F11C	dynein heavy chain 10, axonemal	543,995	100%	<i>Microplitis demolitor</i>	-	-	-
UPI00073D4A90	eukaryotic translation initiation factor 5B-like	98,218	100%	<i>Polistes dominula</i>	-	-	-
UPI00063F0C27	fatty acid synthase-like	16,364	100%	<i>Monomorium pharaonis</i>	-	-	-
UPI00073D4B94	general transcription factor 3C polypeptide 1	262,626	100%	<i>Polistes dominula</i>	-	-	-
UPI0007D988AC	glutamate receptor ionotropic, kainate 4-like	51,659	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-
UPI0007D967F7	histone deacetylase 6 isoform X1	127,273	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-
UPI00073D565C	histone-lysine N-methyltransferase SETMAR-like	15,575	100%	<i>Polistes dominula</i>	-	-	-
UPI00073D51DE	homeobox protein Wariar-like	33,134	100%	<i>Polistes dominula</i>	-	-	-
UPI00076FD6DB	homeobox protein onecut-like	11,449	100%	<i>Neodiprion lecontei</i>	-	-	-
UPI0007D88C22	inner centromere protein isoform X1	140,871	100%	<i>Apis mellifera</i>	-	-	-
UPI000771C7E6	inositol polyphosphate multikinase isoform X1	57,448	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-

UPI000718DF1B	kinesin-related protein 4-like	272,296	100%	<i>Polistes canadensis</i>	-	-	-
UPI0005F55F84	la-related protein 6	58,952	100%	<i>Vollenhovia emeryi</i>	-	-	-
UPI0003DF52C0	leucine-rich repeat and fibronectin type III domain-containing protein 1-like	34,991	100%	<i>Apis dorsata</i>	-	-	-
UPI000718BB8C	meiotic nuclear division protein 1 homolog	27,748	100%	<i>Polistes canadensis</i>	-	-	-
UPI00073D9B9F	mucin-17-like isoformX1	350,004	100%	<i>Polistes dominula</i>	-	-	-
UPI000711AD64	mucin-2-like	274,053	100%	<i>Dinoponera quadricaps</i>	-	-	-
UPI0006262E21	myosin-2 isoformX1	166,131	100%	<i>Orussus abietinus</i>	-	-	-
UPI000718F14A	neuronal growth regulator 1-like isoformX1	33,488	100%	<i>Polistes canadensis</i>	-	-	-
UPI0005D34336	octopamine receptor beta-3R-like isoformX1	47,351	100%	<i>Pogonomyrmex barbatus</i>	-	-	-
UPI000252AD22	odorant receptor 4-like	46,804	100%	<i>Apis florea</i>	-	-	-
UPI0006233A7D	palmitoyltransferase ZDHHC18-like isoformX1	56,742	100%	<i>Linepithema humile</i>	-	-	-
UPI00046C9D13	peroxiredoxin-5, mitochondrial isoform X1	26,16	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-
UPI000719018C	phospholipase A1-like	37,953	100%	<i>Polistes canadensis</i>	-	-	-
UPI000771A144	pickpocket protein 19-like	71,585	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI0007381BF2	polycomb group protein Psc-like	129,653	100%	<i>Diachasma alloeum</i>	-	-	-
UPI000738235F	probable 28S ribosomal protein S26, mitochondrial	18,324	100%	<i>Diachasma alloeum</i>	-	-	-
UPI0005CE4296	probable H/A CA ribonucleoprotein complex subunit 1	24,272	100%	<i>Ceratosolen solmsi marchali</i>	-	-	-
UPI0005D363BD	probable chitinase 3	26,174	100%	<i>Pogonomyrmex barbatus</i>	-	-	-
UPI00022CAC42	probable citrate synthase 2, mitochondrial isoformX2	48,821	100%	<i>Bombus impatiens</i>	-	-	-
UPI000623B895	probable tRNA (guanine(26)-N(2))-dimethyltransferase	96,168	100%	<i>Linepithema humile</i>	-	-	-
UPI0006258F36	prominin-1-A isoformX1	112,031	100%	<i>Athalia rosae</i>	-	-	-
UPI00073D5973	protein AF-9	89,008	100%	<i>Polistes dominula</i>	-	-	-
UPI000771D2DA	protein FAM114A2 isoformX1	77,759	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI0007113A46	protein abrupt-like	40,852	100%	<i>Dinoponera quadricaps</i>	-	-	-
UPI0007382581	protein arginine N-methyltransferase 5	73,706	100%	<i>Diachasma alloeum</i>	-	-	-
UPI0005CE02A1	protein dachsous	368,552	100%	<i>Ceratosolen solmsi marchali</i>	-	-	-
UPI000258D8C7	protein outspread isoformX2	2233	100%	<i>Megachile rotundata</i>	-	-	-
UPI0007384ACB	protein phosphatase 1 regulatory subunit 36-like	52,515	100%	<i>Diachasma alloeum</i>	-	-	-

UPI0007718FFD	putative U5 small nuclear ribonucleoprotein 200 kDa helicase	242,384	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI0005CF7405	putative aminopeptidase W07G4.4 isoformX1	66,681	100%	<i>Ceratosolen solmsi marchali</i>	-	-	-
UPI000738362C	putative fatty acyl-CoA reductase CG5065	58,602	100%	<i>Diachasma alloeum</i>	-	-	-
UPI000258F4B0	putative serine protease K12H4.7 isoformX1	54,456	100%	<i>Megachile rotundata</i>	-	-	-
UPI000719041D	putative uncharacterized protein DDB_G0282499	89,377	100%	<i>Polistes canadensis</i>	-	-	-
UPI000766F1BB	putative uncharacterized protein FLJ37770	13,874	100%	<i>Dufourea novaeangliae</i>	-	-	-
UPI00059BAEE3	rho guanine nucleotide exchange factor 10 isoformX3	144,598	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	-	-	-
UPI000718CB44	serine-protein kinase ATM isoformX1	336,688	100%	<i>Polistes canadensis</i>	-	-	-
UPI000771AB77	small subunit processome component 20 homolog	315,498	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI000711AEB2	sterol regulatory element-binding protein cleavage-activating protein	151,081	100%	<i>Dinoponera quadriceps</i>	-	-	-
UPI00022CA6F1	;sugar phosphate exchanger 2 isoform X1	58,630	100%	<i>Bombus impatiens</i>	-	-	-
UPI000623B06E	surfeit locus protein 1 isoformX1	34,988	100%	<i>Linepithema humile</i>	-	-	-
UPI0004CD128D	tRNA pseudouridine synthase-like 1	35,954	100%	<i>Microplitis demolitor</i>	-	-	-
UPI0007383E6E	tRNA-dihydrouridine(20/20a) synthase-like	32,899	100%	<i>Diachasma alloeum</i>	-	-	-
UPI0006C9C530	tankyrase-2-like	30,334	100%	<i>Trichogramma pretiosum</i>	-	-	-
UPI0005F55F15	targeting protein for Xklp2	87,226	100%	<i>Vollenhovia emeryi</i>	-	-	-
UPI0006C94687	telomere-associated protein RIF1	253,697	100%	<i>Copidosoma floridanum</i>	-	-	-
UPI0005D31F9E	titin isoformX1	148,585	100%	<i>Pogonomyrmex barbatus</i>	-	-	-
UPI0004CD1FFB	trafficking protein particle complex subunit 12	57,149	100%	<i>Microplitis demolitor</i>	-	-	-
UPI00076FD994	transmembrane protein 43 homolog isoformX1	47,294	100%	<i>Neodiprion lecontei</i>	-	-	-
UPI00076FDBE9	transportin-3	106,268	100%	<i>Neodiprion lecontei</i>	-	-	-
UPI000771BC2C	tropomyosin-1	32,252	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI000771B6A9	tropomyosin-2 isoformX13	32,532	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI000595D411	tudor domain-containing protein 3 isoformX1;	77,994	100%	<i>Solenopsis invicta</i>	-	-	-
UPI0006153A8B	uncharacterized protein DDB_G0283697-like isoformX1	127,038	100%	<i>Megachile rotundata</i>	-	-	-

UPI0005F4A5A6	uncharacterized protein K02A2.6-like	149,283	100%	<i>Vollenhovia emeryi</i>	-	-	-
UPI00022473CA	hypothetical protein LOC100678498	301,772	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-
UPI00061949EE	uncharacterized protein LOC100644232	241,056	100%	<i>Bombus terrestris</i>	-	-	-
UPI000614EB79	uncharacterized protein LOC100879254 isoformX4	44,353	100%	<i>Megachile rotundata</i>	-	-	-
UPI0004CDBB0A	uncharacterized protein LOC103572492	28,824	100%	<i>Microplitis demolitor</i>	-	-	-
UPI000580BEA1	uncharacterized protein LOC105148330	141,643	100%	<i>Acromyrmex echinator</i>	-	-	-
UPI0005963CD8	uncharacterized protein LOC105206291	14,648	100%	<i>Solenopsis invicta</i>	-	-	-
UPI00059C4CB9	uncharacterized protein LOC105254412	97,150	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	-	-	-
UPI00059B8E3E	uncharacterized protein LOC105255934	16,290	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	-	-	-
UPI0005D35C9E	uncharacterized protein LOC105423809 isoformX1	112,671	100%	<i>Pogonomyrmex barbatus</i>	-	-	-
UPI0005EFC825	uncharacterized protein LOC105449817	46,000	100%	<i>Wasmannia auropunctata</i>	-	-	-
UPI0005F02D1F	uncharacterized protein LOC105461339 isoformX1	17,337	100%	<i>Wasmannia auropunctata</i>	-	-	-
UPI0005F48196	uncharacterized protein LOC105557715	72,671	100%	<i>Vollenhovia emeryi</i>	-	-	-
UPI0005F43605	uncharacterized protein LOC105567416	46,831	100%	<i>Vollenhovia emeryi</i>	-	-	-
UPI0005F51088	uncharacterized protein LOC105571063	107,100	100%	<i>Vollenhovia emeryi</i>	-	-	-
UPI000623BF18	uncharacterized protein LOC105681118	40,632	100%	<i>Bombus impatiens</i>	-	-	-
UPI0006261DF5	uncharacterized protein LOC105684241 isoformX1	102,846	100%	<i>Athalia rosae</i>	-	-	-
UPI000625D6DF	uncharacterized protein LOC105685397 isoformX1	95,116	100%	<i>Athalia rosae</i>	-	-	-
UPI000626C76F	uncharacterized protein LOC105698948	107,898	100%	<i>Orussus abietinus</i>	-	-	-
UPI0006262E30	uncharacterized protein LOC105703807	51,975	100%	<i>Orussus abietinus</i>	-	-	-
UPI00063FD00B	uncharacterized protein LOC105830224	14,085	100%	<i>Monomorium pharaonis</i>	-	-	-
UPI00063F1C32	uncharacterized protein LOC105830670	39,230	100%	<i>Monomorium pharaonis</i>	-	-	-

UPI00063F2DFE	uncharacterized protein LOC105834443 isoformX1	152,698	100%	<i>Monomorium pharaonis</i>	-	-	-
UPI0006C93D53	uncharacterized protein LOC106636241	38,929	100%	<i>Copidosoma floridanum</i>	-	-	-
UPI0006C9D0EC	uncharacterized protein LOC106642446	100,138	100%	<i>Copidosoma floridanum</i>	-	-	-
UPI0006C9D67F	uncharacterized protein LOC106644765 isoformX1	23,941	100%	<i>Copidosoma floridanum</i>	-	-	-
UPI0006C98E07	uncharacterized protein LOC106652725	60,520	100%	<i>Trichogramma pretiosum</i>	-	-	-
UPI000718F1FB	uncharacterized protein LOC106792391	29,050	100%	<i>Polistes canadensis</i>	-	-	-
UPI0007382B73	uncharacterized protein LOC107046296	23,988	100%	<i>Diachasma alloeum</i>	-	-	-
UPI00076FC309	uncharacterized protein LOC107222360 isoformX1	175,170	100%	<i>Neodiprion lecontei</i>	-	-	-
UPI000771D269	uncharacterized protein LOC107263617 isoformX1	360,323	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI00077198CB	uncharacterized protein LOC107272054 isoformX1	59,362	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI000771E515	uncharacterized protein LOC107272574 isoformX1	123,126	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI0007719B6F	uncharacterized protein LOC107273260 isoformX1	113,375	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI0007D99130	uncharacterized protein LOC107981764	61,145	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-
UPI0007E2CD35	uncharacterized protein LOC107994584	28,306	100%	<i>Apis cerana</i>	-	-	-
UPI0007E2C04E	uncharacterized protein LOC107996375	314,492	100%	<i>Apis cerana</i>	-	-	-
UPI0007E2D522	uncharacterized protein LOC108000630 isoformX1	159	100%	<i>Apis cerana</i>	-	-	-
UPI0007E2DA28	uncharacterized protein LOC108001854	196	100%	<i>Apis cerana</i>	-	-	-
UPI0007E2BA64	uncharacterized protein LOC108003676 isoformX1	372	100%	<i>Apis cerana</i>	-	-	-
UPI0006260A69	vacuolar protein sorting-associated protein 13C isoformX1	3332	100%	<i>Orussus abietinus</i>	-	-	-
UPI0006C95B3A	vascular endothelial growth factor receptor kdr-like	967	100%	<i>Copidosoma floridanum</i>	-	-	-
UPI000718D8DF	venom dipeptidyl peptidase 4 isoform X1	775	100%	<i>Polistes canadensis</i>	-	-	-
UPI000771DA3E	voltage-dependent T-type calcium channel subunit alpha-1G isoformX1	2472	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-

UPI000771A99B	voltage-dependent calcium channel type A subunit alpha-1 isoform X1	2153	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI0006258252	w olframin isoform X1	871	100%	<i>Athalia rosae</i>	-	-	-
UPI000619F6F0	zinc finger MYM-type protein 3 isoform X1	1496	100%	<i>Bombus terrestris</i>	-	-	-
UPI000718BA28	zinc finger protein 236-like	1255	100%	<i>Polistes canadensis</i>	-	-	-
UPI0006C9D996	zinc finger protein 239-like	311	100%	<i>Copidosoma floridanum</i>	-	-	-
UPI000626DFDB	zinc finger protein 423 homolog	1326	100%	<i>Athalia rosae</i>	-	-	-
UPI00061A0B4D	zinc finger protein basonuclin-2 isoform X2	1216	100%	<i>Bombus terrestris</i>	-	-	-
UPI0001C4D007	cytochrome P450 6AS30	500	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-
UPI000771E188	A-kinase anchor protein 9-like isoform X6	3189	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI000771BE3D	adenylate cyclase type 2-like isoform X1	1150	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI000771BEC3	titin homolog isoform X2	2242	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI000771A74E	uncharacterized protein LOC107266630 isoform X1	2471	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI000771E0D5	sortilin-related receptor-like	2154	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI000771A4BB	arginine/serine-rich protein PNISR-like	778	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI0007718953	microtubule-associated protein futsch-like isoform X3	3037	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI000771906F	huntingtin-interacting protein 1 isoform X1	983	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI000771D99A	CCR4-NOT transcription complex subunit 1 isoform X5	2394	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI000771B607	tw itchlin isoform X3	8851	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI000771B372	uncharacterized protein LOC107270899 isoform X1	1269	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI000771C8DB	uncharacterized protein LOC107273879 isoform X3	202	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI000771D217	zinc finger protein 84-like isoform X4	969	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI0007D88C67	platelet binding protein GspB isoform X3	1105	100%	<i>Apis mellifera</i>	-	-	-
UPI0007D88EDD	hyperpolarization-activated ion channel isoform X4	848	100%	<i>Apis mellifera</i>	-	-	-
UPI0007D98F3F	uncharacterized protein LOC100114737	1815	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-
UPI0007D90828	piezo-type mechanosensitive ion channel component isoform X2	2592	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-
UPI0007D9BB9D	alpha-crystallin A chain isoform X3	187	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-
UPI0007E2D000	uncharacterized protein LOC108003879 isoform X3	1563	100%	<i>Apis cerana</i>	-	-	-

UPI0007E2C03B	hydrocephalus-inducing protein homolog	887	100%	<i>Apis cerana</i>	-	-	-
UPI0007E2B52F	mediator of RNA polymerase II transcription subunit 13 isoformX2	1983	100%	<i>Apis cerana</i>	-	-	-
UPI0007E2B54F	protein O-mannosyl-transferase 2 isoformX1	717	100%	<i>Apis cerana</i>	-	-	-
UPI0007E2D3FE	probable ATP-dependent RNA helicase YTHDC2	1157	100%	<i>Apis cerana</i>	-	-	-
UPI0007E2DD3A	myelin regulatory factor-like protein isoformX2	1143	100%	<i>Apis cerana</i>	-	-	-
UPI0007E2CC85	nucleolin 1 isoformX1	755	100%	<i>Apis cerana</i>	-	-	-
UPI0007E2CCD2	LIM domain kinase 1 isoformX1	1182	100%	<i>Apis cerana</i>	-	-	-
UPI00020641F6	serine/threonine-protein kinase Genghis Khan isoformX3	1794	100%	<i>Apis mellifera</i>	-	-	-
UPI00021A6B7E	uncharacterized protein LOC100643886	166	100%	<i>Bombus terrestris</i>	-	-	-
UPI00022C8C26	intraflagellar transport protein 46 homolog	327	100%	<i>Bombus impatiens</i>	-	-	-
UPI00022C8FB4	claspin homolog	1377	100%	<i>Bombus impatiens</i>	-	-	-
UPI00022C9095	protein fem-1 homolog CG6966 isoformX1	638	100%	<i>Bombus impatiens</i>	-	-	-
UPI00022C9367	cell cycle checkpoint protein RAD17	460	100%	<i>Bombus impatiens</i>	-	-	-
UPI00022C9441	uncharacterized protein LOC100747125	405	100%	<i>Bombus impatiens</i>	-	-	-
UPI00022C9761	SAP domain-containing ribonucleoprotein isoformX1	248	100%	<i>Bombus impatiens</i>	-	-	-
UPI0003DEAE34	zinc finger homeobox protein 4 isoform X4	2965	100%	<i>Apis mellifera</i>	-	-	-
UPI0003DF79B0	1-phosphatidylinositol 3-phosphate 5-kinase-like isoformX1	2034	100%	<i>Apis dorsata</i>	-	-	-
UPI0003DF559D	clathrin heavy chain-like	1678	100%	<i>Apis dorsata</i>	-	-	-
UPI0003DF5095	putative odorant receptor 85b-like	409	100%	<i>Apis dorsata</i>	-	-	-
UPI0003DF76A3	uncharacterized protein LOC102671670	398	100%	<i>Apis dorsata</i>	-	-	-
UPI0003DF5478	histone-lysine N-methyltransferase, H3 lysine-79 specific-like isoformX9	1136	100%	<i>Apis dorsata</i>	-	-	-
UPI0003DF4A89	microtubule-associated protein futsch-like isoformX1	2607	100%	<i>Apis dorsata</i>	-	-	-
UPI00046CC82E	CCR4-NOT transcription complex subunit 1 isoformX1	2448	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-
A0A022T7M4.1	Atg14, UV radiation resistance protein and autophagy-related subunit 14 domain-containing protein	897	100%	<i>Microplitis demolitor</i>	-	-	-

