

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL
CENTRO DE BIOTECNOLOGIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM BIOLOGIA CELULAR E MOLECULAR

EVOLUÇÃO MOLECULAR DE PROTEASES PR1 (CLASSE II) DE
METARHIZIUM ANISOPLIAE

DISSERTAÇÃO DE MESTRADO

FÁBIO CARRER ANDREIS

PORTO ALEGRE, MAIO DE 2016

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL

CENTRO DE BIOTECNOLOGIA

PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM BIOLOGIA CELULAR E MOLECULAR

**EVOLUÇÃO MOLECULAR DE PROTEASES PR1 (CLASSE II) DE
*METARHIZIUM ANISOPLIAE***

Dissertação submetida ao Programa de Pós-Graduação em Biologia Celular e Molecular do Centro de Biotecnologia da UFRGS como requisito parcial para obtenção do grau de Mestre.

FÁBIO CARRER ANDREIS

AUGUSTO SCHRANK – ORIENTADOR

CLAUDIA ELIZABETH THOMPSON – CO-ORIENTADORA

PORTO ALEGRE, MAIO DE 2016

ESTE TRABALHO FOI DESENVOLVIDO NA UNIDADE DE BIOLOGIA TEÓRICA E COMPUTACIONAL, LOCALIZADA NO CENTRO DE BIOTECNOLOGIA DA UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL (CBIOT/UFRGS), SOB ORIENTAÇÃO CONJUNTA DOS DOUTORES AUGUSTO SCHRANK E CLAUDIA ELIZABETH THOMPSON. APOIO FINANCEIRO: COORDENAÇÃO DE APERFEIÇOAMENTO DE PESSOAL DE NÍVEL SUPERIOR (CAPES), CONSELHO NACIONAL DE DESENVOLVIMENTO CIENTÍFICO E TECNOLÓGICO (CNPQ) E FUNDAÇÃO DE AMPARO À PESQUISA DO ESTADO DO RIO GRANDE DO SUL (FAPERGS).

BANCA EXAMINADORA

EDUARDO EIZIRIK

LABORATÓRIO DE GENÔMICA E BIOLOGIA MOLECULAR
FACULDADE DE BIOCIÊNCIAS - PUCRS

MARISTELA PEREIRA

LABORATÓRIO DE BIOLOGIA MOLECULAR
INSTITUTO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS - UFG

RODRIGO LIGABUE BRAUN

LABORATÓRIO DE PROTEÍNAS TÓXICAS
CENTRO DE BIOTECNOLOGIA - UFRGS

CLÁUDIA LEMELLE FERNANDES

(RELATORA E SUPLENTE)

UNIDADE DE BIOLOGIA TEÓRICA E FUNCIONAL
CENTRO DE BIOTECNOLOGIA - UFRGS

DEDICADO A ALFRED RUSSEL WALLACE, TÃO FACILMENTE ESQUECIDO, E A TODOS OS HOMENS E, ESPECIALMENTE, MULHERES CUJAS CONTRIBUIÇÕES SÃO FREQUENTEMENTE NEGLIGENCIADAS POR SEUS PARES, A DESPEITO DA IMPORTÂNCIA DE SUAS DESCOBERTAS.

*“In the beginning the Universe was created.
This has made a lot of people very angry
and been widely regarded as a bad move.”*

- Douglas Adams, The Restaurant at the End of the Universe

SUMÁRIO

SUMÁRIO	VI
LISTA DE ABREVIATURAS E SÍMBOLOS	IX
ÍNDICES DE FIGURAS E TABELAS	X
RESUMO	XII
ABSTRACT	XIII
1. INTRODUÇÃO	14
1.1. SELEÇÃO NATURAL: UMA PERSPECTIVA HISTÓRICA.....	14
1.2. EVOLUÇÃO MOLECULAR.....	18
1.3. <i>METARHIZIUM ANISOPLIAE</i> : O MODELO DE ESTUDO.....	24
1.3.1. <i>ASPECTOS GERAIS</i>	31
1.3.2. <i>MECANISMO DE INFECÇÃO POR M. ANISOPLIAE</i>	32
1.3.3. <i>FAMÍLIA PR1 DE SERINO-PROTEASES DE M. ANISOPLIAE</i>	36
2. OBJETIVOS	42
3. MATERIAIS E MÉTODOS	43
3.1. CONSTRUÇÃO DO BANCO DE DADOS	43
3.2. ALINHAMENTO E ANÁLISE FILOGENÉTICA.....	45
3.3. SELEÇÃO POSITIVA.....	48
4. RESULTADOS	51
4.1. FILTRAGEM, ALINHAMENTO E SELEÇÃO DE MODELO EVOLUTIVO	51
4.2. RECONSTRUÇÃO FILOGENÉTICA	53
4.2.1. <i>SUBFAMÍLIA 1</i>	53
4.2.2. <i>SUBFAMÍLIA 2</i>	62
4.3. SELEÇÃO POSITIVA.....	68
5. DISCUSSÃO	88
6. CONCLUSÕES	95
7. PERSPECTIVAS	96
8. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	97
9. APÊNDICES	109
APÊNDICE 1: PARÂMETROS PHYML.....	109
APÊNDICE 2: PARÂMETROS MRBAYES.....	110

APÊNDICE 3: PARÂMETROS PAML	113
APÊNDICE 4: SCRIPT UTILIZADO PARA OS CÁLCULOS DE LRT	115
APÊNDICE 5: RELAÇÃO DE SEQUÊNCIAS SUBFAMÍLIA 1	116
APÊNDICE 6: RELAÇÃO DE SEQUÊNCIAS SUBFAMÍLIA 2.....	119
APÊNDICE 7: TAXONOMIA SUBFAMÍLIA 1.....	121
APÊNDICE 8: TAXONOMIA SUBFAMÍLIA 2.....	125
APÊNDICE 9: ALINHAMENTO PR1A.....	128
APÊNDICE 10: ALINHAMENTO PR1B.....	133
APÊNDICE 11: ALINHAMENTO PR1G	135
APÊNDICE 12: ALINHAMENTO PR1I	136
APÊNDICE 13: ALINHAMENTO PR1K.....	138
APÊNDICE 14: ALINHAMENTO SF1	142
APÊNDICE 15: ALINHAMENTO PR1D	154
APÊNDICE 16: ALINHAMENTO PR1E.....	156
APÊNDICE 17: ALINHAMENTO PR1F	158
APÊNDICE 18: ALINHAMENTO PR1J	160
APÊNDICE 19: ALINHAMENTO SF2	162
APÊNDICE 20: PR1A-AA-BI	176
APÊNDICE 21: PR1A-AA-ML	177
APÊNDICE 22: PR1A-NT-ML	178
APÊNDICE 23: PR1B-AA-BI	179
APÊNDICE 24: PR1B-AA-ML	180
APÊNDICE 25: PR1B-NT-ML	181
APÊNDICE 26: PR1G-AA-BI.....	182
APÊNDICE 27: PR1G-AA-ML.....	183
APÊNDICE 28: PR1G-NT-ML.....	184
APÊNDICE 29: PR1I-AA-BI.....	185
APÊNDICE 30: PR1I-AA-ML.....	186
APÊNDICE 31: PR1I-NT-ML.....	187
APÊNDICE 32: PR1K-AA-BI	188
APÊNDICE 33: PR1K-AA-ML	189
APÊNDICE 34: PR1K-NT-ML	190
APÊNDICE 35: SF1-AA-BI.....	191
APÊNDICE 36: SF1-AA-ML	192
APÊNDICE 37: SF1-NT-ML	193
APÊNDICE 38: PR1D-AA-BI.....	194
APÊNDICE 39: PR1D-AA-ML	195
APÊNDICE 40: PR1D-NT-ML	196
APÊNDICE 41: PR1E-AA-BI.....	197

APÊNDICE 42: PR1E-AA-ML	198
APÊNDICE 43: PR1E-NT-BI	199
APÊNDICE 44: PR1F-NT-BI	200
APÊNDICE 45: PR1F-AA-ML.....	201
APÊNDICE 46: PR1F-NT-ML.....	202
APÊNDICE 47: PR1J-AA-BI.....	203
APÊNDICE 48: PR1J-NT-BI.....	204
APÊNDICE 49: PR1J-AA-ML	205
APÊNDICE 50: SF2-AA-BI.....	206
APÊNDICE 51: SF2-AA-ML	207
APÊNDICE 52: SF2-NT-ML	208
10. CURRICULUM VITAE RESUMIDO.....	209

LISTA DE ABREVIATURAS E SÍMBOLOS

A	Adenina
aa	aminoácido(s)
AIC(c)	Crítério de Informação de Akaike (Corrigido) (do inglês, <i>(Corrected) Akaike Information Criterion</i>)
BEB	<i>Bayes Empirical Bayes</i>
BI	Inferência Bayesiana (do inglês, <i>Bayesian Inference</i>)
BIC	Crítério de Informação de Bayes (do inglês, <i>Bayesian Information Criterion</i>)
BioNJ	Versão modificada do algoritmo <i>Neighbour Joining</i>
C	Citosina
d_N	Substituições Não-Sinônimas
d_S	Substituições Sinônimas
EST	Marcadores de Sequência Expressos (do inglês, <i>Expressed Sequence Tags</i>)
G	Guanina
HMM	Modelo Oculto de Markov (do inglês, <i>Hidden Markov Model</i>)
LRT	Teste de Razão de Verossimilhança (do inglês, <i>Likelihood Ratio Test</i>)
MDG	Máxima Diversidade Genética (teoria evolutiva)
ML	Máxima Verossimilhança (do inglês, <i>Maximum Likelihood</i>)
MT	Meta Árvore (do inglês, <i>Meta Tree</i>)
NCBI	<i>National Center for Biotechnology Information</i>
NEB	<i>Naïve Empirical Bayes</i>
NNI	<i>Nearest-Neighbor Interchange</i>
nt	nucleotídeo(s)
OTU	Unidade Taxonômica Operacional (<i>Operational Taxonomic Unit</i>)
Pfam	<i>Protein Family Database</i>
PS	Seleção Positiva (do inglês, <i>Positive Selection</i>)
SPS	sítios positivamente selecionados
T	Timina
U	Uracila
ω	d_N/d_S

ÍNDICES DE FIGURAS E TABELAS

FIGURA 1: MECANISMOS DE HEREDITARIEDADE.	16
FIGURA 2: MODELO DE EVOLUÇÃO POR SELEÇÃO NATURAL.	17
FIGURA 3: TIPOS BÁSICOS DE SUBSTITUIÇÃO EM NÍVEL DE NUCLEOTÍDEOS.	22
FIGURA 4: COEVOLUÇÃO DE <i>METARHIZIUM</i> SPP. E SEUS HOSPEDEIROS ARTRÓPODES.	30
FIGURA 5: VISÃO ESQUEMÁTICA DO PROCESSO INFECTIVO DE <i>M. ANISOPLIAE</i>	35
FIGURA 6: ORGANIZAÇÃO GERAL DA FAMÍLIA PR1 DE PROTEASES EM <i>M. ANISOPLIAE</i>	37
FIGURA 7: EXPRESSÃO DIFERENCIAL DOS GENES DE PROTEASES PR1.	40
FIGURA 8: FLUXOGRAMA GERAL DE TRABALHO.	44
FIGURA 9: EXEMPLO DE META-ÁRVORE.	48
FIGURA 10: ANÁLISE FILOGENÉTICA DE PR1A.	55
FIGURA 11: ANÁLISE FILOGENÉTICA DE PR1B.	56
FIGURA 12: ANÁLISE FILOGENÉTICA DE PR1G.	57
FIGURA 13: ANÁLISE FILOGENÉTICA DE PR1I.	58
FIGURA 14: ANÁLISE FILOGENÉTICA DE PR1K.	59
FIGURA 15: ANÁLISE FILOGENÉTICA CONJUNTA DA SUBFAMÍLIA 1.	61
FIGURA 16: ANÁLISE FILOGENÉTICA PARA PR1D.	62
FIGURA 17: ANÁLISE FILOGENÉTICA PARA PR1E.	63
FIGURA 18: ANÁLISE FILOGENÉTICA PARA PR1F.	65
FIGURA 19: ANÁLISE FILOGENÉTICA PARA PR1J.	66
FIGURA 20: ANÁLISE FILOGENÉTICA CONJUNTA DA SUBFAMÍLIA 2.	67
FIGURA 21: LOCALIZAÇÃO DOS SÍTIOS POSITIVAMENTE SELECIONADOS IDENTIFICADOS.	69

TABELA 1: ESPÉCIES DO GÊNERO <i>METARHIZIUM</i> , DE ACORDO COM DADOS DO MYCOBANK. DADOS GENÔMICOS PROVENIENTES DO NCBI. CONSULTA EM FEVEREIRO/2016.	26
TABELA 2: GENES ASSOCIADOS À VIRULÊNCIA DE <i>M. ANISOPLIAE</i> , CONFORME COMPILADOS POR BUTT <i>ET AL.</i> , 2016.	33
TABELA 3: PARÂMETROS DOS MODELOS DE CÓDON EMPREGADOS PARA ANÁLISES DE SELEÇÃO POSITIVA.	49
TABELA 4: RESULTADOS DE <i>BLASTP</i> , FILTRAGEM, ANÁLISE DE MODELO EVOLUTIVO E FILOGENIAS SELECIONADAS PARA AS DIFERENTES ISOFORMAS DA FAMÍLIA PR1 UTILIZADAS.	52
TABELA 5: RELAÇÃO QUALITATIVA DOS TESTES DE SELEÇÃO POSITIVA PARA AS PROTEÍNAS AVALIADAS.	68
TABELA 6: PARÂMETROS ESTIMADOS, VALORES DE VEROSSIMILHANÇA SOB MODELOS DE ω VARIÁVEL ENTRE SÍTIOS, E SÍTIOS POSITIVAMENTE SELECIONADOS (SPS) PARA PR1A-MT.	70

TABELA 7: PARÂMETROS ESTIMADOS, VALORES DE VEROSSIMILHANÇA SOB MODELOS DE ω VARIÁVEL ENTRE SÍTIOS, E SÍTIOS POSITIVAMENTE SELECIONADOS (SPS) PARA PR1A-SEL.....	71
TABELA 8: PARÂMETROS ESTIMADOS, VALORES DE VEROSSIMILHANÇA SOB MODELOS DE ω VARIÁVEL ENTRE SÍTIOS, E SÍTIOS POSITIVAMENTE SELECIONADOS (SPS) PARA PR1B-MT.....	72
TABELA 9: PARÂMETROS ESTIMADOS, VALORES DE VEROSSIMILHANÇA SOB MODELOS DE ω VARIÁVEL ENTRE SÍTIOS, E SÍTIOS POSITIVAMENTE SELECIONADOS (SPS) PARA PR1B-SEL.....	73
TABELA 10: PARÂMETROS ESTIMADOS, VALORES DE VEROSSIMILHANÇA SOB MODELOS DE ω VARIÁVEL ENTRE SÍTIOS, E SÍTIOS POSITIVAMENTE SELECIONADOS (SPS) PARA PR1G-MT.	74
TABELA 11: PARÂMETROS ESTIMADOS, VALORES DE VEROSSIMILHANÇA SOB MODELOS DE ω VARIÁVEL ENTRE SÍTIOS, E SÍTIOS POSITIVAMENTE SELECIONADOS (SPS) PARA PR1G-SEL.	75
TABELA 12: PARÂMETROS ESTIMADOS, VALORES DE VEROSSIMILHANÇA SOB MODELOS DE ω VARIÁVEL ENTRE SÍTIOS, E SÍTIOS POSITIVAMENTE SELECIONADOS (SPS) PARA PR1I-MT.	76
TABELA 13: PARÂMETROS ESTIMADOS, VALORES DE VEROSSIMILHANÇA SOB MODELOS DE ω VARIÁVEL ENTRE SÍTIOS, E SÍTIOS POSITIVAMENTE SELECIONADOS (SPS) PARA PR1I-SEL.	77
TABELA 14: PARÂMETROS ESTIMADOS, VALORES DE VEROSSIMILHANÇA SOB MODELOS DE ω VARIÁVEL ENTRE SÍTIOS, E SÍTIOS POSITIVAMENTE SELECIONADOS (SPS) PARA PR1K-MT.	78
TABELA 15: PARÂMETROS ESTIMADOS, VALORES DE VEROSSIMILHANÇA SOB MODELOS DE ω VARIÁVEL ENTRE SÍTIOS, E SÍTIOS POSITIVAMENTE SELECIONADOS (SPS) PARA PR1K-SEL.....	79
TABELA 16: PARÂMETROS ESTIMADOS, VALORES DE VEROSSIMILHANÇA SOB MODELOS DE ω VARIÁVEL ENTRE SÍTIOS, E SÍTIOS POSITIVAMENTE SELECIONADOS (SPS) PARA PR1D.	81
TABELA 17: PARÂMETROS ESTIMADOS, VALORES DE VEROSSIMILHANÇA SOB MODELOS DE ω VARIÁVEL ENTRE SÍTIOS, E SÍTIOS POSITIVAMENTE SELECIONADOS (SPS) PARA PR1J-MT.....	82
TABELA 18: PARÂMETROS ESTIMADOS, VALORES DE VEROSSIMILHANÇA SOB MODELOS DE ω VARIÁVEL ENTRE SÍTIOS, E SÍTIOS POSITIVAMENTE SELECIONADOS (SPS) PARA PR1J-SEL.....	83
TABELA 19: PARÂMETROS ESTIMADOS, VALORES DE VEROSSIMILHANÇA SOB MODELOS DE ω VARIÁVEL ENTRE SÍTIOS, E SÍTIOS POSITIVAMENTE SELECIONADOS (SPS) PARA PR1E-SEL.	84
TABELA 20: PARÂMETROS ESTIMADOS, VALORES DE VEROSSIMILHANÇA SOB MODELOS DE ω VARIÁVEL ENTRE SÍTIOS, E SÍTIOS POSITIVAMENTE SELECIONADOS (SPS) PARA PR1E-MT.	85
TABELA 21: PARÂMETROS ESTIMADOS, VALORES DE VEROSSIMILHANÇA SOB MODELOS DE ω VARIÁVEL ENTRE SÍTIOS, E SÍTIOS POSITIVAMENTE SELECIONADOS (SPS) PARA PR1F-MT.	86
TABELA 22: PARÂMETROS ESTIMADOS, VALORES DE VEROSSIMILHANÇA SOB MODELOS DE ω VARIÁVEL ENTRE SÍTIOS, E SÍTIOS POSITIVAMENTE SELECIONADOS (SPS) PARA PR1F-SEL.	87

RESUMO

O fungo entomopatogênico *Metarhizium anisopliae* é amplamente empregado comercialmente como agente biocontrolador de artrópodes em pragas na agricultura e pecuária, abrangendo vasta gama de hospedeiros. Para que o processo infectivo tenha sucesso, é necessário que o fungo atravesse a cutícula, a primeira e principal defesa do artrópode. A transposição dessa primeira barreira ocorre pela secreção de proteases, lipases e quitinases para degradar seus principais componentes estruturais. Dentre as proteases expressas por *M. anisopliae*, a família Pr1 de serino-proteases está associada à virulência. Essa família possui 11 isoformas - Pr1A a Pr1K - em *M. anisopliae*, sendo subdivididas em duas classes. A Classe II compreende 10 isoformas subdivididas em três subfamílias. Essas isoformas agem de forma sinérgica entre si e com outros fatores, conferindo maior virulência e permitindo a infecção de diferentes hospedeiros. É suposto que a virulência coevoluiu por seleção recíproca com o hospedeiro, havendo seleção positiva para a evolução de novas proteases ou isoformas que não sejam inativadas por inibidores do hospedeiro. O presente trabalho busca testar essa hipótese na Classe II da família Pr1, com especial foco em *M. anisopliae*, utilizando diferentes métodos de inferência filogenética em conjuntos de aminoácidos e nucleotídeos das isoformas individuais, bem como agrupadas por subfamílias, abrangendo homólogos do gênero *Metarhizium* e fungos relacionados. As árvores obtidas e seus respectivos alinhamentos nucleotídicos foram analisados quanto à substituições sinônimas e não sinônimas para inferência de seleção positiva. Tanto para os conjuntos de dados individuais quanto para aqueles agrupados por subfamília, as filogenias retratam grupos com alto suporte estatístico condizentes com a taxonomia dos organismos que sintetizam essas proteínas, embora contendo pequenas discrepâncias. Foram identificados sítios sob seleção positiva em seis das nove isoformas avaliadas, em sua maioria localizados no domínio proteolítico. Esses resultados indicam que existe pressão seletiva diferenciada para gerar novas variações de Pr1, com efeito potencial na especificidade por hospedeiros, aumento de virulência, ou adaptação a outros estilos de vida hospedeiro-independente.

ABSTRACT

The entomopathogenic fungus *Metarhizium anisopliae* is widely applied as a pest-arthropod biocontrol agent in crops and animal production, encompassing a wide array of hosts. For a successful infection, it is vital that the fungus breaches the host's cuticle, the first and main defense of arthropods. Transposing this first barrier requires secreted proteases, lipases and chitinases that degrade the cuticle's main structural components. Among the expressed proteases of *M. anisopliae*, the Pr1 family of serine proteases is related to its virulence. In *M. anisopliae*, this family contains 11 isoforms – Pr1A through Pr1K – divided into two classes. Class II comprises 10 isoforms further divided into three subfamilies. It is believed that these isoforms act synergistically and with other virulence factors, allowing the infection of different hosts. Presumably, virulence coevolves through reciprocal selection with the host, where positive selection occurs for the evolution of new proteases or isoforms that are not inactivated by the host's inhibitors. The current work tests this hypothesis in Class II of the Pr1 family, with a special focus in *M. anisopliae*, employing different methods for phylogenetic inference in amino acid and nucleotide datasets alike for each isoform individually as well as grouped by subfamily, encompassing homologs for the *Metarhizium* genus and related fungi. The inferred trees and their respective alignments were analyzed regarding synonymous and non-synonymous substitutions to detect positive selection. For each individual dataset, as well as for their subfamily groups, phylogenies depict groups that match the taxonomy of their respective organisms with high statistical support, albeit with minor discrepancies. Positively selected sites were identified in six out of nine Pr1 isoforms, most of them located within the proteolytic domain. These results imply that there exists a differential selective pressure for the evolution of novel Pr1 variations, potentially affecting host specificity, increasing virulence or adapting the fungus to different host-independent lifestyles.

1. INTRODUÇÃO

1.1. SELEÇÃO NATURAL: UMA PERSPECTIVA HISTÓRICA

Historicamente, o conceito de evolução como a conhecemos não existiu até o início da década de 1930 (RIDLEY, 2006, p. 38–39). Entretanto, as primeiras tentativas teóricas de descrição de como as espécies se modificavam datam do século XIX, especificamente de 1809. Esse ano foi marcante pela teorização do transformismo por parte do naturalista francês Jean-Baptiste Lamarck (1744-1828), que preconizava que linhagens de espécies existiriam por tempo indefinido, enquanto alterando sua forma (sem processos de extinção ou ramificação). Essa alteração ocorreria por um mecanismo desconhecido – uma “força interna” – que gerava modificações na prole e, conseqüentemente, novas espécies. Um segundo mecanismo proposto por Lamarck preconizava a herança de caracteres adquiridos, que sugeria que características adquiridas ao longo da vida do indivíduo poderiam ser passadas à prole, promovendo, ao longo de muitas gerações, a transformação da espécie. Nesse contexto, por exemplo, os pescoços das girafas teriam aumentado de comprimento pelo esforço das mesmas em alcançar folhas mais altas em árvores (RIDLEY, 2006, p. 31).

Contemporaneamente a Lamarck, o anatomista Georges Cuvier (1769-1832) desenvolvia ideias divergentes sobre a especiação. Por meio do estudo da anatomia animal, a sua escola estabeleceu a existência de quatro ramos principais nesse Reino – Vertebrata, Articulata, Mollusca, e Radiata. Um conjunto de grupos modificado é reconhecido pela biologia moderna, mas não contradiz drasticamente os quatro ramos originalmente propostos. Pode-se dividir o subreino Eumetazoa, visando corresponder a classificação de Cuvier, da seguinte forma: (Radiata, Bilateria (Deuterostomia [que inclui Vertebrata], Protostomia [inclui Articulata e Mollusca]). Na metade do século XIX, as ideias de Cuvier eram aceitas pela maioria da comunidade científica, e propunham que espécies possuíam origens individuais, permanecendo inalteradas até o momento de sua

extinção (RIDLEY, 2006, p. 32). Em meio a esses debates, a trajetória do naturalista Charles Darwin (1809-82) culminava para o que viria a ser reconhecida como uma das grandes ideias na história científica (junto ao Heliocentrismo de Copérnico, as teorias da Relatividade de Einstein, a teoria Quântica, dentre outras; SIEGFRIED, 2013). Na sua conhecida viagem pelo mundo a bordo do navio *Beagle* entre 1832 e 1837, especificamente nas Ilhas Galápagos, Darwin observou que cada ilha do arquipélago possuía sua própria e distinta espécie de tentilhão. Aliando a observações geográficas de outras espécies de aves sul-americanas, Darwin conjecturou a existência de um tentilhão ancestral comum a todos os que habitavam a região. O mecanismo responsável pelo fenômeno da adaptação viria a ser cuidadosamente elaborado nos 20 anos seguintes ao seu retorno à Inglaterra (HERRON & FREEMAN, 2014 p.74; RIDLEY, 2006 p.33-34).

Segundo Darwin, a luta pela vida acarreta na sobrevivência de formas melhor adaptadas ao meio, deixando maior número de descendentes e aumentando sua frequência na geração seguinte. O processo de aumento ou redução da frequência de formas melhor ou pior adaptadas, respectivamente, pode levar ao surgimento de uma nova espécie. Simultaneamente, o naturalista britânico Alfred Russel Wallace havia chegado independentemente a conclusões similares com relação ao mecanismo motor da especiação. A troca de informações entre ambos motivou a publicação de suas teorias, que foram apreciadas e publicadas simultaneamente pela *Linnean Society of London* em 1858. A teoria da seleção natural, como foi e é conhecida até hoje, foi publicada sob o título *On the Tendency of Species to form Varieties; and on the Perpetuation of Varieties and Species by Natural Means of Selection* (Sobre a Tendência das Espécies em formar Variedades; e sobre a Perpetuação de Variedades e Espécies por Meios Naturais de Seleção, em livre tradução; DARWIN & WALLACE, 1858), enquanto o clássico *Sobre a Origem das Espécies* seria publicado no ano seguinte (HERRON & FREEMAN, 2014 p.74; RIDLEY, 2006 p.33-34).

Embora bem-fundamentado, o mecanismo proposto carecia de informações sobre um ponto crucial: hereditariedade. Das múltiplas teorias da

época, a formulada por Darwin era uma herança por mistura das características parentais (Figura 1A). Nesse caso, por exemplo, uma planta com flores vermelhas que cruzasse com uma planta de flores brancas deveria necessariamente gerar prole com pétalas cor-de-rosa. Esse foi um dos alvos de críticas que dificultaram a aceitação inicial da teoria de seleção natural, visto que ela dificilmente funcionaria sob esse paradigma. Somente na década de 1930, após a redescoberta das leis de hereditariedade de Gregor Mendel (1865), que Ronald Fisher (em *A Teoria Genética da Seleção Natural*, 1930), Sewall Wright (*Evolução em Populações Mendelianas*, 1931), e John Haldane (*As Causas da Evolução*, 1932) independentemente demonstraram que a teoria de seleção natural poderia operar segundo a genética mendeliana (Figura 1B): o que viria a ser conhecido como teoria sintética da evolução, síntese moderna, ou neodarwinismo (RIDLEY, 2006 p.37-39).

É importante ressaltar que a seleção natural em si ocorre em indivíduos, enquanto as mudanças só são consideradas na população. Dito isso, pode-se

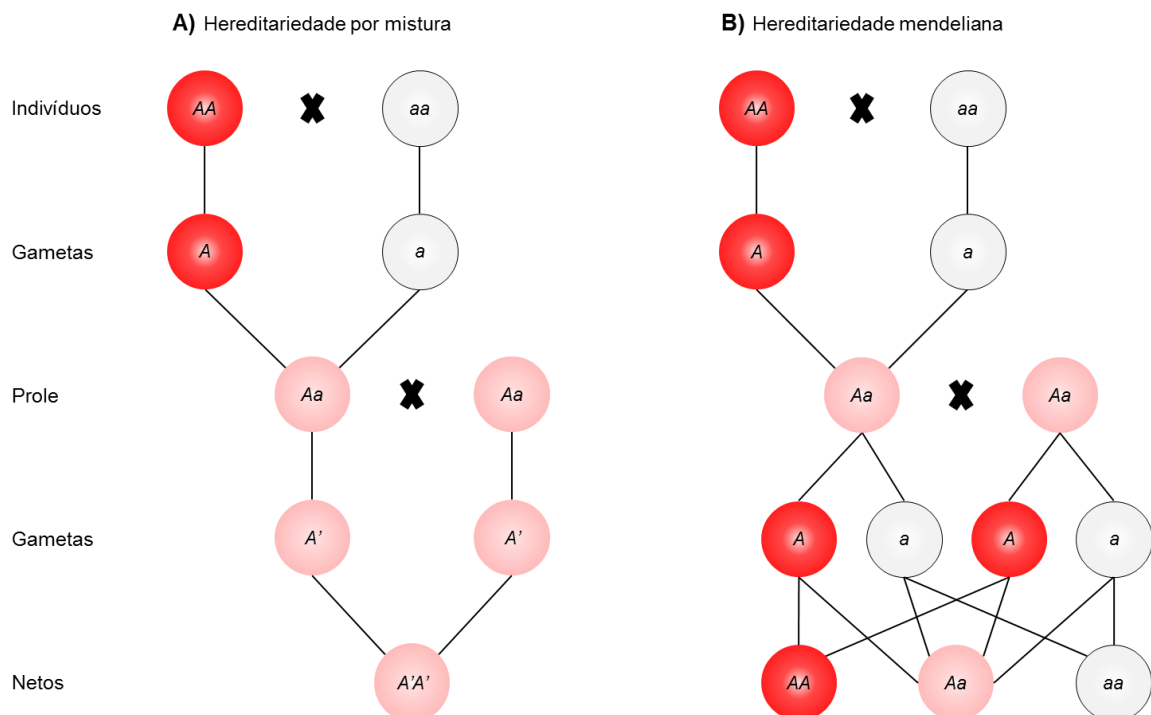


Figura 1: Mecanismos de hereditariedade.

A) Herança por mistura, preconizada pelo darwinismo clássico. Os genes parentais para a cor vermelha A e branca a misturam-se na prole, gerando um novo gene A' responsável pela coloração rósea. **B)** Herança mendeliana, preconizada pela síntese moderna. Os genes parentais são herdados sem qualquer tipo de alteração. Adaptado de RIDLEY, 2006.

defini-la por uma série de postulados sobre a natureza das populações: (i) os indivíduos dentro de uma determinada população diferem uns dos outros; (ii) essas diferenças – ou parte delas – são transmitidas hereditariamente; (iii) alguns indivíduos desempenham-se melhor que outros em termos de sobrevivência e reprodução e (iv) os indivíduos sucedem em função das variações herdadas, e as passarão à sua prole. Exemplifiquemos esse processo através de camundongos em uma praia, ilustrada na Figura 2, onde indivíduos são predados ou não em razão da cor de sua pelagem. Os animais não mudam a cor de seus pelos, e seus descendentes possuem características similares (mas não idênticas) às de seus pais. A população muda como resultado de simples aritmética: camundongos que se reproduzem mantêm os seus traços presentes, enquanto os traços dos que não procriam são eliminados. Diz-se, nesse caso, que uma pelagem que permite

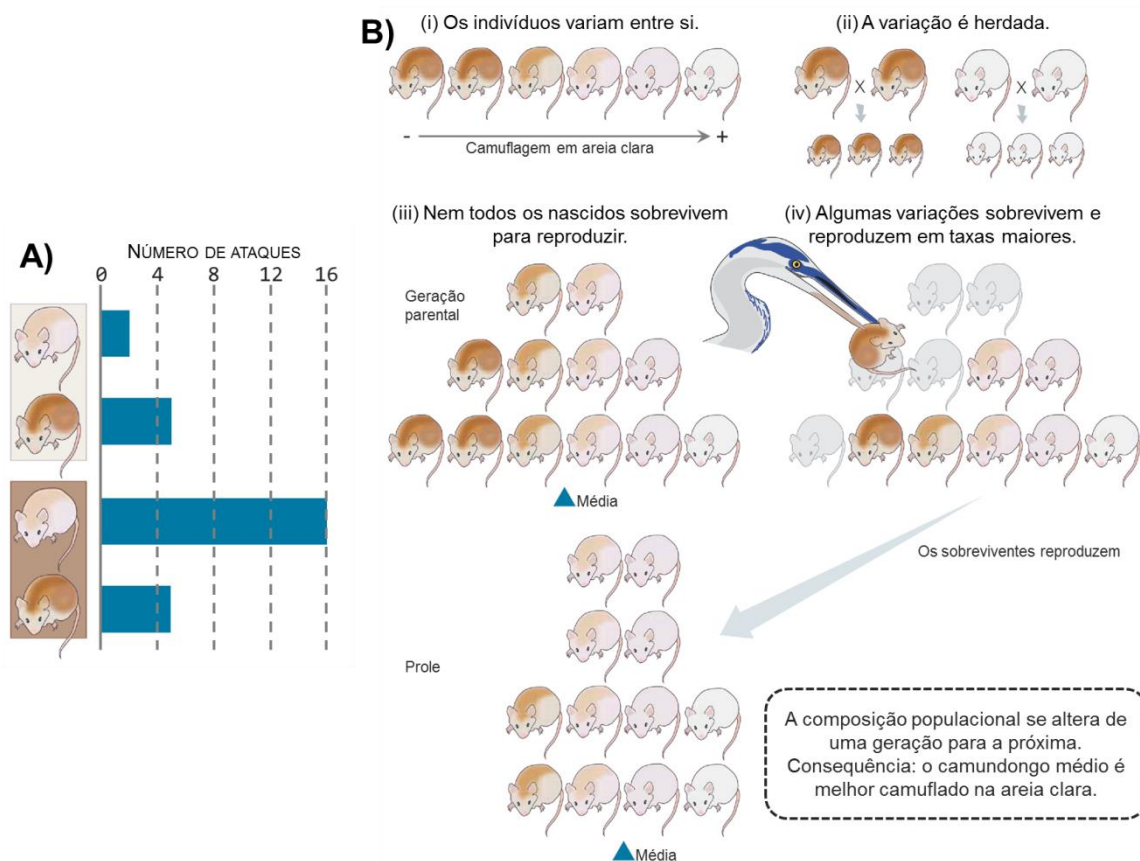


Figura 2: Modelo de evolução por seleção natural.

A) Camundongos que se destacam sofrem mais ataques. **B)** Postulados da teoria de Darwin exemplificados em uma população de camundongos. Se os indivíduos variam na coloração da pelagem, os menos camuflados são predados, e os sobreviventes passam sua cor de pelos à prole, então a população apresentará uma maior proporção de camundongos melhor camuflados a cada geração. Adaptado de HERRON & FREEMAN, 2014, p. 73.

melhor camuflagem é uma adaptação, ou um traço adaptativo, na população de camundongos (HERRON & FREEMAN, 2014 p.78).

Por muito tempo o estudo da evolução foi baseado em caracteres morfológicos, cujas mudanças são explicadas, de forma qualitativa, pela teoria de seleção natural de Darwin e Wallace. O estudo de genética de populações iniciado por Fisher, Haldane e Wright fomentou estudos acerca de mutação, migração, deriva genética, e seleção através da síntese moderna (OHTA, 1992). Nos anos que a sucederam, entretanto, houve extenso debate no que tange às causas de variação e diversidade em espécies.

1.2. EVOLUÇÃO MOLECULAR

Em meados da década de 1960, a aplicação de eletroforese em proteínas evidenciou extensiva variação em diversas proteínas de *Drosophila* spp., *Homo sapiens* e outros organismos (LEWONTIN, 1991). Baseado na observação de que hemoglobinas evoluíam à taxa de $1,4 \times 10^{-7}$ aminoácidos/ano (ZUCKERKANDL & PAULING, 1965), Motoo Kimura, eminente pesquisador em processos estocásticos de genética de populações (OHTA, 1992), estimou que em genomas de mamíferos haveria substituição de um par de nucleotídeos a cada 1,8 ano na população (KIMURA, 1968), muito maior do que os limites superiores atingíveis por seleção propostos por Haldane (um alelo a cada 300 gerações; 1957). Propôs-se, então, que muitos dos alelos substituídos deveriam ser neutros, em vez de adaptativos. O pesquisador japonês foi o primeiro a combinar a teoria de genética de populações com dados de evolução molecular, apontando a deriva genética como força principal na mudança de frequências alélicas (OHTA & GILLESPIE, 1996). Independentemente, King e Jukes (1969) propuseram – sob o polêmico título “Evolução Não-Darwiniana” – que a maioria das substituições aminoacídicas são neutras, em extensa comparação bioquímica envolvendo insulina A e B, citocromo c, α e β hemoglobinas, dentre outras proteínas de mamíferos. Esse estudo, além de reforçar a teoria neutra, foi o primeiro a apontar a relação inversa entre a importância de uma proteína ou aminoácido e sua taxa evolutiva (OHTA & GILLESPIE, 1996).

Durante a década de 1970 e o início da década de 1980 houve um grande aumento nos dados disponíveis acerca de evolução de polimorfismos, que levaram à conclusão de que cada proteína possui uma taxa de substituição aminoacídica própria (DICKERSON, 1971). Essa observação viria a se tornar um dos Princípios da Evolução Molecular (KIMURA & OHTA, 1974), que dita que moléculas ou partes de moléculas funcionalmente menos importantes evoluem mais rápido que as mais importantes. Diz-se que essas regiões são seletivamente restritas, pois alterações aminoacídicas acarretam severo impacto à sua funcionalidade (OHTA & GILLESPIE, 1996). Na época, as mutações fixadas na população eram tomadas como neutras, enquanto mutações em regiões restritas seriam rejeitadas pela seleção natural (em razão de efeitos deletérios), tornando mutações vantajosas extremamente raras e de pouca contribuição na totalidade das substituições (OHTA & GILLESPIE, 1996). Em 1973, Tomoko Ohta propôs a chamada teoria quase (ou aproximadamente) neutra da evolução molecular, sumarizada por ela em 1996 (em livre tradução):

Ambas deriva genética aleatória e seleção natural influenciam o comportamento de mutações fracamente selecionadas, com a deriva predominando em populações pequenas e a seleção, em grandes populações. A maioria das novas mutações são deletérias, a maioria das mutações com efeitos muito pequenos possuem maior probabilidade de serem levemente deletérias. Tais mutações são selecionadas negativamente em populações grandes, mas comportam-se como neutras em populações pequenas. Elas são chamadas de mutações quase neutras e implicam correlação negativa entre taxa evolutiva e tamanho populacional. Organismos grandes com tempos de geração longos tendem a ter populações pequenas e vice-versa. As taxas de mutação, entretanto, provavelmente dependem do número de gerações celulares. O efeito do tempo de geração cancela parcialmente o efeito do tamanho da população para mutações quase neutras.

Essa teoria adiciona uma classe de mutações, chamadas de quase neutras, à teoria neutra de Kimura, com seus comportamentos sendo influenciados tanto por deriva aleatória quanto por seleção natural. Na teoria neutra original, qualquer nova mutação deveria ser selecionada ou neutra, enquanto a teoria quase neutra busca compreender a interação entre essas duas forças (OHTA, 1996).

Em conjunto, Ohta e Kimura desenvolveram os chamados Princípios da Evolução Molecular (KIMURA & OHTA, 1974): (i) para cada proteína, a taxa de evolução, em termos de substituições aminoacídicas por ano por sítio, é

aproximadamente constante para várias linhagens, contanto que a função e estrutura terciária da molécula permaneçam essencialmente inalterada (o chamado relógio molecular); (ii) moléculas ou partes de moléculas funcionalmente menos importantes evoluem, em termos de mutações, mais rápido que as mais importantes; (iii) as mutações que interferem menos com a estrutura e função existentes de uma molécula (substituições conservativas) ocorrem mais frequentemente que as mais disruptivas; (iv) eventos de duplicação gênica devem sempre preceder o surgimento de um gene possuindo uma nova função e (v) a eliminação seletiva de mutantes definitivamente deletérios e a fixação de mutantes seletivamente neutros ou levemente deletérios acontece com frequência maior que seleção Darwiniana positiva de mutantes definitivamente vantajosos. As teorias de Darwin/Wallace, Kimura e Ohta compõe conjuntamente o que pode ser denominado como teoria evolutiva moderna (HUANG, 2016), mas a incorporação da genética de populações ao pensamento evolutivo, enquanto contribuindo enormemente para o entendimento da evolução molecular, ainda é insuficiente para explicar toda a fenomenologia, conforme apontado por Ohta e Gillespie (1996).

Um dos problemas centrais da teoria evolutiva moderna, conforme apontado por Shi Huang (2016), engloba a origem da diversidade genética. A sua hipótese de máxima diversidade genética (MDG), proposta em 2008, visa incorporar as virtudes da teoria moderna aos conhecimentos construídos em complexidade genética e fenotípica (HUANG, 2016). Um organismo complexo é, nesse contexto, definido pela combinação do número de tipos celulares e moléculas epigenéticas. Quanto maior o número de tipos celulares, maior o número de meios de empregar o mesmo conjunto de DNAs e mais complexo o organismo (VINOGRADOV & ANATSKAYA, 2007), incorporando à teoria evolutiva programas epigenéticos que podem ser transmitidos verticalmente (REMY, 2010). Dito isso, a MDG é definida por um par de axiomas: (i) quanto mais complexo um fenótipo, maior a restrição de moléculas componentes. Isso estabelece uma relação inversa entre diversidade genética (medida pela distância genética ou dissimilaridade entre DNA ou proteínas de diferentes organismos) e complexidade; (ii) qualquer sistema pode permitir uma quantidade limitada de

diversidade genética e tal diversidade pode ser benéfica, deletéria ou neutra dependendo das circunstâncias. A diversidade genética não pode crescer indefinidamente com o tempo, tendo seu limite máximo restrito pela sua complexidade epigenética ou por sua função. Enquanto a MDG aparenta englobar a maior parte da fenomenologia, enquanto incorporando as virtudes das teorias anteriores (HUANG, 2016), ela aponta para uma necessidade de constante reavaliação das teorias clássicas sob diferentes paradigmas.

A área da evolução molecular busca elucidar os processos que promovem variações intra e interespecíficas em nível molecular (NIELSEN, 2005, Prefácio). Diferentemente da evolução “clássica”, mais focada em padrões fenotípicos e registros fósseis, são utilizados padrões de mutações em genes (sequências de nucleotídeos; nt) ou proteínas (sequências de aminoácidos; aa) para determinar as relações entre os organismos, ou até mesmo dos próprios genes/proteínas em diferentes espécies. Uma vantagem particular do uso de dados moleculares é a sua ubiquidade na natureza: todos os ramos conhecidos da vida possuem genomas compostos por DNA (ou RNA, no caso de muitos vírus), sendo alguns de seus genes traduzidos. Enquanto essa organização permite comparar virtualmente toda a vida sob um único paradigma, também traz consigo a necessidade da utilização de métodos que possibilitem interpretar a informação genética de modo a obter informação biologicamente relevante.

As diferentes composições de genes são a base para a seleção adaptativa (MATIOLI & FERNANDES, 2012). Estas se originam através de processos mutagênicos, que podem ser divididos em quatro tipos básicos Figura 3: (i) substituição de um nucleotídeo por outro; (ii) deleção; (iii) inserção; e (iv) inversão. Os processos (ii) e (iii) podem ocasionar as chamadas mutações de fase de leitura, que normalmente implicam não-funcionalidade do produto gênico relacionado. Estes, juntamente com o processo (iv) podem ocorrer com um ou mais nucleotídeos de uma só vez (THOMAS, 2001).

As substituições de nucleotídeos (ou mutações pontuais) podem ser subdivididas em transições e transversões. A transição é a mutação de uma purina (A ou G) para outra purina, ou, analogamente, para pirimidinas (T ou C). Transversões implicam mudança de uma base purínica para uma pirimídica (e vice-versa), que tendem a ocorrer em taxas menores que transições (THOMAS, 2001). Se a mutação ocorrer em um gene codificante, pode ou não ter efeitos na sequência aminoacídica correspondente. Devido à degeneração do código genético – múltiplos códons codificando um mesmo aminoácido – algumas mutações não trazem efeitos ao produto de tradução correspondente (chamadas mutações silenciosas ou sinônimas). Por exemplo, todos os códons iniciados em GU codificam valina pelo código genético padrão (degeneração na terceira posição), tornando irrelevante o nucleotídeo incorporado a seguir. Em contraponto, mutações que alterem a sequência da proteína – e.g. qualquer alteração no códon AUG, o único codificando metionina – são chamadas de não-sinônimas, ou de sentido alterado (do inglês, *missense mutation*). Adicionalmente, podem ocorrer mutações sem sentido (do inglês, *nonsense mutations*), que implicam aparecimento prematuro de um códon de parada (ex.:

Substituição

Thr	Tyr	Leu	Leu
ACC	TAT	TTG	CTG
	↓		
ACC	TCT	TTG	CTG
Thr	Ser	Leu	Leu

Inserção

Thr	Tyr	Leu	Leu
ACC	TAT	TTG	CTG
	↓		
ACC	TAC	TTT	GCT G--
Thr	Tyr	Phe	Ala

Deleção

Thr	Tyr	Leu	Leu
ACC	TAT	TTG	CTG
		↓	
ACC	TAT	TGC	TG-
Thr	Tyr	Cys	

Inversão

Thr	Tyr	Leu	Leu
ACC	TAT	TTG	CTG
		┌	
		└	
ACC	TTT	ATG	CTG
Thr	Phe	Met	Leu

Figura 3: Tipos básicos de substituição em nível de nucleotídeos.

As sequências nucleotídicas estão apresentadas em códons visando ilustrar como os aminoácidos codificados são afetados pela mudança de nucleotídeo. As bases afetadas pelas alterações mutacionais estão em negrito. Adaptado de NEI & KUMAR, 2000.

UGG -> UGA, alterando um triptofano), truncando a proteína, e alterando ou eliminando a sua atividade (MATIOLI & FERNANDES, 2012 p.47).

Inserções ou deleções implicam adição ou remoção de seções nucleotídicas em uma sequência de DNA. Alterações de poucos nucleotídeos são normalmente decorrentes de erros na replicação de DNA, enquanto inserções mais longas se originam através de *crossing-over* desigual ou em razão de elementos transponíveis (THOMAS, 2001). Esses mecanismos podem originar mudanças no quadro de leitura do gene, caso a modificação não seja em múltiplos de três nucleotídeos, levando a alterações em todo o produto proteico após o sítio de inserção ou deleção. Ressalta-se que esses tipos de mutação possuem maiores probabilidades de resultar em proteínas com atividade reduzida (MATIOLI & FERNANDES, 2012 p.47-48).

Sítios sinônimos – onde qualquer substituição é sinônima – possuem taxas de substituição maiores que sítios não sinônimos. Isso se dá pelo fato de que as alterações aminoacídicas possuem maiores chances de serem deletérias e, por consequência, grande parte é eliminada da população. Por outro lado, mutações sinônimas tem maior probabilidade de serem neutras e, por conseguinte, fixadas na população. Diferenças entre a ocorrência desses dois tipos de substituição podem ser indicativos das restrições funcionais enfrentadas pela molécula em questão, esperando-se maiores taxas evolutivas em sequências cuja alteração tenha poucos efeitos no desempenho de suas funções. Alterações nessas restrições podem ser medidas utilizando a razão entre substituições não sinônimas (d_N) e sinônimas (d_S): $d_N/d_S = \omega$. Relações de neutralidade implicam que $d_N \cong d_S$, e a razão possui valores próximos a 1. Por outro lado, se existe algum tipo de restrição funcional sobre as substituições não sinônimas, $d_N < d_S$ e, como consequência, $\omega < 1$, sugerindo a existência de seleção negativa (supressão de mudanças). Já sob efeitos de seleção positiva (promoção de alterações proteicas), $d_N > d_S$ e, como consequência, $\omega > 1$. Deve ser ressaltado que o contexto em que a proteína está inserida tem influência no efeito da restrição funcional: um mesmo aminoácido pode ser seletivamente relevante em

um contexto, e neutro em outro (KRYAZHIMSKIY & PLOTKIN, 2008; MATIOLI & FERNANDES, 2012 p.63).

Em razão da coevolução entre organismos patogênicos e seus hospedeiros, espera-se que genes envolvidos na sua interação evoluam sob seleção positiva. Proteínas que interajam nessa interface serão alvo dos sistemas imunológicos e de defesa do hospedeiro, sendo que novas variantes dessas proteínas podem conferir maior aptidão ao patógeno, evitando o reconhecimento pelo hospedeiro (AGUILETA *et al.*, 2009). Diversos estudos já identificaram essa pressão seletiva diferenciada em patógenos: em *Plasmodium falciparum* identificou-se o antígeno de superfície MSA-1 (HUGHES, 1992); a proteína transmembrana PorB, outro antígeno de superfície, de *Meningococcus* sp. (URWIN *et al.*, 2002); genes relacionados ao capsídeo do parvovírus canino (CPV) (SHACKELTON *et al.*, 2005); em *Pseudomonas syringae* foram identificadas a pilina *hrpA* e uma proteína de ancoramento (GUTTMAN *et al.*, 2006); o gene *nef* do vírus da imunodeficiência humana (HIV) (ZANOTTO *et al.*, 1999); as proteínas fitotóxicas NEP1 e NEP2 de *Botrytis* spp. (STAATS *et al.*, 2007); diversos genes *TRI*, pertencentes ao *cluster* de biosíntese de tricotecenos (fitotoxinas de virulência), em *Fusarium* spp. (WARD *et al.*, 2002); dentre outros exemplos (AGUILETA *et al.*, 2009). Em especial, foram identificados 25 genes relacionados à interação patógeno-hospedeiro sob seleção positiva nos entomopatógenos do gênero *Metarhizium* (HU *et al.*, 2014).

1.3. METARHIZIUM ANISOPLIAE: O MODELO DE ESTUDO.

Fungos entomopatogênicos vem sendo utilizados para fins de biocontrole por mais de um século. Organismos como *Metarhizium anisopliae* e *Beauveria bassiana* figuram entre as espécies mais utilizadas mundialmente, principalmente em razão da eficiência de seus mecanismos de infecção (SÁNCHEZ-PÉREZ *et al.*, 2014; SCHRANK & VAINSTEIN, 2010). Em especial, *M. anisopliae* foi a primeira espécie a ser produzida em massa e empregada para esse fim. Aliado ao fato de ser uma das espécies melhor caracterizadas no que tange à sua virulência e especificidade de hospedeiros em

nível molecular, esse fungo possui papel importante no estudo da entomopatogenicidade (ROBERTS & ST. LEGER, 2004).

Dados do *Mycobank* (<http://mycobank.org>), apresentam 49 representantes reconhecidos do gênero *Metarhizium*, sendo que 7 espécies possuem seus genomas sequenciados (Tabela 1). Esses dados genômicos ampliaram o conhecimento acerca do processo de especiação desse gênero fúngico. Estudos filogenômicos recentes (HU *et al.*, 2014) apresentam espécies consideradas hospedeiro-específicas ou especialistas – *Metarhizium album* e *Metarhizium acridum*, infectando insetos da ordem Hemiptera e Orthoptera, respectivamente – como primitivas em relação às demais espécies sequenciadas. Os fungos com número intermediário de hospedeiros – *Metarhizium majus* e *Metarhizium guizhouense* (ambos encontrados em lepidópteros e coleópteros) – se mostraram como espécies transicionais no processo de diversificação de hospedeiros até espécies hospedeiro-generalistas – *Metarhizium anisopliae*, *Metarhizium brunneum* e *Metarhizium robertsii*, que abrangem as Ordens Diptera, Lepidoptera, Coleoptera, Hymenoptera, Orthoptera, Hemiptera e Ixodida. Essa especiação direcional no sentido especialista para generalista pode ter ocorrido paralelamente à diversificação de seus hospedeiros (Figura 4), no processo conhecido como coevolução ou coespeciação. Globalmente, a ampliação do leque de hospedeiros do gênero *Metarhizium* envolveu aumento no tamanho de genoma, número de genes e expansão de famílias proteicas.

Tabela 1: Espécies do gênero *Metarhizium*, de acordo com dados do Mycobank. Dados genômicos provenientes do NCBI. Consulta em Fevereiro/2016.

Espécie	Autores	Linhagem sequenciada (BioProject)	Referência do genoma	Mycobank
<i>M. acridum</i>	(Driver & Milner) J.F. Bischoff, Rehner & Humber, 2009	CQMa 102 (PRJNA245139)	GAO <i>et al.</i> , 2011	512407
<i>M. album</i>	Petch, 1931	ARSEF 1941 (PRJNA72731) ARSEF 549 (PRJNA184754)	HU <i>et al.</i> , 2014 HU <i>et al.</i> , 2014	209183
<i>M. anisopliae</i>	(Metschnikoff) Sorokin, 1883	BRIP 53293/Ma69 (PRJNA188933) BRIP 53284/Ma23 (PRJNA188935) E6 (PRJNA245858)	PATTEMORE <i>et al.</i> , 2014 PATTEMORE <i>et al.</i> , 2013 (não publicado) STAATS <i>et al.</i> , 2014	101834
<i>M. atrovirens</i>	(Kobayasi & Shimizu) Kepler S.A. Rehner & Humber, 2014	N/A	N/A	806077
<i>M. brasiliense</i>	(Kobayasi & Shimizu) Kepler S.A. Rehner & Humber, 2014	N/A	N/A	808035
<i>M. brittlebankisoides</i>	(Zuo Y. Liu, Z.Q. Liang, Whalley, Y.J. Yao & A.Y. Liu) Kepler S.A. Rehner & Humber, 2014	N/A	N/A	806078
<i>M. brunneum</i>	Petch, 1935	ARSEF 3297 (PRJNA184756)	HU <i>et al.</i> , 2014	259046
<i>M. campsosterni</i>	(W.M. Zhang & T.H. Li) Kepler S.A. Rehner & Humber, 2014	N/A	N/A	806079
<i>M. carneum</i>	(Duché & R. Heim) Kepler S.A. Rehner & Humber, 2014	N/A	N/A	806080

Espécie	Autores	Linhagem sequenciada (BioProject)	Referência do genoma	Mycobank
<i>M. chrysorrhoeae</i>	Giard, 1888	N/A	N/A	209246
<i>M. cicadarum</i>	(Höhn.) Petch, 1931	N/A	N/A	251416
<i>M. cicadinum</i>	(Höhnel) Petch, 1931	N/A	N/A	311329
<i>M. cylindrospora</i>	Q.T. Chen & H.L. Guo, 1986	N/A	N/A	130205
<i>M. flavoviride</i>	W. Gams & Rozsypal, 1973	N/A	N/A	317596
<i>M. frigidum</i>	J. Bischoff & S.A. Rehner, 2007	N/A	N/A	501374
<i>M. gigas</i>	Sorokin, 1883	N/A	N/A	101832
<i>M. globosum</i>	J.F. Bischoff, Rehner & Humber, 2009	N/A	N/A	512408
<i>M. glutinosum</i>	S.A. Pope, 1944	N/A	N/A	288334
<i>M. granulomatis</i>	(Sigler) Kepler S.A. Rehner & Humber, 2014	N/A	N/A	806081
<i>M. guizhouense</i>	Q.T. Chen & H.L. Guo, 1986	ARSEF 977 (PRJNA184755)	HU <i>et al.</i> , 2014	130206
<i>M. guniujiangense</i>	(C.R. Li, B. Huang, M.Z. Fan & Z.Z. Li) Kepler S.A. Rehner & Humber, 2014	N/A	N/A	806082
<i>M. iadini</i>	H.L. Guo: 27, 1991	N/A	N/A	530420
<i>M. indigoticum</i>	(Kobayasi & Shimizu) Kepler S.A. Rehner & Humber, 2014	N/A	N/A	806083
<i>M. khaoyaiensis</i>	(Hywel-Jones) Kepler S.A. Rehner & Humber, 2014	N/A	N/A	806084
<i>M. koreanum</i>	Kepler, S.A. Rehner & Humber, 2014	N/A	N/A	808036
<i>M. kusanagiense</i>	(Kobayasi & Shimizu) Kepler, Rehner &	N/A	N/A	806085

Espécie	Autores	Linhagem sequenciada (BioProject)	Referência do genoma	Mycobank
	Humber, 2014			
<i>M. lepidiotae</i>	(Driver & Milner) J.F. Bischoff, Rehner & Humber, 2009	N/A	N/A	512409
<i>M. leptophyei</i>	Giard, 1888	N/A	N/A	177537
<i>M. libelullae</i>	Sorokin, 1883	N/A	N/A	101833
<i>M. majus</i>	(J.R. Johnston) J.F. Bischoff, Rehner & Humber, 2009	ARSEF 297 (PRJNA184757)	HU <i>et al.</i> , 2014	512410
<i>M. marquandii</i>	(Masse) Kepler S.A. Rehner & Humber, 2014	N/A	N/A	806091
<i>M. martiale</i>	(Spegazzini) Kepler S.A. Rehner & Humber, 2014	N/A	N/A	806087
<i>M. minus</i>	(Rombach, Humber & D.W. Roberts) Kepler S.A. Rehner & Humber, 2014	N/A	N/A	806092
<i>M. novozealandicum</i>	Kepler S.A. Rehner & Humber, 2014	N/A	N/A	806093
<i>M. owariense</i>	(Kobayasi) Kepler S.A. Rehner & Humber, 2014	N/A	N/A	806094
<i>M. owariense f. viridescens</i>	(Uchiyama & Udagawa) Kepler S.A. Rehner & Humber, 2014	N/A	N/A	806095
<i>M. pemphigi</i>	(Driver & Milner) Kepler S.A. Rehner & Humber, 2014	N/A	N/A	807860

Espécie	Autores	Linhagem sequenciada (BioProject)	Referência do genoma	Mycobank
<i>M. pinghaense</i>	Q.T. Chen & H.L. Guo, 1986	N/A	N/A	130207
<i>M. polistis</i>	Cohn ex Sorokin, 1883	N/A	N/A	101974
<i>M. pseudoatrovirens</i>	(Kobayasi & Shimizu) Kepler S.A. Rehner & Humber, 2014	N/A	N/A	806096
<i>M. rileyi</i>	(Farlow) Kepler S.A. Rehner & Humber, 2014	N/A	N/A	807862
<i>M. robertsii</i>	J.F. Bischoff, Rehner & Humber, 2009	ARSEF 23 (PRJNA245140; PRJNA38717)	GAO <i>et al.</i> , 2011 HU <i>et al.</i> , 2014	512411
<i>M. taii</i>	Z.Q. Liang & A.Y. Liu, 1991	N/A	GIULIANO GARISTO DONZELLI <i>et al.</i> , 2014 (não publicado)	355236
<i>M. truncatum</i>	(Briard) Petch, 1931	N/A	N/A	255203
<i>M. velutinum</i>	Borowska, Golonkova & Kotulowa, 1970	N/A	N/A	317597
<i>M. viride</i>	(Segretain, Fromentin, Destombes, Brygoo & Dodin ex Samson) Kepler S.A. Rehner & Humber, 2014	N/A	N/A	806098
<i>M. viridicolumnare</i>	(Matsushima) Matsushima, 1993	N/A	N/A	357858
<i>M. viridulum</i>	(Tzean, L.S. Hsieh, J.L. Chen & W.J. Wu) B. Huang & Z.Z. Li, 2004	N/A	N/A	487851
<i>M. yongmunense</i>	(G.H. Sung, J.M. Sung & Spatafora) Kepler S.A. Rehner & Humber, 2014	N/A	N/A	806097

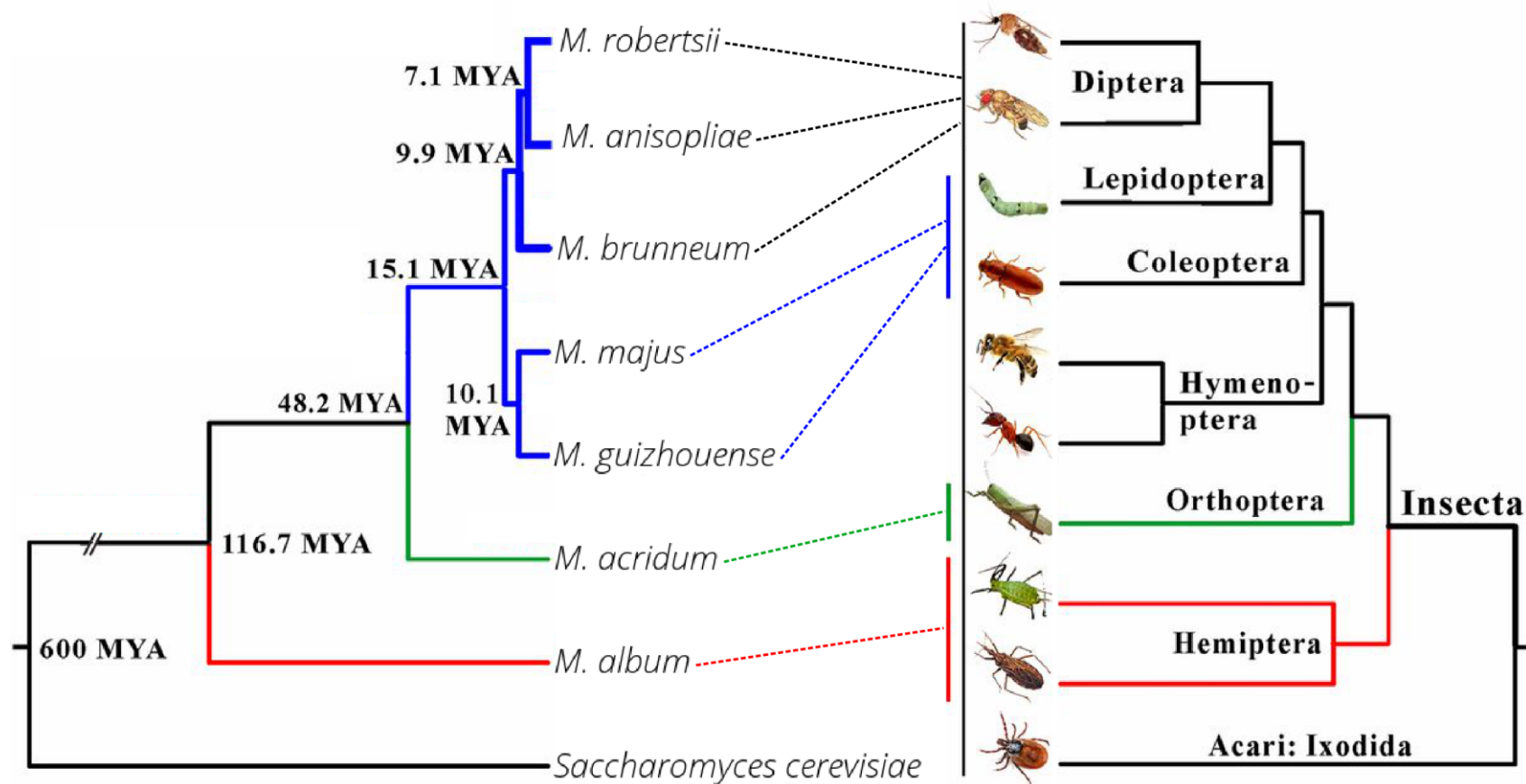
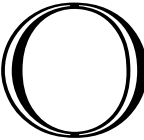


Figura 4: Coevolução de *Metarhizium* spp. e seus hospedeiros artrópodes.

Reconstruções filogenômicas de HU et al., 2014 para *Metarhizium* spp. e diversas ordens de artrópodes encontram-se à esquerda e à direita, respectivamente. Presume-se que a diversificação do gênero *Metarhizium* ocorreu no mesmo período que a diversificação da Classe Insecta. As linhas coloridas pontilhadas ligadas a barras de mesma cor representam o alcance de hospedeiros: vermelho e verde para especialistas, preto para generalistas e azul para espécies transicionais. Tempos de divergência estimados em Milhões de Anos Atrás (MYA, do inglês *Million Years Ago*) encontram-se nos respectivos nós da filogenia. Adaptado de HU et al., 2014.

1.3.1. ASPECTOS GERAIS

 ascomiceto *M. anisopliae* (Hypocreales:Clavicipitaceae) foi originalmente descrito por Elias Metschnikoff, um zoólogo nascido na Ucrânia e um renomado patologista de invertebrados (ZIMMERMANN *et al.*, 1995). Durante um surto do besouro do trigo *Anisoplia austriaca* em meados da década de 1870, novos métodos se mostraram necessários para o controle destes besouros. Em seus estudos, Metschnikoff observou um patógeno fúngico capaz de infectar essa espécie de inseto – fenômeno por ele denominado de muscardina verde (em livre tradução do inglês, *green muscardine*) – descrita como *Entomophthora anisopliae* Metschnikoff (1879) – em função da coloração esverdeada de seus conídios. Pouco tempo depois, o próprio Metschnikoff sugeriu uma alteração da nomenclatura para *Isaria destructor* Metschnikoff (1880), que foi subsequentemente reavaliada por Sorokin, em 1883, levando ao surgimento de um novo gênero, *Metarhizium*, sendo a espécie em questão denominada *M. anisopliae* desde então. Também são de sua autoria os primeiros experimentos de infecção bem-sucedidos em larvas de *A. austriaca*, e a produção em massa de *M. anisopliae* para controle biológico (ZIMMERMANN *et al.*, 1995).

De distribuição global, *M. anisopliae* pode ser isolado do solo – habitando a rizosfera de plantas (ST LEGER, 2008) – ou, saprotroficamente, em cadáveres de artrópodes (SCHRANK & VAINSTEIN, 2010). Adicionalmente, possui uma vasta gama de hospedeiros, compreendendo ao menos sete ordens e mais de 200 espécies distintas, na maioria pertencentes à ordem Coleoptera (ZIMMERMANN, 2007). Alguns de seus hospedeiros possuem importância econômica, como *Rhipicephalus microplus* (carrapato bovino) e *Dysdercus peruvianus*, o percevejo manchador do algodão (SCHRANK & VAINSTEIN, 2010); enquanto outros possuem importância sanitária no Brasil, por exemplo *Aedes aegypti*, *Anopheles stephensi* e *Culex quinquefasciatus* – vetores primários da dengue, da malária, e da filariose (FORATTINI, 1995; GREENFIELD *et al.*, 2015). Enquanto a espécie possui uma vasta gama de hospedeiros, diferentes linhagens e genótipos possuem especificidades variadas por diferentes insetos (ROBERTS & ST. LEGER, 2004; ZIMMERMANN, 2007).

1.3.2. MECANISMO DE INFECÇÃO POR *M. ANISOPLIAE*

Para que o processo infectivo tenha sucesso, é necessário que o conídio de *M. anisopliae* resista a uma série de defesas do hospedeiro, que podem ser induzidas ou pré-formadas (BUTT *et al.*, 2016). Dentre estas, a cutícula é não só a primeira, mas a principal linha de defesa frente a invasões (BUTT *et al.*, 2016), sendo formada por nanofibras de quitina contidas em uma matriz de proteínas, polifenóis e lipídeos (SÁNCHEZ-PÉREZ *et al.*, 2014). Reações de esclerotização reduzem a capacidade de hidrólise proteica por parte do fungo através do endurecimento da cutícula, enquanto a melanização (identificável por regiões de pigmentação mais escura) promove o aprisionamento do patógeno durante a penetração no hospedeiro (GILLESPIE *et al.*, 1997; ZIMMERMANN, 2007). Adicionalmente, insetos secretam compostos fungistáticos (alcalóides, terpenóides e ácidos graxos, por exemplo), peptídeos antimicrobianos e inibidores de proteases na camada epicuticular, funcionando como defesas contra a infecção de alguns dos principais fatores de virulência fúngicos (Tabela 2) (BUTT *et al.*, 2016).

O processo de infecção por *M. anisopliae* (Figura 5) pode ser dividido em três grandes estágios: (I) Eventos pré-penetração (adesão e germinação de conídios na epicutícula); (II) penetração da cutícula (formação de apressórios e secreção enzimática); e (III) eventos pós-penetração (diferenciação em blastosporos, colonização, rediferenciação em hifas, extrusão à superfície e conidiação) (BUTT *et al.*, 2016; SÁNCHEZ-PÉREZ *et al.*, 2014; SCHRANK & VAINSTEIN, 2010). A adesão dos conídios à superfície do hospedeiro é a primeira etapa do processo. Sua superfície é coberta por uma camada de hidrofobinas (*hyd1-3*) (SEVIM *et al.*, 2012; WÖSTEN, 2001) e adesinas (MAD1) (WANG & ST LEGER, 2007), aumentando a hidrofobicidade do conídio e facilitando a aderência passiva à epicutícula (HOLDER & KEYHANI, 2005). Adicionalmente, a secreção de lipases nesse estágio inicial também favorece a aderência através da liberação de ácidos graxos livres (BEYS DA SILVA *et al.*, 2010), aumentando a hidrofobicidade, além de disponibilizar nutrientes iniciais que fomentam o início da germinação do esporo (formação do tubo germinativo).

Tabela 2: Genes associados à virulência de *M. anisopliae*, conforme compilados por BUTT *et al.*, 2016.

Grupo funcional	Genes	Descrição
Adesão à cutícula	<i>Mad1, Mad2</i>	Proteínas tipo adesina
	<i>SsgA</i>	Proteína tipo hidrofobina
	<i>cwp10</i>	Aumento da hidrofobicidade de conídios
Degradação da cutícula	<i>Pr1, Pr2, Pr4</i>	Subtilisina, tripsina e cisteino-protease
	<i>chit1, chi2, chi3, chi4</i>	Quitinases
	<i>MrCYP52</i>	Citocromo P450, ácido graxo hidroxilase
Resposta a estresse	<i>HSP25, HSP30, HSP70, HSP90</i>	Proteínas <i>heat shock</i> (chaperonas)
	<i>Hog1</i>	MAP quinase
Adaptação à hemolinfa e imunomodulação	<i>Mos1</i>	Osmosensor
	<i>Mcl1</i>	Proteína tipo colágeno
	<i>Mr-npc2a</i>	Carreador de esterol
	<i>dtxS1-dtxS4</i>	Biosíntese não-ribossomal de destruxinas
Fatores de transcrição multifatoriais	<i>MrpacC</i>	Degradação de cutícula Mucose do cadáver de insetos Evasão da imunidade do hospedeiro
	<i>MrSku7</i>	Formação de apressório Biosíntese de parede celular Evasão da imunidade do hospedeiro
	<i>cag8</i>	Síntese de hidrofobina Crescimento de micélios Produção de blastosporos Regulação de conidiação
	<i>MaPKA1</i>	Diferenciação de apressórios

Fatores de transcrição multifatoriais (cont.)	<i>MaPKA1</i>	Degradação de cutícula
	(cont.)	Aquisição de nutrientes
	<i>nrr1</i>	Resposta a nitrogênio
Aquisição de nutrientes	<i>Crr1</i>	Regulador de carbono
	<i>Mest1</i>	Hidrólise de lipídeos armazenados
	<i>MPL1</i>	Perilipina, metabolismo de lipídeos
	<i>ATM1</i>	Enzima hidrolisadora de trealose
	<i>mrGAT</i>	Biossíntese de triacilglicerol

Para promover a penetração da cutícula, é necessário que ocorra a diferenciação do tubo germinativo em apressório. Essa estrutura especializada exerce conjuntamente pressão mecânica e secreção de lipases, quitinases e proteases para degradação dos componentes principais da cutícula. Após a penetração bem-sucedida, atingindo a hemocele do hospedeiro, *M. anisopliae* diferencia-se em blastosporos (ou corpos hifais) leveduriformes que sintetizam a proteína MCL1 (*Metarhizium collagen-like protein 1*) na superfície celular, funcionando como camada protetora contra fagocitose e encapsulação pelo hospedeiro (WANG & ST LEGER, 2006). Esse processo permite a dispersão passiva do fungo através da hemolinfa, alcançando as diferentes partes do corpo do hospedeiro e permitindo o crescimento vegetativo e a invasão de outros tecidos, enquanto degradando e absorvendo nutrientes (ZIMMERMANN, 2007). Adicionalmente, *M. anisopliae* secreta uma série de metabólitos secundários com efeito tóxico durante a colonização. Destruixinas, de maior prevalência nessa classe de metabólitos, são ciclodepsipeptídeos com atividade inseticida, antiviral e fitotóxica, e reconhecidos fatores de virulência fúngicos (SCHRANK & VAINSTEIN, 2010). Sua síntese causa convulsões, perda de coordenação, paralisia, redução na alimentação, dentre outros efeitos no hospedeiro, impedindo mecanismos de defesa comportamentais como a locomoção a locais de maior temperatura pelo inseto, visando controlar o desenvolvimento de microorganismos infectantes (SÁNCHEZ-PÉREZ *et al.*, 2014; SCHRANK & VAINSTEIN, 2010; SOWJANYA SREE *et al.*, 2008). O fungo se multiplica na forma de blastosporos,

transformando-se, após, em hifas que emergirão à superfície - processo este facilitado por proteases. Após exaurir os nutrientes, ocorre a formação de conidióforos na superfície do cadáver do hospedeiro, produzindo grandes quantidades de conídios que se dispersam passivamente através do vento ou outras condições atmosféricas, permitindo a infecção de novos hospedeiros, dando início a um novo ciclo (BOOMSMA *et al.*, 2014).