UPI0004CCD7AE	zinc finger FYVE domain-containing protein 26 homolog	2627	100%	<i>Microplitis demolitor</i>	-	-	-
UPI0004CD955E	dual specificity protein kinase pyk3 isoformX2	1199	100%	<i>Microplitis demolitor</i>	-	-	-
UPI0005810518	protein retinal degeneration B isoform X3	1283	100%	<i>Acromyrmex echinator</i>	-	-	-
UPI000580BE7D	protein JTB	150	100%	<i>Acromyrmex echinator</i>	-	-	-
UPI000580BD83	MATH and LRR domain-containing protein PFE0570w-like isoformX1	1145	100%	<i>Acromyrmex echinator</i>	-	-	-
UPI000580EB71	histone-lysine N-methyltransferase, H3 lysine-79 specific isoformX6	1162	100%	<i>Acromyrmex echinator</i>	-	-	-
UPI000580E0EE	uncharacterized protein LOC105147553	1326	100%	<i>Acromyrmex echinator</i>	-	-	-
UPI000580E799	filamin-A	2928	100%	<i>Acromyrmex echinator</i>	-	-	-
UPI000580D21B	protein FAM154A-like	461	100%	<i>Acromyrmex echinator</i>	-	-	-
UPI00058F52DC	rhophilin-2	1138	100%	<i>Harpegnathos saltator</i>	-	-	-
UPI00058D69FB	decaprenyl-diphosphate synthase subunit 2	445	100%	<i>Harpegnathos saltator</i>	-	-	-
UPI00058E2A3B	ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 3 isoformX2	469	100%	<i>Harpegnathos saltator</i>	-	-	-
UPI00058F397E	CAAX prenyl protease 2	139	100%	<i>Harpegnathos saltator</i>	-	-	-
UPI000590B8F8	tRNA-splicing endonuclease subunit Sen34	303	100%	<i>Harpegnathos saltator</i>	-	-	-
UPI00058D5708	(E3-independent) E2 ubiquitin-conjugating enzyme UBE2O isoform X2	1331	100%	<i>Harpegnathos saltator</i>	-	-	-
UPI0005963AC8	vesicle-associated membrane protein 2 isoformX3	121	100%	<i>Solenopsis invicta</i>	-	-	-
UPI0005962043	protein O-GlcNAcase isoformX2	923	100%	<i>Solenopsis invicta</i>	-	-	-
UPI00059628DB	uncharacterized protein LOC105202865;	540	100%	<i>Solenopsis invicta</i>	-	-	-
UPI000595A4DD	uncharacterized protein LOC105204281;	633	100%	<i>Solenopsis invicta</i>	-	-	-
UPI0005961089	probable cytochrome P450 9h1;	229	100%	<i>Solenopsis invicta</i>	-	-	-
UPI00059B97D5	calcium-activated potassium channel slow poke isoformX27	1147	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	-	-	-
UPI00059CEDCE	S phase cyclin A-associated protein in the endoplasmic reticulum	1625	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	-	-	-
UPI00059BB168	serine/threonine-protein kinase tousled-like 2 isoformX4	790	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	-	-	-
UPI00059BF504	uncharacterized protein LOC105252011 isoformX1	2158	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	-	-	-
UPI00059E5719	uncharacterized protein LOC105252728	1382	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	-	-	-

UPI00059BD988	atlastin isoformX1	680	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	-	-	-
UPI00059D4889	uncharacterized protein LOC105255896	1127	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	-	-	-
A0A0C9QLX8	GRIK2_2 protein	465	100%	<i>Fopius arisanus</i>	-	-	-
A0A0C9QPH3	Sub_5 protein	1559	100%	<i>Fopius arisanus</i>	-	-	-
A0A0C9QYQ2	Gek_0 protein	319	100%	<i>Fopius arisanus</i>	-	-	-
A0A0C9RR40	VgR_5 protein	682	100%	<i>Fopius arisanus</i>	-	-	-
UPI0005AC21DD	coiled-coil domain-containing protein 42 homolog	332	100%	<i>Fopius arisanus</i>	-	-	-
UPI0005ACBCC1	tetra-peptide repeat homeobox protein 1-like	456	100%	<i>Fopius arisanus</i>	-	-	-
UPI0005ACFD44	negative elongation factor A	530	100%	<i>Fopius arisanus</i>	-	-	-
UPI0005ACE0AC	glycogen [starch] synthase;glycogen [starch] synthase	692	100%	<i>Fopius arisanus</i>	-	-	-
UPI0005ACFA08	aminopeptidase N;aminopeptidase N	983	100%	<i>Fopius arisanus</i>	-	-	-
UPI0005B985E5	uncharacterized protein LOC105281395	198	100%	<i>Cerapachys biroi</i>	-	-	-
UPI0005B85C44	uncharacterized protein LOC105287693	478	100%	<i>Cerapachys biroi</i>	-	-	-
UPI0005BD1955	trimethylguanosine synthase isoform X1	1018	100%	<i>Cerapachys biroi</i>	-	-	-
UPI0005B79ADC	coiled-coil domain-containing protein AGA005037-like isoformX12	1223	100%	<i>Cerapachys biroi</i>	-	-	-
UPI0005BDECD0	calcium-activated potassium channel slow poke isoformX16	1227	100%	<i>Cerapachys biroi</i>	-	-	-
UPI0005BD99E3	dystonin isoformX9	8514	100%	<i>Cerapachys biroi</i>	-	-	-
UPI0005CE9A5E	ornithine aminotransferase, mitochondrial-like	423	100%	<i>Ceratosolen solmsi marchali</i>	-	-	-
UPI0005CEF5E3	neuroligin-1-like	154	100%	<i>Ceratosolen solmsi marchali</i>	-	-	-
UPI0005CE0FC8	ARF GTPase-activating protein GIT1	679	100%	<i>Ceratosolen solmsi marchali</i>	-	-	-
UPI0005D34D10	uncharacterized protein LOC105426211 isoformX2	1152	100%	<i>Pogonomyrmex barbatus</i>	-	-	-
UPI0005D39D35	E3 ubiquitin-protein ligase UBR3	1956	100%	<i>Pogonomyrmex barbatus</i>	-	-	-
UPI0005D36B1B	WD repeat-containing protein 6	1040	100%	<i>Pogonomyrmex barbatus</i>	-	-	-
UPI0005D3BB51	LOW QUALITY PROTEIN: uncharacterized protein LOC105425990	1058	100%	<i>Pogonomyrmex barbatus</i>	-	-	-
UPI0005D2ED9B	ribosomal protein S6 kinase alpha-5- like isoformX1	1111	100%	<i>Pogonomyrmex barbatus</i>	-	-	-

UPI0005F06354	transportin-1 isoformX2	792	100%	<i>Wasmannia auropunctata</i>	-	-	-
UPI0005EEF4A2	ryanodine receptor 44F isoformX14	5122	100%	<i>Wasmannia auropunctata</i>	-	-	-
UPI0005ED5C29	cytochrome P450 CYP12A2-like	528	100%	<i>Wasmannia auropunctata</i>	-	-	-
UPI0005EF27CE	uncharacterized protein LOC105449941 isoformX2	463	100%	<i>Wasmannia auropunctata</i>	-	-	-
UPI0005EFBFE6	replication factor C subunit 4	356	100%	<i>Wasmannia auropunctata</i>	-	-	-
UPI0005EE1996	organic cation transporter protein-like	705	100%	<i>Wasmannia auropunctata</i>	-	-	-
UPI0005EEB176	dynein heavy chain 7, axonemal-like isoformX1	4068	100%	<i>Wasmannia auropunctata</i>	-	-	-
UPI0005F09B22	uncharacterized protein LOC105461572	242	100%	<i>Wasmannia auropunctata</i>	-	-	-
UPI0005F50F15	uncharacterized protein LOC105571025	546	100%	<i>Vollenhovia emeryi</i>	-	-	-
UPI0005F53DC5	exosome complex exonuclease RRP44	977	100%	<i>Vollenhovia emeryi</i>	-	-	-
UPI0005F43CD9	tyrosine-protein phosphatase 10D isoformX1	1561	100%	<i>Vollenhovia emeryi</i>	-	-	-
UPI0005F523F7	epidermal growth factor receptor isoformX2	1446	100%	<i>Vollenhovia emeryi</i>	-	-	-
UPI0005F3AC9E	RNA-binding protein squid isoformX3	336	100%	<i>Vollenhovia emeryi</i>	-	-	-
UPI0006150806	ubiquitin-conjugating enzyme E2 Q2 isoformX5	422	100%	<i>Megachile rotundata</i>	-	-	-
UPI0006153596	uncharacterized protein LOC100883816 isoformX2	1627	100%	<i>Megachile rotundata</i>	-	-	-
UPI0006152297	DNA polymerase zeta catalytic subunit isoformX1	1996	100%	<i>Megachile rotundata</i>	-	-	-
UPI000614DA94	uncharacterized protein LOC100882059	17274	100%	<i>Megachile rotundata</i>	-	-	-
UPI000614E0C6	multiple epidermal growth factor-like domains protein 10	1132	100%	<i>Megachile rotundata</i>	-	-	-
UPI000619C38E	ras GTPase-activating protein nGAP isoformX1	1472	100%	<i>Bombus terrestris</i>	-	-	-
UPI0006191164	LOW QUALITY PROTEIN: zinc finger CCH domain-containing protein 14	902	100%	<i>Bombus terrestris</i>	-	-	-
UPI000619D066	LOW QUALITY PROTEIN: biotin-- protein ligase	988	100%	<i>Bombus terrestris</i>	-	-	-
UPI00062309D1	phosphatase and actin regulator 4-like isoformX2	315	100%	<i>Linepithema humile</i>	-	-	-

UPI0006233F17	thyrotropin-releasing hormone-degrading ectoenzyme-like	930	100%	<i>Linepithema humile</i>	-	-	-
UPI000623A827	uncharacterized protein LOC105674084 isoformX1	1195	100%	<i>Linepithema humile</i>	-	-	-
UPI000623A52F	uncharacterized protein LOC105674602	2637	100%	<i>Linepithema humile</i>	-	-	-
UPI0006238BD3	hormone-sensitive lipase	725	100%	<i>Linepithema humile</i>	-	-	-
UPI000623419B	pupal cuticle protein 20-like isoformX2	315	100%	<i>Linepithema humile</i>	-	-	-
UPI000623D075	merlin isoformX2	608	100%	<i>Bombus impatiens</i>	-	-	-
UPI00022C9724	rab3 GTPase-activating protein non-catalytic subunit-like	1408	100%	<i>Bombus impatiens</i>	-	-	-
UPI000623CD2A	uncharacterized protein LOC100744939 isoformX3	1389	100%	<i>Bombus impatiens</i>	-	-	-
UPI000623DCE7	ankycorbin isoformX3	1578	100%	<i>Bombus impatiens</i>	-	-	-
UPI00022CA5A1	integrator complex subunit 2-like	1111	100%	<i>Bombus impatiens</i>	-	-	-
UPI000623CB98	chromodomain-helicase-DNA-binding protein Mi-2 homolog isoformX3	2004	100%	<i>Bombus impatiens</i>	-	-	-
UPI0006261C05	ribonuclease Z, mitochondrial	831	100%	<i>Athalia rosae</i>	-	-	-
UPI0006269CC5	trichohyalin isoformX1	1866	100%	<i>Athalia rosae</i>	-	-	-
UPI000625145D	histone acetyltransferase KAT6B isoformX2	2026	100%	<i>Orussus abietinus</i>	-	-	-
UPI0006253A39	MAGUK p55 subfamily member 6	602	100%	<i>Orussus abietinus</i>	-	-	-
UPI000625E5D3	uncharacterized protein LOC105698850 isoformX3	1136	100%	<i>Orussus abietinus</i>	-	-	-
UPI000625D0EE	nucleolysin TIAR-like	407	100%	<i>Orussus abietinus</i>	-	-	-
UPI0006250ABB	dual oxidase 2-like isoformX2	1617	100%	<i>Orussus abietinus</i>	-	-	-
UPI0006256CD2	aminopeptidase N-like	1077	100%	<i>Orussus abietinus</i>	-	-	-
UPI00062966DE	unconventional myosin-XVlla isoform X4	941	100%	<i>Apis florea</i>	-	-	-
UPI000629826F	LOW QUALITY PROTEIN: SAC3 domain-containing protein 1	353	100%	<i>Apis florea</i>	-	-	-
UPI00062997B2	teneurin-m isoformX1	2674	100%	<i>Apis florea</i>	-	-	-
UPI0006293CBE	LOW QUALITY PROTEIN: small subunit processome component 20 homolog	2758	100%	<i>Apis florea</i>	-	-	-
UPI00062906E4	LOW QUALITY PROTEIN: midasin-like	5110	100%	<i>Apis florea</i>	-	-	-
UPI00062967AB	basement membrane-specific heparan sulfate proteoglycan core protein isoformX19	3802	100%	<i>Apis florea</i>	-	-	-
UPI0006293C52	prominin-like protein	966	100%	<i>Apis florea</i>	-	-	-
UPI000629D1C0	LOW QUALITY PROTEIN: tyrosine-protein kinase Abl	1208	100%	<i>Apis florea</i>	-	-	-

UPI0006292B50	calcium-dependent secretion activator isoformX4	1006	100%	<i>Apis florea</i>	-	-	-
UPI00062938FB	tropomodulin isoformX5	422	100%	<i>Apis florea</i>	-	-	-
UPI000629A95A	heparan-alpha-glucosaminide N-acetyltransferase-like isoformX2	560	100%	<i>Apis florea</i>	-	-	-
UPI00063EF6F3	uncharacterized protein LOC105840759	164	100%	<i>Monomorium pharaonis</i>	-	-	-
UPI00063EF2D2	cadherin-related tumor suppressor-like	1835	100%	<i>Monomorium pharaonis</i>	-	-	-
UPI00063F7A38	dual specificity protein phosphatase 12-like isoformX2	341	100%	<i>Monomorium pharaonis</i>	-	-	-
UPI00063F2BC3	pre-mRNA-splicing factor CWC25 homolog	480	100%	<i>Monomorium pharaonis</i>	-	-	-
UPI00063FAE64	ral GTPase-activating protein subunit alpha-1 isoformX6	1903	100%	<i>Monomorium pharaonis</i>	-	-	-
UPI00063F0DCF	phospholipase A1-like	355	100%	<i>Monomorium pharaonis</i>	-	-	-
UPI00063F62CB	glycogen debranching enzyme isoform X1	1605	100%	<i>Monomorium pharaonis</i>	-	-	-
UPI00063F100E	ankyrin repeat, SAM and basic leucine zipper domain-containing protein 1	504	100%	<i>Monomorium pharaonis</i>	-	-	-
UPI00063F1108	myelin expression factor 2-like isoform X2	460	100%	<i>Monomorium pharaonis</i>	-	-	-
UPI00063EE05E	basement membrane-specific heparan sulfate proteoglycan core protein isoformX9	3889	100%	<i>Monomorium pharaonis</i>	-	-	-
UPI0006C9BD71	CSC1-like protein 2 isoformX3	758	100%	<i>Copidosoma floridanum</i>	-	-	-
UPI0006C9AF19	probable 39S ribosomal protein L24, mitochondrial	250	100%	<i>Copidosoma floridanum</i>	-	-	-
UPI0006C963FF	putative uncharacterized protein DDB_G0294196	773	100%	<i>Trichogramma pretiosum</i>	-	-	-
UPI0006C985B2	protein cueball	623	100%	<i>Trichogramma pretiosum</i>	-	-	-
UPI0006C97873	protein C10	112	100%	<i>Trichogramma pretiosum</i>	-	-	-
UPI0006C99008	F-box only protein 11	988	100%	<i>Trichogramma pretiosum</i>	-	-	-
UPI0006C987D8	uncharacterized protein LOC106654188	423	100%	<i>Trichogramma pretiosum</i>	-	-	-
UPI0006D4E402	homeobox protein SMOX-1-like isoformX1	456	100%	<i>Microplitis demolitor</i>	-	-	-
UPI0006D52569	uncharacterized protein LOC106693428	480	100%	<i>Microplitis demolitor</i>	-	-	-
UPI000711FA08	protein turtle-like isoformX1	1369	100%	<i>Dinoponera quadricaps</i>	-	-	-
UPI000712256D	innexin inx3	396	100%	<i>Dinoponera quadricaps</i>	-	-	-

UPI000711C2DA	uncharacterized protein LOC106746502 isoformX2	282	100%	<i>Dinoponera quadriceps</i>	-	-	-
UPI000718B647	steroid hormone receptor ERR2 isoformX5	458	100%	<i>Polistes canadensis</i>	-	-	-
UPI000718C2B6	THO complex subunit 1 isoformX1	665	100%	<i>Polistes canadensis</i>	-	-	-
UPI00071901C4	muscle M-line assembly protein unc- 89 isoformX8	5471	100%	<i>Polistes canadensis</i>	-	-	-
UPI000718E15A	myosin heavy chain, non-muscle isoformX3	1982	100%	<i>Polistes canadensis</i>	-	-	-
UPI0007383046	uncharacterized protein LOC107048288	226	100%	<i>Diachasma alloeum</i>	-	-	-
UPI00073818E4	transcription factor EC	509	100%	<i>Diachasma alloeum</i>	-	-	-
UPI000738256C	GPN-loop GTPase 1	394	100%	<i>Diachasma alloeum</i>	-	-	-
UPI000738474F	116 kDa U5 small nuclear ribonucleoprotein component	979	100%	<i>Diachasma alloeum</i>	-	-	-
UPI000738310D	rap guanine nucleotide exchange factor 2-like isoformX7	1317	100%	<i>Diachasma alloeum</i>	-	-	-
UPI000738244E	NADPH-dependent diflavin oxidoreductase 1 isoformX1	597	100%	<i>Diachasma alloeum</i>	-	-	-
UPI0007381BBB	muscle M-line assembly protein unc- 89-like isoformX6	5355	100%	<i>Diachasma alloeum</i>	-	-	-
UPI0007382D10	39S ribosomal protein L21, mitochondrial	215	100%	<i>Diachasma alloeum</i>	-	-	-
UPI00073D6529	zinc finger protein 419-like	688	100%	<i>Polistes dominula</i>	-	-	-
UPI00073D3A92	polyhomeotic-proximal chromatin protein-like isoformX9	1002	100%	<i>Polistes dominula</i>	-	-	-
UPI00073D47C5	E3 ubiquitin-protein ligase MSL2 isoformX2	404	100%	<i>Polistes dominula</i>	-	-	-
UPI00073D2D11	carboxypeptidase B-like	485	100%	<i>Polistes dominula</i>	-	-	-
UPI00073DA68F	cGMP-specific 3',5'-cyclic phosphodiesterase isoformX1	1068	100%	<i>Polistes dominula</i>	-	-	-
UPI00073D2069	60S ribosomal protein L4	430	100%	<i>Polistes dominula</i>	-	-	-
UPI00073D6CEA	cytochrome P450 4C1-like isoformX1	527	100%	<i>Polistes dominula</i>	-	-	-
UPI00073D5757	uncharacterized protein LOC107068110 isoformX2	862	100%	<i>Polistes dominula</i>	-	-	-
UPI00073D7E92	alpha-protein kinase 1-like	590	100%	<i>Polistes dominula</i>	-	-	-
UPI00073D4469	neuroglian isoformX6	1253	100%	<i>Polistes dominula</i>	-	-	-
UPI0007672D88	dual specificity protein kinase CLK2 isoformX2	726	100%	<i>Dufourea novaeangliae</i>	-	-	-
UPI00076734AF	pancreas transcription factor 1 subunit alpha-like	243	100%	<i>Dufourea novaeangliae</i>	-	-	-
UPI000766EB4D	uncharacterized protein LOC107187852	383	100%	<i>Dufourea novaeangliae</i>	-	-	-
UPI00076FDB16	origin recognition complex subunit 3	658	100%	<i>Neodiprion lecontei</i>	-	-	-

UPI00076FB166	probable methyltransferase TARBP1	1509	100%	<i>Neodiprion lecontei</i>	-	-	-
A0A0C9RE79	Uncharacterized protein	945	100%	<i>Fopius arisanus</i>	-	-	-
A0A0C9RLE0	hypothetical protein	812	100%	<i>Fopius arisanus</i>	-	-	-
A0A0C9REF4	Uncharacterized protein	745	100%	<i>Fopius arisanus</i>	-	-	-
UPI000718AE4A	phospholipase A1-like	335	100%	<i>Polistes canadensis</i>	-	-	-
UPI000614E236	titin-like isoform X1	11389	100%	<i>Megachile rotundata</i>	-	-	-
UPI000771A7A9	protein tw ist	359	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI000580D67D	tropomyosin-1	284	100%	<i>Acromyrmex echinator</i>	-	-	-
UPI00073D3FD9	laminin subunit alpha	3669	100%	<i>Polistes dominula</i>	-	-	-
A0A151JR25	Tropomyosin	283	100%	<i>Trachymyrmex cornetzi</i>	-	-	-
UPI000718E16D	uncharacterized protein LOC106787749 isoform X1	2294	100%	<i>Polistes canadensis</i>	-	-	-
UPI0006151290	uncharacterized protein LOC100876919 isoform X1	840	100%	<i>Megachile rotundata</i>	-	-	-
UPI0007679F4A	myotubularin-related protein 9	582	100%	<i>Dufourea novaeangliae</i>	-	-	-
UPI000771DDD4	uncharacterized protein LOC107274802	376	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI0005D41243	maltase 1-like	577	100%	<i>Pogonomyrmex barbatus</i>	-	-	-
UPI0006C93DB5	regucalcin-like	341	100%	<i>Trichogramma pretiosum</i>	-	-	-
UPI0004CDC060	TBC1 domain family member 23	672	100%	<i>Microplitis demolitor</i>	-	-	-
UPI00073D9661	zinc finger homeobox protein 4	3385	100%	<i>Polistes dominula</i>	-	-	-
UPI000718CA7A	tropomyosin-1	284	100%	<i>Polistes canadensis</i>	-	-	-
UPI000718CCC5	maltase 1-like	573	100%	<i>Polistes canadensis</i>	-	-	-
UPI0006261515	tropomyosin-2 isoform X8	284	100%	<i>Athalia rosae</i>	-	-	-
UPI0006237BB2	ras guanine nucleotide exchange factor B-like	533	100%	<i>Linepithema humile</i>	-	-	-
Q2IFJ9	hypothetical protein	529	100%	<i>Anaeromyxobacter dehalogenans</i>	-	-	-
UPI000626A6B4	tropomyosin isoform X9	283	100%	<i>Athalia rosae</i>	-	-	-
UPI0006254231	tropomyosin-2 isoform X9	284	100%	<i>Orussus abietinus</i>	-	-	-
UPI00073D8319	dystroglycan-like isoform X1	1317	100%	<i>Polistes dominula</i>	-	-	-
UPI0005F3F009	YEATS domain-containing protein 2	1083	100%	<i>Vollenhovia emeryi</i>	-	-	-
UPI00073D6DA6	phospholipase A1 2-like	348	100%	<i>Polistes dominula</i>	-	-	-

Tabela A8. Proteínas não-glicosiladas identificadas no veneno da vespa social *Polybia paulista* através da abordagem proteômica *shotgun*. Essas proteínas correspondem a fração protéica que não demonstrou afinidade pela concavanalina-A lectina (ConA lectina) imobilizada em agarose. A tabela mostra as informações dos dados oriundos da análise proteômica e análise G.O. *PIP % - score, probabilidade de identificação da proteína.

Código de acesso	Proteína	Massa (Da)	*PIP (%)	Taxonomia	GO - Processobiológico	GO - Componente celular	GO - Função molecular
E7D4M5	Phospholipase A1	33,330	100%	<i>Polybia paulista</i>	lipid metabolic process [GO:0006629]	-	phosphatidylcholine 1-acylhydrolase activity [GO:0008970]
A0A151I9J8	Uncharacterized protein	61,336	100%	<i>Cyphomyrmex costatus</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
E2BBG1	Filamin-C	250,017	100%	<i>Harpegnathos saltator</i>	-	-	-
A0A0J7JT13	Uncharacterized protein	18,214	100%	<i>Lasius niger</i>	-	-	-
A0A159U796	Cytochrome c oxidase subunit 1 (EC 1.9.3.1)	20,072	100%	<i>Telenomus</i>	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
A0A161ELE4	Cytochrome c oxidase subunit 1 (EC 1.9.3.1)	21,569	100%	<i>Platygastrinae</i>	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
A0A195AUX8	Protein disconnected	140,559	100%	<i>Atta colombica</i>	-	-	nucleic acid binding [GO:0003676]
A0A195AXS2	Uncharacterized protein	13,682	100%	<i>Atta colombica</i>	-	-	-
A0A151HYV5	Nuclear factor	160,338	100%	<i>Atta colombica</i>	-	ho80 complex [GO:0031011]	-
A0A151I1B5	Putative dihydroxyacetone kinase	27,836	100%	<i>Atta colombica</i>	glycerol metabolic process [GO:0006071]	-	glycerone kinase activity [GO:0004371]
A0A151I239	Titin	2,379,369	100%	<i>Atta colombica</i>	-	-	-
A0A195BBD0	Uncharacterized protein	122,030	100%	<i>Atta colombica</i>	-	-	-
A0A195BED6	Uncharacterized protein	33,147	100%	<i>Atta colombica</i>	-	-	nucleic acid binding [GO:0003676]
A0A195BF00	Tetratricopeptide repeat protein 28	224,518	100%	<i>Atta colombica</i>	regulation of mitotic cell cycle [GO:0007346]	centrosome [GO:0005813]	-
A0A195BHF2	Aminopeptidase N	474,442	100%	<i>Atta colombica</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	aminopeptidase activity [GO:0004177]
A0A195BKA7	Exocyst complex component 5	82,985	100%	<i>Atta colombica</i>	exocytosis [GO:0006887]	exocyst [GO:0000145]	-
A0A195BND5	Hydroxysteroid dehydrogenase-like protein 2	44,493	100%	<i>Atta colombica</i>	-	-	-
A0A195BPV0	Uncharacterized protein	13,847	100%	<i>Atta colombica</i>	-	-	-
A0A195BU08	UDP-glucose:glycoprotein glucosyltransferase	226,208	100%	<i>Atta colombica</i>	protein glycosylation [GO:0006486]	integral component of membrane [GO:0016021]	cation transmembrane transporter activity [GO:0008324]
A0A195BYQ1	Uncharacterized protein	155,340	100%	<i>Atta colombica</i>	-	-	-
A0A195C3R9	Oxidation resistance protein 1	117,502	100%	<i>Cyphomyrmex costatus</i>	-	-	-
A0A195C757	Uncharacterized protein	248,204	100%	<i>Cyphomyrmex costatus</i>	-	-	-
A0A151IEY5	Uncharacterized protein	175,826	100%	<i>Cyphomyrmex costatus</i>	-	-	-
A0A195CK31	Dynein beta chain, ciliary	530,287	100%	<i>Cyphomyrmex costatus</i>	microtubule-based movement [GO:0007018]	dynein complex [GO:0030286]	ATPase activity [GO:0016887]
A0A195CP05	Nesprin-1	924,435	100%	<i>Cyphomyrmex costatus</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A195CQ4	Uncharacterized protein	56,186	100%	<i>Cyphomyrmex costatus</i>	-	-	-

A0A195CV17	Puratrophin-1	90,779	100%	<i>Cyphomyrmex costatus</i>	regulation of Rho protein signal transduction [GO:0035023]	-	Rho guanyl-nucleotide exchange factor activity [GO:0005089]
A0A151IK45	Fibrillin-2	1,509,571	100%	<i>Cyphomyrmex costatus</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	calcium ion binding [GO:0005509]
A0A195D1M3	Bestrophin homolog	79,270	100%	<i>Cyphomyrmex costatus</i>	-	chloride channel complex [GO:0034707]	chloride channel activity [GO:0005254]
A0A151IP08	Uncharacterized protein	42,483	100%	<i>Cyphomyrmex costatus</i>	-	-	-
A0A195D530	Uncharacterized protein	33,226	100%	<i>Cyphomyrmex costatus</i>	-	-	-
A0A151IQ80	Uncharacterized protein	34,578	100%	<i>Cyphomyrmex costatus</i>	-	-	nucleic acid binding [GO:0003676]
A0A151IQ4	Uncharacterized protein	8,752	100%	<i>Cyphomyrmex costatus</i>	-	-	-
A0A151IU93	Uncharacterized protein	155,119	100%	<i>Trachymyrmex cornetzi</i>	-	-	-
A0A195DIX2	Uncharacterized protein	146,256	100%	<i>Trachymyrmex cornetzi</i>	-	-	-
A0A195DHZ9	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 5	57,003	100%	<i>Trachymyrmex cornetzi</i>	proteasome assembly [GO:0043248]	proteasome complex [GO:0000502]	-
A0A151YA1	Uncharacterized protein	45,765	100%	<i>Trachymyrmex cornetzi</i>	-	-	-
A0A151ZC2	Fatty acid synthase	268,989	100%	<i>Trachymyrmex cornetzi</i>	biosynthetic process [GO:0009058]	-	hydrolase activity, acting on ester bonds [GO:0016788]
A0A151J1Y5	Calumenin-B	40,011	100%	<i>Trachymyrmex cornetzi</i>	-	-	calcium ion binding [GO:0005509]
A0A151J5F6	Uncharacterized protein	24,253	100%	<i>Trachymyrmex cornetzi</i>	-	-	-
A0A195E3Y7	Uncharacterized protein	12,846	100%	<i>Trachymyrmex cornetzi</i>	-	-	-
A0A195E595	Protein Hook like protein	80,718	100%	<i>Trachymyrmex cornetzi</i>	-	-	-
A0A195ECK8	Neither inactivation nor afterpotential protein G	62,611	100%	<i>Trachymyrmex cornetzi</i>	-	-	flavin adenine dinucleotide binding [GO:0050660]
A0A195EP01	Uncharacterized protein	15,834	100%	<i>Trachymyrmex cornetzi</i>	-	-	-
A0A151JSV0	Uncharacterized protein	92,347	100%	<i>Trachymyrmex septentrionalis</i>	DNA replication [GO:0006260]	-	3'-5' exonuclease activity [GO:0008408]
A0A195ES12	Uncharacterized protein	82,846	100%	<i>Trachymyrmex septentrionalis</i>	-	-	-
A0A195EXJ7	Cadherin-87A	191,253	100%	<i>Trachymyrmex septentrionalis</i>	homophilic cell adhesion via plasma membrane adhesion molecules [GO:0007156]	integral component of membrane [GO:0016021]	calcium ion binding [GO:0005509]
A0A195EZ56	Protein QN1 like protein	166,794	100%	<i>Trachymyrmex septentrionalis</i>	-	-	-
A0A195F2T5	Inhibin beta A chain	45,151	100%	<i>Trachymyrmex septentrionalis</i>	-	extracellular region [GO:0005576]	growth factor activity [GO:0008083]
A0A195F4N7	Vacuolar protein sorting-associated protein 52 like protein	85,739	100%	<i>Trachymyrmex septentrionalis</i>	-	-	-
A0A195F5Z1	Stress-activated protein kinase JNK	52,964	100%	<i>Trachymyrmex septentrionalis</i>	-	intracellular [GO:0005622]	ATP binding [GO:0005524]
A0A195F8D9	DmX-like protein 2	354,389	100%	<i>Trachymyrmex septentrionalis</i>	-	-	-
A0A151JW08	Cysteine sulfinic acid decarboxylase	61,912	100%	<i>Trachymyrmex septentrionalis</i>	carboxylic acid metabolic process [GO:0019752]	-	carboxy-lyase activity [GO:0016831]

A0A195FEA0	Exosome complex exonuclease RRP4	33,525	100%	<i>Trachymyrmex septentrionalis</i>	-	exosome (RNase complex) [GO:0000178]	exonuclease activity [GO:0004527]
A0A195FGR5	GTP-binding protein 2	66,362	100%	<i>Trachymyrmex septentrionalis</i>	-	-	GTPase activity [GO:0003924]
A0A195FID9	Sodium channel protein Nach	67,787	100%	<i>Trachymyrmex septentrionalis</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	sodium channel activity [GO:0005272]
A0A151JZG7	Uncharacterized protein	14,246	100%	<i>Trachymyrmex septentrionalis</i>	-	-	-
A0A195FQP8	Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 61F	88,183	100%	<i>Trachymyrmex septentrionalis</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	protein tyrosine phosphatase activity [GO:0004725]
A0A151WI23	Inositol-3-phosphate synthase 1-A	57,820	100%	<i>Trachymyrmex zeteki</i>	inositol biosynthetic process [GO:0006021]	-	inositol-3-phosphate synthase activity [GO:0004512]
A0A151WU00	Vitellogenin-1	391,588	100%	<i>Trachymyrmex zeteki</i>	-	-	lipid transporter activity [GO:0005319]
A0A151WUG9	Alpha-1,3-mannosyltransferase ALG2	46,139	100%	<i>Trachymyrmex zeteki</i>	-	-	transferase activity, transferring glycosyl groups [GO:0016757]
A0A151WYG8	Uncharacterized protein	12,492	100%	<i>Trachymyrmex zeteki</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A151X1P7	Thyroglobulin	142,637	100%	<i>Trachymyrmex zeteki</i>	-	extracellular region [GO:0005576]	serine-type endopeptidase inhibitor activity [GO:0004867]
A0A151X4F2	Uncharacterized protein	217,842	100%	<i>Trachymyrmex zeteki</i>	-	nuclear pore [GO:0005643]	-
A0A151X4N9	Uncharacterized protein	26,325	100%	<i>Trachymyrmex zeteki</i>	-	-	-
A0A151X5C2	Insulin-like growth factor-binding protein complex acid labile subunit	100,400	100%	<i>Trachymyrmex zeteki</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A151XC30	Uncharacterized protein	49,935	100%	<i>Trachymyrmex zeteki</i>	-	-	-
A0A151XGN0	Elongation factor Tu GTP-binding domain-containing protein 1	118,937	100%	<i>Trachymyrmex zeteki</i>	-	-	GTPase activity [GO:0003924]
A0A151XH2	Gustatory receptor	47,281	100%	<i>Trachymyrmex zeteki</i>	sensory perception of taste [GO:0050909]	integral component of membrane [GO:0016021]	signal transducer activity [GO:0004871]
A0A151XIM4	DNA-dependent protein kinase catalytic subunit	125,579	100%	<i>Trachymyrmex zeteki</i>	-	-	kinase activity [GO:0016301]
A0A154P7U5	Uncharacterized protein	6,174	100%	<i>Dufourea novaeangliae</i>	-	-	-
A0A154P9K2	Octopamine receptor beta-2R	62,853	100%	<i>Dufourea novaeangliae</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	G-protein coupled receptor activity [GO:0004930]
A0A154P9G5	HEAT repeat-containing protein 6	86,067	100%	<i>Dufourea novaeangliae</i>	-	-	-
A0A154PAH4	Uncharacterized protein	54,391	100%	<i>Dufourea novaeangliae</i>	-	-	N-acetyltransferase activity [GO:0008080]
A0A154PBE0	ATP-dependent RNA helicase DHX8	133,054	100%	<i>Dufourea novaeangliae</i>	-	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A154PDL8	Heparin sulfate O-sulfotransferase	37,700	100%	<i>Dufourea novaeangliae</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	sulfotransferase activity [GO:0008146]
A0A154PCA2	Decaprenyl-diphosphate synthase subunit 2	45,963	100%	<i>Dufourea novaeangliae</i>	isoprenoid biosynthetic process [GO:0008299]	-	transferase activity [GO:0016740]