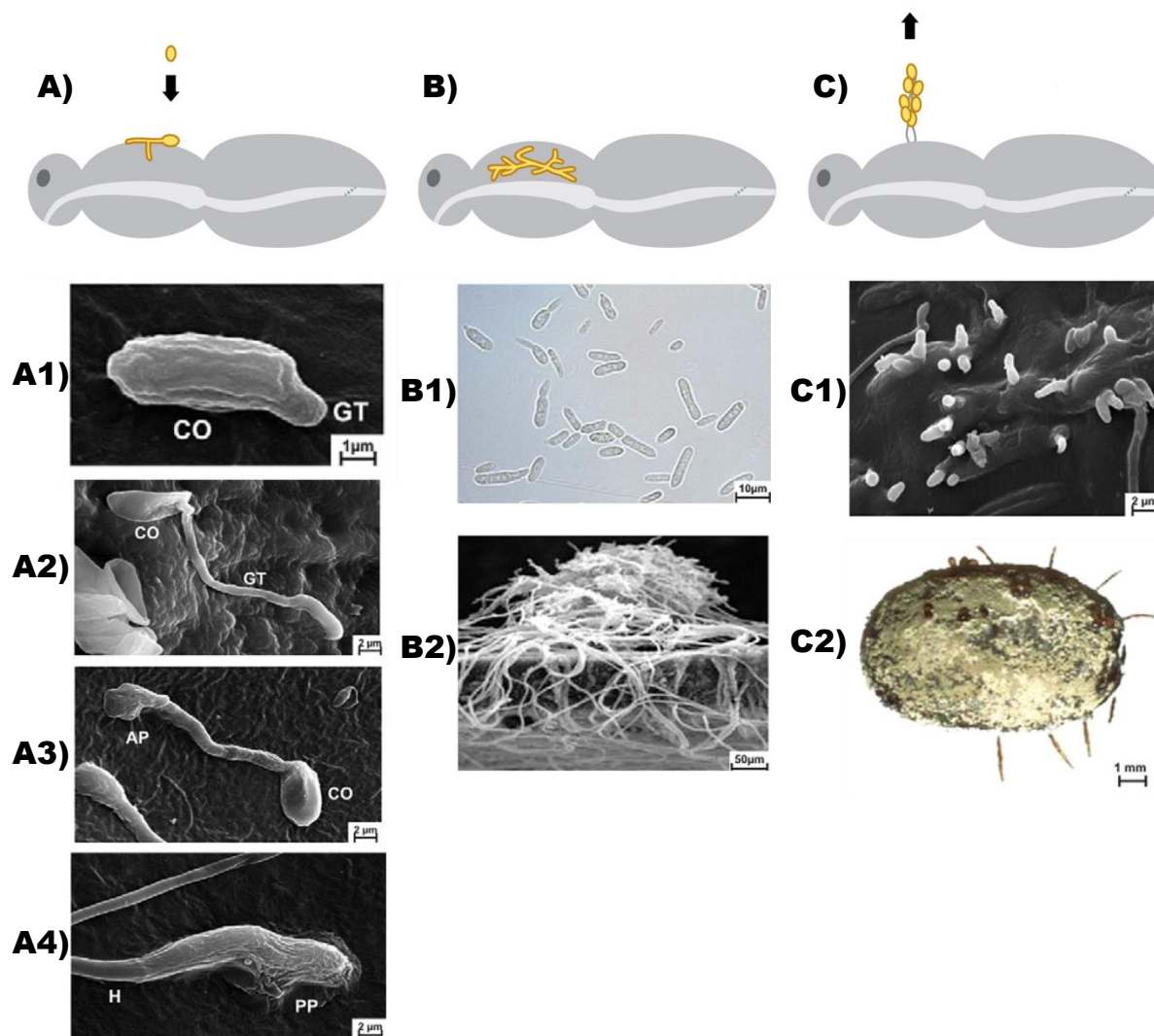


Figura 5: Visão esquemática do processo infectivo de *M. anisopliae*.

A) Infecção; **A1)** MEV da adesão de um conídio à epicutícula; **A2)** MEV da germinação de um conídio; **A3)** MEV da diferenciação do tubo germinativo em apressório; **A4)** MEV da penetração da cutícula; **B)** Crescimento; **B1)** Microscopia ótica da diferenciação das hifas em blastosporos; **B2)** MEV da colonização do hospedeiro; **C)** Reprodução; **C1)** MEV da extrusão de hifas à superfície do cadáver do hospedeiro; **C2)** produção de conidióforos e de conídios na superfície do cadáver de *Rhipicephalus microplus*. CO – conídio; GT – tubo germinativo; AP – apressório; H- hifa; PP – corpo de penetração (do inglês, *penetration peg*); MEV – microscopia eletrônica de varredura. Adaptado de BOOMSMA *et al.*, 2014 e SCHRANK & VAINSTEIN, 2010.

1.3.3. FAMÍLIA PR1 DE SERINO-PROTEASES DE *M. ANISOPLIAE*

A disponibilidade de fatores de virulência que interagem com o hospedeiro, tanto permitindo a utilização do mesmo como fonte de nutrientes, quanto degradando as suas moléculas de defesa, é essencial à evolução de um estilo de vida parasitário. Genes de proteases fúngicas, em particular, são bons modelos no estudo da evolução adaptativa de famílias multigênicas e seu impacto na especiação (VILCINSKAS, 2010).

Dentre o conjunto enzimático secretado por *M. anisopliae*, as proteases desempenham funções essenciais na virulência de *M. anisopliae* (ROSAS-GARCÍA *et al.*, 2014). Pelo menos três tipos distintos são produzidos no processo infectivo: serino-proteases do tipo subtilisina (Pr1; EC 3.4.21.62) e tripsina (Pr2; EC 3.4.21.4) e uma metaloprotease (ST LEGER *et al.*, 1994). As tripsinas e subtilisinas pertencem a distintas superfamílias de serino-proteases, cuja evolução convergiu independentemente a mecanismos catalíticos similares. As funções dessas enzimas vão além da simples penetração da cutícula, também permitindo a utilização das proteínas do hospedeiro na nutrição e agindo em resposta às defesas do inseto através da hidrólise de peptídeos antimicrobianos e inibidores de proteases, por exemplo (VILCINSKAS, 2010).

A família Pr1 de proteases está intimamente relacionada à virulência de *M. anisopliae*. Análises de ESTs indicaram a presença de 11 isoformas de Pr1, classificadas de Pr1A a Pr1K, a maior quantidade já observada em fungos - sendo mais prevalentes os transcritos de Pr1A, seguidos de Pr1J, quase 8 vezes menos abundantes (FREIMOSER *et al.*, 2003). Estudos filogenéticos realizados posteriormente com três linhagens de *M. anisopliae* (2575, 324 e 820) (BAGGA *et al.*, 2004) sugerem a divisão dessa família em 2 classes (Figura 6A). A classe I (tipo bacteriana) compreende Pr1C, enquanto a classe II (tipo proteinase K) é subdividida em 3 subfamílias que abrangem as demais isoenzimas .

A subfamília extracelular 1 (sf1) compreende Pr1 A, B, G, I e K, e é caracterizada por genes contendo de dois a três íntrons e quatro resíduos de cisteína conservados nas proteínas codificadas (BAGGA *et al.*, 2004). Em especial, Pr1A é reconhecida como um importante fator de virulência de *M. anisopliae*, sendo que linhagens superexpressando essa isoforma reduziram o tempo de morte do hospedeiro em até 25%, ocorrendo também redução no seu consumo de alimentos em 40% enquanto vivos, um parâmetro crítico na avaliação de pesticidas comerciais (ST LEGER *et al.*, 1996). Adicionalmente, mutantes espontâneos com deleção dos genes *pr1A* e *pr1B* apresentaram virulência reduzida, sem efeito na patogenicidade, para *Tenebrio molitor*, mas não para *Galleria mellonella* (WANG *et al.*, 2002), sugerindo que as diferentes isoformas de Pr1 podem ter efeito na especificidade a determinados hospedeiros. Esse trabalho também mostrou, pela primeira vez, que uma linhagem mutante sem alguns dos genes *pr1* mais importantes ainda é capaz de infectar seus respectivos hospedeiros, embora com virulência reduzida. Portanto, o processo é complexo e multifatorial.

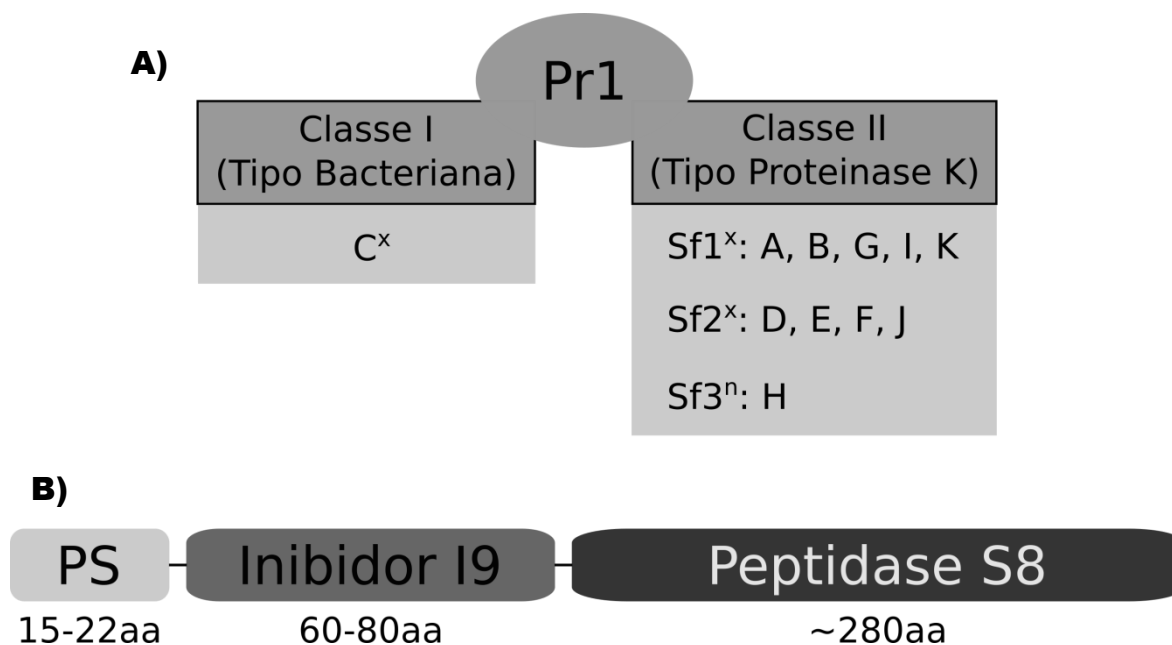


Figura 6: Organização geral da família Pr1 de proteases em *M. anisopliae*.

A) Divisão em classes proposta por BAGGA *et al.*, 2004; x – extracelular; n - endocelular; **B)** Arquitetura típica das proteases Pr1. Tipicamente, o polipeptídeo possui peptídeo sinal (PS; ausente em Pr1H), domínio inibitório (Inibidor I9; PF05922; ausente em Pr1E e Pr1F) e domínio proteolítico do tipo subtilase (Peptidase S8; PF00082).

A subfamília extracelular 2 (sf2) compreende Pr1 D, E, F e J. Genes desse grupo podem possuir até dois íntrons, não havendo conservação de cisteínas nas proteínas. Particularmente, *pr1E* e *pr1F* (ambos sem íntrons) estão organizados *in tandem*, ligados por pontes de 800pb, em média, sugerindo uma origem por duplicação de um gene ancestral similar ao gene *pr1F*. É proposto que um ancestral de *Metarhizium* spp. herdou *pr1D* e um gene similar a *pr1J*, que posteriormente duplicou, produzindo um ancestral similar a *pr1F* (duplicado dentro do gênero *Metarhizium*; BAGGA *et al.*, 2004). Adicionalmente, há indícios de que a duplicação sf1-sf2 ocorreu no filo Ascomycota há aproximadamente 400 milhões de anos, previamente à divergência entre ascomicetos filamentosos e leveduras (HU & ST. LEGER, 2004).

Por fim, a subtilisina Pr1H insere-se em uma subfamília independente (sf3), em razão da ausência de peptídeo-sinal identificável, sugerindo que se trata de uma enzima endocelular (BAGGA *et al.*, 2004). Estudos sugerem que a evolução dos genes relacionados a subtilisinas ocorreu de proteínas endocelulares a extracelulares, o que pode ter facilitado o uso dessas proteases como fatores de virulência por fungos patogênicos (LI *et al.*, 2010).

A isoenzima Pr1C, único representante da classe I em *M. anisopliae*, não foi incluída nas análises de Bagga e colaboradores (2004) por ser altamente divergente das demais e introduzir um viés nos alinhamentos, não sendo possível relacioná-la com os demais membros da família sob a mesma ótica. Essa isoforma em particular apresenta maior similaridade com sequências de *Bacillus* spp., não apresentando íntrons ou sítios conservados de cisteína (BAGGA *et al.*, 2004). Adicionalmente, análises *in silico* apontam potenciais funções regulatórias e interação com outras subtilisinas (Pr1A, B, I e J), dentre outras proteínas em etapas iniciais de infecção (BEYS-DA-SILVA *et al.*, 2014).

As proteínas Pr1 são sintetizadas na forma de pré-pró-peptídeos (Figura 6B; SIEZEN & LEUNISSEN, 2008). Os primeiros 15 a 22 aa dos polipeptídeos (região “pré”; BAGGA *et al.*, 2004; LI *et al.*, 2010) correspondem a um peptídeo-sinal (à exceção da isoenzima H). Adicionalmente, exceto para Pr1E e F, a região “pró” possui 60~80 aa entre o peptídeo-sinal e a protease madura (BAGGA *et al.*,

2004). Esse segmento tem função no enovelamento proteico, agindo como chaperona intramolecular (LI *et al.*, 1995) e como inibidor temporário do domínio proteolítico (KOJIMA *et al.*, 1997) até que o mesmo assuma a sua forma nativa, contendo aproximadamente 280 aa (ST. LEGER, 1995).

Embora a função individual de cada protease ainda não seja totalmente conhecida, espera-se que as atividades de enzimas parcial ou totalmente não-inibidas complementem funcionalmente umas às outras no processo de infecção (VILCINSKAS, 2010), aumentando adaptabilidade e alcance de hospedeiros, ou até favorecendo a sobrevivência em diferentes *habitats* externos. Dentre outras características, as diferenças em estabilidade, adsorção e afinidade por substratos sugere que as subtilisinas interagem sinergisticamente com outras enzimas degradadoras de cutícula, hidrolisando mais eficientemente os componentes cuticulares (BAGGA *et al.*, 2004; BUTT *et al.*, 2016; LI *et al.*, 2010).

A expressão diferencial de proteinases por *M. anisopliae* em diferentes substratos pode ser interpretada como uma adaptação fisiológica aos inibidores de proteases do hospedeiro (VILCINSKAS, 2010). Análises proteômicas de *M. anisopliae* durante a infecção de *Dysdercus peruvianus* (BEYS-DA-SILVA *et al.*, 2014), demonstraram a superexpressão de Pr1A, Pr1B, Pr1C e Pr1I, além de subexpressão de Pr1J nos estágios iniciais de infecção (48h). Adicionalmente, Pr1B continua superexpressa após 96h do início da infecção. Na infecção de *Spodoptera exigua* (JAVAR *et al.*, 2015), Pr1A demonstra um aumento gradual na sua expressão nos estágios iniciais de infecção e atinge um pico de aumento 1.000 vezes maior na etapa de conidiação, em relação ao início do processo, sugerindo que essa isoforma também tem funções no processo de extrusão das hifas nos estágios finais, possivelmente disponibilizando nutrientes. Da mesma forma, em *Galleria mellonella* (SMALL & BIDOCHKA, 2005), verifica-se uma superexpressão de Pr1A no início da infecção (formação de apressórios) e na conidiação. Experimentos de RNA-Seq a partir de RNA extraído de culturas de *M. anisopliae* em cutículas de *Rhipicephalus microplus* (STAATS *et al.*, 2014) evidenciam superexpressão das isoformas C, I, J e K nos estágios iniciais do processo (48h), voltando a níveis basais passadas 144h. Análises de ESTs

envolvendo infecção por *M. anisopliae* em cutículas de *Manduca sexta* (FREIMOSER *et al.*, 2005) demonstram alteração generalizada da expressão da maioria das isoformas de subtilisinas em relação à expressão em meio mínimo (Figura 7).

Conjuntamente, esses dados mostram que a expressão de serino-proteases da família Pr1 está relacionada a diferentes composições de cutícula no processo infectivo, possivelmente em um processo de “amostragem” do meio, tendo efeito na especificidade de *M. anisopliae* (BEYS-DA-SILVA *et al.*, 2014; FREIMOSER *et al.*, 2005; SANTI *et al.*, 2010). Entretanto, se o hospedeiro não possuir inibidores para uma protease em particular associada a um determinado patógeno, de tal forma que não haja inativação completa, esta se tornará o fator de virulência mais importante, embora sua concentração absoluta ou atividade possam ser notavelmente menores que as das demais proteinases, visto que a secreção de enzimas de cujos inibidores o hospedeiro dispõe em grandes quantidades leva a desperdício de recursos (VILCINSKAS, 2010).

É provável que a virulência coevolva como resultado de seleção recíproca com seu hospedeiro. Sob esse paradigma, pode-se postular que há seleção positiva no sentido da evolução de novas proteases (ou isoformas das mesmas)

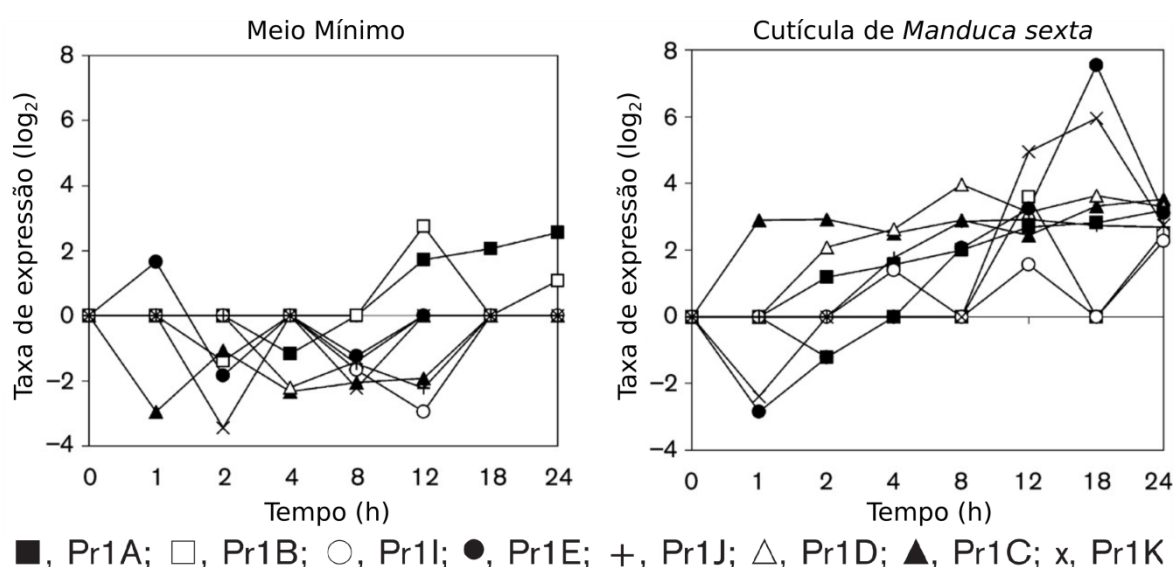


Figura 7: Expressão diferencial dos genes de proteases Pr1.

As curvas mostram taxas de expressão médias para diferentes subtilisinas em meio mínimo e em cutículas de *M. sexta*. Adaptado de FREIMOSER, HU & ST. LEGER, 2005.

que não são inativadas pelos inibidores do hospedeiro (VILCINSKAS, 2010). Avaliações da pressão seletiva na família Pr1 de proteases apontam que, calculando d_N/d_S médio de todos os códons, a divergência dessa família seguiu o que se esperaria para uma evolução neutra, com níveis variáveis de seleção purificadora, embora ponderar ω entre todos os códons mascare as diferentes regiões das Pr1 sob pressões seletivas diferenciadas (BAGGA *et al.*, 2004; HU & ST. LEGER, 2004). Estudos filogenômicos envolvendo 7 espécies de *Metarhizium* (*M. acridum*, *M. album*, *M. majus*, *M. guizhouense*, *M. brunneum*, *M. robertsii* e *M. anisopliae*) apontam somente Pr1K sob seleção positiva em todas as linhagens (HU *et al.*, 2014 Tabela S17). Adicionalmente, há evidências de seleção positiva atuando em serino-proteases de fungos aprisionadores de nematódeos (LI *et al.*, 2010). O mesmo estudo sugere que estes fungos e fungos entomopatogênicos compartilham propriedades similares no parasitismo, inclusive demonstrando a capacidade de diversos entomopatógenos, incluindo *M. anisopliae*, de infectarem ovos de nematódeos. Da mesma forma, mostrou-se que fungos patogênicos a nematódeos são capazes de infectar insetos. Levando isso em consideração, um extensivo estudo comparativo entre as diversas isoformas de serino-proteases da família Pr1, incorporando espécies fora do complexo *Metarhizium*, pode evidenciar novos padrões de diversificação, contribuindo no entendimento do papel individual dessas enzimas no processo infectivo.

2. OBJETIVOS

Em virtude da importância das proteases no processo infectivo de *Metarhizium* spp., o estudo evolutivo dessas enzimas, visando identificar padrões de modificação entre espécies, pode contribuir no entendimento dos mecanismos de infecção e das relações com seus hospedeiros artrópodes em nível molecular. Apesar da família Pr1 de serino-proteases ter sido extensivamente estudada, ainda não se possui conhecimento pleno das funções individuais de cada uma das onze enzimas expressas por *M. anisopliae*.

Sendo assim, o presente trabalho visa detectar padrões subjacentes de seleção positiva nos genes de membros da Classe II de proteases Pr1 pela avaliação filogenética extensiva abrangendo o maior número possível de *taxa*, com especial foco no complexo *Metarhizium*. Especificamente, busca-se:

1. Reconstruir a história evolutiva individual de proteínas da subfamília 1 (isoformas A, B, G, I e K) e da subfamília 2 (D, E, F e J);
2. Avaliar as relações filogenéticas entre os componentes de cada subfamília;
3. Verificar a ocorrência de seleção positiva em cada proteína e sua localização na cadeia polipeptídica.

3. MATERIAIS E MÉTODOS

Para testar a hipótese de seleção positiva na classe II de proteases da família Pr1, adotou-se uma abordagem que pode ser dividida em três grandes etapas. Primeiramente, construiu-se um banco de dados contendo sequências homólogas – de aminoácidos (aa) e nucleotídeos (nt) – a cada isoforma de Pr1 (seção 3.1). Cada conjunto de sequências foi alinhado, submetido a uma análise de modelo evolutivo e a reconstrução filogenética por métodos de Máxima Verossimilhança (*Maximum Likelihood*; ML) e Inferência Bayesiana (*Bayesian Inference*; BI), descritos na seção 3.2. Com os conjuntos de filogenias construídos, calculou-se uma topologia consenso incorporando a informação de todas as topologias disponíveis, além de selecionar-se a “melhor” árvore de cada conjunto. Ambas as filogenias foram, individualmente, submetidas a análises de seleção positiva utilizando diversos modelos estatísticos, avaliadas por testes de Razão de Verossimilhança (*Likelihood Ratio Tests*; LRT), detalhados na seção 3.3. Um fluxograma geral de trabalho, bem como alguns dos parâmetros mais importantes de cada análise, estão representados na Figura 8.

3.1. CONSTRUÇÃO DO BANCO DE DADOS

Inicialmente, obteve-se o perfil HMM (Modelo Oculto de Markov, do inglês *Hidden Markov Model*) Peptidase_S8 (família das subtilases; PF00082) do banco de dados Pfam (<http://pfam.org>; Finn *et al.*, 2014). Perfis HMM são modelos probabilísticos contendo uma matriz de pontuação posição-específica baseada na informação contida em um alinhamento múltiplo de sequências pertencentes a uma determinada família proteica, possibilitando uma inferência estatística de homologia (FINN *et al.*, 2014). Esse modelo foi utilizado para encontrar sequências aminoacídicas homólogas através da ferramenta *hmmsearch*, implementada no servidor online HMMER (<http://hmmer.org>; EDDY, 1998; FINN *et al.*, 2011). A partir dos resultados, foi construído um banco de dados local contendo 35.560 sequências de aminoácidos.

Utilizando como referência cada Pr1 contida no genoma de *M. anisopliae* E6 (GenBank JNNZ00000000; STAATS *et al.*, 2014), buscou-se por sequências

homólogas no banco de dados através do programa *blastp* do pacote BLAST+ v2.2.28 (CAMACHO *et al.*, 2009). Foram empregados os seguintes parâmetros: $E \leq 1e^{-06}$, identidade $\geq 60\%$, e cobertura $\geq 60\%$. Os dados foram agrupados por subfamília e por isoforma para análises subsequentes.

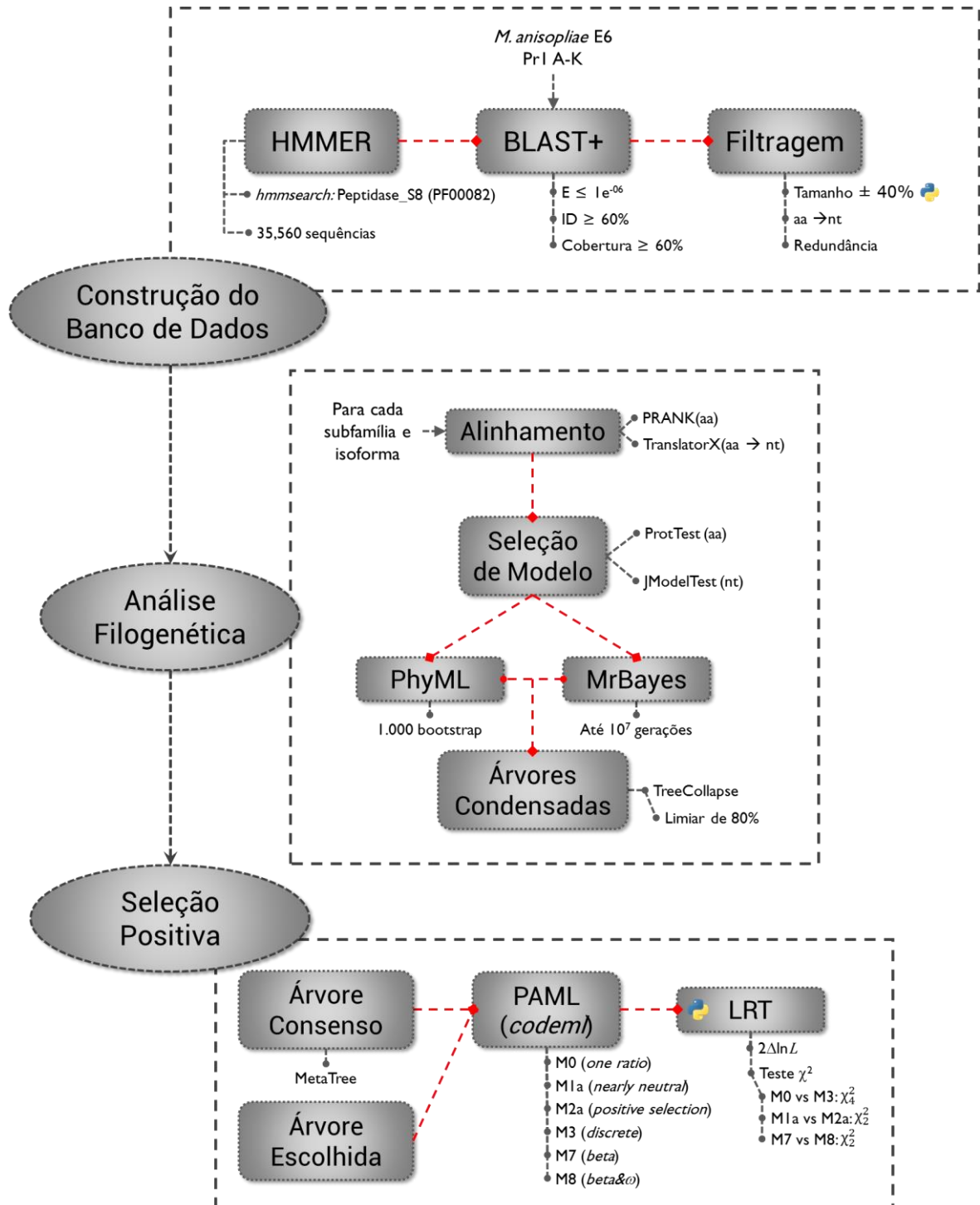



Figura 8: Fluxograma geral de trabalho.

As sequências resultantes foram filtradas de diversas maneiras. Primeiramente, removeram-se todas as sequências de tamanhos 40% maiores ou menores que o da sequência de referência (ou que a média dos tamanhos, no caso de multiplicidade) foram removidas utilizando script próprio em linguagem Python. Em seguida, obtiveram-se as sequências nucleotídicas correspondentes a cada entrada através do banco de dados NCBI (<http://ncbi.nlm.nih.gov>), e foram calculadas as matrizes de identidade para cada conjunto através do software Clustal Omega v1.2.1 (SIEVERS *et al.*, 2014). Conjuntos de entradas apresentando 100% de identidade em nível de nucleotídeos foram reduzidos a uma sequência representante. Adicionalmente, realizou-se uma comparação cruzada entre os conjuntos de cada Pr1 através do mesmo procedimento. Dessa forma, eliminam-se as redundâncias nos dados.

3.2. ALINHAMENTO E ANÁLISE FILOGENÉTICA

linhamentos de sequências aminoacídicas foram realizados para os conjuntos das proteases Pr1 A, B, D, E, F, G, I, J e K, bem como para as subfamílias 1 (compreendendo Pr1 A, B, G, I e K) e 2 (D, E, F e J). Para tanto, foi utilizado o algoritmo implementado na ferramenta PRANK v140110 (LÖYTYNOJA & GOLDMAN, 2005; LÖYTYNOJA, 2014), verificando e editando manualmente com o auxílio da ferramenta AliView v1.17 (LARSSON, 2014), quando necessário, visando minimizar erros decorrentes do método. O PRANK pertence à classe de alinhadores *phylogeny-aware* e utiliza informação evolutiva (através da construção de uma árvore-guia pelo método de *Neighbour Joining*), no cálculo do alinhamento, evitando penalizações excessivas de indels, tratando-os como classes distintas na inserção de lacunas (LOYTYNOJA & GOLDMAN, 2008). Comparativamente a outros alinhadores como MAFFT e ClustalW, o PRANK apresenta a melhor performance para análises de seleção positiva avaliando sítios (JORDAN & GOLDMAN, 2012). Os conjuntos nucleotídicos correspondentes foram alinhados com base nos alinhamentos aminoacídicos curados através do TranslatorX v1.1 (ABASCAL *et al.*, 2010).

De modo a identificar o modelo evolutivo que melhor representa cada conjunto de dados, foram utilizadas as ferramentas ProtTest 3.4 (DARRIBA *et al.*,

2011; GUINDON & GASCUEL, 2003) e JModelTest v2 (DARRIBA *et al.*, 2012; GUINDON & GASCUEL, 2003) nos grupos de aminoácidos e nucleotídeos, respectivamente. Essas ferramentas calculam a verossimilhança de cada modelo e combinação de parâmetros (+I: presença de sítios invariantes; +G: adequação a uma distribuição de categorias Gama; +F: considerando as frequências observadas de aminoácidos/nucleotídeos) com base nos alinhamentos. Estes são avaliados comparativamente através de diferentes critérios de informação (que avaliam a sua proximidade da realidade) como, por exemplo, AIC ou AICc (*Akaike Information Criterion* e sua versão com correção amostral) e BIC (*Bayesian Information Criterion*) (ABASCAL *et al.*, 2005). As informações obtidas desta maneira foram utilizadas como parâmetros para as técnicas de reconstrução filogenética subsequentes.

Para melhor estimar a história evolutiva da família Pr1, diferentes métodos de análise filogenética foram utilizados, igualmente para sequências nucleotídicas e aminoácídicas. Para a construção de árvores filogenéticas por ML, utilizou-se o programa PhyML v3 (GUINDON & GASCUEL, 2003). O método de máxima verossimilhança parte de um modelo probabilístico de evolução de caracteres, e tenta construir a árvore que maximiza a probabilidade de que os resultados tenham sido originados de acordo com o modelo escolhido (ou a árvore de maior verossimilhança) (MATIOLI & FERNANDES, 2012, p. 133). Avaliações por ML frequentemente estão associadas ao método estatístico de *bootstrap* para avaliação da confiabilidade dos ramos construídos. Nesse processo, as colunas do alinhamento original são reamostradas com repetição de forma aleatória, gerando uma pseudo-replicata da matriz original sobre a qual se reaplica o algoritmo de reconstrução de árvore. Todas as topologias geradas dessa maneira são avaliadas comparativamente, verificando-se a presença ou ausência de grupamentos, onde grupos presentes em uma baixa fração das amostras de *bootstrap* são fracamente suportados (HOLDER & LEWIS, 2003). Os parâmetros de análise incluem a otimização dos parâmetros do modelo de substituição, a construção de uma árvore inicial pelo algoritmo BioNJ, otimização de topologias através de NNI (*nearest-neighbor interexchange*) com otimização de comprimento de ramos e avaliação por *bootstrap* não-paramétrico de 1.000 replicatas. O

Apêndice 1 traz os parâmetros em maiores detalhes, conforme a execução do PhyML.

A estatística Bayesiana está matematicamente relacionada ao método de ML através do teorema de Bayes. Aplicado à filogenética molecular, a BI busca encontrar a árvore de maior probabilidade posterior dentre todas as árvores possíveis. A probabilidade posterior é proporcional à verossimilhança multiplicada pela probabilidade anterior (conhecimentos prévios à análise como a relação entre algumas espécies, por exemplo), de uma hipótese, que inclui a topologia da árvore, os comprimentos de seus ramos e o próprio modelo evolutivo. A avaliação da probabilidade posterior indica a probabilidade de que um determinado clado seja verdadeiro, dado que a hipótese seja verdadeira (HOLDER & LEWIS, 2003; MATIOLI & FERNANDES, 2012). Análises por BI foram realizadas com auxílio da ferramenta MrBayes v3.2.5 (ALTEKAR *et al.*, 2004; AYRES *et al.*, 2012; RONQUIST *et al.*, 2012), por cadeias de Markov acopladas ao método Monte Carlo (*Markov Chain Monte Carlo*, MCMC), amostrando 4 cadeias paralelas por no máximo 10^7 gerações, avaliadas a cada 100 passos. Como critério de convergência foi utilizado um *average standard deviation of split frequencies* inferior a 0,01, calculado a cada 1.000 gerações. As 25% piores amostras foram descartadas (*burn-in*) e os parâmetros e topologias remanescentes sumarizados. Maiores detalhes podem ser verificados no Apêndice 2.

Cada árvore obtida teve ramos com valores de suporte iguais ou inferiores a 80% (*bootstrap* de 800; probabilidade posterior de 0,8) colapsados com o auxílio do software TreeCollapseCL 4 (HODCROFT, 2015). Cada conjunto de 4 árvores colapsadas (conjuntos de nt e aa, empregando BI e ML) foi comparado construindo-se uma “árvore de árvores” - meta-árvore (MT; Figura 9) - com auxílio do software MetaTree (NYE, 2008). Essa metodologia é uma maneira de representar as relações entre um dado conjunto de filogenias, construindo uma árvore onde cada folha corresponde a uma topologia, analogamente a uma OTU. Os vértices internos dessa meta-árvore correspondem a topologias consenso entre as filogenias, construídas através de um consenso de maioria com base nas ramificações internas. É importante ressaltar que nesse método não são

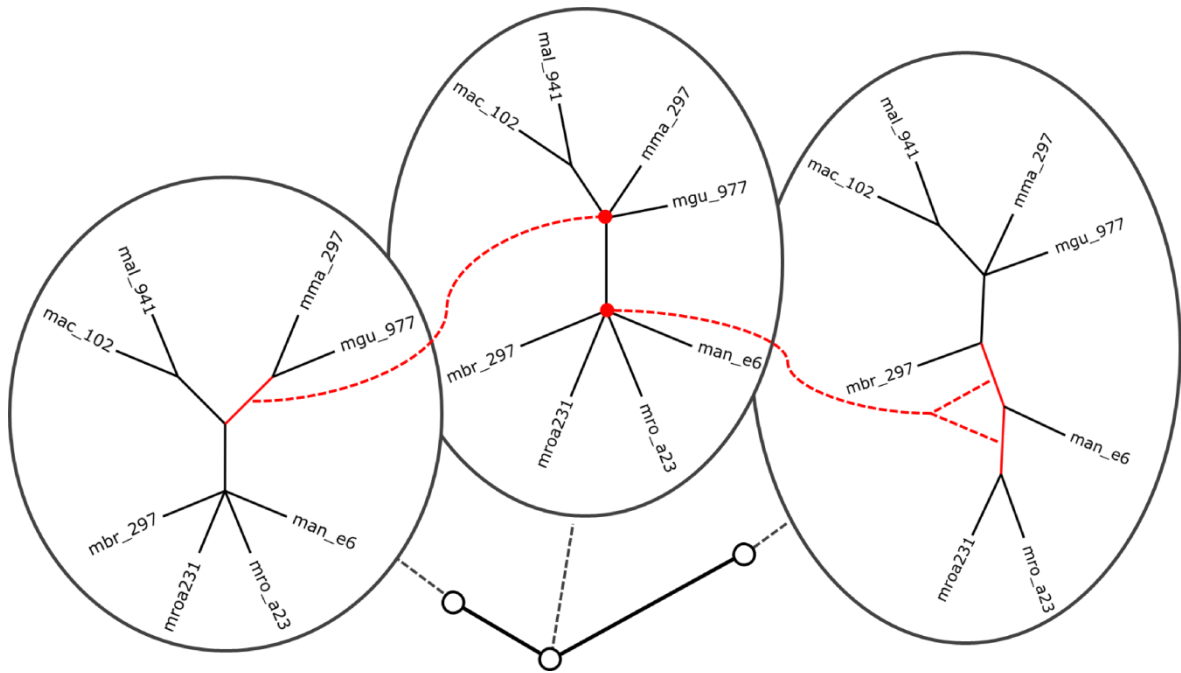


Figura 9: Exemplo de meta-árvore.

As topologias apresentadas correspondem aos conjuntos obtidos para Pr1G. Abaixo está apresentado o grafo gerado pelo MetaTree. O nó à esquerda corresponde a Pr1G-aa-BI. O nó à direita corresponde a Pr1G-nt-BI. O nó central representa Pr1G-aa-ML e Pr1G-nt-ML, que apresentaram a mesma topologia. Caso não houvesse topologia “intermediária” às demais, a mesma seria gerada pelo software. Os comprimentos dos ramos da meta-árvore estão relacionados ao número de diferenças topológicas entre as árvores associadas a ele.

considerados valores de suporte ou comprimentos de ramos, visando construir uma meta-árvore que minimize as diferenças entre as topologias de árvores associadas aos vértices do grafo, tornando seu princípio bastante similar ao de máxima parcimônia (NYE, 2008). A topologia central (menor distância a todos os nós-folha) foi empregada como topologia de entrada para análises subsequentes, juntamente com uma das árvores originais apresentando o maior número de ramificações (menor número de politomias).

3.3. SELEÇÃO POSITIVA

Para determinar a pressão seletiva sobre os genes codificantes de cada Pr1, utilizou-se o software *codeml* do pacote PAML 4.8 (YANG, 2007). Este método estima os parâmetros de cada modelo de códon (Tabela 3) por ML e essas estimativas são usadas como probabilidades anteriores no teorema de Bayes para inferir a qual classe de ω cada sítio tem a maior

Tabela 3: Parâmetros dos modelos de códon empregados para análises de seleção positiva.

Modelo	#P	Parâmetros	Detalhes
M0 (one-ratio)	1	ω	Uma taxa ω para todos os sítios
M1a (nearly neutral)	2	p_0 ($p_1=1-p_0$) $\omega_0<1, \omega_1=1$	Presume duas classes de sítios ω_0 (sítios conservados) e ω_1 (sítios neutros) de frequências p_0 e p_1 , respectivamente
M2a (positive selection)	4	p_0, p_1 ($p_2 = 1 - p_0 - p_1$) $\omega_0<1, \omega_1 = 1, \omega_2>1$	Adição de uma classe a M1a, com ω_2 estimado dos dados de frequência p_2
M3 (discrete)	5	p_0, p_1 ($p_2 = 1 - p_0 - p_1$) $\omega_0, \omega_1, \omega_2$	Sítios pertencentes a K classes discretas com taxas $\omega_0, \omega_1, \dots, \omega_{K-1}$ e frequências p_0, p_1, \dots, p_{K-1} . Nesse caso, $K=3$.
M7 (β)	2	p, q	Presume uma distribuição $\beta(p, q)$ limitada no intervalo $(0,1)$, de parâmetros p e q . Adição de uma classe a M7 com ω constante (ω_2) amostrada da distribuição $\beta(p, q)$ e frequência p_0 . Demais sítios possuem uma mesma taxa ω de proporção p_1 .
M8 (β & ω)	4	p_0 ($p_1=1-p_0$) $p, q, \omega_s>1$	

#P – número de parâmetros livres na distribuição de ω ; Valores entre parênteses correspondem a parâmetros não-livres. Dados compilados de ANISIMOVA; BIELAWSKI; YANG, 2002 e YANG, 2014.

probabilidade de pertencer, numa abordagem conhecida como *empirical Bayes* (abordagem empírica de Bayes, em livre tradução) (ANISIMOVA *et al.*, 2002). O PAML implementa duas formas de do método empírico de Bayes: *Naïve Empirical Bayes* (NEB) (NIELSEN & YANG, 1998; YANG *et al.*, 2000), que aplica diretamente as estimativas de máxima verossimilhança dos modelos, e *Bayes Empirical Bayes* (BEB) (YANG, 2005), que aplica uma correção de erro amostral incorporando probabilidades anteriores ao cálculo (YANG, 2014). Baseado nos alinhamentos de nucleotídeos e nas topologias não enraizadas (geradas com o aplicativo SeaView 4.6; GOUY, GUINDON & GASCUEL, 2010) das árvores selecionadas na etapa 3.2, os comprimentos dos ramos foram estimados empregando-se o modelo M0 (pressupõe ω idêntico para todos os sítios; *NSsites* = 0), partindo de comprimentos aleatórios de ramos (*fix_blength* = -1), com otimização ramo a ramo (*method* = 1), a mais eficiente para esse tipo de estimativa, de acordo com o desenvolvedor. A árvore calculada foi utilizada como entrada para análise simultânea através dos modelos de sítios M1a (aproximadamente neutro), M2a (seleção positiva), M3 (discreto), M7 (β) e M8 (β & ω) - *NSsites* = 1 2 3 7 8 - com número de categorias Gama (*ncatG*) conforme

Yang e colaboradores (2000) e comprimentos de ramos fixos (*fix_blength* = 1). Parâmetros adicionais comuns a ambas as análises estão indicados no Apêndice 3.

Os valores de verossimilhança (l) obtidos para cada modelo foram empregados para a verificação da presença de seleção positiva através de LRTs: $2(\ln l_1 - \ln l_0)$. Foram realizadas comparações dos modelos aninhados M0 vs M3 (heterogeneidade de ω), M1a vs M2a e M7 vs M8 (ambos testando para seleção positiva), conforme recomendado por Anisimova e colaboradores (2001, 2002), através de script próprio em linguagem Python (Apêndice 4), utilizando a biblioteca Bio.Phylo.PAML (TALEVICH *et al.*, 2012) do pacote Biopython_(COCK *et al.*, 2009), realizando testes χ^2 com 4, 2, e 2 graus de liberdade, respectivamente. Para rejeição da hipótese nula considerou-se $p \leq 0,05$.

4. RESULTADOS

4.1. FILTRAGEM, ALINHAMENTO E SELEÇÃO DE MODELO EVOLUTIVO

As sequências de cada isoforma pertencente à classe II das proteases Pr1 de *M. anisopliae* E6 foram utilizadas como alvo da ferramenta *blastp* para analisar o banco local de sequências proteicas. Foram inicialmente recuperadas 366 sequências. Esse número foi reduzido em aproximadamente 60% aplicando filtragens por tamanho (Tabela 4), resultando em números finais de sequências de: 30 (Pr1A); 16 (Pr1B); 9 (Pr1D); 16 (Pr1E), 13 (Pr1F); 7 (Pr1G); 12 (Pr1I); 16 (Pr1J); e 26 (Pr1K). As isoformas A, B, e I (subfamília 1) apresentaram interseção nos conjuntos de sequências resultantes do BLAST+. Para resolver essas redundâncias, foi aplicada a ferramenta *blastp online* (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov>) contra o banco *nr* (proteínas não redundantes), onde se observou a isoforma com qual cada alvo apresentava maior identidade de sequência, considerando-a pertencente àquele grupo. Adicionalmente, em razão da super-representatividade de alguns grupos taxonômicos (em especial, *Metarhizium* spp.), foi escolhida uma sequência representante de conjuntos que apresentassem identidade $\geq 95\%$ para Pr1A. Desta forma, o número de sequências foi reduzido de 84 para 30 sequências.

As isoformas E, F e J são múltiplas no genoma de *M. anisopliae* E6 (3, 2 e 2, respectivamente), bem como em algumas espécies relacionadas. Para Pr1E existem três sequências identificadas no genoma de *M. brunneum* ARSEF 3297 e *M. robertsii* ARSEF 23, e duas sequências para *M. robertsii* ARSEF 2575. Da mesma forma, para Pr1F foram obtidas duas sequências para *M. anisopliae* ARSEF 549, *M. brunneum* ARSEF 3297 e para as linhagens ARSEF 23 e ARSEF 2575 de *M. robertsii*. Por fim, para a isoforma J foram obtidas duas sequências, estas relacionadas aos genomas de *M. brunneum* ARSEF 3297, *M. guizhouense* ARSEF 977, *M. acridum* CQMa 102, e a ambos *M. robertsii* ARSEF 23 e ARSEF 2575. O Apêndice 5 e o Apêndice 6 relacionam todas as sequências utilizadas neste trabalho, enquanto as suas relações taxonômicas estão presentes no Apêndice 7 e no Apêndice 8.

Tabela 4: Resultados de *blastp*, filtragem, análise de modelo evolutivo e filogenias selecionadas para as diferentes isoformas da família Pr1 utilizadas.

Subfamília	Isoforma	GI(s) Referência	Tamanho (aa)	# BLAST+	# Filtrado	Modelo (aa)	Modelo (nt)	Árvore selecionada
Sf1	A	672384588	390	100	30**	LG+I+G [1]	GTR+I+G [2]	nt-BI
	B	672380775	386	33	16	WAG+G [3]	HKY+I+G [4]	nt-BI
	G	672377000	399	9	7	JTT+I [5]	HKY+G [4]	nt-BI
	I	672379263	388	97	12	WAG+G [3]	GTR+I [2]	nt-BI
	K	672381981	391	32	26	WAG+I+G [3]	GTR+I+G [2]	nt-BI
	Conj.	N/A	N/A	N/A	91	LG+I+G [1]	GTR+I+G [2]	nt-BI
Sf2	D	672380805 672376854	406	14	9	JTT+G [5]	HKY+G [4]	nt-BI
	E	672379712 672382339	386*	34	16	JTT+G [5]	GTR+G [2]	nt-ML
	F	672376853 672381324	329*	24	13	WAG+G [3]	GTR+G [2]	aa-BI
	J	672377960 672383277	398*	23	16	WAG+G [3]	GTR+I+G [2]	nt-ML
	Conj.	N/A	N/A	N/A	54	WAG+I+G [3]	GTR+I+G [2]	nt-BI

Conj. – Conjunto de todas as isoformas pertencentes à subfamília; N/A - Não Aplicável; * - valor médio dos tamanhos de referência; ** - após filtragem adicional em 95% de identidade; [1] LE & GASCUEL, 2008; [2] TAVARÉ, 1986; [3] WHELAN & GOLDMAN, 2001; [4] HASEGAWA, KISHINO & YANO, 1985; [5] JONES, TAYLOR & THORNTON, 1992

Os resultados das análises de modelo evolutivo, baseadas nos alinhamentos de aminoácidos obtidos com a ferramenta PRANK (Apêndice 9 a Apêndice 19) e nos retroalinhamentos obtidos com a ferramenta TranslatorX, estão sumarizadas na Tabela 4.

4.2. RECONSTRUÇÃO FILOGENÉTICA

A filogenia selecionada para cada conjunto de dados está relacionada na Tabela 4.

4.2.1. SUBFAMÍLIA 1

As árvores filogenéticas construídas com o conjunto de sequências de Pr1A (Figura 10, Apêndice 20, Apêndice 21 e Apêndice 22) apresentaram, em geral, convergência em suas topologias. Comparando a árvore selecionada (Figura 10A) com a meta-árvore (Pr1A-MT; Figura 10B), existem grupos similares, embora com diferenças nas relações entre eles. As OTUs (*Operational Taxonomic Units*), todas pertencentes à ordem Hypocreales, estão agrupadas em concordância com suas famílias. O clado da família Clavicipitaceae é composto por representantes dos gêneros *Metarhizum*, *Pochonia*, *Metacordyceps*, *Epichloe*, e *Claviceps*, havendo consenso entre as duas topologias (Figura 10). Os membros da família Ophiocordycipitaceae estão dispersos: um clado é composto por sequências dos gêneros *Purpureocillium*, *Ophiocordyceps* e *Hirsutella*, enquanto a sequência de *Tolypocladium inflatum* está relacionada a *Trichoderma* spp. (Hypocreaceae) em Pr1A-nt-BI, enquanto em Pr1A-MT não é possível observar tal relação. Adicionalmente, há um composto majoritariamente por Cordycipitaceae (gêneros *Engyodontium*, *Lecanicillium*, e *Beauveria*) e apresentando um representante do gênero *Fusarium* relacionado com *Lecanicillium psalliotae*, tanto em Pr1A-nt-BI quanto em Pr1A-MT. Esse grupo consenso apresenta, em Pr1A-MT, relação não determinada com Ophiocordycipitaceae e Hypocreaceae.

Analogamente ao conjunto Pr1A, as topologias construídas com os conjuntos de Pr1B (Figura 11, Apêndice 23, Apêndice 24 e Apêndice 25) convergem, em geral, nas suas relações. A árvore construída com o conjunto de

nt, utilizando BI (Pr1B-nt-BI, Figura 11A), assim como a meta-árvore (Pr1B-MT; Figura 11B), apresenta um clado pertencente à família Clavicipitaceae, formado por sequências do gênero *Metarhizium*. Sequências pertencentes a Cordycipitaceae (*Beauveria bassiana* e *Cordyceps confragosa*) não formam grupo monofilético. Um representante da ordem Xylariales (*Eutypa lata*, Xylariales:Diatrypaceae) está agrupado com *C. confragosa* e ambos estão próximos à sequência de *Sarocladium strictum* (Hypocreales, sem família definida de acordo com NCBI Taxonomy e Mycobank).

As topologias para os conjuntos de Pr1G (Figura 12, Apêndice 26, Apêndice 27 e Apêndice 28) e Pr1I (Figura 13, Apêndice 29, Apêndice 30 e Apêndice 31), também convergem nas filogenias construídas com seus respectivos conjuntos de dados. Estas apresentam somente sequências representantes de Clavicipitaceae: *Metarhizium* spp. para ambas, com a adição dos gêneros *Neotyphodium*, *Epichloe* e *Claviceps* para Pr1I. As sequências de *Neotyphodium* e *Epichloe* formam um grupo monofilético em Pr1I-nt-BI (Figura 13A).

As filogenias geradas com o conjunto Pr1K (Figura 14, Apêndice 32, Apêndice 33 e Apêndice 34), similares quando compara-se Pr1K-nt-BI (Figura 14A) e Pr1K-MT (Figura 14B), contém somente representantes das Ordens Hypocreales e Glomerellales. Há um clado pertencente à família Clavicipitaceae (gêneros *Metarhizium*, *Villosiclava*, *Epichloe* e *Claviceps*) que é proximamente relacionado a um representante de Hypocreaceae (*Trichoderma atroviride*) e a *Acremonium chrysogenum* (sem família definida). Representantes de Nectriaceae (gêneros *Fusarium* e *Nectria*) formam grupo com alto suporte estatístico (probabilidade posterior $\cong 0,99$). *Colletotrichum* spp. (Glomerellales: Glomerellaceae) estão relacionados a Nectriaceae em Pr1K-nt-BI (Figura 14A), embora seu posicionamento seja incerto em Pr1K-MT (Figura 14B).

Todas as filogenias individuais da subfamília 1 propostas neste trabalho estão de acordo com análises filogenômicas recentes para o gênero *Metarhizium* (HU *et al.*, 2014), mantendo as espécies hospedeiro-especialistas (*M. acridum* e *M. album*) basais em relação a espécies transicionais (*M. guizhouense* e *M.*

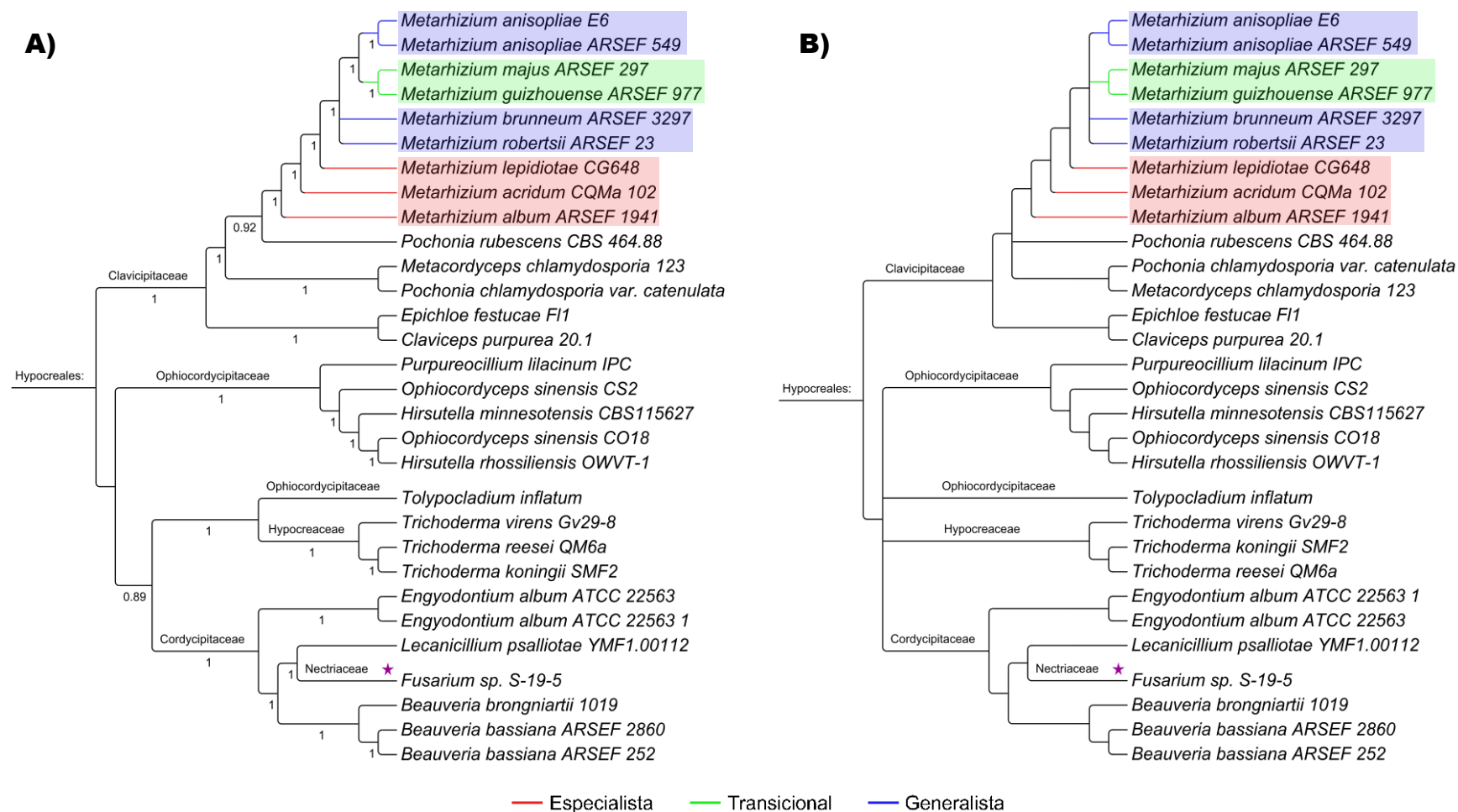


Figura 10: Análise filogenética de Pr1A.

A) Árvore obtida utilizando o conjunto de nucleotídeos pelo método de Inferência Bayesiana, modelo GTR+I+G, com amostragem de 10.000.000 de gerações. As probabilidades posteriores calculadas estão nos seus ramos correspondentes; **B)** Meta-árvore combinando as topologias constituídas por Máxima Verossimilhança e Inferência Bayesiana com os conjuntos de aminoácidos e nucleotídeos. Informação de ordem e família das OTUs utilizadas estão descritas acima de cada ramo, também valendo para os níveis superiores. Estrela em roxo: OTU difere da composição taxonômica majoritária do ramo.

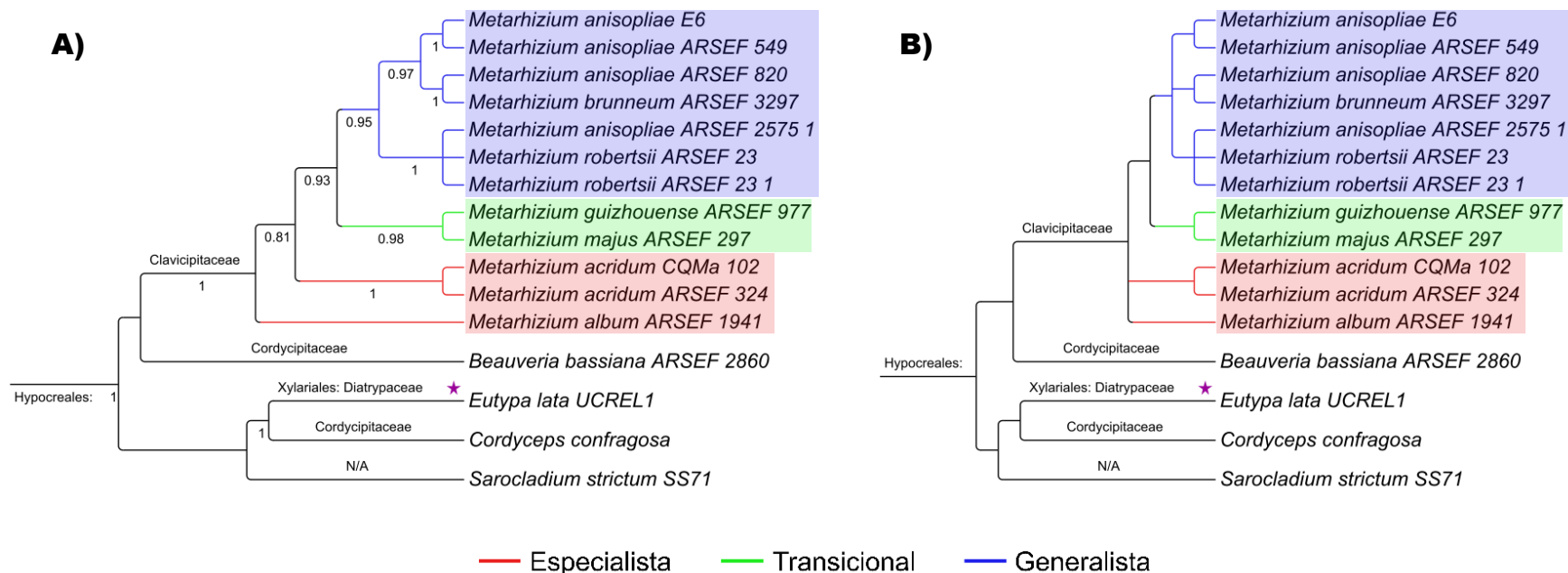


Figura 11: Análise filogenética de Pr1B.

A) Árvore obtida utilizando o conjunto de nucleotídeos pelo método de Inferência Bayesiana, modelo HKY+I+G, com amostragem de 10.000.000 de gerações. As probabilidades posteriores calculadas estão nos seus ramos correspondentes; B) Meta-árvore combinando as topologias constituídas por Máxima Verossimilhança e Inferência Bayesiana com os conjuntos de aminoácidos e nucleotídeos. Informação de ordem e família das OTUs utilizadas estão descritas acima de cada ramo, também valendo para os níveis superiores.. Estrela em roxo: OTU difere da composição taxonômica majoritária do ramo.

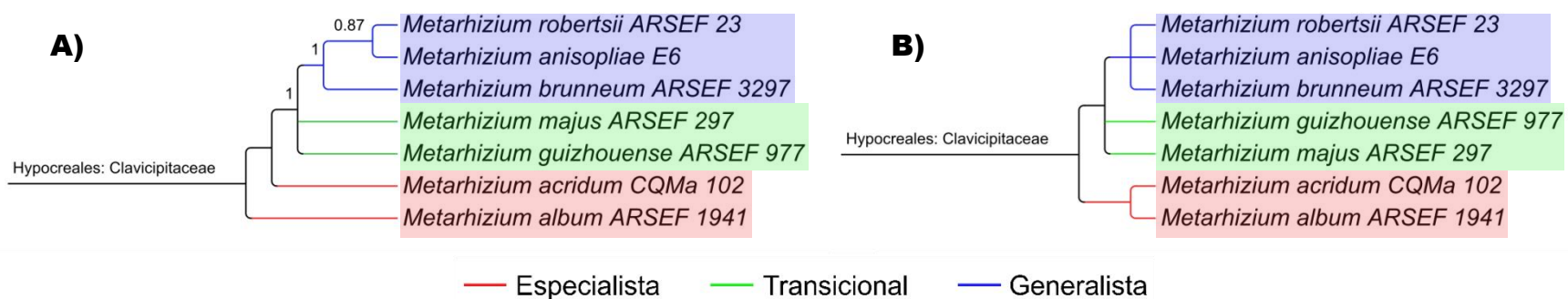


Figura 12: Análise filogenética de Pr1G.

A) Árvore obtida utilizando o conjunto de nucleotídeos pelo método de Inferência Bayesiana, modelo HKY+G, com amostragem de 10.000.000 de gerações. As probabilidades posteriores calculadas estão nos seus ramos correspondentes; B) Meta-árvore combinando as topologias constituídas por Máxima Verossimilhança e Inferência Bayesiana com os conjuntos de aminoácidos e nucleotídeos. Informação de ordem e família das OTUs utilizadas estão descritas acima de cada ramo, também valendo para os níveis superiores.

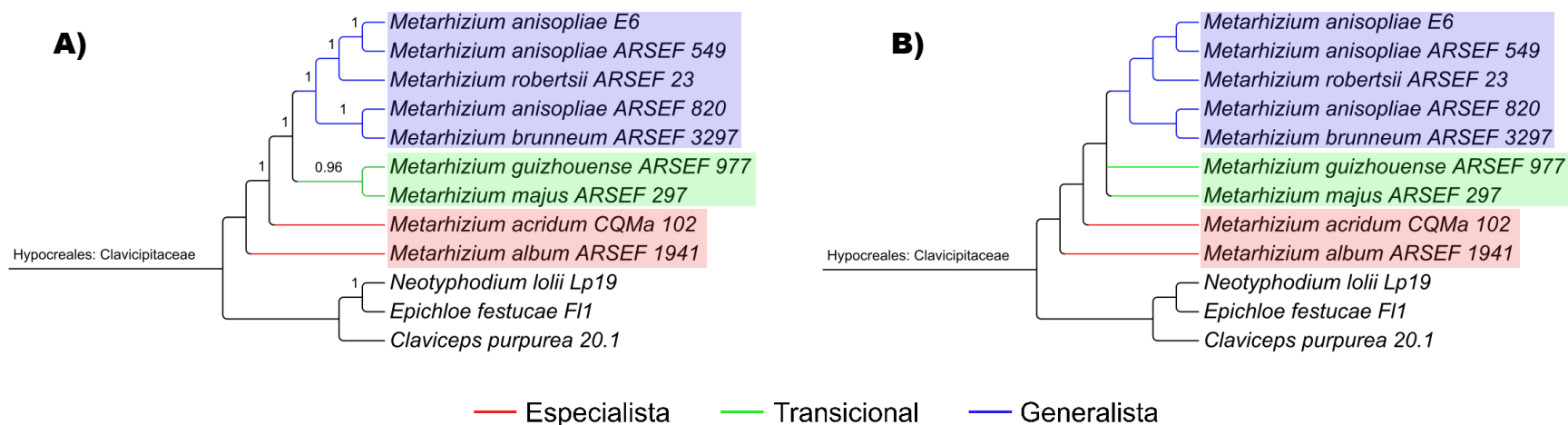


Figura 13: Análise filogenética de Pr11.

A) Árvore obtida utilizando o conjunto de nucleotídeos pelo método de Inferência Bayesiana, modelo GTR+I, com amostragem de 10.000.000 de gerações. As probabilidades posteriores calculadas estão nos seus ramos correspondentes; B) Meta-árvore combinando as topologias constituídas por Máxima Verossimilhança e Inferência Bayesiana com os conjuntos de aminoácidos e nucleotídeos. Informação de ordem e família das OTUs utilizadas estão descritas acima de cada ramo, também valendo para os níveis superiores.

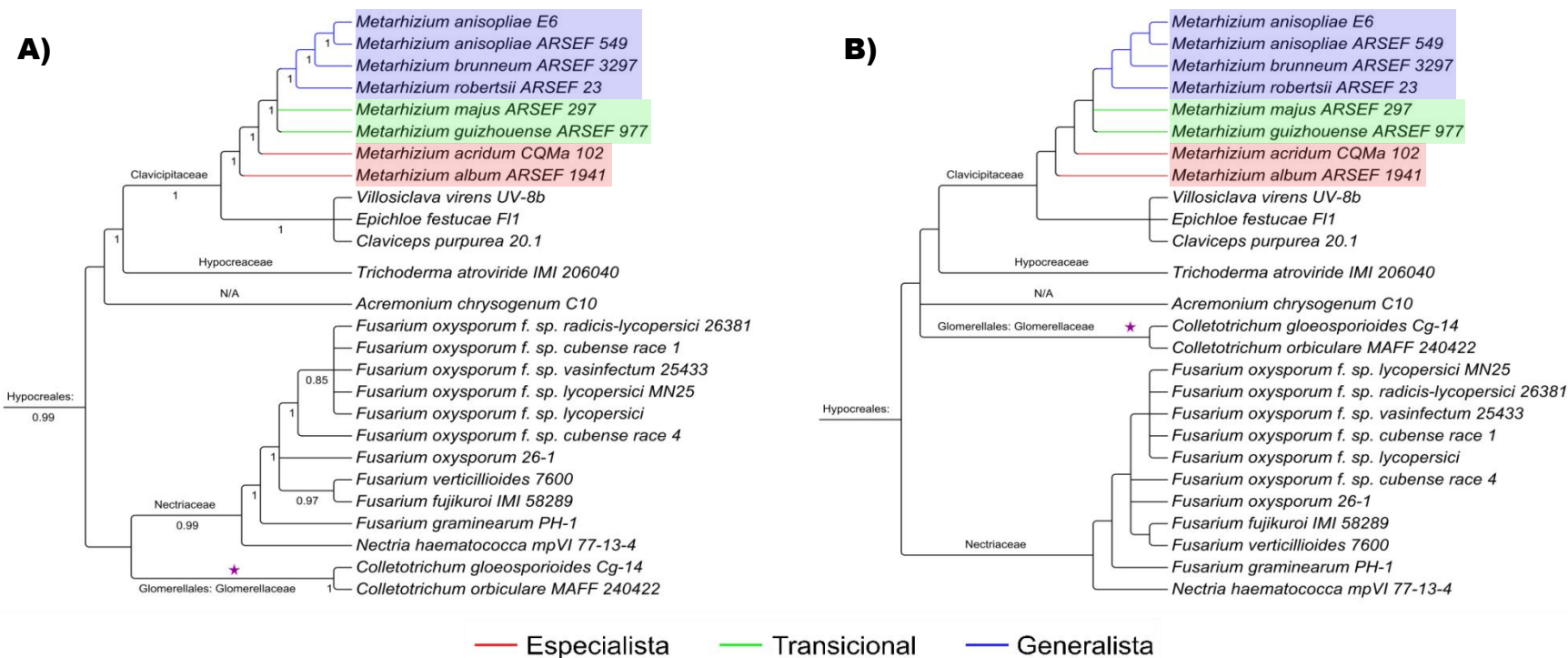


Figura 14: Análise filogenética de Pr1K.

A) Árvore obtida utilizando o conjunto de nucleotídeos pelo método de Inferência Bayesiana, modelo GTR+I+G, com amostragem de 93.000 gerações As probabilidades posteriores calculadas estão nos seus ramos correspondentes; **B)** Meta-árvore combinando as topologias constuídas por Máxima Verossimilhança e Inferência Bayesiana com os conjuntos de aminoácidos e nucleotídeos. Informação de ordem e família das OTUs utilizadas estão descritas acima de cada ramo, também valendo para os níveis superiores. Estrela em roxo: OTU difere da composição taxonômica majoritária do ramo.

majus) e hospedeiro-generalistas (*M. anisopliae*, *M. brunneum* e *M. robertsii*). Entretanto, as relações entre sequências de *Metarhizium* não-especialistas não puderam ser totalmente determinadas em Pr1A-nt-BI (Figura 10A), Pr1A-MT (Figura 10B), Pr1G-nt-BI (Figura 12A), Pr1G-MT (Figura 12B), Pr1I-MT (Figura 13B), Pr1K-nt-BI (Figura 14A) e Pr1K-MT (Figura 14B).