A0A154PD11	Sphingomyelin phosphodiesterase 4	89,440	100%	<i>Dufourea novaeangliae</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	sphingomyelin phosphodiesterase D activity [GO:0050290]
A0A154PD91	Protein pangolin, isoform J	108,011	100%	<i>Dufourea novaeangliae</i>	Wnt signaling pathway [GO:0016055]	nucleus [GO:0005634]	DNA binding [GO:0003677]
A0A154PIG5	Zinc finger protein 84	103,265	100%	<i>Dufourea novaeangliae</i>	-	-	nucleic acid binding [GO:0003676]
A0A154PLH2	Vacuolar protein sorting-associated protein 13A	314,011	100%	<i>Dufourea novaeangliae</i>	-	-	-
A0A159XTF1	Cytochrome c oxidase subunit 1 (EC 1.9.3.1)	22,839	100%	<i>Diapriidae</i>	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
A0A159XUI8	Cytochrome c oxidase subunit 1 (EC 1.9.3.1)	21,744	100%	<i>Ichneumoninae</i>	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
A0A159Y7K9	Cytochrome c oxidase subunit 1 (EC 1.9.3.1)	20,499	100%	<i>Ectemnius</i>	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
A0A159YF79	Cytochrome c oxidase subunit 1 (EC 1.9.3.1)	20,753	100%	<i>Megaspilidae</i>	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
A0A159YH66	Cytochrome c oxidase subunit 1 (EC 1.9.3.1)	20,260	100%	<i>Gonatocerus</i>	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
A0A088A6G2	Uncharacterized protein	60,201	100%	<i>Apis mellifera</i>	-	-	-
K7JB45	Uncharacterized protein	36,822	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	RNA binding [GO:0003723]
K7J679	Uncharacterized protein	49,638	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-
V9I9N3	Protein boule	89,512	100%	<i>Apis cerana</i>	-	-	RNA binding [GO:0003723]
A0JCU6	Uncharacterized protein	24,053	100%	<i>Glyptapanteles indiensis</i>	-	-	-
K7IX86	Succinate--CoA ligase [GDP-forming] subunit beta, mitochondrial (EC 6.2.1.4)	48,196	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	succinyl-CoA metabolic process [GO:0006104]	mitochondrion [GO:0005739]	ATP binding [GO:0005524]
K7ITI7	Odorant receptor	45,139	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	odorant binding [GO:0005549]
D3XER2	Cytochrome oxidase subunit I	30,979	100%	<i>Ceratina azurea</i>	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
D4P2Y4	Venom allergen 5.2 (Antigen 5)	15,747	100%	<i>Polybia paulista</i>	-	extracellular region [GO:0005576]	-
D9MZC6	Complementary sex determiner	17,334	100%	<i>Apis mellifera</i>	-	-	-
E2AZR0	Centaurin-delta-1	138,577	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	signal transduction [GO:0007165]	-	GTPase activator activity [GO:0005096]
E2AUN4	Fatty acid synthase	131,806	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	metabolic process [GO:0008152]	-	catalytic activity [GO:0003824]
E2AT39	GTP-binding protein 1	70,006	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	-	-	GTPase activity [GO:0003924]
E2AP45	Dynein heavy chain 3, axonemal	469,712	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	microtubule-based movement [GO:0007018]	dynein complex [GO:0030286]	microtubule motor activity [GO:0003777]
E2ANR8	Testis-expressed protein 14	107,505	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	-	-	ATP binding [GO:0005524]
E2ANR1	Protein Jumonji	209,609	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	-	nucleus [GO:0005634]	DNA binding [GO:0003677]

E2AMT6	Nesprin-1	921,444	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	-	-	actin binding [GO:0003779]
E2AM50	Disks large 1 tumor suppressor protein	56,710	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	-	-	-
E2AL68	Putative sodium-coupled neutral amino acid transporter 10	112,113	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
E2AAR3	ATP-binding cassette sub-family G member 4	62,573	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	ATPase activity [GO:0016887]
E2A9R4	Trophoblast glycoprotein	101,269	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	transmembrane transport [GO:0055085]	integral component of membrane [GO:0016021]	-
E2A762	DNA topoisomerase (EC 5.99.1.2)	95,675	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	DNA topological change [GO:0006265]	-	DNA binding [GO:0003677]
E2A298	Lysosome membrane protein 2	38,202	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
E2A0Z1	Uncharacterized protein	27,842	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	-	-	-
E1ZV01	Vacuolar protein sorting-associated protein 13A	369,515	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	-	-	-
E2C9C4	Uncharacterized protein	44,330	100%	<i>Harpegnathos saltator</i>	-	-	-
E2C7A4	Cytoplasmic dynein 2 heavy chain 1	451,839	100%	<i>Harpegnathos saltator</i>	DNA replication [GO:0006260]	dynein complex [GO:0030286]	ATPase activity [GO:0016887]
E2C4P8	Transmembrane BAX inhibitor motif-containing protein 4	27,994	100%	<i>Harpegnathos saltator</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
E2C317	Uncharacterized protein	37,803	100%	<i>Harpegnathos saltator</i>	-	-	-
E2BZQ8	Uncharacterized protein	48,421	100%	<i>Harpegnathos saltator</i>	-	-	-
E2BX47	Probable tRNA N6-adenosine threonylcarbamoyltransferase, mitochondrial (EC 2.3.1.234)	47,969	100%	<i>Harpegnathos saltator</i>	tRNA threonylcarbamoyltransferase modification [GO:0002949]	mitochondrion [GO:0005739]	metal ion binding [GO:0046872]
E2BUV3	Myelin transcription factor 1-like protein	181,951	100%	<i>Harpegnathos saltator</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	transcription factor activity, sequence-specific DNA binding [GO:0003700]
E2BQ65	Uncharacterized protein	33,548	100%	<i>Harpegnathos saltator</i>	-	-	-
E2BNH5	Crossover junction endonuclease EME1	51,886	100%	<i>Harpegnathos saltator</i>	DNA repair [GO:0006281]	Holliday junction resolvase complex [GO:0048476]	DNA binding [GO:0003677]
E2BI78	Centromeric protein E	300,936	100%	<i>Harpegnathos saltator</i>	attachment of mitotic spindle microtubules to kinetochore [GO:0051315]	cell [GO:0005623]	ATP binding [GO:0005524]
E2B8W9	DNA repair protein RAD50	159,999	100%	<i>Harpegnathos saltator</i>	DNA repair [GO:0006281]	Mre11 complex [GO:0030870]	ATPase activity [GO:0016887]
E2B400	Limbic system-associated membrane protein	49,739	100%	<i>Harpegnathos saltator</i>	-	-	-
E2B2L2	Protein transport protein Sec31A	141,230	100%	<i>Harpegnathos saltator</i>	-	-	-
E2RVB1	Cytochrome c oxidase subunit 1 (EC 1.9.3.1)	31,954	100%	<i>Blastophaga nipponica</i>	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
E9JCX9	Uncharacterized protein	351,465	100%	<i>Solenopsis invicta</i>	lipid transport [GO:0006869]	extracellular region [GO:0005576]	lipid binding [GO:0008289]

E9J8P0	Uncharacterized protein	42,275	100%	<i>Solenopsis invicta</i>	-	-	-
E9J8I9	Uncharacterized protein	67,233	100%	<i>Solenopsis invicta</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	GTPase activity [GO:0003924]
E9J1K3	Uncharacterized protein	241,864	100%	<i>Solenopsis invicta</i>	-	-	-
E9IR82	Uncharacterized protein	97,249	100%	<i>Solenopsis invicta</i>	-	-	-
E9IR76	Uncharacterized protein	95,578	100%	<i>Solenopsis invicta</i>	cyclic nucleotide biosynthetic process [GO:0009190]	integral component of membrane [GO:0016021]	nucleotide binding [GO:0000166]
E9IQA5	Uncharacterized protein	103,003	100%	<i>Solenopsis invicta</i>	ubiquitin-dependent protein catabolic process [GO:0006511]	-	ubiquitin protein ligase activity [GO:0061630]
E9IPM6	Uncharacterized protein	146,206	100%	<i>Solenopsis invicta</i>	-	-	-
E9IEB0	Uncharacterized protein	50,267	100%	<i>Solenopsis invicta</i>	protein folding [GO:0006457]	-	unfolded protein binding [GO:0051082]
A0A088A3X0	Uncharacterized protein	190,971	100%	<i>Apis mellifera</i>	-	basement membrane [GO:0005604]	extracellular matrix structural constituent [GO:0005201]
A0A087ZUF5	Uncharacterized protein	48,326	100%	<i>Apis mellifera</i>	lipid metabolic process [GO:0006629]	-	lipase activity [GO:0016298]
A0A088ASY1	Uncharacterized protein	56,789	100%	<i>Apis mellifera</i>	-	-	-
F4WWS8	Uncharacterized protein	42,216	100%	<i>Acromyrmex echinator</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
F4WVC8	E3 ubiquitin-protein ligase	96,054	100%	<i>Acromyrmex echinator</i>	-	-	ligase activity [GO:0016874]
F4WQ47	Ubiquitin	59,878	100%	<i>Acromyrmex echinator</i>	-	-	-
F4WNF5	Protein Tube	22,669	100%	<i>Acromyrmex echinator</i>	-	-	-
F4WH62	Uncharacterized protein	18,482	100%	<i>Acromyrmex echinator</i>	-	-	-
F4WGC7	Uncharacterized protein	57,961	100%	<i>Acromyrmex echinator</i>	-	-	-
F4WE67	Uncharacterized protein	115,878	100%	<i>Acromyrmex echinator</i>	-	-	-
F4W7U0	Uncharacterized protein	257,012	100%	<i>Acromyrmex echinator</i>	-	-	protein dimerization activity [GO:0046983]
F4W7I3	X-linked retinitis pigmentosa GTPase regulator-like protein	337,271	100%	<i>Acromyrmex echinator</i>	-	-	calcium ion binding [GO:0005509]
F4W792	Uncharacterized protein	35,323	100%	<i>Acromyrmex echinator</i>	-	-	-
F4W629	Aminopeptidase N	285,659	100%	<i>Acromyrmex echinator</i>	-	-	aminopeptidase activity [GO:0004177]
G8HRS2	Long wavelength rhodopsin	17,544	100%	<i>Ephedrus helleni</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	G-protein coupled receptor activity [GO:0004930]
G9FU79	Cytochrome c oxidase subunit 1 (EC 1.9.3.1)	33,583	100%	<i>Heterospilus</i>	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
V9IU27	RaBP1-associated Eps domain-containing protein 2	55,760	100%	<i>Apis cerana</i>	-	-	calcium ion binding [GO:0005509]
K9MG32	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit alpha (EC 3.6.3.-)	53,688	100%	<i>Seladonia tripartita</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	ATP binding [GO:0005524]
L7PJM2	Cytochrome c oxidase subunit 1 (EC 1.9.3.1)	24,294	100%	<i>Lissonota coracina</i>	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]

L7PLN0	Cytochrome c oxidase subunit 1 (EC 1.9.3.1)	24,021	100%	<i>Alysiinae</i>	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
L7PQF0	Cytochrome c oxidase subunit 1 (EC 1.9.3.1)	24,082	100%	<i>Pantisarthrus</i>	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
R4JNE9	Cytochrome oxidase subunit II	9,782	100%	<i>Stilbula quinqueguttata</i>	-	membrane [GO:0016020]	copper ion binding [GO:0005507]
R4RPP7	Carbomoylphosphate synthase	54,668	100%	<i>Platythyrea lamellosa</i>	nitrogen compound metabolic process [GO:0006807]	-	ATP binding [GO:0005524]
Q4KWT9	Cytochrome oxidase subunit I	13,939	100%	<i>Disorygma pacifica</i>	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
A0A088A3J4	Uncharacterized protein	68,989	100%	<i>Apis mellifera</i>	-	-	-
A0A088ALH7	Uncharacterized protein	15,573	100%	<i>Apis mellifera</i>	-	-	-
A0A026VUY6	Uncharacterized protein	357,905	100%	<i>Cerapachys biroi</i>	-	-	nucleic acid binding [GO:0003676]
A0A026VVQ4	Laminin subunit alpha-2	89,405	100%	<i>Cerapachys biroi</i>	lipid transport [GO:0006869]	extracellular region [GO:0005576]	lipid binding [GO:0008289]
A0A026VXL7	Fatty acid synthase	227,491	100%	<i>Cerapachys biroi</i>	-	-	oxidoreductase activity [GO:0016491]
A0A026W1K0	Odorant receptor	45,349	100%	<i>Cerapachys biroi</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	odorant binding [GO:0005549]
A0A026W000	Alpha-tocopherol transfer protein-like protein	81,761	100%	<i>Cerapachys biroi</i>	-	intracellular [GO:0005622]	transporter activity [GO:0005215]
A0A026W3N3	Spectrin alpha chain	278,592	100%	<i>Cerapachys biroi</i>	-	-	calcium ion binding [GO:0005509]
A0A026W774	Protein NLRC5	104,725	100%	<i>Cerapachys biroi</i>	-	-	-
A0A026WEJ1	Zinc transporter	57,990	100%	<i>Cerapachys biroi</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	cation transmembrane transporter activity [GO:0008324]
A0A026WIG9	Putative lysine-specific demethylase 4B	178,093	100%	<i>Cerapachys biroi</i>	-	nucleus [GO:0005634]	metal ion binding [GO:0046872]
A0A026WNC6	Cytochrome P450 9e2	132,964	100%	<i>Cerapachys biroi</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	heme binding [GO:0020037]
A0A026X1S9	WD repeat-containing protein	124,475	100%	<i>Cerapachys biroi</i>	-	-	-
A0A0U1WEH3	NADH-ubiquinone oxidoreductase chain 1 (EC 1.6.5.3)	38,069	100%	<i>Paroligoneurus</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	NADH dehydrogenase (ubiquinone) activity [GO:0008137]
K7IY67	Uncharacterized protein	17,936	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-
K7JX26	Uncharacterized protein	77,654	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-
Q4PP86	Putative acyl-CoA dehydrogenase	30,728	100%	<i>Lysiphlebus testaceipes</i>	-	-	acyl-CoA dehydrogenase activity [GO:0003995]
A0A088FC94	Carbomoylphosphate synthase	35,155	100%	<i>Epopostruma monstrosa</i>	nitrogen compound metabolic process [GO:0006807]	-	ATP binding [GO:0005524]