Com o intuito de avaliar a história evolutiva das proteases Pr1 empregamos um alinhamento em conjunto de todas as isoformas da subfamília 1 (Apêndice 14). Entretanto, não foi possível definir relações inequívocas entre as mesmas. Em Sf1-nt-BI (Figura 15A) e Sf1-MT (Figura 15B) foi demonstrada uma separação dos representantes de cada isoenzima no padrão (K,(A,B,G,I)). Contudo, alguns grupos estão fragmentados. Os representantes de Pr1A estão divididos em três grupos em Sf1-nt-BI: A1 (incluindo os gêneros *Metarhizium*, *Pochonia*, *Metacordyceps*, *Epichloe*, *Claviceps*, *Beauveria*, *Lecanicillium*, *Fusarium*, *Engyodontium*, *Ophiocordyceps*, *Hirsutella*, e *Purpureocillium*; correspondendo ao conjunto A1.1, A1.2, A1.3 em Sf1-MT), A2 (*Trichoderma*; idêntico em Sf1-MT) e A3 (*Tolyptocladium*; idêntico em Sf1-MT). Pr1B está fragmentada em dois grupos: B1 (incluindo os gêneros *Metarhizium* e *Beauveria*; idêntico em Sf1-MT) e B2 (*Eutypa*, *Cordyceps*, *Sarocladium*; B2.1 e B2.2). Embora o grupo K seja monofilético em Sf1-nt-BI (Figura 15A), o mesmo está ramificado em quatro grupos na meta-árvore (Figura 15B): K.1 (incluindo os gêneros *Metarhizium*, *Villosiclava*, *Claviceps*, e *Trichoderma*), K.2 (*Fusarium* e *Nectria*), K.3 (*Colletotrichum*) e K.4 (*Acremonium*). Os grupos remanescentes (G e I) formam grupos monofiléticos similares em ambas as topologias. Os grupos observados para as OTUs de cada isoforma não apresentam diferenças consideráveis em relação às árvores construídas com os conjuntos individuais, e os subgrupos observados na Figura 15 correspondem, na maioria dos casos, a ramos existentes nas árvores individuais. É importante ressaltar que na árvore filogenética da sf1, as espécies hospedeiro-especialistas são basais a espécies transicionais e hospedeiro-generalistas nos conjuntos B, G, I e K. No conjunto A, apesar de as Pr1 de espécies especialistas serem basais às demais, as de generalistas e transicionais estão misturadas em um clado com alta probabilidade posterior.

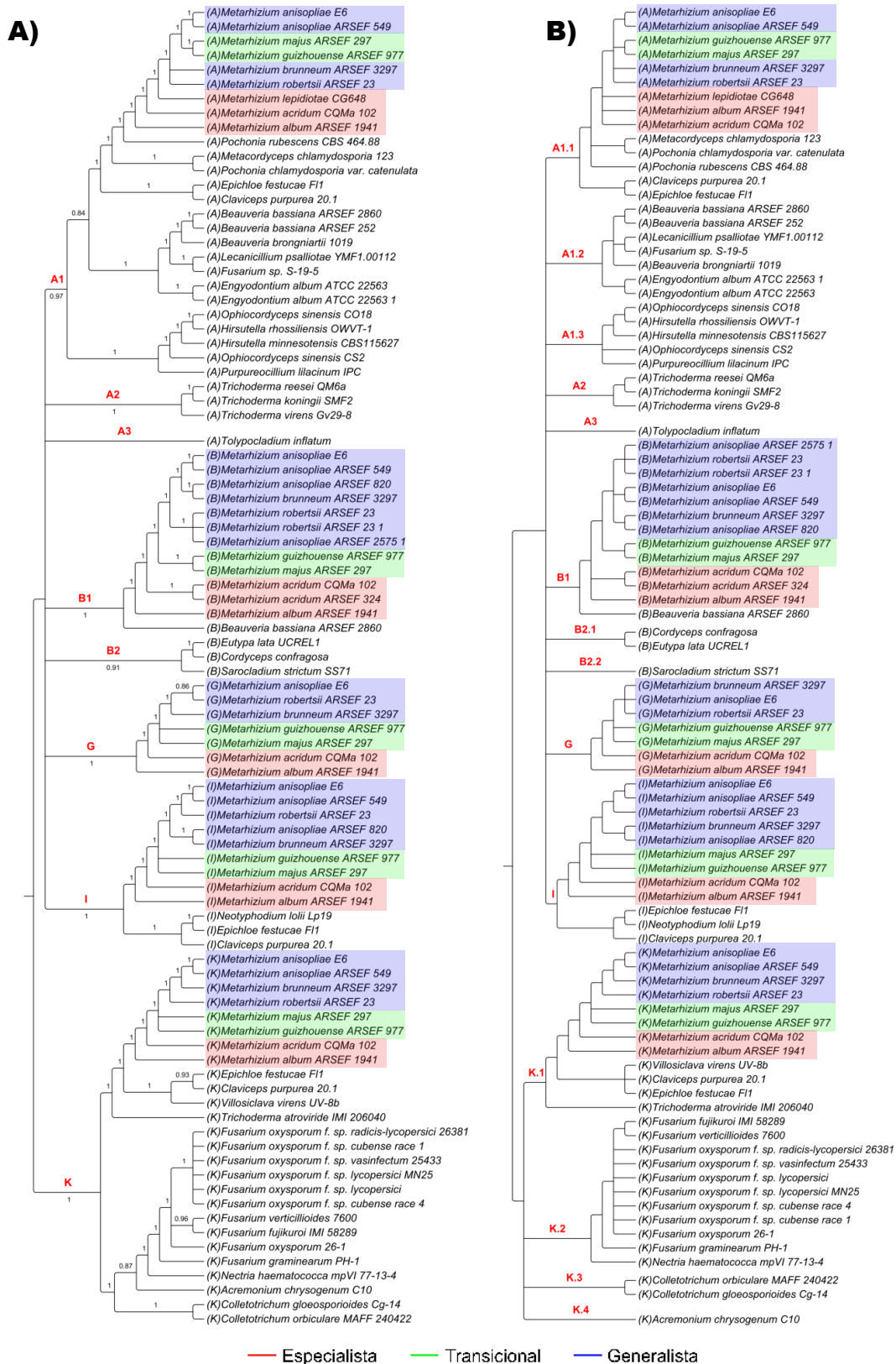


Figura 15: Análise filogenética conjunta da Subfamília 1.

A) Árvore obtida utilizando o conjunto de nucleotídeos pelo método de Inferência Bayesiana, modelo GTR+I+G, com amostragem de 364.000 gerações. As probabilidades posteriores calculadas estão nos seus ramos correspondentes; **B)** Meta-árvore combinando as topologias constituídas por Máxima Verossimilhança e Inferência Bayesiana com os conjuntos de aminoácidos e nucleotídeos. Em vermelho estão identificados os grupos componentes, acima do ramo correspondente.

4.2.2. SUBFAMÍLIA 2

As árvores construídas para a isoforma Pr1D com o conjunto de dados de nucleotídeos pelo método Bayesiano (Pr1D-nt-BI; Figura 16) e a meta-árvore (dados não apresentados) apresentaram topologias idênticas. Existem somente OTUs do gênero *Metarhizium* (Hypocreales:Clavicipitaceae) agrupadas de acordo com padrão especialistas→transicionais→generalistas observado por Hu e colaboradores (2014), também presente em todas as demais filogenias desse conjunto (Apêndice 38, Apêndice 39 e Apêndice 40).

As árvores do conjunto de dados de Pr1E (Figura 17, Apêndice 41, Apêndice 42 e Apêndice 43) apresentam somente OTUs pertencentes a *Metarhizium* spp., divididas em três grupos principais. O grupo 1 é composto por representantes generalistas, transicionais e especialistas, sendo que existe uma relação mais próxima entre as espécies generalistas e transicionais, em concordância com o padrão observado por Hu e colaboradores (2014) na topologia construída com os alinhamentos de nucleotídeos por ML (Pr1E-nt-ML; Figura 17A). Para este mesmo grupo, as relações entre OTUs não-especialistas não se apresentam bem definidas em Pr1E-MT (Figura 17B). Os grupos 2 e 3 são compostos por representantes de espécies generalistas, exclusivamente. Além disso, as relações entre grupos diferem entre Pr1E-nt-ML e Pr1E-MT: o último apresenta os grupos 1 e 2 mais proximamente relacionados que o grupo 3,

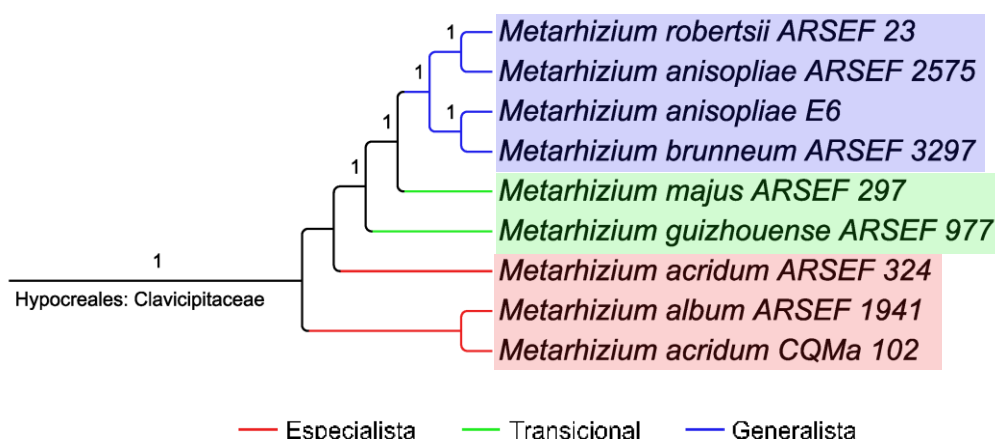


Figura 16: Análise filogenética para Pr1D.

Árvore obtida utilizando o conjunto de nucleotídeos pelo método de Inferência Bayesiana, modelo GTR+I+G, com amostragem de 10.000.000 de gerações. As probabilidades posteriores calculadas estão nos seus ramos correspondentes; A topologia também representa a análise conjunta por Meta-Árvore, por ambas serem idênticas. Informação de ordem e família das OTUs utilizadas estão descritas acima de cada ramo, também valendo para os níveis superiores.

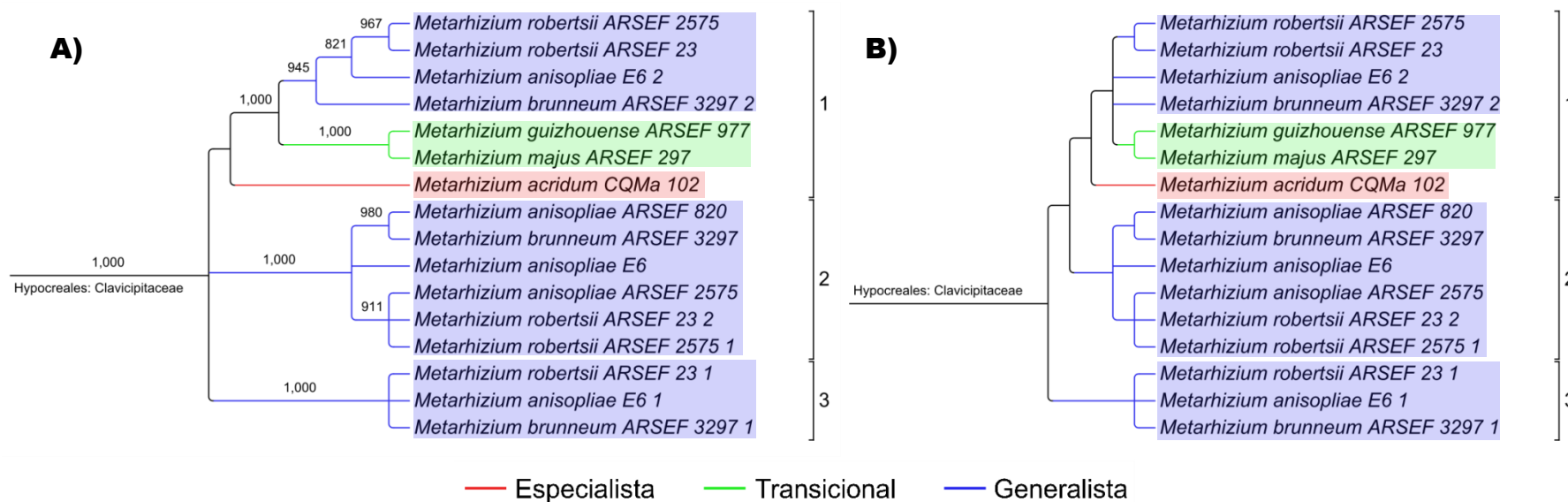


Figura 17: Análise filogenética para Pr1E.

A) Árvore obtida utilizando o conjunto de nucleotídeos pelo método de Máxima Verossimilhança, modelo GTR+G, com 1.000 replicatas de *bootstrap* (valores nos ramos correspondentes); **B)** Meta-árvore combinando as topologias constuídas por Máxima Verossimilhança e Inferência Bayesiana com os conjuntos de aminoácidos e nucleotídeos. Informação de ordem e família das OTUs utilizadas estão descritas acima de cada ramo, também valendo para os níveis superiores.

enquanto o primeiro não possui relações inequivocamente definidas.

As filogenias resultantes das análises de Pr1F (Figura 18, Apêndice 44, Apêndice 45 e Apêndice 46), assim como em Pr1E, apresentam diferentes grupos formados exclusivamente por *Metarhizium* spp. Há um conjunto heterogêneo composto por sequências de *M. acridum* ARSEF 324, *M. robertsii* ARSEF 23 e ARSEF 2575 relacionado a um grupo misto de representantes especialistas, transicionais e generalistas. Para este conjunto não foi possível observar o padrão especialistas→transicionais→generalistas (HU *et al.*, 2014) esperado para *Metarhizium* spp. Pr1F-aa-BI (Figura 18A) e Pr1F-MT (Figura 18B) possuem topologias concordantes.

Em relação às topologias dos conjuntos de Pr1J (Figura 19, Apêndice 47, Apêndice 48 e Apêndice 49), estão presentes dois grupos em concordância, em geral, entre Pr1J-nt-ML (Figura 19A) e Pr1J-MT (Figura 19B), com OTUs exclusivamente da família Clavicipitaceae. O grupo inferior apresenta espécies do gênero *Metarhizium* no mesmo padrão evolutivo especialista→transicional→generalista esperado para a espécie, enquanto o grupo superior não apresenta relações definidas quanto aos representantes de *Metarhizium*, no que diz respeito à especificidade de hospedeiros. Entretanto, *M. acridum* CQMa 102 tem posição basal em Pr1J-nt-ML, enquanto que em Pr1J-MT está agrupada com as demais OTUs do gênero *Metarhizium*.

Conjuntamente, as análises filogenéticas para as isoformas pertencentes à subfamília 2 de proteases (Figura 20, Apêndice 50, Apêndice 51 e Apêndice 52) apresentam topologias concordantes em relação a grandes grupos. Verifica-se em Sf2-nt-BI (Figura 20A) e Sf2-MT (Figura 20B) um padrão ((D,J),(E,F)), sendo que nos conjuntos D e J o padrão evolutivo especialista→transicional→generalista é identificável. Já o conjunto E é formado por dois grupos monofiléticos, sendo que um deles segue o padrão acima enquanto o outro é formado somente por sequências de espécies generalistas. O conjunto F também possui dois clados, sendo um deles no padrão especialista→transicional→generalista e o outro formado por espécies generalistas e uma especialista, que não seguem o padrão esperado.

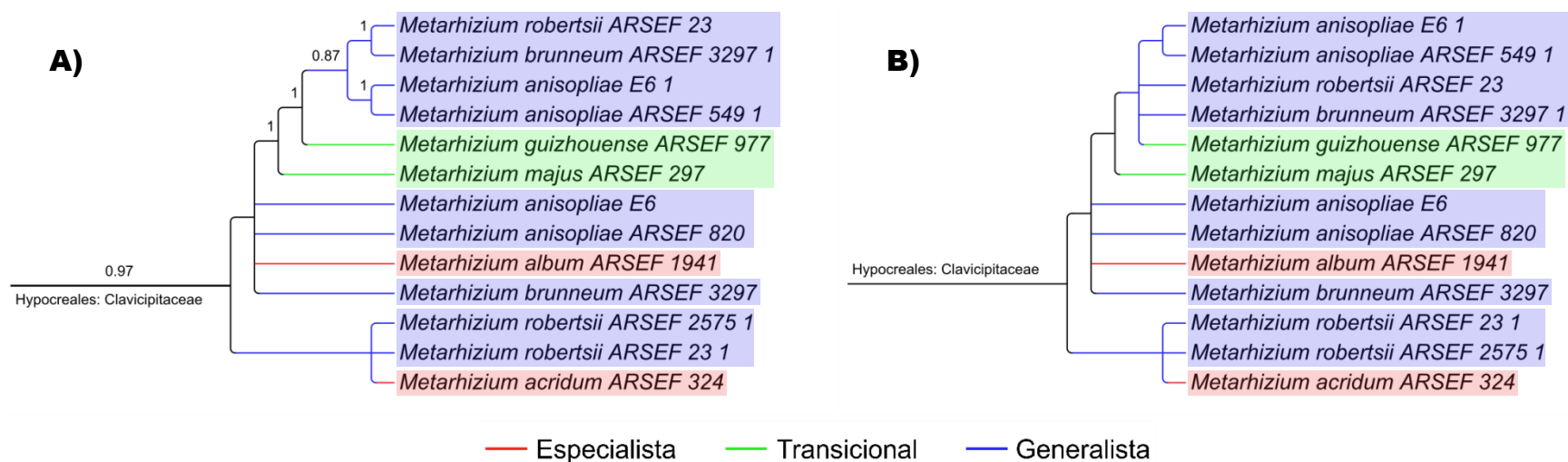


Figura 18: Análise filogenética para Pr1F.

A) Árvore obtida utilizando o conjunto de aminoácidos pelo método de Inferência Bayesiana, modelo WAG+G, amostradas por 57.000 gerações. As probabilidades posteriores calculadas estão nos seus ramos correspondentes; **B)** Meta-árvore combinando as topologias constituídas por Máxima Verossimilhança e Inferência Bayesiana com os conjuntos de aminoácidos e nucleotídeos. Informação de ordem e família das OTUs utilizadas estão descritas acima de cada ramo, também valendo para os níveis superiores.

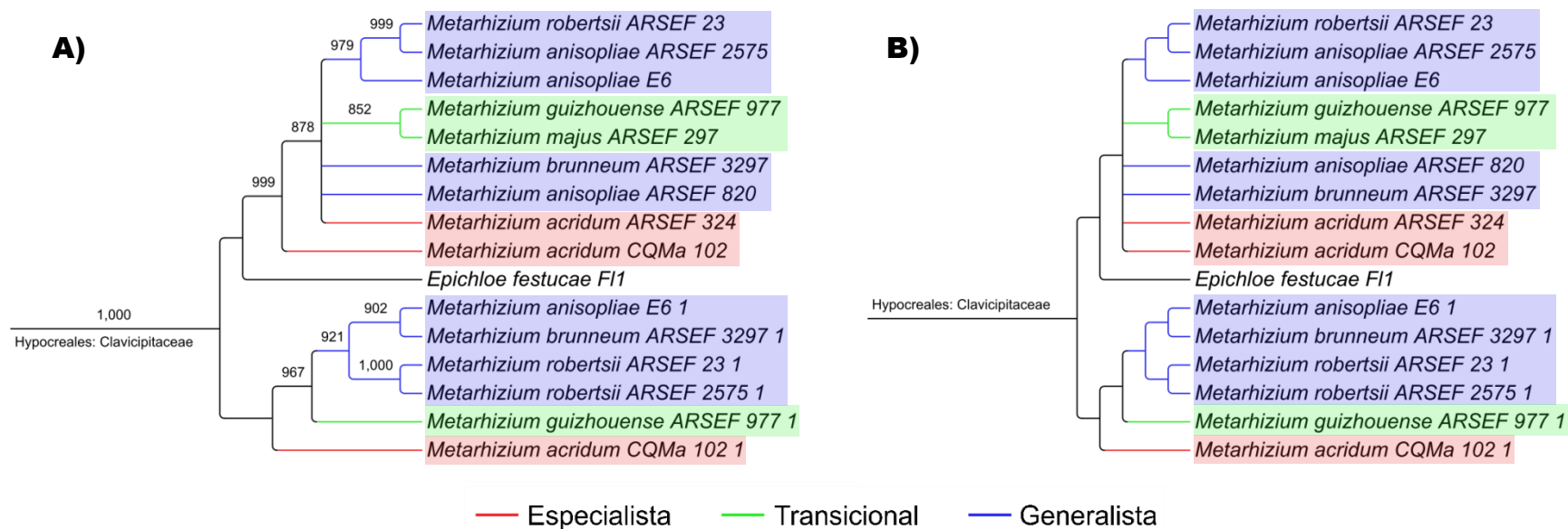


Figura 19: Análise filogenética para Pr1J.

A) Árvore obtida utilizando o conjunto de nucleotídeos pelo método de Máxima Verossimilhança, modelo GTR+I+G, com 1.000 replicatas de *bootstrap* (valores nos ramos correspondentes); **B)** Meta-árvore combinando as topologias constituídas por Máxima Verossimilhança e Inferência Bayesiana com os conjuntos de aminoácidos e nucleotídeos. Informação de ordem e família das OTUs utilizadas estão descritas acima de cada ramo, também valendo para os níveis superiores.

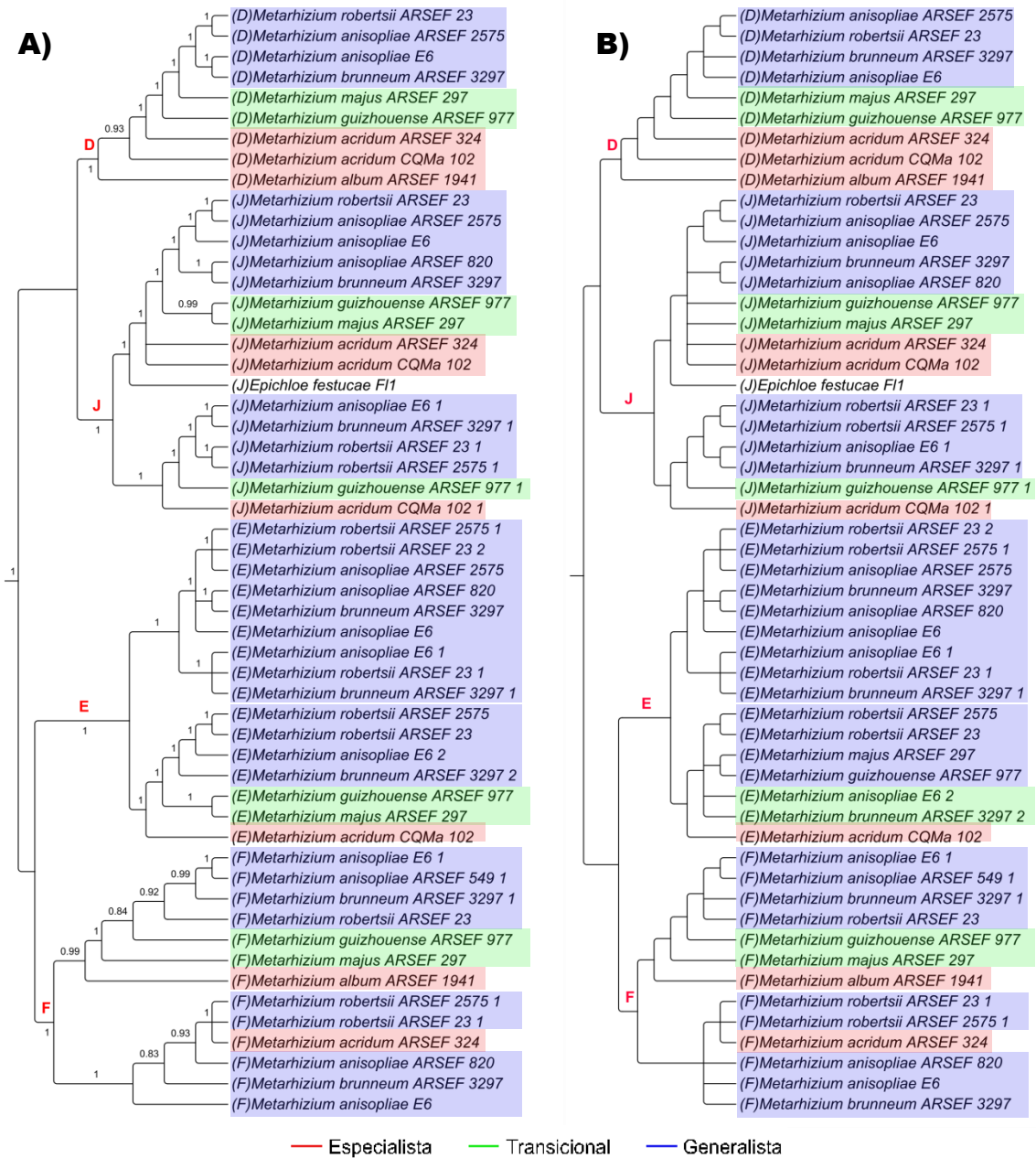


Figura 20: Análise filogenética conjunta da Subfamília 2.

A) Árvore obtida utilizando o conjunto de nucleotídeos pelo método de Inferência Bayesiana, modelo GTR+I+G, com amostragem de 152.000 gerações. As probabilidades posteriores calculadas estão nos seus ramos correspondentes; **B)** Meta-árvore combinando as topologias constuídas por Máxima Verossimilhança e Inferência Bayesiana com os conjuntos de aminoácidos e nucleotídeos. Em vermelho estão identificados os grupos componentes, acima do ramo correspondente.

4.3. SELEÇÃO POSITIVA

As árvores filogenéticas obtidas, tanto para a meta-árvore (MT), quanto para a topologia selecionada, foram utilizadas nas análises de seleção positiva com o pacote PAML. Essas, juntamente com os retroalinhamentos obtidos para os respectivos conjuntos, permitiram uma avaliação estatística da pressão seletiva sob a qual cada sítio codificante está sujeito utilizando LRTs (*Likelihood Ratio Tests*; usando ω como descritor). Ressalta-se que o teste M0 vs M3 avalia a heterogeneidade de ω entre sítios, e não seleção positiva. O teste pra cada conjunto apresentou $p < 0,05$ (dados não apresentados). Os valores de *log-likelihood*, LRT, ω médio, parâmetros estimados e sítios positivamente selecionados (quando aplicável) estão apresentados em tabelas individuais para cada análise. Será utilizada a nomenclatura Pr1X-PS-MT (quando se utilizou Meta-Árvore) e Pr1X-PS-Sel (topologia selecionada), onde X designa a isoforma correspondente. A Tabela 5 apresenta uma relação qualitativa dos resultados dos testes estatísticos, enquanto a Figura 21 sumariza os sítios positivamente selecionados identificados e suas respectivas localizações de acordo com a arquitetura proteica.

Tabela 5: Relação qualitativa dos testes de seleção positiva para as proteínas avaliadas.

Subfamília	Isoforma	Meta-Árvore		Topologia Selecionada	
		M1a vs M2a	M7 vs M8	M1a vs M2a	M7 vs M8
Sf1	A	N	S	N	S
	B	N	S	N	S
	G	N	S	N	S
	I	S	S	S	S
	K	N	N	N	N
Sf2	D	N/A	N/A	S	S
	E	N	N	S	N
	F	N	N	N	N
	J	S	S	S	S

S: rejeição da hipótese nula; N: não se rejeitou a hipótese nula; N/A: não aplicável

Foi detectada seleção positiva para 4 dos 5 membros da subfamília 1 (Pr1A, B, G, e I), tanto usando MT, quanto para a topologia selecionada. Analisando a isoforma A, ocorre, em geral, convergência entre os sítios

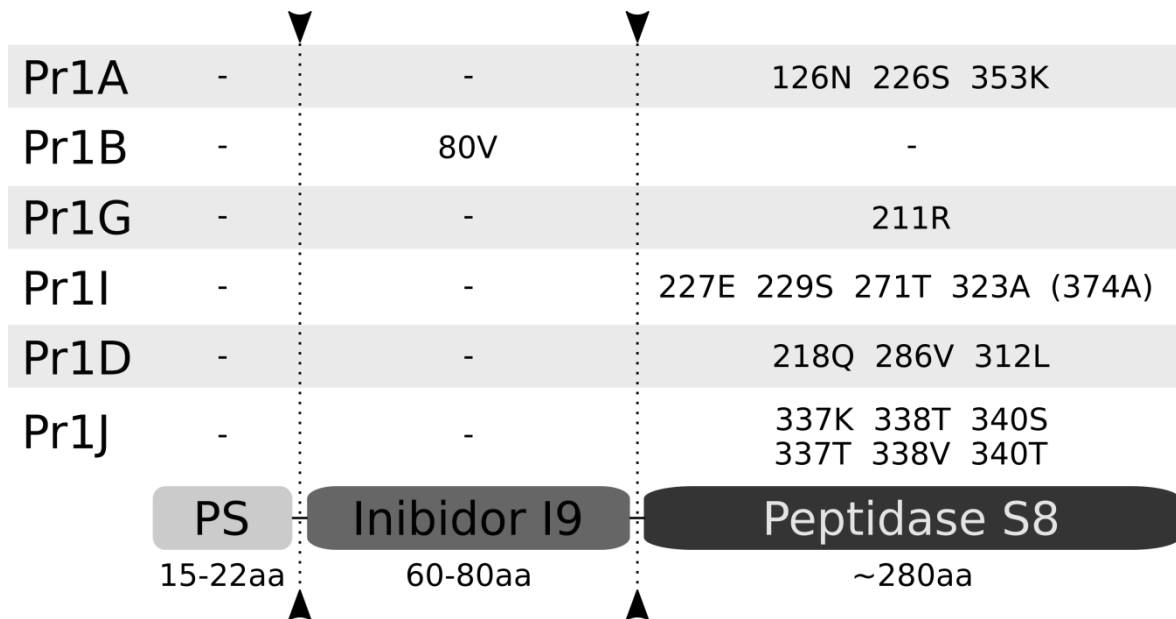


Figura 21: Localização dos sítios positivamente selecionados identificados.

Abaixo está representada a arquitetura típica das proteases Pr1. Tipicamente, o polipeptídeo possui peptídeo sinal (PS), domínio inibitório (Inibidor I9; PF05922) e domínio proteolítico do tipo subtilase (Peptidase S8; PF00082). As linhas estão ordenadas conforme sua subfamília. Hífens nas linhas correspondentes a cada isoforma representam ausência de sítios identificados. O sítio entre parênteses encontra-se na porção C-terminal, sem domínio identificável por similaridade de sequência, mas fazendo parte do peptídeo maduro. As proteases Pr1K, Pr1E e Pr1F não apresentaram sinais identificáveis de seleção positiva.

identificados para Pr1A-PS-MT (Tabela 6) e Pr1A-PS-Sel (Tabela 7). Os sítios 132, 232 e 390, correspondem às posições 126N, 226S e 353K, respectivamente, na sequência de *M. anisopliae* E6, localizadas no domínio proteolítico (S8). Em relação a Pr1B, identificou-se seleção positiva no sítio 146, em concordância entre Pr1B-PS-MT (Tabela 8) e Pr1B-PS-Sel (Tabela 9). Este corresponde à posição 80V na sequência de referência, localizada no domínio inibitório (I9). Os resultados de Pr1G-PS-MT (Tabela 10) e Pr1G-PS-Sel (Tabela 11) também estão em concordância, apresentando o sítio 211 (posição 211R, domínio S8) como positivamente selecionado. As análises para Pr1I apresentam os sítios 231, 328 e 379 concordantes entre Pr1I-PS-MT (Tabela 12) e Pr1I-PS-Sel (Tabela 13), e, exclusivamente a Pr1I-PS-MT, 233 e 328. Esses sítios correspondem, em ordem crescente, às posições 227E, 229S, 271T, 232A (domínio S8) e 374A (porção C-terminal sem domínio associado) na proteína de *M. anisopliae* E6. Não foi possível identificar seleção positiva para a isoforma K (Tabela 14, Tabela 15).

Tabela 6: Parâmetros estimados, valores de verossimilhança sob modelos de ω variável entre sítios, e sítios positivamente selecionados (SPS) para Pr1A-MT.

Modelos aninhados ^a	$-\ln \ell$	$2\Delta \ell$ (gl, p)	d_N/d_S ^b	Parâmetros estimados ^c	# SPS ^d BEB/NEB	BEB	NEB
M1a: nearly neutral (2)	17182,34		0,28	$p_0=0,7909$, ($p_1=0,2091$) $\omega_0=0,0934$, ($\omega_1=1,0000$)	N/A	N/A	N/A
M2a: positive selection (4)	17182,34	0,00 (2, >0,99)	0,28	$p_0=0,7909$, $p_1=0,2091$, ($p_2=0,0000$) $\omega_0=0,0934$, $\omega_1=1,0000$, $\omega_2=15,2505$	N/A	N/A	N/A
M7: β (2)	16853,14		0,17	$p=0,3998$, $q=1,9192$	N/A	N/A	N/A
M8: β & $\omega > 1$ (4)	16843,40	19,48 (2, <10 ⁻⁴)	0,16	$p_0=0,9723$, ($p_1=0,0277$) $p=0,4660$, $q=2,8822$, $\omega=1,1821$	2(0) /1(2)	132, 390	<u>132</u> , 232, <u>390</u>

^a Entre parênteses, o número de parâmetros livres do modelo.

^b Média entre todos os sítios do alinhamento.

^c Entre parênteses, parâmetros não-livres, mostrados para clareza.

^d Número de sítios positivamente selecionados de acordo com Bayes Empirical Bayes (BEB) e Naive Empirical Bayes (NEB). O primeiro número corresponde a sítios com probabilidades posteriores $\geq 0,95$, enquanto o segundo número, entre parênteses, corresponde a sítios com probabilidades posteriores $\geq 0,99$.

N/A: Não Aplicável

Tabela 7: Parâmetros estimados, valores de verossimilhança sob modelos de ω variável entre sítios, e sítios positivamente selecionados (SPS) para Pr1A-Sel.

Modelos aninhados ^a	$-\ln \ell$	$2\Delta \ell$ (gl, p)	d_N/d_S ^b	Parâmetros estimados ^c	# SPS ^d BEB/NEB	BEB	NEB
M1a: nearly neutral (2)	17123,74		0,27	$p_0=0,8060$, ($p_1=0,1940$) $\omega_0=0,0938$, ($\omega_1=1,0000$)	N/A	N/A	N/A
		1,99 (2,>0,30)					
M2a: positive selection (4)	17122,75		0,28	$p_0=0,8044$, $p_1=0,1913$, ($p_2=0,0043$) $\omega_0=0,0945$, $\omega_1=1,0000$, $\omega_2=2,7681$	N/A	N/A	N/A
M7: β (2)	16805,90		0,17	$p=0,4039$, $q=1,9683$	N/A	N/A	N/A
		20,25 (2,<10 ⁻⁴)					
M8: β & $\omega > 1$ (4)	16795,78		0,16	$p_0=0,9715$, ($p_1=0,0285$) $p=0,4731$, $q=2,9827$, $\omega=1,1613$	2(0) /0(2)	132, 390	<u>132</u> , <u>390</u>

^a Entre parênteses, o número de parâmetros livres do modelo.

^b Média entre todos os sítios do alinhamento.

^c Entre parênteses, parâmetros não-livres, mostrados para clareza.

^d Número de sítios positivamente selecionados de acordo com Bayes Empirical Bayes (BEB) e Naive Empirical Bayes (NEB). O primeiro número corresponde a sítios com probabilidades posteriores $\geq 0,95$, enquanto o segundo número, entre parênteses, corresponde a sítios com probabilidades posteriores $\geq 0,99$.

N/A: Não Aplicável

Tabela 8: Parâmetros estimados, valores de verossimilhança sob modelos de ω variável entre sítios, e sítios positivamente selecionados (SPS) para Pr1B-MT.

Modelos aninhados ^a	$-\ln \ell$	$2\Delta \ell$ (gl, p)	d_N/d_S ^b	Parâmetros estimados ^c	# SPS ^d BEB/NEB	BEB	NEB
M1a: nearly neutral (2)	7396,61		0,31	$p_0=0,7364$, ($p_1=0,2636$) $\omega_0=0,0705$, ($\omega_1=1,0000$)	N/A	N/A	N/A
M2a: positive selection (4)	7395,34	2,54 (2, >0,20)	0,35	$p_0=0,7350$, ($p_1=0,2599$, $p_2=0,0050$) $\omega_0=0,0710$, ($\omega_1=1,0000$, $\omega_2=8,3602$)	N/A	N/A	N/A
M7: β (2)	7355,82		0,19	$p=0,4277$, ($q=1,8082$)	N/A	N/A	N/A
M8: β & $\omega > 1$ (4)	7351,23	9,18 (2, <0,05)	0,22	$p_0=0,9894$, ($p_1=0,0106$) $p=0,4533$, ($q=2,0951$, $\omega=4,7506$)	0(0) /1(0)	N/A	146

^a Entre parênteses, o número de parâmetros livres do modelo.

^b Média entre todos os sítios do alinhamento.

^c Entre parênteses, parâmetros não-livres, mostrados para clareza.

^d Número de sítios positivamente selecionados de acordo com Bayes Empirical Bayes (BEB) e Naive Empirical Bayes (NEB). O primeiro número corresponde a sítios com probabilidades posteriores $\geq 0,95$, enquanto o segundo número, entre parênteses, corresponde a sítios com probabilidades posteriores $\geq 0,99$.

N/A: Não Aplicável

Tabela 9: Parâmetros estimados, valores de verossimilhança sob modelos de ω variável entre sítios, e sítios positivamente selecionados (SPS) para Pr1B-Sel.

Modelos aninhados ^a	$-\ln \ell$	$2\Delta \ell$ (gl, p)	d_N/d_S ^b	Parâmetros estimados ^c	# SPS ^d BEB/NEB	BEB	NEB
M1a: nearly neutral (2)	7378,05	2,86 (2, >0,20)	0,32	$p_0=0,7328, (p_1=0,2672)$ $\omega_0=0,0739, (\omega_1=1,0000)$	N/A	N/A	N/A
M2a: positive selection (4)	7376,62		0,36	$p_0=0,7314, p_1=0,2636,$ $(p_2=0,0050) \omega_0=0,0743,$ $\omega_1=1,0000, \omega_2=9,0384$	N/A	N/A	N/A
M7: β (2)	7339,78	9,22 (2, $<10^{-2}$)	0,19	$p=0,4325, q=1,7690$	N/A	N/A	N/A
M8: β & $\omega > 1$ (4)	7335,37		0,23	$p_0=0,9898, (p_1=0,0102)$ $p=0,4567, q=2,0368,$ $\omega=5,2665$	0(0) /1(0)	N/A	146

^a Entre parênteses, o número de parâmetros livres do modelo.

^b Média entre todos os sítios do alinhamento.

^c Entre parênteses, parâmetros não-livres, mostrados para clareza.

^d Número de sítios positivamente selecionados de acordo com Bayes Empirical Bayes (BEB) e Naive Empirical Bayes (NEB). O primeiro número corresponde a sítios com probabilidades posteriores $\geq 0,95$, enquanto o segundo número, entre parênteses, corresponde a sítios com probabilidades posteriores $\geq 0,99$.

N/A: Não Aplicável

Tabela 10: Parâmetros estimados, valores de verossimilhança sob modelos de ω variável entre sítios, e sítios positivamente selecionados (SPS) para Pr1G-MT.

Modelos aninhados ^a	$-\ln \ell$	$2\Delta \ell$ (gl, p)	d_N/d_S ^b	Parâmetros estimados ^c	# SPS ^d BEB/NEB	BEB	NEB
M1a: nearly neutral (2)	2966,83		0,23	$p_0=0,8249$, ($p_1=0,1751$) $\omega_0=0,0641$, ($\omega_1=1,0000$)	N/A	N/A	N/A
		1,08 (2, >0,50)					
M2a: positive selection (4)	2967,37		0,29	$p_0=0,8381$, $p_1=0,1421$, ($p_2=0,0198$) $\omega_0=0,0710$, $\omega_1=1,0000$, $\omega_2=4,3564$	N/A	N/A	N/A
M7: β (2)	2969,83		0,21	$p=0,2208$, $q=0,8396$	N/A	N/A	N/A
		8,38 (2, <0,05)					
M8: β & $\omega > 1$ (4)	2965,54		0,28	$p_0=0,9638$, ($p_1=0,0362$) $p=0,3853$, $q=2,0606$, $\omega=3,7008$	1(0) /1(0)	211	211

^a Entre parênteses, o número de parâmetros livres do modelo.

^b Média entre todos os sítios do alinhamento.

^c Entre parênteses, parâmetros não-livres, mostrados para clareza.

^d Número de sítios positivamente selecionados de acordo com Bayes Empirical Bayes (BEB) e Naive Empirical Bayes (NEB). O primeiro número corresponde a sítios com probabilidades posteriores $\geq 0,95$, enquanto o segundo número, entre parênteses, corresponde a sítios com probabilidades posteriores $\geq 0,99$.

N/A: Não Aplicável

Tabela 11: Parâmetros estimados, valores de verossimilhança sob modelos de ω variável entre sítios, e sítios positivamente selecionados (SPS) para Pr1G-Sel.

Modelos aninhados ^a	$-\ln \ell$	$2\Delta \ell$ (gl, p)	d_N/d_S ^b	Parâmetros estimados ^c	# SPS ^d BEB/NEB	BEB	NEB
M1a: nearly neutral (2)	2958,44		0,23	$p_0=0,8224$, ($p_1=0,1776$) $\omega_0=0,0641$, ($\omega_1=1,0000$)	N/A	N/A	N/A
		3,27 (2, >0,10)					
M2a: positive selection (4)	2956,81		0,30	$p_0=0,8352$, $p_1=0,1434$, ($p_2=0,0214$) $\omega_0=0,0717$, $\omega_1=1,0000$, $\omega_2=4,5524$	N/A	N/A	N/A
M7: β (2)	2959,55		0,21	$p=0,2169$, $q=0,8038$	N/A	N/A	N/A
		8,81 (2, <0,05)					
M8: β & $\omega > 1$ (4)	2955,14		0,29	$p_0=0,96307$, ($p_1=0,0369$) $p=0,3777$, $q=1,9996$, $\omega=3,8981$	1(0) /1(0)	211	211

^a Entre parênteses, o número de parâmetros livres do modelo.

^b Média entre todos os sítios do alinhamento.

^c Entre parênteses, parâmetros não-livres, mostrados para clareza.

^d Número de sítios positivamente selecionados de acordo com Bayes Empirical Bayes (BEB) e Naive Empirical Bayes (NEB). O primeiro número corresponde a sítios com probabilidades posteriores $\geq 0,95$, enquanto o segundo número, entre parênteses, corresponde a sítios com probabilidades posteriores $\geq 0,99$.

N/A: Não Aplicável

Tabela 12: Parâmetros estimados, valores de verossimilhança sob modelos de ω variável entre sítios, e sítios positivamente selecionados (SPS) para Pr11-MT.

Modelos aninhados ^a	$-\ln \ell$	$2\Delta \ell$ (gl, p)	d_N/d_S ^b	Parâmetros estimados ^c	# SPS ^d BEB/NEB	BEB	NEB
M1a: nearly neutral (2)	5553,16		0,27	$p_0=0,7948$, ($p_1=0,2052$) $\omega_0=0,0793$, ($\omega_1=1,0000$)	N/A	N/A	N/A
M2a: positive selection (4)	5548,31	9,72 (2, $<10^{-2}$)	0,39	$p_0=0,7969$, $p_1=0,1890$, ($p_2=0,0141$) $\omega_0=0,0809$, $\omega_1=1,0000$, $\omega_2=9,7200$	1(0) /1(0)	231	231
M7: β (2)	5532,98		0,20	$p=0,3280$, $q=1,2916$	N/A	N/A	N/A
M8: β & $\omega > 1$ (4)	5520,56	24,86 (2, $<10^{-5}$)	0,33	$p_0=0,9771$, ($p_1=0,0229$) $p=0,4024$, $q=1,9742$, $\omega=7,3675$	4(1) /3(1)	<u>231</u> , 233, 276, 379	<u>231</u> , 276, 328, 379

^a Entre parênteses, o número de parâmetros livres do modelo.

^b Média entre todos os sítios do alinhamento.

^c Entre parênteses, parâmetros não-livres, mostrados para clareza.

^d Número de sítios positivamente selecionados de acordo com Bayes Empirical Bayes (BEB) e Naive Empirical Bayes (NEB). O primeiro número corresponde a sítios com probabilidades posteriores $\geq 0,95$, enquanto o segundo número, entre parênteses, corresponde a sítios com probabilidades posteriores $\geq 0,99$.

N/A: Não Aplicável

Tabela 13: Parâmetros estimados, valores de verossimilhança sob modelos de ω variável entre sítios, e sítios positivamente selecionados (SPS) para Pr11-Sel.

Modelos aninhados ^a	$-\ln \ell$	$2\Delta \ell$ (gl, p)	d_N/d_S ^b	Parâmetros estimados ^c	# SPS ^d BEB/NEB	BEB	NEB
M1a: nearly neutral (2)	5540,28		0,26	$p_0=0,8018$, ($p_1=0,1982$) $\omega_0=0,0810$, ($\omega_1=1,0000$)	N/A	N/A	N/A
M2a: positive selection (4)	5536,08	8,41 (2, <0,05)	0,36	$p_0=0,8043$, $p_1=0,1863$, ($p_2=0,0094$) $\omega_0=0,0821$, $\omega_1=1,0000$, $\omega_2=11,2098$	1(0) /1(0)	231	231
M7: β (2)	5519,70		0,20	$p=0,3386$, $q=1,3642$	N/A	N/A	N/A
M8: β & $\omega > 1$ (4)	5509,76	19,88 (2, < 10^{-4})	0,32	$p_0=0,9787$, ($p_1=0,0213$) $p=0,4047$, $q=1,9870$, $\omega=7,4058$	2(1) /1(1)	<u>231</u> , 328, 379	<u>231</u> , 379

^a Entre parênteses, o número de parâmetros livres do modelo.

^b Média entre todos os sítios do alinhamento.

^c Entre parênteses, parâmetros não-livres, mostrados para clareza.

^d Número de sítios positivamente selecionados de acordo com Bayes Empirical Bayes (BEB) e Naive Empirical Bayes (NEB). O primeiro número corresponde a sítios com probabilidades posteriores $\geq 0,95$, enquanto o segundo número, entre parênteses, corresponde a sítios com probabilidades posteriores $\geq 0,99$.

N/A: Não Aplicável

Tabela 14: Parâmetros estimados, valores de verossimilhança sob modelos de ω variável entre sítios, e sítios positivamente selecionados (SPS) para Pr1K-MT.

Modelos aninhados ^a	$-\ln \ell$	$2\Delta \ell$ (gl, p)	d_N/d_S ^b	Parâmetros estimados ^c	# SPS ^d BEB/NEB	BEB	NEB
M1a: nearly neutral (2)	12583,54		0,29	$p_0=0,7564, (p_1=0,2436)$ $\omega_0=0,0640, (\omega_1=1,0000)$	N/A	N/A	N/A
		0,00 (2, >0,99)					
M2a: positive selection (4)	12583,54		0,29	$p_0=0,7564, p_1=0,2435,$ $(p_2=0,0000)$ $\omega_0=0,0640, \omega_1=1,0000,$ $\omega_2=14,8321$	N/A	N/A	N/A
M7: β (2)	12375,39		0,15	$p=0,3314, q=1,8560$	N/A	N/A	N/A
		1,66 (2, >0,40)					
M8: β & $\omega > 1$ (4)	12374,56		0,17	$p_0=0,9979, (p_1=0,0021)$ $p=0,3328, q=1,8953,$ $\omega=10,0778$	N/A	N/A	N/A

^a Entre parênteses, o número de parâmetros livres do modelo.

^b Média entre todos os sítios do alinhamento.

^c Entre parênteses, parâmetros não-livres, mostrados para clareza.

^d Número de sítios positivamente selecionados de acordo com Bayes Empirical Bayes (BEB) e Naive Empirical Bayes (NEB). O primeiro número corresponde a sítios com probabilidades posteriores $\geq 0,95$, enquanto o segundo número, entre parênteses, corresponde a sítios com probabilidades posteriores $\geq 0,99$.

N/A: Não Aplicável

Tabela 15: Parâmetros estimados, valores de verossimilhança sob modelos de ω variável entre sítios, e sítios positivamente selecionados (SPS) para Pr1K-Sel.

Modelos aninhados ^a	$-\ln \ell$	$2\Delta \ell$ (gl, p)	d_N/d_S ^b	Parâmetros estimados ^c	# SPS ^d BEB/NEB	BEB	NEB
M1a: nearly neutral (2)	12540,86		0,29	$p_0=0,7533, (p_1=0,2467)$ $\omega_0=0,0629, (\omega_1=1,0000)$	N/A	N/A	N/A
		0,00 (2, >0,9)					
M2a: positive selection (4)	12540,86		0,29	$p_0=0,7533, p_1=0,2467,$ $(p_2=0,0000)$ $\omega_0=0,0629, \omega_1=1,0000,$ $\omega_2=19,9601$	N/A	N/A	N/A
M7: β (2)	12346,69		0,15	$p=0,3299, q=1,8124$	N/A	N/A	N/A
		1,58 (2, >0.4)					
M8: β & $\omega > 1$ (4)	12345,90		0,17	$p_0=0,9979, (p_1=0,0021)$ $p=0,3313, q=1,8499,$ $\omega=10,0772$	N/A	N/A	N/A

^a Entre parênteses, o número de parâmetros livres do modelo.

^b Média entre todos os sítios do alinhamento.

^c Entre parênteses, parâmetros não-livres, mostrados para clareza.

^d Número de sítios positivamente selecionados de acordo com Bayes Empirical Bayes (BEB) e Naive Empirical Bayes (NEB). O primeiro número corresponde a sítios com probabilidades posteriores $\geq 0,95$, enquanto o segundo número, entre parênteses, corresponde a sítios com probabilidades posteriores $\geq 0,99$.

N/A: Não Aplicável

Dois dos quatro membros da subfamília 2 estão submetidas a pressão seletiva positiva. Para Pr1D (Tabela 16), cujas filogenias são idênticas para Pr1D-nt-BI e Pr1D-MT (Figura 16), foram identificados os sítios 223, 291 e 317, que correspondem às posições 218Q, 286V e 312L em *M. anisopliae* E6, localizadas no domínio S8. Em relação a Pr1J, Pr1J-PS-MT (Tabela 17) e Pr1J-PS-Sel (Tabela 18) apresentaram os mesmos sítios positivamente selecionados: 364, 365 e 367 (notação: cópia1/cópia2 do genoma de *M. anisopliae* E6; posições 337K/337T, 338T/338V e 340S/340T, todas no domínio proteolítico). Os resultados para Pr1E foram conflitantes: para Pr1E-PS-Sel (Tabela 19) rejeitou-se a hipótese nula no teste M1a vs M2a, mas não no teste M7 vs M8, enquanto não se identificou seleção positiva para Pr1E-PS-MT (Tabela 20). Apesar da significância estatística, não foi possível identificar sítios com probabilidades posteriores superiores a 0,50, sugerindo que trata-se de um falso positivo. Não se observou seleção para a isoforma F (Tabela 21, Tabela 22).

Tabela 16: Parâmetros estimados, valores de verossimilhança sob modelos de ω variável entre sítios, e sítios positivamente selecionados (SPS) para Pr1D.

Modelos aninhados ^a	$-\ln \ell$	$2\Delta \ell$ (gl, p)	d_N/d_S ^b	Parâmetros estimados ^c	# SPS ^d BEB/NEB	BEB	NEB
M1a: nearly neutral (2)	4001,16		0,36	$p_0=0,6853$, ($p_1=0,3147$) $\omega_0=0,0644$, ($\omega_1=1,0000$)	N/A	N/A	N/A
M2a: positive selection (4)	3993,63	15,05 (2, $<10^{-3}$)	0,50	$p_0=0,6925$, $p_1=0,2630$, ($p_2=0,0445$) $\omega_0=0,0774$, $\omega_1=1,0000$, $\omega_2=4,1129$	0(0) /1(0)	N/A	223
M7: β (2)	4003,14		0,35	$p=0,1477$, $q=0,2711$	N/A	N/A	N/A
M8: β & $\omega > 1$ (4)	3992,05	22,19 (2, $<10^{-4}$)	0,48	$p_0=0,9331$, ($p_1=0,0669$) $p=0,2824$, $q=0,7615$, $\omega=3,3804$	3(0) /3(0)	223, 291, 317	223, 291, 317

^a Entre parênteses, o número de parâmetros livres do modelo.

^b Média entre todos os sítios do alinhamento.

^c Entre parênteses, parâmetros não-livres, mostrados para clareza.

^d Número de sítios positivamente selecionados de acordo com Bayes Empirical Bayes (BEB) e Naive Empirical Bayes (NEB). O primeiro número corresponde a sítios com probabilidades posteriores $\geq 0,95$, enquanto o segundo número, entre parênteses, corresponde a sítios com probabilidades posteriores $\geq 0,99$.

N/A: Não Aplicável

Tabela 17: Parâmetros estimados, valores de verossimilhança sob modelos de ω variável entre sítios, e sítios positivamente selecionados (SPS) para Pr1J-MT.

Modelos aninhados ^a	$-\ln \ell$	$2\Delta \ell$ (gl, p)	d_N/d_S ^b	Parâmetros estimados ^c	# SPS ^d BEB/NEB	BEB	NEB
M1a: nearly neutral (2)	7326,48		0,35	$p_0=0,7255$, ($p_1=0,2745$) $\omega_0=0,1046$, ($\omega_1=1,0000$)	N/A	N/A	N/A
M2a: positive selection (4)	7319,36	14,25 (2, $<10^{-3}$)	0,41	$p_0=0,7218$, $p_1=0,2710$, ($p_2=0,0072$) $\omega_0=0,1062$, $\omega_1=1,0000$, $\omega_2=8,6888$	1(1) /1(1)	364, <u>365</u>	364, <u>365</u>
M7: β (2)	7325,22		0,29	$p=0,5081$, $q=1,2479$	N/A	N/A	N/A
M8: β & $\omega > 1$ (4)	7310,74	28,95 (2, $<10^{-6}$)	0,34	$p_0=0,9336$, ($p_1=0,0664$) $p=0,6989$, $q=2,4318$, $\omega=2,0659$	1(1) /1(2)	364, <u>365</u>	<u>364</u> , <u>365</u> , 367

^a Entre parênteses, o número de parâmetros livres do modelo.

^b Média entre todos os sítios do alinhamento.

^c Entre parênteses, parâmetros não-livres, mostrados para clareza.

^d Número de sítios positivamente selecionados de acordo com Bayes Empirical Bayes (BEB) e Naive Empirical Bayes (NEB). O primeiro número corresponde a sítios com probabilidades posteriores $\geq 0,95$, enquanto o segundo número, entre parênteses, corresponde a sítios com probabilidades posteriores $\geq 0,99$.

N/A: Não Aplicável

Tabela 18: Parâmetros estimados, valores de verossimilhança sob modelos de ω variável entre sítios, e sítios positivamente selecionados (SPS) para Pr1J-Sel.

Modelos aninhados ^a	$-\ln \ell$	$2\Delta \ell$ (gl, p)	d_N/d_S ^b	Parâmetros estimados ^c	# SPS ^d BEB/NEB	BEB	NEB
M1a: nearly neutral (2)	7348,08		0,35	$p_0=0,7326$, ($p_1=0,2674$) $\omega_0=0,1086$, ($\omega_1=1,0000$)	N/A	N/A	N/A
M2a: positive selection (4)	7340,85	14,47 (2, $<10^{-3}$)	0,41	$p_0=0,7282$, $p_1=0,2641$, ($p_2=0,0077$) $\omega_0=0,1107$, $\omega_1=1,0000$, $\omega_2=8,3458$	1(1) /1(1)	364, <u>365</u>	364, <u>365</u>
M7: β (2)	7346,99		0,29	$p=0,5176$, $q=1,2635$	N/A	N/A	N/A
M8: β & $\omega > 1$ (4)	7332,82	28,34 (2, $<10^{-6}$)	0,34	$p_0=0,9368$, ($p_1=0,0632$) $p=0,7065$, $q=2,3970$, $\omega=2,0707$	1(1) /1(2)	364, <u>365</u>	<u>364, 365</u> , 367

^a Entre parênteses, o número de parâmetros livres do modelo.

^b Média entre todos os sítios do alinhamento.

^c Entre parênteses, parâmetros não-livres, mostrados para clareza.

^d Número de sítios positivamente selecionados de acordo com Bayes Empirical Bayes (BEB) e Naive Empirical Bayes (NEB). O primeiro número corresponde a sítios com probabilidades posteriores $\geq 0,95$, enquanto o segundo número, entre parênteses, corresponde a sítios com probabilidades posteriores $\geq 0,99$.

N/A: Não Aplicável

Tabela 19: Parâmetros estimados, valores de verossimilhança sob modelos de ω variável entre sítios, e sítios positivamente selecionados (SPS) para Pr1E-Sel.

Modelos aninhados ^a	$-\ln \ell$	$2\Delta \ell$ (gl, p)	d_N/d_S ^b	Parâmetros estimados ^c	# SPS ^d BEB/NEB	BEB	NEB
M1a: nearly neutral (2)	5580,64		0,42	$p_0=0,6479$, ($p_1=0,3521$) $\omega_0=0,1022$, ($\omega_1=1,0000$)	N/A	N/A	N/A
M2a: positive selection (4)	5572,20	16,89 (2, $<10^{-3}$)	0,41	$p_0=0,6629$, $p_1=0,2326$, ($p_2=0,1045$) $\omega_0=0,1161$, $\omega_1=1,0000$, $\omega_2=1,0000$	0(0) /0(0)	N/A	N/A
M7: β (2)	5573,13		0,36	$p=0,4084$, $q=0,7094$	N/A	N/A	N/A
M8: β & $\omega > 1$ (4)	5570,40	5,47 (2, $>0,05$)	0,40	$p_0=0,9192$, ($p_1=0,0808$) $p=0,5645$, $q=1,3618$, $\omega=1,6475$	N/A	N/A	N/A

^a Entre parênteses, o número de parâmetros livres do modelo.

^b Média entre todos os sítios do alinhamento.

^c Entre parênteses, parâmetros não-livres, mostrados para clareza.

^d Número de sítios positivamente selecionados de acordo com Bayes Empirical Bayes (BEB) e Naive Empirical Bayes (NEB). O primeiro número corresponde a sítios com probabilidades posteriores $\geq 0,95$, enquanto o segundo número, entre parênteses, corresponde a sítios com probabilidades posteriores $\geq 0,99$.

N/A: Não Aplicável

Tabela 20: Parâmetros estimados, valores de verossimilhança sob modelos de ω variável entre sítios, e sítios positivamente selecionados (SPS) para Pr1E-MT.

Modelos aninhados ^a	$-\ln \ell$	$2\Delta \ell$ (gl, p)	d_N/d_S ^b	Parâmetros estimados ^c	# SPS ^d BEB/NEB	BEB	NEB
M1a: nearly neutral (2)	5596,75		0,41	$p_0=0,6695$, ($p_1=0,3305$) $\omega_0=0,1157$, ($\omega_1=1,0000$)	N/A	N/A	N/A
		0,00 (2, 1,00)					
M2a: positive selection (4)	5596,75		0,41	$p_0=0,6695$, $p_1=0,2405$, ($p_2=0,0900$) $\omega_0=0,1157$, $\omega_1=1,0000$, $\omega_2=1,0000$	N/A	N/A	N/A
M7: β (2)	5597,72		0,36	$p=0,4114$, $q=0,7352$	N/A	N/A	N/A
		5,27 (2, >0,05)					
M8: β & $\omega > 1$ (4)	5595,09		0,39	$p_0=0,9047$, ($p_1=0,0953$) $p=0,5879$, $q=1,5399$, $\omega=1,5049$	N/A	N/A	N/A

^a Entre parênteses, o número de parâmetros livres do modelo.

^b Média entre todos os sítios do alinhamento.

^c Entre parênteses, parâmetros não-livres, mostrados para clareza.

^d Número de sítios positivamente selecionados de acordo com Bayes Empirical Bayes (BEB) e Naive Empirical Bayes (NEB). O primeiro número corresponde a sítios com probabilidades posteriores $\geq 0,95$, enquanto o segundo número, entre parênteses, corresponde a sítios com probabilidades posteriores $\geq 0,99$.

N/A: Não Aplicável

Tabela 21: Parâmetros estimados, valores de verossimilhança sob modelos de ω variável entre sítios, e sítios positivamente selecionados (SPS) para Pr1F-MT.

Modelos aninhados ^a	$-\ln \ell$	$2\Delta \ell$ (gl, p)	d_N/d_S ^b	Parâmetros estimados ^c	# SPS ^d BEB/NEB	BEB	NEB
M1a: nearly neutral (2)	4130,51		0,43	$p_0=0,5878$, ($p_1=0,4122$) $\omega_0=0,0338$, ($\omega_1=1,0000$)	N/A	N/A	N/A
		2,02 (2, >0,30)					
M2a: positive selection (4)	4129,50		0,49	$p_0=0,5854$, $p_1=0,4003$, ($p_2=0,0144$) $\omega_0=0,0338$, $\omega_1=1,0000$, $\omega_2=4,7659$	N/A	N/A	N/A
M7: β (2)	4123,10		0,32	$p=0,1836$, $q=0,3828$	N/A	N/A	N/A
		4,56 (2, >0,10)					
M8: β & $\omega > 1$ (4)	4120,82		0,39	$p_0=0,9452$, ($p_1=0,0548$) $p=0,2055$, $q=0,5361$, $\omega=2,3993$	N/A	N/A	N/A

^a Entre parênteses, o número de parâmetros livres do modelo.

^b Média entre todos os sítios do alinhamento.

^c Entre parênteses, parâmetros não-livres, mostrados para clareza.

^d Número de sítios positivamente selecionados de acordo com Bayes Empirical Bayes (BEB) e Naive Empirical Bayes (NEB). O primeiro número corresponde a sítios com probabilidades posteriores $\geq 0,95$, enquanto o segundo número, entre parênteses, corresponde a sítios com probabilidades posteriores $\geq 0,99$.

N/A: Não Aplicável

Tabela 22: Parâmetros estimados, valores de verossimilhança sob modelos de ω variável entre sítios, e sítios positivamente selecionados (SPS) para Pr1F-Sel.

Modelos aninhados ^a	$-\ln \ell$	$2\Delta \ell$ (gl, p)	d_N/d_S ^b	Parâmetros estimados ^c	# SPS ^d BEB/NEB	BEB	NEB
M1a: nearly neutral (2)	4099,06		0,44	$p_0=0,5819$, ($p_1=0,4181$) $\omega_0=0,0328$, ($\omega_1=1,0000$)	N/A	N/A	N/A
		0,00 (2, 1,00)					
M2a: positive selection (4)	4099,06		0,44	$p_0=0,5819$, $p_1=0,3982$, ($p_2=0,0199$) $\omega_0=0,0328$, $\omega_1=1,0000$, $\omega_2=1,0000$	N/A	N/A	N/A
M7: β (2)	4092,73		0,33	$p=0,1779$, $q=0,3549$	N/A	N/A	N/A
		3,25 (2, >0,10)					
M8: β & $\omega > 1$ (4)	4091,10		0,40	$p_0=0,8639$, ($p_1=0,1361$) $p=0,2187$, $q=0,7621$, $\omega=1,4953$	N/A	N/A	N/A

^a Entre parênteses, o número de parâmetros livres do modelo.

^b Média entre todos os sítios do alinhamento.

^c Entre parênteses, parâmetros não-livres, mostrados para clareza.

^d Número de sítios positivamente selecionados de acordo com Bayes Empirical Bayes (BEB) e Naive Empirical Bayes (NEB). O primeiro número corresponde a sítios com probabilidades posteriores $\geq 0,95$, enquanto o segundo número, entre parênteses, corresponde a sítios com probabilidades posteriores $\geq 0,99$.

N/A: Não Aplicável

5. DISCUSSÃO

Visando verificar a hipótese de que as serino-proteases da família Pr1 de *Metarhizium anisopliae* estão submetidas a pressões seletivas diferenciadas, foram realizadas extensivas análises filogenéticas envolvendo membros da Classe II de subtilisinas, especificamente abrangendo as subfamílias 1 (Pr1A, B, G, I e K) e 2 (Pr1D, E, F e J). Estas permitiram a identificação de sítios sob seleção positiva em seis – Pr1A, B, D, G, I e J – dos nove conjuntos de dados analisados, indicando que há um aumento nas taxas de substituição não-sinônimas em relação às das substituições sinônimas, levando a um aumento na variabilidade de aminoácidos nessas sequências. Esta tendência à mudança ou inovação nessa família proteica tem potencial impacto na abrangência dos hospedeiros artrópodes desse gênero fúngico.

Entre as sequências identificadas como homólogas às de *M. anisopliae* E6, as proteínas Pr1E, Pr1F e Pr1J foram identificadas em múltiplas cópias não-identicas. Essa multiplicidade aparenta estar associada ao processo de expansão do alcance de hospedeiros do gênero *Metarhizium*, visto que o aumento no número de hospedeiros está associado à expansão de famílias proteicas (HU *et al.*, 2014). Especialmente, as análises filogenéticas para Pr1E, originada por duplicação gênica *in tandem* de um gene similar a Pr1F (BAGGA *et al.*, 2004), dão suporte a essa hipótese em razão da presença de clados monofiléticos relacionados às cópias “adicionais”, exclusivamente identificadas para espécies generalistas de *Metarhizium* (*M. anisopliae*, *M. brunneum* e *M. robertsii*, Figura 17). As análises realizadas neste trabalho, em relação a essas isoformas, diferem de estudos anteriores realizados por outros grupos, onde somente se utilizou uma cópia de cada proteína por espécie (BAGGA *et al.*, 2004; HU & ST. LEGER, 2004; LI *et al.*, 2010). De uma maneira geral, a amostragem de sequências homólogas às proteases Pr1 foi mais extensiva neste trabalho que as empregadas para estudos anteriores principalmente devido à disponibilidade de novos genomas sequenciados que abrangem fungos com diferentes leques de hospedeiros (HU *et al.*, 2014).

Como padrão geral das filogenias, foi observado que as proteínas de membros do gênero *Metarhizium* agrupam-se em relação à abrangência de hospedeiros, posicionando basalmente especialistas em relação a espécies transicionais e generalistas, em acordo com relações estabelecidas empregando os genomas desses organismos (HU *et al.*, 2014). Ademais, as ramificações observadas para as famílias das OTUs analisadas remetem a padrões observados em Hu e colaboradores (2014) e Staats e colaboradores (2014). Nesses trabalhos, a sucessão de famílias fúngicas é descrita na forma (Nectriaceae, (Hypocreaceae, (Cordycipitaceae, (Ophiocordycipitaceae, Clavicipitaceae))). Analisando os conjuntos de dados apresentando múltiplas famílias (Pr1A, Pr1B e Pr1K), pode-se observar o mesmo padrão, com discrepâncias pontuais. Ressalta-se que nos dados aqui apresentados não foi utilizado grupo externo, não sendo possível atribuir sentido temporal à topologia, enquanto permitindo uma representação equiparável aos estudos anteriores com grupos externos através de reordenamento direto dos ramos. Para Pr1A (Figura 10), verifica-se a forma (Clavicipitaceae, (Ophiocordycipitaceae [maioria], (Cordycipitaceae+Nectriaceae, (Hypocreaceae, Ophiocordycipitaceae [*Tolypocladium* sp.]))). Nas topologias construídas com os conjuntos de Pr1B (Figura 11), verifica-se uma progressão na forma ((Clavicipitaceae, Cordycipitaceae [*Beauveria* sp.], (*Sarocladium* sp., (Cordycipitaceae [*Cordyceps* sp.], Xylariales:Diatrypaceae))). Finalmente, a filogenia de Pr1K (Figura 14) mostrou um padrão ((Nectriaceae, Glomerellales:Glomerellaceae), (*Acremonium* sp., (Hypocreaceae, Clavicipitaceae))). A presença de Ordens agrupadas discrepantemente, de Ordens diferentes presentes em ramos internos de Hypocreales (Glomerellales e Xylariales) e de grupos polifiléticos, como Ophiocordycipitaceae em Pr1A e Cordycipitaceae em Pr1B, pode estar relacionada a uma amostragem sub-ótima das sequências aminoacídicas. Conforme apontado por Pearson (2013) sequências compartilhando menos de 30% de resíduos idênticos ainda podem ser homólogas. Neste trabalho, foi utilizado um ponto de corte de 60%, podendo ser demasiado estrigente e não capturar o panorama de homologia das subtilisinas.

As relações identificadas entre as isoformas das subfamílias 1 e 2 são melhor suportadas que as previamente propostas. Holder e Lewis (2003) apontam que um valor de 70% no teste de *bootstrap* pode indicar forte suporte para um grupo em análises filogenéticas, valor este que será utilizado como referência na discussão a seguir. Utilizando sequências de três linhagens de *M. anisopliae*, Bagga e colaboradores (2004), estabeleceram uma relação no padrão (G,(A,B,I)) para as proteínas Pr1 da subfamília 1, não sendo incluída Pr1K, e um padrão (D,E,F,J) – isto é, não foi possível estabelecer a relação entre as isoformas – para os membros da subfamília 2. Também em 2004, Hu e St. Leger inferiram uma relação (K,G,I,(A,B)) para a sf1 e (D,J,(E,F)) para a sf2. Li e colaboradores (2010) relaciona sequências de subtilisinas pertencentes a membros do subfilo Pezizomycotina, que abrange diversas classes de fungos patogênicos, incluindo diversas isoformas de Pr1 de *M. anisopliae*. Na Figura 2 do referido trabalho, está claramente representada a separação entre sf1 (Clado A) e sf2 (Clado C), mas as relações internas a esses clados não possuem suporte estatístico (nesse caso, probabilidade posterior estimada com o software MrBayes). As filogenias no presente trabalho apontam uma relação (K,(A[1-3],B[1-2],G,I)) para a subfamília 1 (Figura 15) e ((D,J),(E,F)) para a subfamília 2 (Figura 20), onde as ramificações internas de cada clado correspondem de maneira geral àquelas visualizadas nas inferências filogenéticas de cada isoforma individualmente. Enquanto não se pode separar totalmente os grupos, os dados aqui apresentados introduzem a relação entre Pr1K e os demais membros da sf1, posicionando-o basalmente na árvore, além de estabelecer uma relação mais próxima entre Pr1D e Pr1J na sf2, condizente com a hipótese da isoforma J ter se originado por duplicação de um gene *pr1D* ancestral (BAGGA *et al.*, 2004). A incorporação de ambas subfamílias, bem como Pr1H, em uma análise conjunta de todos os membros da Classe II das proteases Pr1 pode contribuir na resolução das politomias observadas na sf1, enquanto relacionando todas as subfamílias e permitindo uma comparação mais direta com os estudos anteriores.

As inferências de seleção positiva aqui apresentadas diferem das identificadas por trabalhos anteriores. Tanto Bagga e colaboradores (2004) quanto Hu e St. Leger (2004) somente utilizaram informação de espécies

generalistas de *Metarhizium*, não encontrando evidências de seleção positiva em comparações de valores médios de d_N/d_S por toda a extensão dos alinhamentos. Porém, como ainda apontado por Bagga e colaboradores (2004), ponderar ω entre todos os códons pode esconder se diferentes regiões das Pr1 estão sob diferentes pressões seletivas. As avaliações de nossos dados, empregando conjuntos individuais de cada proteína das subfamílias 1 e 2 de Pr1 - incorporando dados de *Metarhizium* generalistas, transicionais e especialistas, bem como de fungos proximamente relacionados - apontaram seleção positiva em seis das nove isoformas, especificamente em Pr1A, Pr1B, Pr1D, Pr1G, Pr1I e Pr1J, indicando um processo ativo de diversificação similar ao observado por Li e colaboradores (2010) para fungos parasitas de nematódeos, proximamente relacionados aos entomopatogênicos. A localização de sítios positivamente selecionados dentro da região do domínio proteolítico e diferindo posicionalmente entre as isoformas é consistente com a hipótese de que cada isoforma divergiu (e continua divergindo) para desempenhar diferentes funções em fungos entomopatogênicos (BAGGA *et al.*, 2004). Além da penetração da cutícula, essas funções podem abranger afinidades por diferentes substratos, supressão de defesas celulares do hospedeiro, degradação de moléculas de defesa e contribuir para um aumento no alcance de hospedeiros (VILCINSKAS, 2010). A presença de um sítio sob seleção positiva no domínio inibitório (região pró) em Pr1B pode surtir efeito no seu processo de maturação. A elevada e crescente expressão dessa isoforma em *D. peruvianus* nas primeiras 96h (BEYS-DA-SILVA *et al.*, 2014) sugere que ela desempenha funções importantes no processo infectivo deste hospedeiro em específico, sendo que um propeptídeo com menor tempo de maturação permitiria uma infecção mais eficiente.