A0A0C4MN67	Cytochrome c oxidase subunit 1 (EC 1.9.3.1)	22,373	100%	<i>Colletes impunctatus</i>	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
A0A097IBG8	Cytochrome c oxidase subunit 1 (EC 1.9.3.1)	19,161	100%	<i>Microgastrinae</i>	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
Q0ZUE1	Long-wavelength rhodopsin	23,700	100%	<i>Eucerceris tricolor</i>	phototransduction [GO:0007602]	integral component of membrane [GO:0016021]	G-protein coupled receptor activity [GO:0004930]
A0A0U1YPP7	Arginine kinase	13,385	100%	<i>Polyrhachis abbreviata</i>	-	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A158NBD0	Uncharacterized protein	23,052	100%	<i>Atta cephalotes</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A158P207	Uncharacterized protein	142,540	100%	<i>Atta cephalotes</i>	transport [GO:0006810]	intracellular [GO:0005622]	metal ion binding [GO:0046872]
A0A158NEN0	Uncharacterized protein	348,981	100%	<i>Atta cephalotes</i>	chemical synaptic transmission [GO:0007268]	intracellular [GO:0005622]	diacylglycerol binding [GO:0019992]
A0A158NGM4	Uncharacterized protein	34,810	100%	<i>Atta cephalotes</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A158NW50	Uncharacterized protein	27,893	100%	<i>Atta cephalotes</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A0J7MXZ4	Glutathione s-transferase	21,994	100%	<i>Lasius niger</i>	-	-	transferase activity [GO:0016740]
A0A0J7K6K1	Uncharacterized protein	8,221	100%	<i>Lasius niger</i>	-	-	-
A0A0J7KJ4	Gag pol polyprotein	210,791	100%	<i>Lasius niger</i>	DNA integration [GO:0015074]	-	nucleic acid binding [GO:0003676]
A0A0J7KUE2	Vesicle-fusing atpase 1-like protein	74,921	100%	<i>Lasius niger</i>	-	-	ATP binding [GO:0005524]
A0A0J7KZ80	Ribosomal rna methyltransferase	27,617	100%	<i>Lasius niger</i>	RNA methylation [GO:0001510]	-	methyltransferase activity [GO:0008168]
A0A0J7L1Y9	Abnormal spindle-like microcephaly-associated protein	14,860	100%	<i>Lasius niger</i>	binding of sperm to zona pellucida [GO:0007339]	membrane [GO:0016020]	-
A0A0J7NW56	Lim homeobox protein aw h-like protein	18,329	100%	<i>Lasius niger</i>	-	-	DNA binding [GO:0003677]
A0A0J7L7Q1	Mevalonate kinase (MK) (EC 2.7.1.36)	43,730	100%	<i>Lasius niger</i>	isopentenyl diphosphate biosynthetic process, mevalonate pathway [GO:0019287]	cytoplasm [GO:0005737]	ATP binding [GO:0005524]
A0A0J7LAV6	Protein sickle-like protein	173,128	100%	<i>Lasius niger</i>	-	-	-
Q1PLX3	Cytochrome c oxidase subunit 1 (EC 1.9.3.1)	38,271	100%	<i>Acropyga epedana</i>	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
A0A0M3N4K9	Cytochrome c oxidase subunit 1 (EC 1.9.3.1)	22,358	100%	<i>Hymenoptera sp.</i>	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
A0A0M3XBA0	Cytochrome c oxidase subunit 1 (EC 1.9.3.1)	21,653	100%	<i>Scambus sp.</i>	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
A0A0L7QSS3	Uncharacterized protein	94,593	100%	<i>Habropoda laboriosa</i>	-	-	-
A0A0L7QST6	Uncharacterized protein	105,269	100%	<i>Habropoda laboriosa</i>	-	-	-
A0A0L7QT13	Death domain-containing adapter protein BG4	29,222	100%	<i>Habropoda laboriosa</i>	signal transduction [GO:0007165]	-	-

A0A0L7R3W7	Uncharacterized protein	43,928	100%	<i>Habropoda laboriosa</i>	-	-	-
A0A0L7R637	Hermansky-Pudlak syndrome 5 protein like protein	94,106	100%	<i>Habropoda laboriosa</i>	-	-	-
A0A0L7R7D2	Low-density lipoprotein receptor-related protein 5	184,048	100%	<i>Habropoda laboriosa</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A0L7RCB9	Neutral ceramidase	38,445	100%	<i>Habropoda laboriosa</i>	-	-	-
A0A0L7RGT4	Cleft lip and palate transmembrane protein 1 like protein	75,830	100%	<i>Habropoda laboriosa</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A0L7RJA1	40S ribosomal protein S21	9,238	100%	<i>Habropoda laboriosa</i>	translation [GO:0006412]	ribosome [GO:0005840]	structural constituent of ribosome [GO:0003735]
A0A0L7RJ76	RING finger protein 44	75,292	100%	<i>Habropoda laboriosa</i>	-	-	-
A0A0M8ZPB5	Cubilin	421,223	100%	<i>Melipona quadrifasciata</i>	-	-	calcium ion binding [GO:0005509]
A0A0M8ZP68	Brain-specific angiogenesis inhibitor 1-associated protein 2	160,761	100%	<i>Melipona quadrifasciata</i>	plasma membrane organization [GO:0007009]	-	-
A0A0N0BD08	Uncharacterized protein	15,158	100%	<i>Melipona quadrifasciata</i>	-	-	-
A0A0N0BE63	Uncharacterized protein	32,782	100%	<i>Melipona quadrifasciata</i>	-	-	-
A0A0M8ZCY2	Focal adhesion kinase 1	217,995	100%	<i>Melipona quadrifasciata</i>	signal complex assembly [GO:0007172]	cytoskeleton [GO:0005856]	ATP binding [GO:0005524]
A0A0N0BEX5	Uncharacterized protein	37,379	100%	<i>Melipona quadrifasciata</i>	-	-	-
A0A0N0U501	Uncharacterized protein	6,342	100%	<i>Melipona quadrifasciata</i>	-	-	-
A0A0N0U569	PDZ domain-containing protein 2	142,320	100%	<i>Melipona quadrifasciata</i>	-	-	-
A0A0N0BHD2	Uncharacterized protein	114,339	100%	<i>Melipona quadrifasciata</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	G-protein coupled receptor activity [GO:0004930]
A0A0M9A3K7	T-complex protein 1 subunit theta	59,391	100%	<i>Melipona quadrifasciata</i>	protein folding [GO:0006457]	cytoplasm [GO:0005737]	ATP binding [GO:0005524]
A0A0M9A4D3	Uncharacterized protein	101,985	100%	<i>Melipona quadrifasciata</i>	-	-	-
A0A0N0BK48	Uncharacterized protein	27,873	100%	<i>Melipona quadrifasciata</i>	-	-	-
A0A0M9AD14	Uncharacterized protein	204,855	100%	<i>Melipona quadrifasciata</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	-
A0A0M9ADW9	Rho guanine nucleotide exchange factor 10	149,252	100%	<i>Melipona quadrifasciata</i>	regulation of Rho protein signal transduction [GO:0035023]	-	Rho guanyl-nucleotide exchange factor activity [GO:0005089]
A0A0U3B420	Peptidoglycan-recognition protein	22,775	100%	<i>Cotesia vestalis</i>	innate immune response [GO:0045087]	-	N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase activity [GO:0008745]
A0A161FHB2	Cytochrome c oxidase subunit 1 (EC 1.9.3.1)	20,421	100%	<i>Platygastridae</i>	aerobic respiration [GO:0009060]	integral component of membrane [GO:0016021]	cytochrome-c oxidase activity [GO:0004129]
A0A195CNT2	MAP/microtubule affinity-regulating kinase 3	58,152	100%	<i>Cyphomyrmex costatus</i>	-	-	ATP binding [GO:0005524]
Q7Z156	Venom allergen 5	23,209	100%	<i>Polybia scutellaris rioplatensis</i>	-	extracellular region [GO:0005576]	-
A0A158NHX2	Uncharacterized protein	286,842	100%	<i>Atta cephalotes</i>	-	LUBAC complex [GO:0071797]	ubiquitin-protein transferase activity [GO:0004842]

E2C1E8	Uncharacterized protein	8,220	100%	<i>Harpegnathos saltator</i>	-	-	-
E0AD89	Hyaluronidase (EC 3.2.1.35)	40,482	100%	<i>Polybia paulista</i>	carbohydrate metabolic process [GO:0005975]	-	hyaluronoglucosaminidase activity [GO:0004415]
A0A0L7QQK2	Heparan-alpha-glucosaminide N-acetyltransferase	64,477	100%	<i>Habropoda laboriosa</i>	-	integral component of membrane [GO:0016021]	transferase activity [GO:0016740]
A0A0J7KAX5	Wd repeat-containing protein 23	49,286	100%	<i>Lasius niger</i>	-	-	-
F4WJ99	FACT complex subunit SSRP1	82,322	100%	<i>Acromyrmex echinator</i>	DNA repair [GO:0006281]	chromosome [GO:0005694]	DNA binding [GO:0003677]
A0A026W2L7	Prostaglandin E synthase	47,330	100%	<i>Cerapachys biroi</i>	cell redox homeostasis [GO:0045454]	cell [GO:0005623]	electron carrier activity [GO:0009055]
A0A0C9QPA2	Lats1 protein	78,595	100%	<i>Fopius arisanus</i>	-	ATP binding [GO:0005524]	-
A0A0C9RGS9	ASPG_3 protein	38,009	100%	<i>Fopius arisanus</i>	-	hydrolase activity [GO:0016787]	-
A0A0C9RIY7	MYH2_2 protein (MYH2_3 protein)	253,523	100%	<i>Fopius arisanus</i>	-	-	-
A0A0C9RF68	ITR_1 protein	45,132	100%	<i>Fopius arisanus</i>	integral component of membrane [GO:0016021]	vasopressin receptor activity [GO:0005000]	-
A0A0C9R9D6	VP3 protein	16,956	100%	<i>Fopius arisanus</i>	-	lipid transporter activity [GO:0005319]	-
A0A0C9RR12	Glo1_1 protein	20,981	100%	<i>Fopius arisanus</i>	-	lactoylglutathione lyase activity [GO:0004462]	-
A0A0C9RTQ2	Stk16_0 protein	35,421	100%	<i>Fopius arisanus</i>	-	ATP binding [GO:0005524]	-
A0A0C9RFL3	UBE3A protein	97,017	100%	<i>Fopius arisanus</i>	-	ubiquitin-protein transferase activity [GO:0004842]	-
A0A0C9RUS2	Gld_10 protein	63,202	100%	<i>Fopius arisanus</i>	-	flavin adenine dinucleotide binding [GO:0050660]	-
A0A0C9RIP1	Rrbp1_1 protein	104,632	100%	<i>Fopius arisanus</i>	integral component of membrane [GO:0016021]	-	-
R9QMT4	Thioredoxin peroxidase 3	27,133	100%	<i>Apis cerana cerana</i>	cell redox homeostasis [GO:0045454]	peroxidase activity [GO:0004601]	-
A0A0C9QJA9	PLEKHA7_0 protein (Fragment)	143,455	100%	<i>Fopius arisanus</i>	-	-	-
A0A0C9PIC9	ORF c20795_g4_i3lg.24787 c20795_g4_i3lm.24787 type:5prime partial len:784 (-) protein	89,982	100%	<i>Fopius arisanus</i>	-	-	-
A0A0C9R1X3	STX1B protein	34,527	100%	<i>Fopius arisanus</i>	integral component of membrane [GO:0016021]	SNARE binding [GO:0000149]	-
A0A0C9QFQ2	ATM_1 protein	311,523	100%	<i>Fopius arisanus</i>	-	ATP binding [GO:0005524]	-
A0A0C9QLI2	Sv2b_10 protein	59,732	100%	<i>Fopius arisanus</i>	integral component of membrane [GO:0016021]	transmembrane transporter activity [GO:0022857]	-
A0A088AVQ1	Uncharacterized protein	30,713	100%	<i>Apis mellifera</i>	membrane [GO:0016020]	GTPase activity [GO:0003924]	-

UPI000614A5AB	LOW QUALITY PROTEIN: uncharacterized protein LOC100878582	2971	100%	<i>Megachile rotundata</i>	-	-	-
UPI000771E0FC	uncharacterized protein LOC107265201	2800	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI00077189D4	thymidylate kinase isoformX1	218	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI000771961F	protein SZT2-like isoformX2	3339	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI000771D39F	probable serine/threonine-protein kinase mkcC isoformX3	1294	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI000771D5FC	protein dachsous	3317	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI000771C9A3	glucose dehydrogenase [FAD, quinone]-like	609	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI0007719A47	uncharacterized protein LOC107263139 isoformX1	1269	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI000771E2AE	nucleoporin NUP188 homolog	1878	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI000771BE48	uncharacterized protein LOC107263255 isoformX2	1899	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI000771DB01	fat-like cadherin-related tumor suppressor homolog isoformX1	4782	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI0007719E06	ras-responsive element-binding protein 1-like isoformX1	1708	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI000771D09C	intersectin-1 isoformX13	1859	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI000771B6CA	glutamyl aminopeptidase-like isoform X1	987	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI000771CD99	uncharacterized protein LOC107265507 isoformX2	2261	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI0007719855	uncharacterized protein LOC107267292 isoformX2	1025	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI000771C4AC	probable trans-2-enoyl-CoA reductase, mitochondrial	369	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI0007719E9F	WD repeat-containing protein 78	745	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI000771D114	rho GTPase-activating protein 26 isoformX2	792	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI00077196D7	serine/threonine-protein kinase unc- 51 isoformX1	752	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI000771976C	axonemal dynein light intermediate polypeptide 1	254	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI000771C316	fatty acyl-CoA reductase 1-like	517	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI000771C3BB	mitochondrial ornithine transporter 1	312	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI000771AA54	neprilysin-1 isoformX5	806	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI000771A358	mitogen-activated protein kinase kinase kinase 12 isoformX1	902	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI000771CE4A	uncharacterized protein LOC107273416 isoformX1	854	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-

UPI000771BE04	verprolin-like	1048	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI000771C285	uncharacterized protein LOC107274348	857	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI0007D88692	putative aminopeptidase YsdC	275	100%	<i>Apis mellifera</i>	-	-	-
UPI0007D890B5	uncharacterized protein LOC551647 isoformX3	1177	100%	<i>Apis mellifera</i>	-	-	-
UPI0007D89377	uncharacterized protein LOC727223 isoformX3	1780	100%	<i>Apis mellifera</i>	-	-	-
UPI0002063DDA	calcium uptake protein 1 homolog, mitochondrial isoformX1	487	100%	<i>Apis mellifera</i>	-	-	-
UPI0007D88D24	titin isoformX7	19951	100%	<i>Apis mellifera</i>	-	-	-
UPI0007D962DF	uncharacterized protein LOC107981617	929	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-
UPI0007D8E0B5	uncharacterized protein LOC103317356	216	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-
UPI0007D9CA4B	myosin-VIIa	2281	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-
UPI0007DA08D6	serine/threonine-protein phosphatase 6 regulatory ankyrin repeat subunit B- like	1049	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-
UPI0007D91822	serine/threonine-protein phosphatase 6 regulatory ankyrin repeat subunit B- like	557	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-
UPI00046D7E87	egalitarian isoformX2	826	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-
UPI0007D99405	zeta-sarcoglycan isoformX1	424	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-
UPI0002247615	coiled-coil-helix-coiled-coil-helix domain-containing protein 10, mitochondrial-like	137	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-
UPI0007D8F9C1	uncharacterized protein LOC100120175 isoformX6	1544	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-
UPI0007D9EA0C	uncharacterized protein LOC100122466	2539	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-
UPI00046D705F	AP-1 complex subunit beta-1 isoform X1	930	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-
UPI0007D9658A	LOW QUALITY PROTEIN: uncharacterized protein LOC100115157	265	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-
UPI0007E2D125	putative ATP-dependent RNA helicase TDRD12	722	100%	<i>Apis cerana</i>	-	-	-
UPI0007E2D0F8	protein lap4 isoformX11	1555	100%	<i>Apis cerana</i>	-	-	-
UPI0007E2D44E	uncharacterized protein LOC108003804	699	100%	<i>Apis cerana</i>	-	-	-
UPI0007E2D177	potassium voltage-gated channel protein eag-like isoformX8	1156	100%	<i>Apis cerana</i>	-	-	-

UPI0007E2CC6A	inositol 1,4,5-trisphosphate receptor isoform X10	2766	100%	<i>Apis cerana</i>	-	-	-
UPI0007E2B147	sphingomyelin phosphodiesterase	595	100%	<i>Apis cerana</i>	-	-	-
UPI0007E2B84A	gamma-glutamyltransferase 7-like isoform X1	497	100%	<i>Apis cerana</i>	-	-	-
UPI0007E2B0B5	uncharacterized protein LOC107998368 isoform X2	2988	100%	<i>Apis cerana</i>	-	-	-
UPI0007E2CD3D	asparagine synthetase [glutamine-hydrolyzing] isoform X1	571	100%	<i>Apis cerana</i>	-	-	-
UPI0007E2D9F8	colorectal mutant cancer protein	848	100%	<i>Apis cerana</i>	-	-	-
UPI0007E2BCC2	probable asparagine--tRNA ligase, mitochondrial isoform X2	418	100%	<i>Apis cerana</i>	-	-	-
UPI00021A790C	junctophilin-1	1012	100%	<i>Bombus terrestris</i>	-	-	-
UPI00021A7DB6	serine/threonine-protein kinase atr	2492	100%	<i>Bombus terrestris</i>	-	-	-
UPI00021A851E	LOW QUALITY PROTEIN: leucine-rich repeat-containing protein 40-like	604	100%	<i>Bombus terrestris</i>	-	-	-
UPI00022461D8	sorting and assembly machinery component 50 homolog isoform X2	469	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-
UPI000224629D	vacuolar protein sorting-associated protein 29	182	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-
UPI0002246A93	protein msta	480	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-
UPI0002247AD8	protein SpAN-like	390	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-
UPI00022C930D	inositol polyphosphate 5-phosphatase K-like	430	100%	<i>Bombus impatiens</i>	-	-	-
UPI00022C92B4	uncharacterized protein LOC100749120	990	100%	<i>Bombus impatiens</i>	-	-	-
UPI00022C9341	apolipoprotein D-like	303	100%	<i>Bombus impatiens</i>	-	-	-
UPI00022C99D6	uncharacterized protein LOC100746097	349	100%	<i>Bombus impatiens</i>	-	-	-
UPI00022CA9DC	hyroid receptor-interacting protein 11-like isoform X1	1463	100%	<i>Bombus impatiens</i>	-	-	-
UPI00022CADD7	ABC transporter ATP-binding protein	270	100%	<i>Candidatus Schmidhempelia</i>	-	-	-
UPI000252B9A5	facilitated trehalose transporter Tret1-like isoform X2	559	100%	<i>Apis florea</i>	-	-	-
UPI000258E1F3	uncharacterized protein LOC100882398 isoform X1	931	100%	<i>Megachile rotundata</i>	-	-	-
UPI000258DFE0	uncharacterized RNA-binding protein C4F6.14	747	100%	<i>Megachile rotundata</i>	-	-	-
UPI0003DEBE43	glutamic acid-rich protein-like	783	100%	<i>Apis mellifera</i>	-	-	-
UPI0003DEC83F	RNA-binding protein 25-like isoform X3	84	100%	<i>Apis mellifera</i>	-	-	-
UPI0003DEAA6E	uncharacterized protein LOC102654660	237	100%	<i>Apis mellifera</i>	-	-	-