Ao contrário do identificado em Hu e colaboradores (2014), nossas análises não apontaram seleção positiva atuante para Pr1K. Conceitualmente, o estudo de 2014 avaliou a pressão seletiva usando testes de ramos (*branch model* do pacote PAML) exclusivamente em sete genomas de espécies de *Metarhizium*, enquanto no presente trabalho avaliou-se ω através de modelos de sítios incluindo também sequências de outras famílias fúngicas. Para esse caso em particular, a presença de sequências evolutivamente mais distantes (de Nectriaceae, por exemplo, que

divergiram há aproximadamente 395 milhões de anos, contra quase 117 milhões de anos para *Metarhizium* spp., por exemplo) (HU *et al.*, 2014) pode ter mitigado sinais de seleção nesse conjunto. Em outra frente, a presença de sequências altamente similares de *Fusarium* spp. (Nectriaceae) pode levar a uma estimativa elevada de d_S versus d_N , reduzindo ω de forma a não se detectar seleção positiva. Uma reavaliação desse resultado reduzindo o conjunto por critério de identidade, analogamente ao que foi feito para Pr1A, além de uma reamostragem com critérios menos estridentes (discutidos acima) pode ser benéfica no sentido de avaliar essa aparente contradição.

O grande número de isoformas de Pr1 presentes em espécies generalistas de *Metarhizium* em relação a especialistas ou até mesmo outras espécies fúngicas podem ter permitido a patogênese de um vasto número de hospedeiros. Consistente com nossos resultados, VILCINSKAS (2010) sugere que a adaptação de *M. anisopliae* e outros patógenos a um maior número de hospedeiros deve ser acompanhada de rápida diversificação de genes envolvidos na interação com múltiplos hospedeiros. Adicionalmente, ele também aponta que a adaptação a espécies particulares de hospedeiros deve promover perda de genes que não possuem pressão seletiva em virtude de não terem função na patogênese de um leque reduzido de hospedeiros. Em particular para a sf2 (Figura 20), a presença de múltiplos grupos relacionados às isoformas Pr1E e Pr1F, associados somente a espécies generalistas (ou predominantemente generalistas, no caso de Pr1F) pode ser indicativo de um processo de ganho de capacidade enzimática por generalistas ou perda de genes de subtilisinas por especialistas com provável efeito na virulência. Adicionalmente, a presença de dois subclados com alto suporte estatístico no clado J, contendo as isoformas reconhecidas como segundas em expressão dentro da família Pr1 (FREIMOSER *et al.*, 2003), que seguem a mesma tendência especialista→transicional→generalista, sugerem que podem se tratar de subtipos diferentes. Para confirmar ou refutar essa hipótese, pode ser benéfica uma avaliação filogenética completa da família Pr1 de proteases com maior amostragem do que a empregada neste trabalho, bem como uma recharacterização bioquímica das sequências de Pr1 presentes nos genomas de espécies generalistas como *M. anisopliae*.

A adaptação de populações fúngicas a diferentes hospedeiros pode levar a divergência simpátrica em fungos parasitas. A evolução de um estilo de vida parasítico depende da disponibilidade de fatores enzimáticos de virulência na interação com o hospedeiro, seja na aquisição de nutrientes, na infecção em si ou enfraquecendo as defesas do hospedeiro. Presume-se que a virulência de patógenos coevoluiu como resultado de seleção recíproca com o hospedeiro, havendo, dessa forma, seleção positiva na evolução de novas proteases ou isoformas que não sejam inativadas pelos inibidores do hospedeiro. Vilcinskias (2010) ilustrou, de maneira simplificada, alguns cenários possíveis. Em uma situação onde existam quantidades maiores ou equivalentes de inibidores proteicos do hospedeiro em relação às proteases do patógeno atuará seleção negativa sobre essas proteases, pois sua síntese e secreção desperdiçaria recursos. Quando a atividade da protease fúngica não é totalmente inibida, a fração reduzida de atividade não regulada dentro do hospedeiro permite o uso de seus peptídeos e proteínas na nutrição. O último cenário ilustra uma situação em que o hospedeiro não sintetiza inibidores de uma protease em particular associada ao patógeno, onde esta protease se tornará o fator de virulência mais importante, independente de sua concentração absoluta ou atividade. Nesse contexto, haverá seleção positiva para proteases que não possuam inibidores associados no hospedeiro, também esperando-se funções complementares entre proteases parcialmente inibidas e não-inibidas durante o processo infectivo. Os resultados apresentados no presente trabalho apontam para uma combinação desses últimos dois cenários no caso da família Pr1 de serino-proteases em *M. anisopliae*. O grande número de isoformas codificadas por este fungo generalista é determinante na abrangência de hospedeiros, tendo em sua expressão diferenciada em hospedeiros distintos uma possível adaptação fisiológica aos inibidores de proteases dos hospedeiros, enquanto permitindo a hidrólise de distintas composições cuticulares (VILCINSKAS, 2010). Adicionalmente, a quantidade de isoformas e o padrão de expressão das proteases Pr1 também podem ser mecanismos pré-adaptativos ao estilo de vida parasítico (HU & ST. LEGER, 2004), ou ainda a outros ambientes fora do hospedeiro como, por exemplo, a rizosfera de plantas (ST LEGER, 2008).

Analogamente ao caso da escola de anatomia comparativa de Georges Cuvier, os resultados apresentados neste trabalho não contradizem drasticamente conclusões prévias de outros autores, mas apresentam melhorias em diversos aspectos. Com isso, acredita-se contribuir no entendimento da tão complexa relação patógeno-hospedeiro de fungos do gênero *Metarhizium* e espécies associadas no que tange à família Pr1 de serino-proteases e as funções específicas de suas isoformas.

6. CONCLUSÕES

1. A reconstrução da história evolutiva de cada isoforma das subfamílias 1 e 2 da Classe II de serino-proteases da família Pr1, aponta para um padrão evolutivo especialista→transicional→generalista em relação às espécies do gênero *Metarhizium* e suas abrangências de hospedeiros. Adicionalmente, os clados observados mimetizam as relações entre famílias fúngicas, em sua maioria;
2. Foi possível estabelecer uma relação ((D,J),(E,F)) para a subfamília 2 da Classe II da família Pr1 e um padrão (K,(A,B,G,I)) para a subfamília 1. Ambas as filogenias apresentam melhorias àquelas de estudos anteriores, contendo ramificações internas que refletem, em geral, as observadas empregando os conjuntos de dados individuais;
3. Existe uma pressão seletiva diferenciada nas isoformas Pr1A, Pr1B, Pr1D, Pr1G, Pr1I e Pr1J, indicando um processo atuante de diversificação nas serino-proteases em fungos no sentido da aquisição de novas funções. Essas funções podem abranger a expansão do leque de hospedeiros infectados, o aumento de virulência ou a adaptação a meios alternativos.

7. PERSPECTIVAS

- Expandir os conjuntos de dados utilizados neste trabalho, empregando critérios menos estridentes na busca por sequências homólogas;
- Reconstruir a história evolutiva e avaliar a presença de seleção positiva para as isoformas Pr1H e Pr1C, abrangendo dessa forma todas as isoformas sintetizadas por *M. anisopliae* individualmente;
- Inferir as filogenias da Classe I (Pr1C) e Classe II (demais isoformas) incorporando o maior número possível de *taxa*;
- Incorporar todas as sequências de Pr1 em uma análise filogenética conjunta, elucidando as relações evolutivas dentro desta família proteica;
- Avaliar comparativamente o efeito estrutural de resíduos positivamente selecionados em isoformas de Pr1 de espécies generalistas, transicionais e especialistas do gênero *Metarhizium*, empregando técnicas de modelagem comparativa por homologia e dinâmica molecular para as isoformas positivamente selecionadas identificadas neste trabalho;
- Elucidar o efeito individual de cada protease da família Pr1 através da construção de mutantes nulos, quantificando a expressão de cada isoforma em modelo de infecção de artrópodes por *M. anisopliae* E6.

8. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABASCAL, F.; ZARDOYA, R.; POSADA, D. ProtTest: selection of best-fit models of protein evolution. *Bioinformatics*, 21(9): 2104–2105, 1 maio 2005.

ABASCAL, F.; ZARDOYA, R.; TELFORD, M. J. TranslatorX: multiple alignment of nucleotide sequences guided by amino acid translations. *Nucleic acids research*, 38(Web Server issue): W7–13, 1 jul. 2010.

AGUILETA, G.; REFRÉGIER, G.; YOCKTENG, R.; FOURNIER, E.; GIRAUD, T. Rapidly evolving genes in pathogens: Methods for detecting positive selection and examples among fungi, bacteria, viruses and protists. *Infection, Genetics and Evolution*, 9(4): 656–670, jul. 2009.

ALTEKAR, G.; DWARKADAS, S.; HUELSENBECK, J. P.; RONQUIST, F. Parallel Metropolis coupled Markov chain Monte Carlo for Bayesian phylogenetic inference. *Bioinformatics (Oxford, England)*, 20(3): 407–15, 12 fev. 2004.

ANISIMOVA, M.; BIELAWSKI, J. P.; YANG, Z. Accuracy and power of the likelihood ratio test in detecting adaptive molecular evolution. *Molecular biology and evolution*, 18(8): 1585–1592, 1 ago. 2001.

ANISIMOVA, M.; BIELAWSKI, J. P.; YANG, Z. Accuracy and power of bayes prediction of amino acid sites under positive selection. *Molecular biology and evolution*, 19(6): 950–958, 1 jun. 2002.

AYRES, D. L.; DARLING, A.; ZWICKL, D. J.; BEERLI, P.; HOLDER, M. T.; LEWIS, P. O.; HUELSENBECK, J. P.; RONQUIST, F.; SWOFFORD, D. L.; CUMMINGS, M. P.; RAMBAUT, A.; SUCHARD, M. A. BEAGLE: an application programming interface and high-performance computing library for statistical phylogenetics. *Systematic biology*, 61(1): 170–3, 1 jan. 2012.

BAGGA, S.; HU, G.; SCREEN, S. E.; ST. LEGER, R. J. Reconstructing the diversification of subtilisins in the pathogenic fungus *Metarhizium anisopliae*. *Gene*, 324(1-2): 159–169, jan. 2004.

BEYS DA SILVA, W. O.; SANTI, L.; SCHRANK, A.; VAINSTEIN, M. H.

Metarhizium anisopliae lipolytic activity plays a pivotal role in Rhipicephalus (Boophilus) microplus infection. *Fungal Biology*, 114(1): 10–15, jan. 2010.

BEYS-DA-SILVA, W. O.; SANTI, L.; BERGER, M.; CALZOLARI, D.; PASSOS, D. O.; GUIMARÃES, J. A.; MORESCO, J. J.; YATES, J. R. Secretome of the Biocontrol Agent Metarhizium anisopliae Induced by the Cuticle of the Cotton Pest Dysdercus peruvianus Reveals New Insights into Infection. *Journal of Proteome Research*, 13(5): 2282–2296, 2 maio 2014.

BOOMSMA, J. J.; JENSEN, A. B.; MEYLING, N. V.; EILENBERG, J. Evolutionary Interaction Networks of Insect Pathogenic Fungi. *Annual Review of Entomology*, 59(1): 467–485, 7 jan. 2014.

BUTT, T. M.; COATES, C. J.; DUBOVSKIY, I. M.; RATCLIFFE, N. A. Entomopathogenic Fungi: New Insights into Host–Pathogen Interactions. In: [s.l: s.n.].

CAMACHO, C.; COULOURIS, G.; AVAGYAN, V.; MA, N.; PAPADOPOULOS, J.; BEALER, K.; MADDEN, T. L. BLAST+: architecture and applications. *BMC bioinformatics*, 10(1): 421, 2009.

COCK, P. J. A.; ANTAO, T.; CHANG, J. T.; CHAPMAN, B. A.; COX, C. J.; DALKE, A.; FRIEDBERG, I.; HAMELRYCK, T.; KAUFF, F.; WILCZYNSKI, B.; DE HOON, M. J. L. Biopython: freely available Python tools for computational molecular biology and bioinformatics. *Bioinformatics*, 25(11): 1422–1423, 1 jun. 2009.

DARRIBA, D.; TABOADA, G. L.; DOALLO, R.; POSADA, D. ProtTest 3: fast selection of best-fit models of protein evolution. *Bioinformatics (Oxford, England)*, 27(8): 1164–5, 15 abr. 2011.

DARRIBA, D.; TABOADA, G. L.; DOALLO, R.; POSADA, D. jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing. *Nature methods*, 9(8): 772, ago. 2012.

DARWIN, C. R.; WALLACE, A. R. On the tendency of species to form varieties; and on the perpetuation of varieties and species by natural means of selection.

Journal of the proceedings of the Linnean Society of London. Zoology, 3(9): 45–62, ago. 1858.

DICKERSON, R. E. The structure of cytochrome c and the rates of molecular evolution. *Journal of Molecular Evolution*, 1(1): 26–45, mar. 1971.

EDDY, S. R. Profile hidden Markov models. *Bioinformatics (Oxford, England)*, 14(9): 755–763, 1 out. 1998.

FINN, R. D.; BATEMAN, A.; CLEMENTS, J.; COGGILL, P.; EBERHARDT, R. Y.; EDDY, S. R.; HEGER, A.; HETHERINGTON, K.; HOLM, L.; MISTRY, J.; SONNHAMMER, E. L. L.; TATE, J.; PUNTA, M. Pfam: the protein families database. *Nucleic Acids Research*, 42(D1): D222–D230, 1 jan. 2014.

FINN, R. D.; CLEMENTS, J.; EDDY, S. R. HMMER web server: interactive sequence similarity searching. *Nucleic acids research*, 39(Web Server issue): W29–37, 1 jul. 2011.

FORATTINI, O. P. *Principais mosquitos de importância sanitária no Brasil*. [s.l.] Editora FIOCRUZ, 1995. v. 11

FREIMOSER, F. M.; HU, G.; ST. LEGER, R. J. Variation in gene expression patterns as the insect pathogen *Metarhizium anisopliae* adapts to different host cuticles or nutrient deprivation in vitro. *Microbiology*, 151(2): 361–371, 1 fev. 2005.

FREIMOSER, F. M.; SCREEN, S.; BAGGA, S.; HU, G.; ST LEGER, R. J. Expressed sequence tag (EST) analysis of two subspecies of *Metarhizium anisopliae* reveals a plethora of secreted proteins with potential activity in insect hosts. *Microbiology (Reading, England)*, 149(Pt 1): 239–47, 1 jan. 2003.

GAO, Q.; JIN, K.; YING, S.-H.; ZHANG, Y.; XIAO, G.; SHANG, Y.; DUAN, Z.; HU, X.; XIE, X.-Q.; ZHOU, G.; PENG, G.; LUO, Z.; HUANG, W.; WANG, B.; FANG, W.; WANG, S.; ZHONG, Y.; MA, L.-J.; ST. LEGER, R. J.; ZHAO, G.-P.; PEI, Y.; FENG, M.-G.; XIA, Y.; WANG, C. Genome Sequencing and Comparative Transcriptomics of the Model Entomopathogenic Fungi *Metarhizium anisopliae* and *M. acridum*. *PLoS Genetics*, 7(1): e1001264, 6 jan. 2011.

GILLESPIE, J. P.; KANOST, M. R.; TRENCZEK, T. BIOLOGICAL MEDIATORS OF INSECT IMMUNITY. *Annual Review of Entomology*, 42(1): 611–643, jan. 1997.

GOUY, M.; GUINDON, S.; GASCUEL, O. SeaView version 4: A multiplatform graphical user interface for sequence alignment and phylogenetic tree building. *Molecular biology and evolution*, 27(2): 221–4, 1 fev. 2010.

GREENFIELD, B. P. J.; PEACE, A.; EVANS, H.; DUDLEY, E.; ANSARI, M. A.; BUTT, T. M. Identification of *Metarhizium* strains highly efficacious against *Aedes*, *Anopheles* and *Culex* larvae. *Biocontrol Science and Technology*, 25(5): 487–502, 19 jan. 2015.

GUINDON, S.; GASCUEL, O. A Simple, Fast, and Accurate Algorithm to Estimate Large Phylogenies by Maximum Likelihood. *Systematic Biology*, 52(5): 696–704, 1 out. 2003.

GUTTMAN, D. S.; GROPP, S. J.; MORGAN, R. L.; WANG, P. W. Diversifying selection drives the evolution of the type III secretion system pilus of *Pseudomonas syringae*. *Molecular biology and evolution*, 23(12): 2342–54, 1 dez. 2006.

HALDANE, J. B. S. The cost of natural selection. *Journal of Genetics*, 55(3): 511–524, dez. 1957.

HASEGAWA, M.; KISHINO, H.; YANO, T. Dating of the human-ape splitting by a molecular clock of mitochondrial DNA. *Journal of Molecular Evolution*, 22(2): 160–174, out. 1985.

HERRON, J. C.; FREEMAN, S. *Evolutionary analysis*. 5. ed. [s.l.] Pearson Education, Inc., 2014.

HODCROFT, E. TreeCollapseCL, 2015.

HOLDER, D. J.; KEYHANI, N. O. Adhesion of the entomopathogenic fungus *Beauveria* (*Cordyceps*) *bassiana* to substrata. *Applied and environmental microbiology*, 71(9): 5260–6, 1 set. 2005.

- HOLDER, M.; LEWIS, P. O. Phylogeny estimation: traditional and Bayesian approaches. *Nature reviews. Genetics*, 4(4): 275–284, abr. 2003.
- HU, G.; ST. LEGER, R. J. A phylogenomic approach to reconstructing the diversification of serine proteases in fungi. *Journal of Evolutionary Biology*, 17(6): 1204–1214, nov. 2004.
- HU, X.; XIAO, G.; ZHENG, P.; SHANG, Y.; SU, Y.; ZHANG, X.; LIU, X.; ZHAN, S.; ST LEGER, R. J.; WANG, C. Trajectory and genomic determinants of fungal-pathogen speciation and host adaptation. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 111(47): 1–6, 25 nov. 2014.
- HUANG, S. New thoughts on an old riddle: What determines genetic diversity within and between species? *Genomics*, fev. 2016.
- HUGHES, A. Positive selection and interallelic recombination at the merozoite surface antigen-1 (MSA-1) locus of *Plasmodium falciparum*. *Mol. Biol. Evol.*, 9(3): 381–393, 1 maio 1992.
- JAVAR, S.; MOHAMED, R.; SAJAP, A. S.; LAU, W.-H. Expression of pathogenesis-related genes in *Metarhizium anisopliae* when infecting *Spodoptera exigua*. *Biological Control*, 85:30–36, jun. 2015.
- JONES, D. T.; TAYLOR, W. R.; THORNTON, J. M. The rapid generation of mutation data matrices from protein sequences. *Bioinformatics*, 8(3): 275–282, 1992.
- JORDAN, G.; GOLDMAN, N. The Effects of Alignment Error and Alignment Filtering on the Site-wise Detection of Positive Selection. *Molecular Biology and Evolution*, 29(4): 1125–1139, 1 abr. 2012.
- KIMURA, M. Evolutionary Rate at the Molecular Level. *Nature*, 217(5129): 624–626, 17 fev. 1968.
- KIMURA, M.; OHTA, T. On some principles governing molecular evolution. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 71(7): 2848–52, jul. 1974.

- KING, J. L.; JUKES, T. H. Non-Darwinian evolution. *Science (New York, N.Y.)*, 164(3881): 788–98, 16 maio 1969.
- KOJIMA, S.; MINAGAWA, T.; MIURA, K. The propeptide of subtilisin BPN' as a temporary inhibitor and effect of an amino acid replacement on its inhibitory activity. *FEBS letters*, 411(1): 128–32, 7 jul. 1997.
- KRYAZHIMSKIY, S.; PLOTKIN, J. B. The Population Genetics of dN/dS. *PLoS Genetics*, 4(12): e1000304, 12 dez. 2008.
- LARSSON, A. AliView: a fast and lightweight alignment viewer and editor for large datasets. *Bioinformatics (Oxford, England)*, 30(22): 3276–8, 15 nov. 2014.
- LE, S. Q.; GASCUEL, O. An Improved General Amino Acid Replacement Matrix. *Molecular Biology and Evolution*, 25(7): 1307–1320, 3 abr. 2008.
- LEWONTIN, R. C. Twenty-five years ago in Genetics: electrophoresis in the development of evolutionary genetics: milestone or millstone? *Genetics*, 128(4): 657–62, ago. 1991.
- LI, J.; YU, L.; YANG, J.; DONG, L.; TIAN, B.; YU, Z.; LIANG, L.; ZHANG, Y.; WANG, X.; ZHANG, K. New insights into the evolution of subtilisin-like serine protease genes in Pezizomycotina. *BMC evolutionary biology*, 10(1): 68, jan. 2010.
- LI, Y.; HU, Z.; JORDAN, F.; INOUE, M. Functional analysis of the propeptide of subtilisin E as an intramolecular chaperone for protein folding. Refolding and inhibitory abilities of propeptide mutants. *The Journal of biological chemistry*, 270(42): 25127–32, 20 out. 1995.
- LÖYTYNOJA, A. Phylogeny-aware alignment with PRANK. In: RUSSELL, D. J. (Ed.). *Multiple Sequence Alignment Methods*. [s.l.] Humana Press, 2014. p. 155–170.
- LOYTYNOJA, A.; GOLDMAN, N. An algorithm for progressive multiple alignment of sequences with insertions. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 102(30): 10557–10562, 26 jul. 2005.

LOYTYNOJA, A.; GOLDMAN, N. Phylogeny-Aware Gap Placement Prevents Errors in Sequence Alignment and Evolutionary Analysis. *Science*, 320(5883): 1632–1635, 20 jun. 2008.

MATIOLI, S. R.; FERNANDES, F. M. C. *Biologia molecular e evolução*. 2. ed. Ribeirão Preto: Holos Editora, 2012.

MENDEL, G. Verusche uber Pflanzehybriden. Verhandlungen des naturforschenden Vereines in Brunn, Bd. *Abhandlungen*, 33–47, 1865.

NEI, M.; KUMAR, S. *Molecular Evolution and Phylogenetics*. [s.l.] Oxford University Press, 2000.

NIELSEN, R. *Statistical Methods in Molecular Evolution*. New York, NY: Springer New York, 2005.

NIELSEN, R.; YANG, Z. Likelihood models for detecting positively selected amino acid sites and applications to the HIV-1 envelope gene. *Genetics*, 148(3): 929–36, mar. 1998.

NYE, T. Trees of Trees: An Approach to Comparing Multiple Alternative Phylogenies. *Systematic Biology*, 57(5): 785–794, 16 out. 2008.

OHTA; GILLESPIE. Development of Neutral and Nearly Neutral Theories. *Theoretical population biology*, 49(2): 128–42, abr. 1996.

OHTA, T. Slightly Deleterious Mutant Substitutions in Evolution. *Nature*, 246(5428): 96–98, 9 nov. 1973.

OHTA, T. The Nearly Neutral Theory of Molecular Evolution. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 23:263–286, 1992.

OHTA, T. The current significance and standing of neutral and nearly neutral theories. *BioEssays*, 18(8): 673–677, ago. 1996.

PATTEMORE, J. A.; HANE, J. K.; WILLIAMS, A. H.; WILSON, B. A. L.; STODART, B. J.; ASH, G. J. The genome sequence of the biocontrol fungus *Metarhizium anisopliae* and comparative genomics of *Metarhizium* species. *BMC genomics*,

15(1): 660, jan. 2014.

PEARSON, W. R. An Introduction to Sequence Similarity (“Homology”) Searching. In: *Current Protocols in Bioinformatics*. Hoboken, NJ, USA: John Wiley & Sons, Inc., 2013.

REMY, J.-J. Stable inheritance of an acquired behavior in *Caenorhabditis elegans*. *Current Biology*, 20(20): R877–R878, out. 2010.

RIDLEY, M. *Evolução*. 3. ed. [s.l.] Artmed, 2006.

ROBERTS, D. W.; ST. LEGER, R. J. *Metarhizium* spp., cosmopolitan insect-pathogenic fungi: Mycological aspects. In: *Advances in Applied Microbiology*. [s.l.] New York: Academic Press, 1959-, 2004. v. 54p. 1–70.

RONQUIST, F.; TESLENKO, M.; VAN DER MARK, P.; AYRES, D. L.; DARLING, A.; HÖHNA, S.; LARGET, B.; LIU, L.; SUCHARD, M. A.; HUELSENBECK, J. P. MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. *Systematic biology*, 61(3): 539–42, 1 maio 2012.

ROSAS-GARCÍA, N. M.; AVALOS-DE-LEÓN, O.; VILLEGAS-MENDOZA, J. M.; MIRELES-MARTÍNEZ, M.; BARBOZA-CORONA, J. E.; CASTAÑEDA-RAMÍREZ, J. C. Correlation between Pr1 and Pr2 gene content and virulence in *Metarhizium anisopliae* strains. *Journal of microbiology and biotechnology*, 24(11): 1495–502, 28 nov. 2014.

SÁNCHEZ-PÉREZ, L. D. C.; BARRANCO-FLORIDO, J. E.; RODRÍGUEZ-NAVARRO, S.; CERVANTES-MAYAGOITIA, J. F.; RAMOS-LÓPEZ, M. Á. Enzymes of Entomopathogenic Fungi, Advances and Insights. *Advances in Enzyme ...*, 02(June): 65–76, 2014.

SANTI, L.; SILVA, W. O. B.; PINTO, A. F. M.; SCHRANK, A.; VAINSTEIN, M. H. *Metarhizium anisopliae* host-pathogen interaction: differential immunoproteomics reveals proteins involved in the infection process of arthropods. *Fungal Biology*, 114(4): 312–319, abr. 2010.

SCHRANK, A.; VAINSTEIN, M. H. *Metarhizium anisopliae* enzymes and toxins.

Toxicon, 56(7): 1267–1274, 15 dez. 2010.

SEVIM, A.; DONZELLI, B. G. G.; WU, D.; DEMIRBAG, Z.; GIBSON, D. M.; TURGEON, B. G. Hydrophobin genes of the entomopathogenic fungus, *Metarhizium brunneum*, are differentially expressed and corresponding mutants are decreased in virulence. *Current Genetics*, 58(2): 79–92, 3 abr. 2012.

SHACKELTON, L. A.; PARRISH, C. R.; TRUYEN, U.; HOLMES, E. C. High rate of viral evolution associated with the emergence of carnivore parvovirus. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 102(2): 379–84, 11 jan. 2005.

SIEGFRIED, T. Top 10 revolutionary scientific theories. Disponível em: <<https://www.sciencenews.org/blog/context/top-10-revolutionary-scientific-theories>>. Acesso em: 2 abr. 2016.

SIEVERS, F.; WILM, A.; DINEEN, D.; GIBSON, T. J.; KARPLUS, K.; LI, W.; LOPEZ, R.; MCWILLIAM, H.; REMMERT, M.; SODING, J.; THOMPSON, J. D.; HIGGINS, D. G. Fast, scalable generation of high-quality protein multiple sequence alignments using Clustal Omega. *Molecular Systems Biology*, 7(1): 539–539, 16 abr. 2014.

SIEZEN, R. J.; LEUNISSEN, J. A. M. Subtilases: The superfamily of subtilisin-like serine proteases. *Protein Science*, 6(3): 501–523, 31 dez. 2008.

SMALL, C.-L. N.; BIDOCHKA, M. J. Up-regulation of Pr1, a subtilisin-like protease, during conidiation in the insect pathogen *Metarhizium anisopliae*. *Mycological Research*, 109(3): 307–313, mar. 2005.

SOWJANYA SREE, K.; PADMAJA, V.; MURTHY, Y. L. N. Insecticidal activity of destruxin, a mycotoxin from *Metarhizium anisopliae* (Hypocreales), against *Spodoptera litura* (Lepidoptera: Noctuidae) larval stages. *Pest management science*, 64(2): 119–25, fev. 2008.

ST LEGER, R. J. Studies on adaptations of *Metarhizium anisopliae* to life in the soil. *Journal of invertebrate pathology*, 98(3): 271–6, jul. 2008.

ST LEGER, R. J.; BIDOCHKA, M. J.; ROBERTS, D. W. Isoforms of the cuticle-degrading Pr1 proteinase and production of a metalloproteinase by *Metarhizium anisopliae*. *Archives of biochemistry and biophysics*, 313(1): 1–7, ago. 1994.

ST LEGER, R.; JOSHI, L.; BIDOCHKA, M. J.; ROBERTS, D. W. Construction of an improved mycoinsecticide overexpressing a toxic protease. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 93(13): 6349–6354, 1996.

ST. LEGER, R. J. The role of cuticle-degrading proteases in fungal pathogenesis of insects. *Canadian Journal of Botany*, 73(S1): 1119–1125, 31 dez. 1995.

STAATS, C. C.; JUNGES, A.; GUEDES, R. L. M.; THOMPSON, C. E.; DE MORAIS, G. L.; BOLDO, J. T.; DE ALMEIDA, L. G. P.; ANDREIS, F. C.; GERBER, A. L.; SBARAINI, N.; DA PAIXÃO, R. L. DE A.; BROETTO, L.; LANDELL, M.; SANTI, L.; BEYS-DA-SILVA, W. O.; SILVEIRA, C. P.; SERRANO, T. R.; DE OLIVEIRA, E. S.; KMETZSCH, L.; VAINSTEIN, M. H.; DE VASCONCELOS, A. T. R.; SCHRANK, A. Comparative genome analysis of entomopathogenic fungi reveals a complex set of secreted proteins. *BMC genomics*, 15(1): 822, 2014.

STAATS, M.; VAN BAARLEN, P.; SCHOUTEN, A.; VAN KAN, J. A. L.; BAKKER, F. T. Positive selection in phytotoxic protein-encoding genes of *Botrytis* species. *Fungal genetics and biology : FG & B*, 44(1): 52–63, jan. 2007.

TALEVICH, E.; INVERGO, B. M.; COCK, P. J.; CHAPMAN, B. A. Bio.Phylo: A unified toolkit for processing, analyzing and visualizing phylogenetic trees in Biopython. *BMC Bioinformatics*, 13(1): 209, 2012.

TAVARÉ, S. Some Probabilistic and Statistical Problems in the Analysis of DNA Sequences. *American Mathematical Society: Lectures on Mathematics in the Life Sciences*, 1757–86, 1986.

THOMAS, R. H. *Molecular Evolution and Phylogenetics*. New York: Oxford University Press, 2001. v. 86

URWIN, R.; HOLMES, E. C.; FOX, A. J.; DERRICK, J. P.; MAIDEN, M. C. J.

Phylogenetic Evidence for Frequent Positive Selection and Recombination in the Meningococcal Surface Antigen PorB. *Molecular Biology and Evolution*, 19(10): 1686–1694, 1 out. 2002.

VILCINSKAS, A. Coevolution between pathogen-derived proteinases and proteinase inhibitors of host insects. *Virulence*, 1(3): 206–214, maio 2010.

VINOGRADOV, A. E.; ANATSKAYA, O. V. Organismal complexity, cell differentiation and gene expression: human over mouse. *Nucleic Acids Research*, 35(19): 6350–6356, 16 out. 2007.

WANG, C.; ST LEGER, R. J. A collagenous protective coat enables *Metarhizium anisopliae* to evade insect immune responses. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 103(17): 6647–6652, 25 abr. 2006.

WANG, C.; ST LEGER, R. J. The MAD1 Adhesin of *Metarhizium anisopliae* Links Adhesion with Blastospore Production and Virulence to Insects, and the MAD2 Adhesin Enables Attachment to Plants. *Eukaryotic Cell*, 6(5): 808–816, 1 maio 2007.

WANG, C.; TYPAS, M. A.; BUTT, T. M. Detection and characterisation of pr1 virulent gene deficiencies in the insect pathogenic fungus *Metarhizium anisopliae*. *FEMS Microbiology Letters*, 213(2): 251–255, ago. 2002.

WARD, T. J.; BIELAWSKI, J. P.; KISTLER, H. C.; SULLIVAN, E.; O'DONNELL, K. Ancestral polymorphism and adaptive evolution in the trichothecene mycotoxin gene cluster of phytopathogenic *Fusarium*. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 99(14): 9278–83, 9 jul. 2002.

WHELAN, S.; GOLDMAN, N. A General Empirical Model of Protein Evolution Derived from Multiple Protein Families Using a Maximum-Likelihood Approach. *Molecular Biology and Evolution*, 18(5): 691–699, 1 maio 2001.

WÖSTEN, H. A. Hydrophobins: multipurpose proteins. *Annual review of microbiology*, 55:625–46, 2001.

- YANG, Z. Bayes Empirical Bayes Inference of Amino Acid Sites Under Positive Selection. *Molecular Biology and Evolution*, 22(4): 1107–1118, 12 jan. 2005.
- YANG, Z. PAML 4: phylogenetic analysis by maximum likelihood. *Molecular biology and evolution*, 24(8): 1586–91, 1 ago. 2007.
- YANG, Z. PAML: Phylogenetic Analysis by Maximum Likelihood (User Guide), 2014.
- YANG, Z.; NIELSEN, R.; GOLDMAN, N.; KRABBE PEDERSEN, A.-M. Codon-substitution models for heterogeneous selection pressure at amino acid sites. *Genetics*, 155(1): 431–449, 1 maio 2000.
- ZANOTTO, P. M. DE A.; KALLAS, E. G.; DE SOUZA, R. F.; HOLMES, E. C. Genealogical Evidence for Positive Selection in the nef Gene of HIV-1. *Genetics*, 153(3): 1077–1089, 1 nov. 1999.
- ZIMMERMANN, G. Review on safety of the entomopathogenic fungus *Metarhizium anisopliae*. *Biocontrol Science and Technology*, 17(9): 879–920, out. 2007.
- ZIMMERMANN, G.; PAPIEROK, B.; GLARE, T. Elias Metschnikoff, Elie Metchnikoff or Ilya Ilich Mechnikov (1845-1916): A Pioneer in Insect Pathology, the First Describer of the Entomopathogenic Fungus *Metarhizium anisopliae* and How to Translate a Russian Name. *Biocontrol Science and Technology*, 5(4): 527–530, dez. 1995.
- ZUCKERKANDL, E.; PAULING, L. Evolutionary Divergence and Convergence in Proteins. In: *Evolving Genes and Proteins*. [s.l.] Elsevier, 1965. p. 97–166.