UPI0003DEAA3C	C-terminal-binding protein isoformX2	476	100%	<i>Apis mellifera</i>	-	-	-
UPI0003DE90E0	hemocytin isoformX2	3324	100%	<i>Apis mellifera</i>	-	-	-
UPI0003DE9561	uncharacterized protein LOC411277 isoformX9	2766	100%	<i>Apis mellifera</i>	-	-	-
UPI0003DE767C	protein eyes shut isoformX1	1213	100%	<i>Apis mellifera</i>	-	-	-
UPI0003DF66C7	centromere-associated protein E-like isoformX5	3074	100%	<i>Apis dorsata</i>	-	-	-
UPI0003DF6005	myb-like protein X-like	449	100%	<i>Apis dorsata</i>	-	-	-
UPI0003DF6A7B	monocarboxylate transporter 13-like isoformX1	694	100%	<i>Apis dorsata</i>	-	-	-
UPI0003DF63BC	telomerase-binding protein EST1A-like	1713	100%	<i>Apis dorsata</i>	-	-	-
UPI0003DF51B5	protein sidekick-like isoformX3	2219	100%	<i>Apis dorsata</i>	-	-	-
UPI0003DF6822	kelch-like protein 5-like isoformX2	541	100%	<i>Apis dorsata</i>	-	-	-
UPI0003DF6AF3	protein unc-79 homolog isoformX4	2746	100%	<i>Apis dorsata</i>	-	-	-
UPI0003DF73F1	uncharacterized protein PFB0145c-like isoformX1	1351	100%	<i>Apis dorsata</i>	-	-	-
UPI0003DF7B36	enolase-phosphatase E1-like	937	100%	<i>Apis dorsata</i>	-	-	-
UPI0003DE76BB	palmitoyltransferase ZDHHC15 isoformX3	330	100%	<i>Apis mellifera</i>	-	-	-
UPI0003DF7740	protein NRDE2 homolog	970	100%	<i>Apis dorsata</i>	-	-	-
UPI0003DF6BFA	uncharacterized protein LOC102670584	342	100%	<i>Apis dorsata</i>	-	-	-
UPI0003DF57F3	histone-lysine N-methyltransferase, H3 lysine-79 specific-like isoformX25	1055	100%	<i>Apis dorsata</i>	-	-	-
UPI00046CF2F6	LOW QUALITY PROTEIN: protein jim lovell	722	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-
UPI00046D3F20	uncharacterized protein LOC103316340	198	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-
UPI00046CCC25	farnesol dehydrogenase-like isoform X1	284	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-
UPI00046D4378	uncharacterized protein LOC100120660	1366	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-
UPI00046C9220	venom dipeptidyl peptidase 4 isoform X1	869	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-
UPI00046CBE26	uncharacterized protein LOC100114706 isoformX1	503	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-
UPI00046CE9E2	uncharacterized protein LOC100679635	1409	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-
UPI0004CD3171	39S ribosomal protein L19, mitochondrial	310	100%	<i>Microplitis demolitor</i>	-	-	-

UPI0004CD66FE	transmembrane protein 145-like isoform X1	466	100%	<i>Microplitis demolitor</i>	-	-	-
UPI0004CCD60C	venom serine carboxypeptidase	474	100%	<i>Microplitis demolitor</i>	-	-	-
UPI0004CDAE61	39S ribosomal protein L47, mitochondrial	269	100%	<i>Microplitis demolitor</i>	-	-	-
UPI0004CD56C0	chymotrypsinogen A	287	100%	<i>Microplitis demolitor</i>	-	-	-
UPI0004CD0659	uncharacterized protein LOC103571288 isoform X1	966	100%	<i>Microplitis demolitor</i>	-	-	-
UPI0004CDBE50	poly [ADP-ribose] polymerase 1-like isoform X1	407	100%	<i>Microplitis demolitor</i>	-	-	-
UPI0004CDB26A	chromodomain-helicase-DNA-binding protein 1	1961	100%	<i>Microplitis demolitor</i>	-	-	-
UPI0004CC9BB5	probable cation-transporting ATPase 13A3	1281	100%	<i>Microplitis demolitor</i>	-	-	-
UPI0004CCA01E	pericentrin-like isoform X2	2970	100%	<i>Microplitis demolitor</i>	-	-	-
UPI0004CCF5B8	uncharacterized protein LOC103579528 isoform X1	2380	100%	<i>Microplitis demolitor</i>	-	-	-
UPI000580F1C9	serine/threonine-protein kinase mig-15 isoform X3	1306	100%	<i>Acromyrmex echinator</i>	-	-	-
UPI000580E59A	YEATS domain-containing protein 2 isoform X4	833	100%	<i>Acromyrmex echinator</i>	-	-	-
UPI000580F4C6	uncharacterized protein LOC105144999	261	100%	<i>Acromyrmex echinator</i>	-	-	-
UPI000580DC3E	LOW QUALITY PROTEIN: Fanconi anemia group D2 protein	1495	100%	<i>Acromyrmex echinator</i>	-	-	-
UPI000580BDD1	ubiquitin-like modifier-activating enzyme atg7 isoform X3	637	100%	<i>Acromyrmex echinator</i>	-	-	-
UPI000580E1B8	uncharacterized protein LOC105149722 isoform X1	2282	100%	<i>Acromyrmex echinator</i>	-	-	-
UPI000580D293	LOW QUALITY PROTEIN: mutS protein homolog 4-like	1081	100%	<i>Acromyrmex echinator</i>	-	-	-
UPI000580F97D	voltage-dependent T-type calcium channel subunit alpha-1G isoform X2	2606	100%	<i>Acromyrmex echinator</i>	-	-	-
UPI000580F094	zinc transporter 2-like isoform X2	423	100%	<i>Acromyrmex echinator</i>	-	-	-
UPI000580C139	histone-lysine N-methyltransferase SETMAR-like	243	100%	<i>Acromyrmex echinator</i>	-	-	-
UPI000580C07C	uncharacterized protein LOC105152692 isoform X2	501	100%	<i>Acromyrmex echinator</i>	-	-	-
UPI000580F6BC	uncharacterized protein LOC105153636	521	100%	<i>Acromyrmex echinator</i>	-	-	-
UPI00058FF8D0	calmodulin-like protein 4	149	100%	<i>Harpegnathos saltator</i>	-	-	-
UPI0005906B29	hornerin	2029	100%	<i>Harpegnathos saltator</i>	-	-	-
UPI0005911896	notchless protein homolog 1 isoform X2	475	100%	<i>Harpegnathos saltator</i>	-	-	-

UPI00058F56EB	uncharacterized protein C19orf52 homolog	217	100%	<i>Harpegnathos saltator</i>	-	-	-
UPI0005912E98	E3 ubiquitin-protein ligase MIB1	1015	100%	<i>Harpegnathos saltator</i>	-	-	-
UPI00059587DB	spermine oxidase	525	100%	<i>Solenopsis invicta</i>	-	-	-
UPI000595D9F1	tektin-3-like	499	100%	<i>Solenopsis invicta</i>	-	-	-
UPI000595DD5B	uncharacterized protein LOC105193760	248	100%	<i>Solenopsis invicta</i>	-	-	-
UPI000595B62B	voltage-dependent L-type calcium channel subunit beta-2 isoform X6	481	100%	<i>Solenopsis invicta</i>	-	-	-
UPI000595CC5B	uncharacterized protein LOC105195378	405	100%	<i>Solenopsis invicta</i>	-	-	-
UPI000595C506	uncharacterized protein LOC105197921	111	100%	<i>Solenopsis invicta</i>	-	-	-
UPI00059627DF	rab-like protein 6	702	100%	<i>Solenopsis invicta</i>	-	-	-
UPI0005962341	PC4 and SFRS1-interacting protein isoform X2	592	100%	<i>Solenopsis invicta</i>	-	-	-
UPI00059628B6	uncharacterized protein LOC105205092	171	100%	<i>Solenopsis invicta</i>	-	-	-
UPI000595E314	uncharacterized protein LOC105205846	1155	100%	<i>Solenopsis invicta</i>	-	-	-
UPI00059CEF66	ATPase WRNIP1-like	422	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	-	-	-
UPI00059E2E5D	tropomyosin isoform X5	449	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	-	-	-
UPI00059D0AC1	cytokine receptor	1407	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	-	-	-
UPI00059B5ADC	uncharacterized protein LOC105249969	305	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	-	-	-
UPI00059DC976	Fanconi anemia group J protein isoform X2	834	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	-	-	-
UPI00059BC829	uncharacterized protein LOC105253279	909	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	-	-	-
UPI00059B9B8F	facilitated trehalose transporter Tret1-2 homolog	503	100%	<i>Camponotus floridanus</i>	-	-	-
UPI0005AC1665	brain tumor protein	999	100%	<i>Fopius arisanus</i>	-	-	-
UPI0005AC48BE	uncharacterized protein LOC105268114 isoform X3	358	100%	<i>Fopius arisanus</i>	-	-	-
UPI0005ACB0B4	fibroin heavy chain-like	392	100%	<i>Fopius arisanus</i>	-	-	-
UPI0005AC81F1	kinesin-like protein KIF2A isoform X3	1104	100%	<i>Fopius arisanus</i>	-	-	-
UPI0005ACC289	titin isoform X5	7774	100%	<i>Fopius arisanus</i>	-	-	-
UPI0005ABBBDD	uncharacterized protein LOC105263718	730	100%	<i>Fopius arisanus</i>	-	-	-
UPI0005ACC2D4	coiled-coil domain-containing protein 102A isoform X1	550	100%	<i>Fopius arisanus</i>	-	-	-
UPI0005ACD8C3	homeodomain-interacting protein kinase 2 isoform X2	1367	100%	<i>Fopius arisanus</i>	-	-	-

UPI0005AC7828	mucin-3A-like	1138	100%	<i>Fopius arisanus</i>	-	-	-
UPI0005ABD129	Golgi to ER traffic protein 4 homolog	324	100%	<i>Fopius arisanus</i>	-	-	-
UPI0005AC4FD0	multiple epidermal growth factor-like domains protein 8	3017	100%	<i>Fopius arisanus</i>	-	-	-
UPI0005AC5604	uncharacterized protein LOC105270352	775	100%	<i>Fopius arisanus</i>	-	-	-
UPI0005AD1725	heat shock protein 83	717	100%	<i>Fopius arisanus</i>	-	-	-
UPI0005AC3611	dystrophin, isoforms A/C/F/G/H isoformX3	4023	100%	<i>Fopius arisanus</i>	-	-	-
UPI0005AC6C11	histone deacetylase 6 isoformX1	1121	100%	<i>Fopius arisanus</i>	-	-	-
UPI0005BD1955	trimethylguanosine synthase isoform X1	1018	100%	<i>Cerapachys biro</i>	-	-	-
UPI0005B8E07B	transcription initiation factor TFIID subunit 3 isoformX2	959	100%	<i>Cerapachys biro</i>	-	-	-
UPI0005BB0A1A	eIF-2-alpha kinase GCN2 isoformX2	1614	100%	<i>Cerapachys biro</i>	-	-	-
UPI0005BA9710	myosin heavy chain, muscle isoform X2	1968	100%	<i>Cerapachys biro</i>	-	-	-
UPI0005BB8AD5	putative nuclease HARBI1	151	100%	<i>Cerapachys biro</i>	-	-	-
UPI0005CF4417	U4/U6 small nuclear ribonucleoprotein Prp4	521	100%	<i>Ceratosolen solmsi marchali</i>	-	-	-
UPI0005CDF0D5	tyramine/octopamine receptor	411	100%	<i>Ceratosolen solmsi marchali</i>	-	-	-
UPI0005CE15B0	LOW QUALITY PROTEIN: uncharacterized protein LOC105365700	1377	100%	<i>Ceratosolen solmsi marchali</i>	-	-	-
UPI0005CE05D9	muscle M-line assembly protein unc- 89	5923	100%	<i>Ceratosolen solmsi marchali</i>	-	-	-
UPI0005CF29BE	proliferating cell nuclear antigen	261	100%	<i>Ceratosolen solmsi marchali</i>	-	-	-
UPI0005CF0D73	centrosomal protein of 290 kDa-like	1747	100%	<i>Ceratosolen solmsi marchali</i>	-	-	-
UPI0005CEF874	uncharacterized protein LOC105368352	1126	100%	<i>Ceratosolen solmsi marchali</i>	-	-	-
UPI0005CF600D	dynein heavy chain 10, axonemal	4402	100%	<i>Ceratosolen solmsi marchali</i>	-	-	-
UPI0005CE836C	plancitoxin-1	361	100%	<i>Ceratosolen solmsi marchali</i>	-	-	-
UPI0005CE4FCC	ras-related protein Rab-9A isoformX1	222	100%	<i>Ceratosolen solmsi marchali</i>	-	-	-
UPI0005CF8F2B	collagen alpha-5(IV) chain	1859	100%	<i>Ceratosolen solmsi marchali</i>	-	-	-
UPI0005CEAC3E	protein hairy-like	486	100%	<i>Ceratosolen solmsi marchali</i>	-	-	-
UPI0005CDE753	ATP-dependent DNA helicase Q5-like	1019	100%	<i>Ceratosolen solmsi marchali</i>	-	-	-
UPI0005CE3474	transcription factor GAGA-like	662	100%	<i>Ceratosolen solmsi marchali</i>	-	-	-
UPI0005CF2E7F	IQ and AAA domain-containing protein 1-like	848	100%	<i>Ceratosolen solmsi marchali</i>	-	-	-
UPI0005CE4296	probable H/ACA ribonucleoprotein complex subunit 1	247	100%	<i>Ceratosolen solmsi marchali</i>	-	-	-
UPI0005CE5F54	uncharacterized protein LOC105364031	1003	100%	<i>Ceratosolen solmsi marchali</i>	-	-	-

UPI0005CF53C2	LOW QUALITY PROTEIN: uncharacterized protein LOC105364626	1166	100%	<i>Ceratosolen solmsi marchali</i>	-	-	-
UPI0005CE8C59	uncharacterized protein LOC105364640	790	100%	<i>Ceratosolen solmsi marchali</i>	-	-	-
UPI0005CE0FFA	dynein heavy chain 3, axonemal	4029	100%	<i>Ceratosolen solmsi marchali</i>	-	-	-
UPI0005CEB37D	ATP-dependent DNA helicase Q4	1216	100%	<i>Ceratosolen solmsi marchali</i>	-	-	-
UPI0005CE8E38	titin	3000	100%	<i>Ceratosolen solmsi marchali</i>	-	-	-
UPI0005CECB6F	dolichyl-diphosphooligosaccharide-- protein glycosyltransferase subunit 2	647	100%	<i>Ceratosolen solmsi marchali</i>	-	-	-
UPI0005D395FA	motile sperm domain-containing protein 1-like isoform X1	214	100%	<i>Pogonomyrmex barbatus</i>	-	-	-
UPI0005D3F91E	cell wall protein DAN4-like isoform X1	252	100%	<i>Pogonomyrmex barbatus</i>	-	-	-
UPI0005D30E20	atrial natriuretic peptide-converting enzyme-like	482	100%	<i>Pogonomyrmex barbatus</i>	-	-	-
UPI0005D3C27B	NADH dehydrogenase [ubiquinone] complex I, assembly factor 7 isoform X1	437	100%	<i>Pogonomyrmex barbatus</i>	-	-	-
UPI0005D3D2BB	LOW QUALITY PROTEIN: uncharacterized protein LOC105431048	950	100%	<i>Pogonomyrmex barbatus</i>	-	-	-
UPI0005D31B92	nucleoside diphosphate-linked moiety X motif 19, mitochondrial-like isoform X1	361	100%	<i>Pogonomyrmex barbatus</i>	-	-	-
UPI0005D436B7	serine/threonine-protein kinase mig- 15 isoform X9	1263	100%	<i>Pogonomyrmex barbatus</i>	-	-	-
UPI0005D30608	uncharacterized protein LOC105423148	940	100%	<i>Pogonomyrmex barbatus</i>	-	-	-
UPI0005D3B692	LOW QUALITY PROTEIN: cell division cycle protein 20 homolog	524	100%	<i>Pogonomyrmex barbatus</i>	-	-	-
UPI0005D45DD3	uncharacterized protein LOC105424894	551	100%	<i>Pogonomyrmex barbatus</i>	-	-	-
UPI0005D30F34	sodium channel protein para isoform X21	2057	100%	<i>Pogonomyrmex barbatus</i>	-	-	-
UPI0005D3B891	uncharacterized protein LOC105427013	139	100%	<i>Pogonomyrmex barbatus</i>	-	-	-
UPI0005D2F187	LOW QUALITY PROTEIN: arginine- glutamic acid dipeptide repeats protein	1490	100%	<i>Pogonomyrmex barbatus</i>	-	-	-
UPI0005D3DC25	uncharacterized protein LOC105429575 isoform X1	1602	100%	<i>Pogonomyrmex barbatus</i>	-	-	-
UPI0005D3410C	uncharacterized protein LOC105429805 isoform X5	2110	100%	<i>Pogonomyrmex barbatus</i>	-	-	-

UPI0005D32B81	uncharacterized protein LOC105430047	1633	100%	<i>Pogonomyrmex barbatus</i>	-	-	-
UPI0005D3224D	LOW QUALITY PROTEIN: dual specificity tyrosine-phosphorylation- regulated kinase 4	646	100%	<i>Pogonomyrmex barbatus</i>	-	-	-
UPI0005D46475	cysteine desulfurase, mitochondrial	449	100%	<i>Pogonomyrmex barbatus</i>	-	-	-
UPI0005EE3983	uncharacterized protein LOC105449246	803	100%	<i>Wasmannia auropunctata</i>	-	-	-
UPI0005EFC97C	major royal jelly protein 3-like	393	100%	<i>Wasmannia auropunctata</i>	-	-	-
UPI0005EFCF23	ATP-binding cassette sub-family G member 1-like isoformX1	626	100%	<i>Wasmannia auropunctata</i>	-	-	-
UPI0005EDF940	putative nuclease HARBI1	402	100%	<i>Wasmannia auropunctata</i>	-	-	-
UPI0005EDC921	male-specific lethal 3 homolog isoformX1	511	100%	<i>Wasmannia auropunctata</i>	-	-	-
UPI0005ED6F45	uncharacterized protein LOC105452203 isoformX1	401	100%	<i>Wasmannia auropunctata</i>	-	-	-
UPI0005ED8C24	nucleolin 2 isoformX1	716	100%	<i>Wasmannia auropunctata</i>	-	-	-
UPI0005EDB0F2	zinc finger and BTB domain- containing protein 49-like	629	100%	<i>Wasmannia auropunctata</i>	-	-	-
UPI0005EDF0AE	ankyrin repeat and zinc finger domain-containing protein 1-like isoformX2	751	100%	<i>Wasmannia auropunctata</i>	-	-	-
UPI0005F09989	KH domain-containing protein C56G2.1	570	100%	<i>Wasmannia auropunctata</i>	-	-	-
UPI0005EEFB38	sentrin-specific protease 1-like	579	100%	<i>Wasmannia auropunctata</i>	-	-	-
UPI0005EF1533	LOW QUALITY PROTEIN: circadian locomoter output cycles protein kaput-like	735	100%	<i>Wasmannia auropunctata</i>	-	-	-
UPI0005F06E8E	heterogeneous nuclear ribonucleoprotein K	409	100%	<i>Wasmannia auropunctata</i>	-	-	-
UPI0005F3DD6F	uncharacterized protein LOC105570738	266	100%	<i>Vollenhovia emeryi</i>	-	-	-
UPI0005F4F790	uncharacterized protein LOC105555674	1732	100%	<i>Vollenhovia emeryi</i>	-	-	-
UPI0005F5297D	uncharacterized protein LOC105555782	624	100%	<i>Vollenhovia emeryi</i>	-	-	-
UPI0005F44243	uncharacterized protein LOC105557439	2728	100%	<i>Vollenhovia emeryi</i>	-	-	-
UPI0005F3C9F3	zinc finger protein 624-like	751	100%	<i>Vollenhovia emeryi</i>	-	-	-
UPI0005F48BA6	uncharacterized protein LOC105559196	517	100%	<i>Vollenhovia emeryi</i>	-	-	-
UPI0005F4E64E	putative glutamate synthase [NADPH] isoformX3	1656	100%	<i>Vollenhovia emeryi</i>	-	-	-

UPI0005F468E6	nuclear RNA export factor 1-like	650	100%	<i>Vollenhovia emeryi</i>	-	-	-
UPI0005F39733	uncharacterized protein LOC105560891 isoform X1	519	100%	<i>Vollenhovia emeryi</i>	-	-	-
UPI0005F3CB33	gamma-aminobutyric acid type B receptor subunit 1 isoform X2	867	100%	<i>Vollenhovia emeryi</i>	-	-	-
UPI0005F57A86	histone-lysine N-methyltransferase ash1	2203	100%	<i>Vollenhovia emeryi</i>	-	-	-
UPI0005F38A5B	chromodomain-helicase-DNA-binding protein Mi-2 homolog isoform X4	1959	100%	<i>Vollenhovia emeryi</i>	-	-	-
UPI0005F45D2F	uncharacterized protein LOC105564994	1747	100%	<i>Vollenhovia emeryi</i>	-	-	-
UPI0005F44EB7	dynein-1-beta heavy chain, flagellar inner arm I1 complex isoform X2	650	100%	<i>Vollenhovia emeryi</i>	-	-	-
UPI0005F3A111	sialin isoform X1	548	100%	<i>Vollenhovia emeryi</i>	-	-	-
UPI0005F42642	telomere-associated protein RIF1-like isoform X1	2653	100%	<i>Vollenhovia emeryi</i>	-	-	-
UPI0005F36917	39S ribosomal protein L53, mitochondrial	157	100%	<i>Vollenhovia emeryi</i>	-	-	-
UPI0005F3A6AD	guanine nucleotide-binding protein subunit beta-2	346	100%	<i>Vollenhovia emeryi</i>	-	-	-
UPI0005F3FA6C	uncharacterized protein LOC105567532	855	100%	<i>Vollenhovia emeryi</i>	-	-	-
UPI0005F37129	homeobox protein prospero isoform X4	1190	100%	<i>Vollenhovia emeryi</i>	-	-	-
UPI0005F43DBD	uncharacterized protein LOC105567861 isoform X1	1588	100%	<i>Vollenhovia emeryi</i>	-	-	-
UPI0005F51978	zinc finger SWIM domain-containing protein 8 isoform X3	1670	100%	<i>Vollenhovia emeryi</i>	-	-	-
UPI0005F393A9	tw itch isoform X39	9031	100%	<i>Vollenhovia emeryi</i>	-	-	-
UPI00061533D6	uncharacterized protein LOC100883977	1168	100%	<i>Megachile rotundata</i>	-	-	-
UPI000614C3C2	uncharacterized protein LOC100878731 isoform X1	997	100%	<i>Megachile rotundata</i>	-	-	-
UPI000614C84E	RISC-loading complex subunit tarbp2-like isoform X8	342	100%	<i>Megachile rotundata</i>	-	-	-
UPI0006150200	pecanex-like protein 1 isoform X2	2303	100%	<i>Megachile rotundata</i>	-	-	-
UPI000614F4BD	ATP-binding cassette sub-family G member 4-like isoform X4	561	100%	<i>Megachile rotundata</i>	-	-	-
UPI0006152495	protein KIAA0100 isoform X3	2073	100%	<i>Megachile rotundata</i>	-	-	-
UPI0006149BB8	DEP domain-containing protein 5 isoform X1	1547	100%	<i>Megachile rotundata</i>	-	-	-
UPI00061519F1	uncharacterized protein LOC100877621 isoform X1	4362	100%	<i>Megachile rotundata</i>	-	-	-

UPI00061539BC	E3 ubiquitin-protein ligase LRSAM1-like isoformX3	654	100%	<i>Megachile rotundata</i>	-	-	-
UPI0006153B8F	protein Skeletor, isoforms B/C	1163	100%	<i>Megachile rotundata</i>	-	-	-
UPI0006152052	titin-like isoformX1	8085	100%	<i>Megachile rotundata</i>	-	-	-
UPI0006151967	forkhead box protein D3-like	351	100%	<i>Megachile rotundata</i>	-	-	-
UPI0006152328	LOW QUALITY PROTEIN: ATP-binding cassette sub-family G member 1-like	780	100%	<i>Megachile rotundata</i>	-	-	-
UPI00061534E4	N-acetylneuraminate lyase-like isoformX2	263	100%	<i>Megachile rotundata</i>	-	-	-
UPI000614E591	unconventional myosin-XIX-like isoformX4	856	100%	<i>Megachile rotundata</i>	-	-	-
UPI0006152206	protein purity of essence isoformX3	5475	100%	<i>Megachile rotundata</i>	-	-	-
UPI00061A0374	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP8	354	100%	<i>Bombus terrestris</i>	-	-	-
UPI0006194B17	matrix metalloproteinase-14 isoform X3	554	100%	<i>Bombus terrestris</i>	-	-	-
UPI000619DFCC	DNA polymerase theta	2249	100%	<i>Bombus terrestris</i>	-	-	-
UPI0006195C02	telomere-associated protein RIF1 isoformX1	2693	100%	<i>Bombus terrestris</i>	-	-	-
UPI00021A8100	erythroid differentiation-related factor 1-like	1196	100%	<i>Bombus terrestris</i>	-	-	-
UPI0006196154	uncharacterized protein LOC100650665 isoformX1	1874	100%	<i>Bombus terrestris</i>	-	-	-
UPI0006190532	uncharacterized protein LOC100647279	1782	100%	<i>Bombus terrestris</i>	-	-	-
UPI000619837E	microtubule-actin cross-linking factor 1 isoformX14	3611	100%	<i>Bombus terrestris</i>	-	-	-
UPI000622FF8D	uncharacterized protein LOC105669812	249	100%	<i>Linepithema humile</i>	-	-	-
UPI0006230386	sodium channel protein Nach-like	598	100%	<i>Linepithema humile</i>	-	-	-
UPI00062391FF	malectin-A	269	100%	<i>Linepithema humile</i>	-	-	-
UPI000623513D	uncharacterized protein LOC105668197	2051	100%	<i>Linepithema humile</i>	-	-	-
UPI00062395EE	uncharacterized protein LOC105669870	526	100%	<i>Linepithema humile</i>	-	-	-
UPI0006237506	metaxin-1 isoformX1	321	100%	<i>Linepithema humile</i>	-	-	-
UPI0006238BC0	probable maltase	634	100%	<i>Linepithema humile</i>	-	-	-
UPI000623790F	uncharacterized protein LOC105672228	789	100%	<i>Linepithema humile</i>	-	-	-
UPI0006232124	uncharacterized protein LOC105675492	293	100%	<i>Linepithema humile</i>	-	-	-

UPI00062331D5	uncharacterized protein LOC105676446	452	100%	<i>Linepithema humile</i>	-	-	-
UPI00062344F4	activating transcription factor of chaperone isoformX1	366	100%	<i>Linepithema humile</i>	-	-	-
UPI000623637E	protein FAM69C isoformX1	428	100%	<i>Linepithema humile</i>	-	-	-
UPI000622FFA8	glutamate receptor ionotropic, kainate 2 isoformX2	965	100%	<i>Linepithema humile</i>	-	-	-
UPI000623781F	uncharacterized protein LOC105678277 isoformX1	3155	100%	<i>Linepithema humile</i>	-	-	-
UPI000623212F	maternal protein pumilio isoformX6	1155	100%	<i>Linepithema humile</i>	-	-	-
UPI00062307CF	calcium/calmodulin-dependent protein kinase type 1 isoformX2	385	100%	<i>Linepithema humile</i>	-	-	-
UPI000623B785	LOW QUALITY PROTEIN: uncharacterized protein LOC105679246	959	100%	<i>Linepithema humile</i>	-	-	-
UPI000623E733	dynein heavy chain 12, axonemal-like	2139	100%	<i>Bombus impatiens</i>	-	-	-
UPI000623DABC	epidermal growth factor receptor substrate 15-like 1 isoformX1	1038	100%	<i>Bombus impatiens</i>	-	-	-
UPI000623D043	TRAF3-interacting protein 1	590	100%	<i>Bombus impatiens</i>	-	-	-
UPI00022CA52F	flap endonuclease GEN-like	724	100%	<i>Bombus impatiens</i>	-	-	-
UPI000623CBB6	titin-like	6188	100%	<i>Bombus impatiens</i>	-	-	-
UPI000626C768	uncharacterized protein LOC105687306	1885	100%	<i>Athalia rosae</i>	-	-	-
UPI00062677F7	CD63 antigen-like	242	100%	<i>Athalia rosae</i>	-	-	-
UPI0006255504	TRAF3-interacting protein 1	621	100%	<i>Athalia rosae</i>	-	-	-
UPI000625EE27	uncharacterized protein LOC105683096	520	100%	<i>Athalia rosae</i>	-	-	-
UPI000626DFE3	GTPase-activating protein isoformX2	1029	100%	<i>Athalia rosae</i>	-	-	-
UPI000625FEAE	uncharacterized threonine-rich GPI- anchored glycoprotein PJ4664.02 isoformX2	2470	100%	<i>Athalia rosae</i>	-	-	-
UPI0006256F80	protein henna isoformX1	465	100%	<i>Athalia rosae</i>	-	-	-
UPI000626DAF3	solute carrier family 25 member 45	345	100%	<i>Athalia rosae</i>	-	-	-
UPI000625E5CC	uncharacterized protein LOC105686617 isoformX1	752	100%	<i>Athalia rosae</i>	-	-	-
UPI00062547C7	tw itch isoformX6	9106	100%	<i>Athalia rosae</i>	-	-	-
UPI00062550FE	uncharacterized protein LOC105687938	268	100%	<i>Athalia rosae</i>	-	-	-
UPI0006260AE4	uncharacterized protein LOC105687945	1493	100%	<i>Athalia rosae</i>	-	-	-
UPI000626C621	uncharacterized protein LOC105688106 isoformX1	2886	100%	<i>Athalia rosae</i>	-	-	-
UPI000625DC77	hemicentin-2	687	100%	<i>Athalia rosae</i>	-	-	-

UPI000626221C	protein phosphatase PHLPP-like protein isoformX2	1352	100%	<i>Athalia rosae</i>	-	-	-
UPI000625DEEC	E3 ubiquitin-protein ligase MIB1-like	388	100%	<i>Athalia rosae</i>	-	-	-
UPI0006263ADF	alpha-glucosidase-like	615	100%	<i>Athalia rosae</i>	-	-	-
UPI0006255BD0	balbiani ring protein 3-like	195	100%	<i>Athalia rosae</i>	-	-	-
UPI0006254ACF	DNA repair and recombination protein RAD54-like	749	100%	<i>Athalia rosae</i>	-	-	-
UPI000626882D	PDZ and LIM domain protein Zasp isoformX1	2004	100%	<i>Athalia rosae</i>	-	-	-
UPI0006269328	ATP-binding cassette sub-family A member 1-like	1654	100%	<i>Orussus abietinus</i>	-	-	-
UPI000624F543	zinc finger protein 583	655	100%	<i>Orussus abietinus</i>	-	-	-
UPI0006268D1E	protein prenyltransferase alpha subunit repeat-containing protein 1 isoformX3	368	100%	<i>Orussus abietinus</i>	-	-	-
UPI0006267003	protein LSM14 homolog A isoformX1	534	100%	<i>Orussus abietinus</i>	-	-	-
UPI00062517EB	diphthine synthase	284	100%	<i>Orussus abietinus</i>	-	-	-
UPI000625CCE3	endonuclease G, mitochondrial	325	100%	<i>Orussus abietinus</i>	-	-	-
UPI0006291821	putative GPI-anchored protein PB15E9.01c isoformX2	481	100%	<i>Apis florea</i>	-	-	-
UPI0006292C6B	origin recognition complex subunit 1	830	100%	<i>Apis florea</i>	-	-	-
UPI00062959AF	alanine--tRNA ligase, mitochondrial	880	100%	<i>Apis florea</i>	-	-	-
UPI00062959D4	LOW QUALITY PROTEIN: twinkle protein, mitochondrial	612	100%	<i>Apis florea</i>	-	-	-
UPI00062909B6	adenylate cyclase type 6-like	161	100%	<i>Apis florea</i>	-	-	-
UPI0006297077	LOW QUALITY PROTEIN: serine/arginine repetitive matrix protein 2	1000	100%	<i>Apis florea</i>	-	-	-
UPI0006298AEA	tubulin epsilon chain-like isoformX1	452	100%	<i>Apis florea</i>	-	-	-
UPI0006290198	sodium/potassium-transporting ATPase subunit alpha isoformX2	1041	100%	<i>Apis florea</i>	-	-	-
UPI0006296E73	monocarboxylate transporter 14 isoformX1	716	100%	<i>Apis florea</i>	-	-	-
UPI000629128A	proline-rich protein 12-like isoformX1	514	100%	<i>Apis florea</i>	-	-	-
UPI00063F14EA	uncharacterized protein LOC105833274	1501	100%	<i>Monomorium pharaonis</i>	-	-	-
UPI00063F44FC	protein FAM151B isoformX1	316	100%	<i>Monomorium pharaonis</i>	-	-	-
UPI00063F5C17	hrp65 protein-like	502	100%	<i>Monomorium pharaonis</i>	-	-	-
UPI00063EF7C9	coronin-7 isoformX2	1090	100%	<i>Monomorium pharaonis</i>	-	-	-
UPI00063F26C9	uncharacterized protein LOC105831337 isoformX3	1930	100%	<i>Monomorium pharaonis</i>	-	-	-
UPI00063F4C1B	histone lysine demethylase PHF8-like isoformX1	952	100%	<i>Monomorium pharaonis</i>	-	-	-

UPI00063F7588	integrin beta-PS-like isoformX1	860	100%	<i>Monomorium pharaonis</i>	-	-	-
UPI00063F8D3F	protein FAM114A2 isoformX3	677	100%	<i>Monomorium pharaonis</i>	-	-	-
UPI00063F10AA	uncharacterized protein KIAA0556-like isoformX1	826	100%	<i>Monomorium pharaonis</i>	-	-	-
UPI00063F4220	prominin-1-A	894	100%	<i>Monomorium pharaonis</i>	-	-	-
UPI00063F30B7	cysteine--tRNA ligase, cytoplasmic	740	100%	<i>Monomorium pharaonis</i>	-	-	-
UPI00063ED841	uncharacterized protein LOC105834709	975	100%	<i>Monomorium pharaonis</i>	-	-	-
UPI00063EF2F9	venom metalloproteinase 3 isoform X3	590	100%	<i>Monomorium pharaonis</i>	-	-	-
UPI00063FCEEF	zinc finger protein 598	930	100%	<i>Monomorium pharaonis</i>	-	-	-
UPI00063F1F22	Dow n syndrome cell adhesion molecule-like protein Dscam2 isoform X3	1857	100%	<i>Monomorium pharaonis</i>	-	-	-
UPI00063F32E2	ETS homologous factor-like isoform X2	282	100%	<i>Monomorium pharaonis</i>	-	-	-
UPI00063F44C9	DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 20-like isoformX1	750	100%	<i>Monomorium pharaonis</i>	-	-	-
UPI0006C96E71	uncharacterized protein LOC106645650	892	100%	<i>Copidosoma floridanum</i>	-	-	-
UPI0006C9B1BC	serine/threonine-protein kinase tousled-like 2 isoformX4	869	100%	<i>Copidosoma floridanum</i>	-	-	-
UPI0006C9D7D2	ribosome biogenesis protein BOP1 homolog	850	100%	<i>Copidosoma floridanum</i>	-	-	-
UPI0006C97A65	leucine-rich repeat protein soc-2 homolog	582	100%	<i>Copidosoma floridanum</i>	-	-	-
UPI0006C9A920	centrosomal protein of 290 kDa-like	1791	100%	<i>Copidosoma floridanum</i>	-	-	-
UPI0006C9D0D6	uncharacterized protein LOC106647676	553	100%	<i>Copidosoma floridanum</i>	-	-	-
UPI0006C9C11F	cilia- and flagella-associated protein 61-like	1113	100%	<i>Copidosoma floridanum</i>	-	-	-
UPI0006C9DBBE	nuclear valosin-containing protein-like	956	100%	<i>Copidosoma floridanum</i>	-	-	-
UPI0006C99253	uncharacterized protein LOC106638797	147	100%	<i>Copidosoma floridanum</i>	-	-	-
UPI0006C9E44E	glucosamine-6-phosphate isomerase	281	100%	<i>Copidosoma floridanum</i>	-	-	-
UPI0006C9B560	rho GTPase-activating protein 190	1691	100%	<i>Copidosoma floridanum</i>	-	-	-
UPI0006C96004	E3 ubiquitin-protein ligase UBR4 isoformX2	5267	100%	<i>Copidosoma floridanum</i>	-	-	-
UPI0006C9D6C5	NFX1-type zinc finger-containing protein 1-like isoformX2	1776	100%	<i>Copidosoma floridanum</i>	-	-	-
UPI0006C9A8DE	mucin-5AC	1353	100%	<i>Copidosoma floridanum</i>	-	-	-
UPI0006C9B97E	zinc finger protein 260-like	721	100%	<i>Trichogramma pretiosum</i>	-	-	-

UPI0006C9D2AB	glycogen debranching enzyme isoformX1	1694	100%	<i>Trichogramma pretiosum</i>	-	-	-
UPI0006C9CA6A	PDZ and LIM domain protein 3 isoformX2	340	100%	<i>Trichogramma pretiosum</i>	-	-	-
UPI0006C97088	probable deoxyhypusine synthase	481	100%	<i>Trichogramma pretiosum</i>	-	-	-
UPI0006C9DF83	uncharacterized protein LOC106650265	3794	100%	<i>Trichogramma pretiosum</i>	-	-	-
UPI0006C941F1	protein prenyltransferase alpha subunit repeat-containing protein 1	433	100%	<i>Trichogramma pretiosum</i>	-	-	-
UPI0006C9DEE5	irregular chiasm C-roughest protein-like	838	100%	<i>Trichogramma pretiosum</i>	-	-	-
UPI0006C98FA3	uncharacterized protein LOC106653006	620	100%	<i>Trichogramma pretiosum</i>	-	-	-
UPI0006C9CCE8	sodium- and chloride-dependent GABA transporter ine-like isoformX1	1022	100%	<i>Trichogramma pretiosum</i>	-	-	-
UPI0006C98A6A	uncharacterized protein LOC106656684	775	100%	<i>Trichogramma pretiosum</i>	-	-	-
UPI0006D519FE	uncharacterized protein LOC103579177	899	100%	<i>Microplitis demolitor</i>	-	-	-
UPI0006D505C8	dipeptidyl aminopeptidase-like protein 6	885	100%	<i>Microplitis demolitor</i>	-	-	-
UPI0006D4EC7B	dynein heavy chain 12, axonemal	3620	100%	<i>Microplitis demolitor</i>	-	-	-
UPI0006D500BB	uncharacterized protein LOC103570852	376	100%	<i>Microplitis demolitor</i>	-	-	-
UPI0006D4F377	collagen alpha-5(IV) chain-like isoformX8	2406	100%	<i>Microplitis demolitor</i>	-	-	-
UPI000711CEF7	phospholipid-transporting ATPase ID isoformX4	1274	100%	<i>Dinoponera quadriceps</i>	-	-	-
UPI000711AC3E	dynein heavy chain 7, axonemal-like	3798	100%	<i>Dinoponera quadriceps</i>	-	-	-
UPI00071189DE	kinesin-like protein Klp10A isoformX5	1149	100%	<i>Dinoponera quadriceps</i>	-	-	-
UPI000711C8A0	interference hedgehog-like isoform X9	834	100%	<i>Dinoponera quadriceps</i>	-	-	-
UPI0007120E8F	uncharacterized protein LOC106742039	567	100%	<i>Dinoponera quadriceps</i>	-	-	-
UPI0007119660	DDB1- and CUL4-associated factor 8-like	745	100%	<i>Dinoponera quadriceps</i>	-	-	-
UPI0007115218	bromodomain adjacent to zinc finger domain protein 1A isoformX2	1464	100%	<i>Dinoponera quadriceps</i>	-	-	-
UPI000712020F	lysophospholipid acyltransferase 2	500	100%	<i>Dinoponera quadriceps</i>	-	-	-
UPI000711B424	forkhead box protein P1 isoformX12	895	100%	<i>Dinoponera quadriceps</i>	-	-	-
UPI000711DECB	uncharacterized protein LOC106745134 isoformX4	3038	100%	<i>Dinoponera quadriceps</i>	-	-	-
UPI000711CB95	centrosomal protein of 104 kDa isoformX1	879	100%	<i>Dinoponera quadriceps</i>	-	-	-

UPI000711CCFF	GDP-fucose protein O-fucosyltransferase 1 isoformX2	381	100%	<i>Dinoponera quadricaps</i>	-	-	-
UPI0007118BEE	GAS2-like protein 1	891	100%	<i>Dinoponera quadricaps</i>	-	-	-
UPI000711F1D6	uncharacterized exonuclease C637.09 isoformX1	675	100%	<i>Dinoponera quadricaps</i>	-	-	-
UPI000711A389	uncharacterized protein LOC106749537 isoformX14	2229	100%	<i>Dinoponera quadricaps</i>	-	-	-
UPI000711BCDB	protein unc-13 homolog D isoformX4	1160	100%	<i>Dinoponera quadricaps</i>	-	-	-
UPI0007120565	Golgi apparatus protein 1	1129	100%	<i>Dinoponera quadricaps</i>	-	-	-
UPI000718BD24	protein asunder homolog isoformX2	678	100%	<i>Polistes canadensis</i>	-	-	-
UPI000718F918	myosin regulatory light chain 2	213	100%	<i>Polistes canadensis</i>	-	-	-
UPI000718D157	dynactin subunit 1 isoformX1	1316	100%	<i>Polistes canadensis</i>	-	-	-
UPI000718CBC8	uncharacterized protein LOC106793786	330	100%	<i>Polistes canadensis</i>	-	-	-
UPI000718B0EC	uncharacterized protein LOC106784502 isoformX1	1070	100%	<i>Polistes canadensis</i>	-	-	-
UPI000718ACAB	uncharacterized protein LOC106785098 isoformX4	2286	100%	<i>Polistes canadensis</i>	-	-	-
UPI000718CE26	host cell factor isoformX1	1564	100%	<i>Polistes canadensis</i>	-	-	-
UPI000718D743	mitochondrial import receptor subunit TOM40 homolog 1-like	326	100%	<i>Polistes canadensis</i>	-	-	-
UPI000718DEFE	serine/arginine repetitive matrix protein 1-like isoformX1	860	100%	<i>Polistes canadensis</i>	-	-	-
UPI000718BBC4	Fanconi anemia group J protein homolog	1031	100%	<i>Polistes canadensis</i>	-	-	-
UPI000718B408	uncharacterized protein LOC106790518	705	100%	<i>Polistes canadensis</i>	-	-	-
UPI000718E2C4	protein transport protein Sec31A	1228	100%	<i>Polistes canadensis</i>	-	-	-
UPI000718E60D	protein PF14_0175 isoformX1	2141	100%	<i>Polistes canadensis</i>	-	-	-
UPI0007383A62	dynein heavy chain 1, axonemal-like	3699	100%	<i>Diachasma alloeum</i>	-	-	-
UPI00073838F4	DNA mismatch repair protein Mlh	881	100%	<i>Diachasma alloeum</i>	-	-	-
UPI00073848C1	uncharacterized protein LOC107043721	570	100%	<i>Diachasma alloeum</i>	-	-	-
UPI000738430D	uncharacterized protein LOC107035452 isoformX1	707	100%	<i>Diachasma alloeum</i>	-	-	-
UPI0007383D74	deleted in autism protein 1	398	100%	<i>Diachasma alloeum</i>	-	-	-
UPI0007384581	uncharacterized protein LOC107035748 isoformX1	4092	100%	<i>Diachasma alloeum</i>	-	-	-
UPI00073818DD	transcription elongation factor B polypeptide 3	707	100%	<i>Diachasma alloeum</i>	-	-	-
UPI0007384D08	proto-oncogene tyrosine-protein kinase receptor Ret	1243	100%	<i>Diachasma alloeum</i>	-	-	-
UPI000738517F	WD repeat-containing protein 81	1929	100%	<i>Diachasma alloeum</i>	-	-	-

UPI0007383F6F	integrator complex subunit 4	917	100%	<i>Diachasma alloeum</i>	-	-	-
UPI0007381B87	tw itchlin	8957	100%	<i>Diachasma alloeum</i>	-	-	-
UPI0007382D07	zinc finger protein on ecdysone puffs	775	100%	<i>Diachasma alloeum</i>	-	-	-
UPI0007382CC8	major royal jelly protein 2	366	100%	<i>Diachasma alloeum</i>	-	-	-
UPI00073821B8	rotatin	2018	100%	<i>Diachasma alloeum</i>	-	-	-
UPI0007383FAC	uncharacterized protein LOC107042871 isoformX1	3086	100%	<i>Diachasma alloeum</i>	-	-	-
UPI000738425B	bromodomain adjacent to zinc finger domain protein 1A isoformX3	1378	100%	<i>Diachasma alloeum</i>	-	-	-
UPI00073815F9	ATP-dependent (S)-NAD(P)H-hydrate dehydratase isoformX2	315	100%	<i>Diachasma alloeum</i>	-	-	-
UPI000738225B	glucose dehydrogenase [FAD, quinone]-like	590	100%	<i>Diachasma alloeum</i>	-	-	-
UPI0007383CBD	uncharacterized protein LOC107045004	440	100%	<i>Diachasma alloeum</i>	-	-	-
UPI0007382418	chromosome transmission fidelity protein 18 homolog	879	100%	<i>Diachasma alloeum</i>	-	-	-
UPI0007384FAE	uncharacterized protein LOC107045478	405	100%	<i>Diachasma alloeum</i>	-	-	-
UPI00073839CD	ribonucleases P/MRP protein subunit POP1	780	100%	<i>Diachasma alloeum</i>	-	-	-
UPI0007384568	dynein heavy chain 7, axonemal	3423	100%	<i>Diachasma alloeum</i>	-	-	-
UPI00073DB51F	potassium voltage-gated channel protein Shaw -like isoformX4	543	100%	<i>Polistes dominula</i>	-	-	-
UPI00073D7E58	inositol-pentakisphosphate 2-kinase	568	100%	<i>Polistes dominula</i>	-	-	-
UPI00073D3851	uncharacterized protein LOC107066398 isoformX1	1652	100%	<i>Polistes dominula</i>	-	-	-
UPI00073D8169	rab-like protein 6	701	100%	<i>Polistes dominula</i>	-	-	-
UPI00073D67EA	TBC1 domain family member 4 isoformX2	1260	100%	<i>Polistes dominula</i>	-	-	-
UPI00073D3917	liprin-alpha-1 isoformX6	1279	100%	<i>Polistes dominula</i>	-	-	-
UPI00073DA10A	immunoglobulin-binding protein 1b	356	100%	<i>Polistes dominula</i>	-	-	-
UPI00073D290F	tw itchlin isoformX1	7843	100%	<i>Polistes dominula</i>	-	-	-
UPI00073D4982	glycerol kinase	517	100%	<i>Polistes dominula</i>	-	-	-
UPI00073D3734	putative mediator of RNA polymerase II transcription subunit 26 isoformX1	2278	100%	<i>Polistes dominula</i>	-	-	-
UPI00073D1C62	protein SZT2-like isoformX1	3327	100%	<i>Polistes dominula</i>	-	-	-
UPI00073D91ED	fatty acyl-CoA reductase 1-like	612	100%	<i>Polistes dominula</i>	-	-	-
UPI00073D408E	putative RNA polymerase II subunit B1 CTD phosphatase RPA P2	171	100%	<i>Polistes dominula</i>	-	-	-
UPI000767981E	uncharacterized protein LOC107193948	594	100%	<i>Dufourea novaeangliae</i>	-	-	-

UPI0007678DF2	stress response protein NST1-like isoform X2	1098	100%	<i>Dufourea novaeangliae</i>	-	-	-
UPI0007676CFC	5-oxoprolinase	1288	100%	<i>Dufourea novaeangliae</i>	-	-	-
UPI000766EC88	lutropin-choriogonadotropic hormone receptor	1022	100%	<i>Dufourea novaeangliae</i>	-	-	-
UPI0007672A1E	protein lunapark-A	413	100%	<i>Dufourea novaeangliae</i>	-	-	-
UPI000766EF5A	protein PTHB1	798	100%	<i>Dufourea novaeangliae</i>	-	-	-
UPI0007671362	dihydropyrimidine dehydrogenase [NADP(+)]	1026	100%	<i>Dufourea novaeangliae</i>	-	-	-
UPI00076FDC6C	NAD(P)H-hydrate epimerase	229	100%	<i>Neodiprion lecontei</i>	-	-	-
UPI00076FC584	neutral alpha-glucosidase AB	923	100%	<i>Neodiprion lecontei</i>	-	-	-
UPI00076FA636	peroxisomal membrane protein 2	187	100%	<i>Neodiprion lecontei</i>	-	-	-
UPI00076FB4D2	N-acetyltransferase ESCO1	868	100%	<i>Neodiprion lecontei</i>	-	-	-
UPI00076FC936	rabphilin-3A isoform X2	604	100%	<i>Neodiprion lecontei</i>	-	-	-
UPI00076F99ED	zinc finger protein 512B-like	252	100%	<i>Neodiprion lecontei</i>	-	-	-
UPI00076FD44B	centrosomal protein of 152 kDa-like	1343	100%	<i>Neodiprion lecontei</i>	-	-	-
UPI00076FCC51	transcription initiation factor TFIIID subunit 6 isoform X1	623	100%	<i>Neodiprion lecontei</i>	-	-	-
UPI000771A80A	protein sickle isoform X1	2328	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI000619C562	macoilin-1 isoform X4	684	100%	<i>Bombus terrestris</i>	-	-	-
UPI0006267BB6	coiled-coil domain-containing protein AGAP005037-like isoform X1	1128	100%	<i>Orussus abietinus</i>	-	-	-
UPI0006C9A8B5	LOW QUALITY PROTEIN: microtubule-associated protein futsch-like	1724	100%	<i>Copidosoma floridanum</i>	-	-	-
UPI00073DA10D	NCK-interacting protein w ith SH3 domain isoform X1	651	100%	<i>Polistes dominula</i>	-	-	-
UPI000719018C	phospholipase A1-like	336	100%	<i>Polistes canadensis</i>	-	-	-
UPI0007381861	signal-induced proliferation-associated 1-like protein 2 isoform X2	1480	100%	<i>Diachasma alloeum</i>	-	-	-
UPI0007D96F1D	LOW QUALITY PROTEIN: putative mediator of RNA polymerase II transcription subunit 26	2524	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-
UPI0005BAA0C7	LOW QUALITY PROTEIN: sex-lethal homolog	396	100%	<i>Cerapachys biroi</i>	-	-	-
UPI0005D451DC	collagen alpha-6(IV) chain	1839	100%	<i>Pogonomymex barbatus</i>	-	-	-
UPI0007D984EA	ATP-dependent RNA helicase ded1-like	187	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-
UPI000580E3B5	fringe glycosyltransferase	410	100%	<i>Acromymex echinator</i>	-	-	-
UPI0005F071C1	uncharacterized protein LOC105459796	143	100%	<i>Wasmannia auropunctata</i>	-	-	-
UPI00022468FD	kinesin-associated protein 3-like	845	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-

UPI0005EF8C63	uncharacterized protein LOC105456879 isoform X1	924	100%	<i>Wasmannia auropunctata</i>	-	-	-
UPI00076FA785	histone-lysine N-methyltransferase Suv4-20	1216	100%	<i>Neodiprion lecontei</i>	-	-	-
UPI000738273F	uncharacterized protein LOC107044960	1680	100%	<i>Diachasma alloeum</i>	-	-	-
UPI00076FA1F2	phosphofurin acidic cluster sorting protein 2 isoform X1	842	100%	<i>Neodiprion lecontei</i>	-	-	-
UPI0007718F6D	arginine/serine-rich coiled-coil protein 2 isoform X3	397	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI000718D367	dyslexia-associated protein KIAA0319	945	100%	<i>Polistes canadensis</i>	-	-	-
UPI0007670A86	dynein heavy chain 2, axonemal	4313	100%	<i>Dufourea novaeangliae</i>	-	-	-
UPI000771BB28	uncharacterized protein LOC107270489	250	100%	<i>Cephus cinctus</i>	-	-	-
UPI0007D97A64	solute carrier family 25 member 44	332	100%	<i>Nasonia vitripennis</i>	-	-	-