9. APÊNDICES

APÊNDICE 1: PARÂMETROS PHYML

Parâmetros utilizados para Pr1A-aa-ML (modelo LG+I+G), conforme *output* do PhyML.

```

.....
oooooooooooooooooooo CURRENT SETTINGS oooooooooooooooooooooooooooooooooooooo
.....

. Sequence filename: aa_prla.rem95.prank.best.phy
. Data type: aa
. Alphabet size: 20
. Sequence format: sequential
. Number of data sets: 1
. Nb of bootstrapped data sets: 1000
. Compute approximate likelihood ratio test: no
. Model name: LG
. Proportion of invariable sites: estimated
. Number of subst. rate categs: 4
. Gamma distribution parameter: estimated
. 'Middle' of each rate class: mean
. Amino acid equilibrium frequencies: model
. Optimise tree topology: yes
. Tree topology search: NNIs
. Starting tree: BioNJ
. Add random input tree: no
. Optimise branch lengths: yes
. Optimise substitution model parameters: yes
. Run ID: none
. Random seed: 1454010171
. Subtree patterns aliasing: no
. Version: 20120412

oooooooooooooooooooooooooooooooooooooooooooooooooooooooooooooooooooooooooooo

```

APÊNDICE 2: PARÂMETROS MRBAYES

Parâmetros e diagnósticos de convergência para Pr1A-aa-BI (modelo LG+I+G), conforme *output* (parcial) do MrBayes.

```

**** Parâmetros adicionados ao alinhamento em formato NEXUS ****
begin mrbayes;
  log start filename=aa_prla_mrbayes.log replace;
  set autoclose=yes nowarn=yes autoreplace=no;
  prset aamodelpr=fixed(lg);
  lset rates=invgamma Ngammacat=4;
  mcmc ngen=1000000 printfreq=100 samplefreq=100 nchains=4 /
      diagnfreq=1000 savebrlens=yes checkfreq=5000;
  report tree=brlens;
  mcmc;
  sump relburnin=yes burninfrac=0.25;
  sumt relburnin=yes burninfrac=0.25 contype=halfcompat;
  log stop;
END;

**** Diagnósticos de convergência ****

Below are rough plots of the generation (x-axis) versus the log
probability of observing the data (y-axis). You can use these
graphs to determine what the burn in for your analysis should be.
When the log probability starts to plateau you may be at station-
arity. Sample trees and parameters after the log probability
plateaus. Of course, this is not a guarantee that you are at sta-
tionarity. Also examine the convergence diagnostics provided by
the 'sump' and 'sumt' commands for all the parameters in your
model. Remember that the burn in is the number of samples to dis-
card. There are a total of ngen / samplefreq samples taken during
a MCMC analysis.

Overlay plot for both runs:
(1 = Run number 1; 2 = Run number 2; * = Both runs)

+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
|          2 1          2          | -8288.00
|          2          1          2          |
| 1          1          1          1          12          1          |
|          1 1          2          *2          2          1          1 1 1 1 |
|          2          22          1          2          2          2 21          2 2          |
|          2 1          2          *          2          1 1          1          |
| 2          21*2          1          1 2          1          2 2          2          1 2          2          |
| 12          1          2          2          2          2          11          11 2 21          1          21          |
|          *          21          1          112          12          2          122          |
|          1          *1          2          1 1          1          11          2          |
|          1          2          1          1          2          1          2          |
|          1          2          1          1          22          2          |
|          2          1          1          22          2          |
+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
|          ^          ^          |
| 2500000          10000000          |

```

--/--

Model parameter summaries over the runs sampled in files
 "aa_prla.rem95.prank.best.nex.run1.p" and "aa_prla.rem95.prank.best.nex.run2.p":
 Summaries are based on a total of 150002 samples from 2 runs.
 Each run produced 100001 samples of which 75001 samples were included.
 Parameter summaries saved to file "aa_prla.rem95.prank.best.nex.pstat".

Parameter	Mean	Variance	95% HPD Interval		Median	min ESS*	avg ESS	PSRF+
			Lower	Upper				
TL	4.173360	0.058068	3.713898	4.657982	4.165427	57540.53	57732.41	1.000
alpha	0.744197	0.003927	0.622399	0.866813	0.741657	39738.34	39874.66	1.000
pinvar	0.002319	0.000005	0.000000	0.006943	0.001612	32461.51	32572.26	1.000

* Convergence diagnostic (ESS = Estimated Sample Size); min and avg values correspond to minimal and average ESS among runs.

ESS value below 100 may indicate that the parameter is undersampled.

+ Convergence diagnostic (PSRF = Potential Scale Reduction Factor; Gelman and Rubin, 1992) should approach 1.0 as runs converge.

--/--

Summary statistics for informative taxon bipartitions
 (saved to file "aa_prla.rem95.prank.best.nex.tstat"):

ID	#obs	Probab.	Sd(s)+	Min(s)	Max(s)	Nruns
31	150002	1.000000	0.000000	1.000000	1.000000	2
32	150002	1.000000	0.000000	1.000000	1.000000	2
33	150002	1.000000	0.000000	1.000000	1.000000	2
34	150002	1.000000	0.000000	1.000000	1.000000	2
35	150002	1.000000	0.000000	1.000000	1.000000	2
36	150002	1.000000	0.000000	1.000000	1.000000	2
37	150002	1.000000	0.000000	1.000000	1.000000	2
38	150002	1.000000	0.000000	1.000000	1.000000	2
39	150002	1.000000	0.000000	1.000000	1.000000	2
40	150002	1.000000	0.000000	1.000000	1.000000	2
41	150002	1.000000	0.000000	1.000000	1.000000	2
42	150002	1.000000	0.000000	1.000000	1.000000	2
43	150002	1.000000	0.000000	1.000000	1.000000	2
44	150001	0.999993	0.000009	0.999987	1.000000	2
45	149999	0.999980	0.000009	0.999973	0.999987	2
46	149997	0.999967	0.000009	0.999960	0.999973	2
47	149992	0.999933	0.000038	0.999907	0.999960	2
48	149871	0.999127	0.000179	0.999000	0.999253	2
49	149833	0.998873	0.000160	0.998760	0.998987	2
50	149806	0.998693	0.000000	0.998693	0.998693	2
51	149664	0.997747	0.000019	0.997733	0.997760	2
52	149504	0.996680	0.000245	0.996507	0.996853	2
53	147582	0.983867	0.000509	0.983507	0.984227	2
54	147292	0.981934	0.001094	0.981160	0.982707	2
55	147223	0.981474	0.001009	0.980760	0.982187	2
56	145444	0.969614	0.000585	0.969200	0.970027	2
57	94027	0.626838	0.005119	0.623218	0.630458	2
58	55558	0.370382	0.005393	0.366568	0.374195	2

+ Convergence diagnostic (standard deviation of split frequencies) should approach 0.0 as runs converge.

Summary statistics for branch and node parameters
(saved to file "aa_pr1a.rem95.prank.best.nex.vstat"):

Parameter	Mean	Variance	95% HPD Interval		Median	PSRF+	Nruns
			Lower	Upper			
length[1]	0.102344	0.000382	0.064779	0.140744	0.101151	1.000	2
length[2]	0.076745	0.000299	0.044594	0.111578	0.075569	1.000	2
length[3]	0.022606	0.000077	0.006916	0.039958	0.021594	1.000	2
length[4]	0.073379	0.000266	0.042907	0.105437	0.072155	1.000	2
length[5]	0.097185	0.000491	0.055296	0.140659	0.095708	1.000	2
length[6]	0.079689	0.000373	0.043223	0.118089	0.078547	1.000	2
length[7]	0.075595	0.000365	0.039306	0.112919	0.074351	1.000	2
length[8]	0.015338	0.000047	0.003483	0.028834	0.014438	1.000	2
length[9]	0.002375	0.000006	0.000000	0.007091	0.001648	1.000	2
length[10]	0.002346	0.000006	0.000000	0.007024	0.001621	1.000	2
length[11]	0.028653	0.000074	0.013238	0.045861	0.027789	1.000	2
length[12]	0.002773	0.000008	0.000000	0.008271	0.001933	1.000	2
length[13]	0.022565	0.000061	0.008700	0.038249	0.021654	1.000	2
length[14]	0.040645	0.000136	0.019002	0.063866	0.039567	1.000	2
length[15]	0.062258	0.000244	0.033230	0.093099	0.060990	1.000	2
length[16]	0.134232	0.000478	0.092442	0.177577	0.133006	1.000	2
length[17]	0.071704	0.000258	0.041581	0.103645	0.070583	1.000	2
length[18]	0.027277	0.000092	0.009875	0.046408	0.026281	1.000	2
length[19]	0.045253	0.000143	0.023220	0.069204	0.044265	1.000	2
length[20]	0.108036	0.000436	0.068716	0.149680	0.106754	1.000	2
length[21]	0.130698	0.000518	0.087373	0.175602	0.129448	1.000	2
length[22]	0.059560	0.000221	0.032281	0.089413	0.058335	1.000	2
length[23]	0.038914	0.000142	0.016762	0.062371	0.037721	1.000	2
length[24]	0.213835	0.000944	0.155685	0.274909	0.212059	1.000	2
length[25]	0.104052	0.000401	0.066655	0.144182	0.102881	1.000	2
length[26]	0.249427	0.001172	0.184792	0.317883	0.247434	1.000	2
length[27]	0.004029	0.000012	0.000000	0.011008	0.003079	1.000	2
length[28]	0.028885	0.000074	0.013233	0.045847	0.028015	1.000	2
length[29]	0.106884	0.000408	0.069083	0.147481	0.105659	1.000	2
length[30]	0.234993	0.001148	0.170673	0.302958	0.233035	1.000	2
length[31]	0.094130	0.000531	0.051416	0.140471	0.092470	1.000	2
length[32]	0.145909	0.000942	0.088623	0.207561	0.144024	1.000	2
length[33]	0.125350	0.000813	0.071610	0.182220	0.123445	1.000	2
length[34]	0.047729	0.000177	0.022976	0.074102	0.046637	1.000	2
length[35]	0.087097	0.000424	0.048811	0.128446	0.085770	1.000	2
length[36]	0.058711	0.000297	0.026309	0.092980	0.057414	1.000	2
length[37]	0.078676	0.000315	0.045429	0.114257	0.077617	1.000	2
length[38]	0.138363	0.000708	0.088545	0.191757	0.136537	1.000	2
length[39]	0.171189	0.000741	0.119924	0.225367	0.169576	1.000	2
length[40]	0.097972	0.000534	0.053841	0.143486	0.096768	1.000	2
length[41]	0.023011	0.000064	0.008665	0.038961	0.022103	1.000	2
length[42]	0.081442	0.000455	0.040722	0.123122	0.079974	1.000	2
length[43]	0.274925	0.001750	0.195546	0.357998	0.272490	1.000	2
length[44]	0.046152	0.000224	0.018279	0.075668	0.044824	1.000	2
length[45]	0.013712	0.000041	0.002778	0.026380	0.012811	1.000	2
length[46]	0.048315	0.000292	0.017554	0.082747	0.046612	1.000	2
length[47]	0.065951	0.000375	0.030076	0.104816	0.064595	1.000	2
length[48]	0.015962	0.000043	0.004337	0.028939	0.015121	1.000	2
length[49]	0.033665	0.000123	0.013321	0.055693	0.032570	1.000	2
length[50]	0.035758	0.000182	0.011237	0.062543	0.034431	1.000	2
length[51]	0.019465	0.000073	0.004466	0.036691	0.018471	1.000	2
length[52]	0.036455	0.000148	0.014095	0.060550	0.035338	1.000	2
length[53]	0.008550	0.000029	0.000294	0.019080	0.007525	1.000	2
length[54]	0.047815	0.000388	0.011998	0.086675	0.045822	1.000	2
length[55]	0.048663	0.000314	0.016633	0.084497	0.047091	1.000	2
length[56]	0.031103	0.000176	0.007557	0.057471	0.029562	1.000	2
length[57]	0.034513	0.000193	0.010095	0.062643	0.033135	1.000	2
length[58]	0.038568	0.000228	0.010543	0.068121	0.037230	1.000	2

+ Convergence diagnostic (PSRF = Potential Scale Reduction Factor; Gelman and Rubin, 1992) should approach 1.0 as runs converge. NA is reported when deviation of parameter values within all runs is 0 or when a parameter value (a branch length, for instance) is not sampled in all runs.

Summary statistics for partitions with frequency >= 0.10 in at least one run:
 Average standard deviation of split frequencies = 0.000513
 Maximum standard deviation of split frequencies = 0.005393
 Average PSRF for parameter values (excluding NA and >10.0) = 1.000
 Maximum PSRF for parameter values = 1.000

APÊNDICE 3: PARÂMETROS PAML

Parâmetros aplicados para Pr1A no cálculo dos comprimentos de ramos pelo modelo M0.

```

seqfile = nt_pr1a_renamed_retro.nt_ali.phy * sequence data filename
treefile = nt_pr1a_renamed_retro_0.8coll.nt_ali.nex.con_unrooted.nwk * tree
structure file name
outfile = m0_mlc * main result file name

noisy = 9 * 0,1,2,3,9: how much rubbish on the screen
verbose = 1 * 0: concise; 1: detailed, 2: too much
runmode = 0 * 0: user tree; 1: semi-automatic; 2: automatic
          * 3: StepwiseAddition; (4,5):PerturbationNNI; -2: pairwise

seqtype = 1 * 1:codons; 2:AAs; 3:codons-->AAs
CodonFreq = 2 * 0:1/61 each, 1:F1X4, 2:F3X4, 3:codon table

*
  nndata = 10
  clock = 0 * 0:no clock, 1:clock; 2:local clock; 3:CombinedAnalysis
  aaDist = 0 * 0:equal, +:geometric; -:linear, 1-6:G1974,Miyata,c,p,v,a
  aaRatefile = dat/jones.dat * only used for aa seqs with model=empirical(_F)
                * dayhoff.dat, jones.dat, wag.dat, mtmam.dat, or your own

  model = 0
    * models for codons:
    * 0:one, 1:b, 2:2 or more dN/dS ratios for branches
    * models for AAs or codon-translated AAs:
    * 0:poisson, 1:proportional, 2:Empirical, 3:Empirical+F
    * 6:FromCodon, 7:AAClasses, 8:REVaa_0, 9:REVaa(nr=189)

  NSsites = 0 * 0:one w;1:neutral;2:selection; 3:discrete;4:freqs;
              * 5:gamma;6:2gamma;7:beta;8:beta&w;9:beta&gamma;
              * 10:beta&gamma+1; 11:beta&normal>1; 12:0&2normal>1;
              * 13:3normal>0

  icode = 0 * 0:universal code; 1:mammalian mt; 2-10:see below
  Mgene = 0
    * codon: 0:rates, 1:separate; 2:diff pi, 3:diff kapa, 4:all diff
    * AA: 0:rates, 1:separate

  fix_kappa = 0 * 1: kappa fixed, 0: kappa to be estimated
  kappa = 2 * initial or fixed kappa
  fix_omega = 0 * 1: omega or omega_1 fixed, 0: estimate
  omega = .4 * initial or fixed omega, for codons or codon-based AAs

  fix_alpha = 1 * 0: estimate gamma shape parameter; 1: fix it at alpha
  alpha = 0. * initial or fixed alpha, 0:infinity (constant rate)
  Malpha = 0 * different alphas for genes
*
  ncatG = 8 * # of categories in dG of NSsites models

  getSE = 0 * 0: don't want them, 1: want S.E.s of estimates
  RateAncestor = 1 * (0,1,2): rates (alpha>0) or ancestral states (1 or 2)

  Small_Diff = .5e-6
  cleandata = 0 * remove sites with ambiguity data (1:yes, 0:no)?
  fix_blength = -1 * 0: ignore, -1: random, 1: initial, 2: fixed
  method = 1 * Optimization method 0: simultaneous; 1: one branch a time

* Genetic codes: 0:universal, 1:mammalian mt., 2:yeast mt., 3:mold mt.,
* 4: invertebrate mt., 5: ciliate nuclear, 6: echinoderm mt.,
* 7: euplotid mt., 8: alternative yeast nu. 9: ascidian mt.,
* 10: blepharisma nu.
* These codes correspond to transl_table 1 to 11 of GENEbank.

```

Parâmetros aplicados para Pr1A para análise pelos modelos M1a, M2a, M3, M7 e M8.

```

seqfile = nt_prla_renamed_retro.nt_ali.phy * sequence data filename
treefile = nt_prla_renamed_retro.nt_ali_M0.nwk * tree structure file name
outfile = all_models_mlc * main result file name

noisy = 9 * 0,1,2,3,9: how much rubbish on the screen
verbose = 1 * 0: concise; 1: detailed, 2: too much
runmode = 0 * 0: user tree; 1: semi-automatic; 2: automatic
          * 3: StepwiseAddition; (4,5):PerturbationNNI; -2: pairwise

seqtype = 1 * 1:codons; 2:AAs; 3:codons-->AAs
CodonFreq = 2 * 0:1/61 each, 1:F1X4, 2:F3X4, 3:codon table

*
ndata = 10
clock = 0 * 0:no clock, 1:clock; 2:local clock; 3:CombinedAnalysis
aaDist = 0 * 0:equal, +:geometric; -:linear, 1-6:G1974,Miyata,c,p,v,a
aaRatefile = dat/jones.dat * only used for aa seqs with model=empirical(_F)
            * dayhoff.dat, jones.dat, wag.dat, mtmam.dat, or your own

model = 0
          * models for codons:
          * 0:one, 1:b, 2:2 or more dN/dS ratios for branches
          * models for AAs or codon-translated AAs:
          * 0:poisson, 1:proportional, 2:Empirical, 3:Empirical+F
          * 6:FromCodon, 7:AAClasses, 8:REVaa_0, 9:REVaa(nr=189)

NSsites = 1 2 3 7 8 * 0:one w;1:neutral;2:selection; 3:discrete;4:freqs;
          * 5:gamma;6:2gamma;7:beta;8:beta&w;9:beta&gamma;
          * 10:beta&gamma+1; 11:beta&normal>1; 12:0&2normal>1;
          * 13:3normal>0

icode = 0 * 0:universal code; 1:mammalian mt; 2-10:see below
Mgene = 0
          * codon: 0:rates, 1:separate; 2:diff pi, 3:diff kapa, 4:all diff
          * AA: 0:rates, 1:separate

fix_kappa = 0 * 1: kappa fixed, 0: kappa to be estimated
kappa = 2 * initial or fixed kappa
fix_omega = 0 * 1: omega or omega_1 fixed, 0: estimate
omega = .4 * initial or fixed omega, for codons or codon-based AAs

fix_alpha = 1 * 0: estimate gamma shape parameter; 1: fix it at alpha
alpha = 0. * initial or fixed alpha, 0:infinity (constant rate)
Malpha = 0 * different alphas for genes
ncatG = 8 * # of categories in dG of NSsites models

getSE = 0 * 0: don't want them, 1: want S.E.s of estimates
RateAncestor = 1 * (0,1,2): rates (alpha>0) or ancestral states (1 or 2)

Small_Diff = .5e-8
cleandata = 0 * remove sites with ambiguity data (1:yes, 0:no)?
fix_blength = 1 * 0: ignore, -1: random, 1: initial, 2: fixed
method = 0 * Optimization method 0: simultaneous; 1: one branch a time

* Genetic codes: 0:universal, 1:mammalian mt., 2:yeast mt., 3:mold mt.,
* 4: invertebrate mt., 5: ciliate nuclear, 6: echinoderm mt.,
* 7: euplotid mt., 8: alternative yeast nu. 9: ascidian mt.,
* 10: blepharisma nu.
* These codes correspond to transl_table 1 to 11 of GENEbank.

```

APÊNDICE 4: SCRIPT UTILIZADO PARA OS CÁLCULOS DE LRT

```
#!/usr/bin/env python
# -*- coding: utf-8 -*-
from Bio.Phylo.PAML import codeml
from Bio.Phylo.PAML.chi2 import cdf_chi2
import sys
import readline

"""
    Parses Codeml output executed in a m0 - other models fashion.
    Outputs a tab-separated file with computed LRT and chi-squared test.
"""

### MAIN
if len(sys.argv) != 4:
    print 'usage: ' + sys.argv[0] + ' <output_m0> <output_all_models> <lrt_output>'
    sys.exit(1)
    # FOR TESTING ONLY
    #infile0 = 'testfile0'
    #infile1 = 'testfile'
    #outfile = 'testout'
else:
    infile0 = sys.argv[1]
    infile1 = sys.argv[2]
    outfile = sys.argv[3]

results0 = codeml.read(infile0)
results1 = codeml.read(infile1)

m0 = (results0['NSsites']][0]['lnL'])
m1 = (results1['NSsites']][1]['lnL'])
m2 = (results1['NSsites']][2]['lnL'])
m3 = (results1['NSsites']][3]['lnL'])
m7 = (results1['NSsites']][7]['lnL'])
m8 = (results1['NSsites']][8]['lnL'])

print sys.argv
print """    *** Log-likelihood(lnL) Values ***
    """
print 'M0\t'+ str(m0)
print 'M1\t'+ str(m1)
print 'M2a\t'+ str(m2)
print 'M3a\t'+ str(m3)
print 'M7\t'+ str(m7)
print 'M8\t'+ str(m8)

print """
    *** Likelihood Ratio Tests ***
    """
lrt03 = 2*(m3-m0)
lrt12 = 2*(m2-m1)
lrt78 = 2*(m8-m7)
chi2_03 = cdf_chi2(4,lrt03) # X2, df 4
chi2_12 = cdf_chi2(2,lrt12) # X2, df 2
chi2_78 = cdf_chi2(2,lrt78) # X2, df 2

print "\t\t2*(lnL2 - lnL1)\tp-value"
print "M0 vs M3a\t%.6f\t%.6e" % (lrt03,chi2_03)
print "M1 vs M2a\t%.6f\t%.6e" % (lrt12,chi2_12)
print "M7 vs M8\t%.6f\t%.6e" % (lrt78,chi2_78)

fh = open(outfile,'w')

fh.write("\t\t2*(lnL2 - lnL1)\tp-value\n")
fh.write("M0 vs M3a\t%.6f\t%.6e\n" % (lrt03,chi2_03))
fh.write("M1 vs M2a\t%.6f\t%.6e\n" % (lrt12,chi2_12))
fh.write("M7 vs M8\t%.6f\t%.6e\n" % (lrt78,chi2_78))

fh.close()
```


APÊNDICE 5: RELAÇÃO DE SEQUÊNCIAS SUBFAMÍLIA 1

Pr1	OTU	GI (aa)	GI (nt)	
A	<i>Beauveria bassiana</i> ARSEF 252	639712	639711	
	<i>Beauveria bassiana</i> ARSEF 2860	400603215	400602772	
	<i>Beauveria brongniartii</i> 1019	40888721	40888720	
	<i>Claviceps purpurea</i> 20.1	399171376	399171166	
	<i>Engyodontium album</i> ATCC 22563 1	131077	5158	
	<i>Engyodontium album</i> ATCC 22563	131084	5170	
	<i>Epichloe festucae</i> FI1	170674474	170674473	
	<i>Fusarium</i> sp. S-19-5	7705202	559856	
	<i>Hirsutella minnesotensis</i> CBS115627	147744316	147744315	
	<i>Hirsutella rhossiliensis</i> OWVT-1	90655148	239530152	
	<i>Lecanicillium psalliotae</i> YMF1.00112	62286475	51449982	
	<i>Metarhizium acridum</i> CQMa 102	149132204	629684206	
	<i>Metarhizium album</i> ARSEF 1941	734659264	734659151	
	<i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF 549	254351267	254351266	
	<i>Metarhizium anisopliae</i> E6	672384588	672384582	
	<i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF 3297	743649153	743647662	
	<i>Metacordyceps chlamydosporia</i> 123	198401218	198401217	
	<i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF 977	743664039	743663685	
	<i>Metarhizium lepidiotae</i> CG648	257864775	257864774	
	<i>Metarhizium majus</i> ARSEF 297	743673040	743672958	
	<i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF 23	629721801	629721800	
	<i>Ophiocordyceps sinensis</i> CS2	161897705	161897704	
	<i>Ophiocordyceps sinensis</i> CO18	531857069	531857068	
	<i>Pochonia chlamydosporia</i> var. <i>catenulata</i>	167515230	167515229	
	<i>Purpureocillium lilacinum</i> IPC	130750164	130750163	
	<i>Pochonia rubescens</i> CBS 464.88	375273929	375273928	
	<i>Tolypocladium inflatum</i>	18542429	18542428	
	<i>Trichoderma koningii</i> SMF2	124295071	124295070	
	<i>Trichoderma reesei</i> QM6a	589111739	589111738	
	<i>Trichoderma virens</i> Gv29-8	358379534	358379223	
	B	<i>Beauveria bassiana</i> ARSEF 2860	400599382	667663711
		<i>Cordyceps confragosa</i>	4092486	4092485
		<i>Eutypa lata</i> UCREL1	629667323	629667322
<i>Metarhizium acridum</i> CQMa 102		629700107	629700106	
<i>Metarhizium acridum</i> ARSEF 324		16215671	16215670	
<i>Metarhizium album</i> ARSEF 1941		734657470	734657427	
<i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF 549		743639192	743639034	
<i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF 2575 1		8671180	8671179	
<i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF 820		16215666	16215665	
<i>Metarhizium anisopliae</i> E6		672380775	672380740	
<i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF 3297		743640771	743640615	

Pr1	OTU	GI (aa)	GI (nt)
B(cont.)	<i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF 977	743657389	743657325
	<i>Metarhizium majus</i> ARSEF 297	743666772	743666757
	<i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF 23	629729561	629729560
	<i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF 23 1	734839458	734839420
	<i>Sarocladium strictum</i> SS71	507593984	507593983
G	<i>Metarhizium acridum</i> CQMa 102	629683643	629683642
	<i>Metarhizium album</i> ARSEF 1941	734659089	734659020
	<i>Metarhizium anisopliae</i> E6	672377000	672376997
	<i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF 3297	743635561	743635503
	<i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF 977	743655997	743655958
	<i>Metarhizium majus</i> ARSEF 297	743670287	743670230
	<i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF 23	629729872	629729871
I	<i>Claviceps purpurea</i> 20.1	399165551	399165530
	<i>Epichloe festucae</i> FI1	116766025	116766024
	<i>Metarhizium acridum</i> CQMa 102	629693569	629693568
	<i>Metarhizium album</i> ARSEF 1941	734656648	734656642
	<i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF 549	743627733	743627732
	<i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF 820	16215664	16215663
	<i>Metarhizium anisopliae</i> E6	672379263	672379253
	<i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF 3297	743634751	743634730
	<i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF 977	743656815	743656762
	<i>Metarhizium majus</i> ARSEF 297	743667077	743667061
	<i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF 23	629731236	629731235
	<i>Neotyphodium lolii</i> Lp19	116766033	116766032
	K	<i>Acremonium chrysogenum</i> C10	7543916
<i>Colletotrichum gloeosporioides</i> Cg-14		530466588	530466575
<i>Colletotrichum orbiculare</i> MAFF 240422		477526168	477526090
<i>Claviceps purpurea</i> 20.1		399164894	399164881
<i>Epichloe festucae</i> FI1		170674497	170674496
<i>Fusarium fujikuroi</i> IMI 58289		517325821	517325311
<i>Fusarium graminearum</i> PH-1		46114268	46114267
<i>Fusarium oxysporum</i> 26-1		56201265	56201264
<i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>cubense</i> race 1		477519427	477519201
<i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>cubense</i> race 4		475671758	475671460
<i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>lycopersici</i> MN25		587712155	385760296
<i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>radicis-lycopersici</i> 26381		591405393	586495976
<i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>vasinfectum</i> 25433		591487806	586496605
<i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>lycopersici</i>		10181226	10181225
<i>Fusarium verticillioides</i> 7600		584142712	116242648
<i>Metarhizium acridum</i> CQMa 102		629692381	629692380
<i>Metarhizium album</i> ARSEF 1941		734661326	734661295
<i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF 549		743633265	743632811
<i>Metarhizium anisopliae</i> E6		672381981	672381975

Pr1	OTU	GI (aa)	GI (nt)
K(cont.)	<i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF 3297	743632695	743632690
	<i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF 977	743657136	743657077
	<i>Metarhizium majus</i> ARSEF 297	743668492	743668467
	<i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF 23	629734144	629734143
	<i>Nectria haematococca</i> mpVI 77-13-4	302886268	302886267
	<i>Trichoderma atroviride</i> IMI 206040	358391139	358391114
	<i>Villosiclava virens</i> UV-8b	632919264	632919220

APÊNDICE 6: RELAÇÃO DE SEQUÊNCIAS SUBFAMÍLIA 2

Pr1	OTU	GI (aa)	GI (nt)
D	<i>Metarhizium acridum</i> CQMa 102	629699297	629699296
	<i>Metarhizium acridum</i> ARSEF 324	18958207	18958206
	<i>Metarhizium album</i> ARSEF 1941	734663356	734663317
	<i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF 2575	6624964	6624963
	<i>Metarhizium anisopliae</i> E6	672380805	672380781
	<i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF 3297	743643131	743642893
	<i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF 977	743655181	743655177
	<i>Metarhizium majus</i> ARSEF 297	743668218	743668189
E	<i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF 23	629731288	629731287
	<i>Metarhizium acridum</i> CQMa 102	629691111	629691110
	<i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF 2575	6624966	6624965
	<i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF 820	28611050	28611049
	<i>Metarhizium anisopliae</i> E6	672376854	672376830
	<i>Metarhizium anisopliae</i> E6 1	672379712	672379687
	<i>Metarhizium anisopliae</i> E6 2	672382339	672382297
	<i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF 3297	743638880	743638877
	<i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF 3297 1	743629284	743629275
	<i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF 3297 2	743633322	743633273
	<i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF 977	743657206	743657168
	<i>Metarhizium majus</i> ARSEF 297	743668169	743668168
	<i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF 2575	594714858	594714793
	<i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF 2575 1	594720305	594720292
	<i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF 23	629728518	629728517
	<i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF 23 1	629727498	629727497
<i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF 23 2	629714090	629714089	
F	<i>Metarhizium acridum</i> ARSEF 324	18958205	18958204
	<i>Metarhizium album</i> ARSEF 1941	734659019	734658892
	<i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF 549 1	743632063	743631654
	<i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF 820	28611051	28611049
	<i>Metarhizium anisopliae</i> E6	672376853	672376830
	<i>Metarhizium anisopliae</i> E6 1	672381324	672381319
	<i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF 3297	743638879	743638877
	<i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF 3297 1	743644828	743644285
	<i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF 977	743664256	743664170
	<i>Metarhizium majus</i> ARSEF 297	743671774	743671686
	<i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF 2575 1	594720304	594720292
	<i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF 23	629728258	629728257
	<i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF 23 1	629714086	629714085
	<i>Epichloe festucae</i> FI1	170674484	170674483
J	<i>Metarhizium acridum</i> CQMa 102	629685231	629685230
	<i>Metarhizium acridum</i> CQMa 102 1	629699449	629699448

Pr1	OTU	GI (aa)	GI (nt)
	<i>Metarhizium acridum</i> ARSEF 324	16215675	16215674
	<i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF 2575	7573223	7573222
	<i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF 820	16215660	16215659
	<i>Metarhizium anisopliae</i> E6	672377960	672377943
	<i>Metarhizium anisopliae</i> E6 1	672383277	672383252
	<i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF 3297	743647223	743646596
J(cont.)	<i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF 3297 1	743643673	743643255
	<i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF 977	743665539	743665262
	<i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF 977 1	743658637	743658612
	<i>Metarhizium majus</i> ARSEF 297	743674737	743674555
	<i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF 2575 1	594711882	594711880
	<i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF 23	629711347	629711346
	<i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF 23 1	629736428	629736427

APÊNDICE 7: TAXONOMIA SUBFAMÍLIA 1

Pr1	OTU	Filo	Classe	Ordem	Família
A	<i>Beauveria bassiana</i> ARSEF 252	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Cordycipitaceae
	<i>Beauveria bassiana</i> ARSEF 2860	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Cordycipitaceae
	<i>Beauveria brongniartii</i> 1019	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Cordycipitaceae
	<i>Claviceps purpurea</i> 20.1	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Engyodontium album</i> ATCC 22563 1	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Cordycipitaceae
	<i>Engyodontium album</i> ATCC 22563	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Cordycipitaceae
	<i>Epichloe festucae</i> FI1	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Fusarium</i> sp. S-19-5	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Nectriaceae
	<i>Hirsutella minnesotensis</i> CBS115627	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Ophiocordycipitaceae
	<i>Hirsutella rhossiliensis</i> OWVT-1	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Ophiocordycipitaceae
	<i>Lecanicillium psalliotae</i> YMF1.00112	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Cordycipitaceae
	<i>Metarhizium acridum</i> CQMa 102	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium album</i> ARSEF 1941	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF 549	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium anisopliae</i> E6	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF 3297	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metacordyceps chlamydosporia</i> 123	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF 977	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium lepidiotae</i> CG648	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium majus</i> ARSEF 297	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF 23	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Ophiocordyceps sinensis</i> CS2	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Ophiocordycipitaceae
	<i>Ophiocordyceps sinensis</i> CO18	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Ophiocordycipitaceae
	<i>Pochonia chlamydosporia</i> var. <i>catenulata</i>	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Purpureocillium lilacinum</i> IPC	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Ophiocordycipitaceae

Pr1	OTU	Filo	Classe	Ordem	Família
A(cont.)	<i>Pochonia rubescens</i> CBS 464.88	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Tolypocladium inflatum</i>	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Ophiocordycipitaceae
	<i>Trichoderma koningii</i> SMF2	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Hypocreaceae
	<i>Trichoderma reesei</i> QM6a	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Hypocreaceae
	<i>Trichoderma virens</i> Gv29-8	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Hypocreaceae
	<i>Beauveria bassiana</i> ARSEF 2860	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Cordycipitaceae
	<i>Cordyceps confragosa</i>	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Cordycipitaceae
	<i>Eutypa lata</i> UCREL1	Ascomycota	Sordariomycetes	Xylariales	Diatrypaceae
	<i>Metarhizium acridum</i> CQMa 102	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium acridum</i> ARSEF 324	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
B	<i>Metarhizium album</i> ARSEF 1941	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF 549	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF 2575 1	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF 820	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium anisopliae</i> E6	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF 3297	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF 977	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium majus</i> ARSEF 297	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF 23	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF 23 1	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
G	<i>Sarocladium strictum</i> SS71	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	N/A
	<i>Metarhizium acridum</i> CQMa 102	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium album</i> ARSEF 1941	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium anisopliae</i> E6	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF 3297	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF 977	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium majus</i> ARSEF 297	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
<i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF 23	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae	

Pr1	OTU	Filo	Classe	Ordem	Família
I	<i>Claviceps purpurea</i> 20.1	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Epichloe festucae</i> F11	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium acridum</i> CQMa 102	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium album</i> ARSEF 1941	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF 549	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF 820	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium anisopliae</i> E6	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF 3297	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF 977	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium majus</i> ARSEF 297	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF 23	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Neotyphodium lolii</i> Lp19	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Acremonium chrysogenum</i> C10	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	N/A
	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i> Cg-14	Ascomycota	Sordariomycetes	Glomerellales	Glomerellaceae
K	<i>Colletotrichum orbiculare</i> MAFF 240422	Ascomycota	Sordariomycetes	Glomerellales	Glomerellaceae
	<i>Claviceps purpurea</i> 20.1	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Epichloe festucae</i> F11	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Fusarium fujikuroi</i> IMI 58289	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Nectriaceae
	<i>Fusarium graminearum</i> PH-1	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Nectriaceae
	<i>Fusarium oxysporum</i> 26-1	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Nectriaceae
	<i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>cubense</i> race 1	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Nectriaceae
	<i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>cubense</i> race 4	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Nectriaceae
	<i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>lycopersici</i> MN25	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Nectriaceae
	<i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>radicis-lycopersici</i> 26381	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Nectriaceae
	<i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>vasinfectum</i> 25433	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Nectriaceae
	<i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>lycopersici</i>	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Nectriaceae
	<i>Fusarium verticillioides</i> 7600	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Nectriaceae
	<i>Metarhizium acridum</i> CQMa 102	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae

Pr1	OTU	Filo	Classe	Ordem	Família
K(cont.)	<i>Metarhizium album</i> ARSEF 1941	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF 549	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium anisopliae</i> E6	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF 3297	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF 977	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium majus</i> ARSEF 297	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF 23	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Nectria haematococca</i> mpVI 77-13-4	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Nectriaceae
	<i>Trichoderma atroviride</i> IMI 206040	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Hypocreaceae
	<i>Villosiclava virens</i> UV-8b	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae

APÊNDICE 8: TAXONOMIA SUBFAMÍLIA 2

Pr1	OTU	Filo	Classe	Ordem	Família
D	<i>Metarhizium acridum</i> CQMa 102	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium acridum</i> ARSEF 324	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium album</i> ARSEF 1941	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF 2575	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium anisopliae</i> E6	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF 3297	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF 977	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium majus</i> ARSEF 297	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF 23	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium acridum</i> CQMa 102	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
E	<i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF 2575	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF 820	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium anisopliae</i> E6	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium anisopliae</i> E6 1	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium anisopliae</i> E6 2	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF 3297	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF 3297 1	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF 3297 2	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF 977	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium majus</i> ARSEF 297	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF 2575	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF 2575 1	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF 23	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF 23 1	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF 23 2	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae

Pr1	OTU	Filo	Classe	Ordem	Família
	<i>Metarhizium acridum</i> ARSEF 324	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium album</i> ARSEF 1941	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF 549 1	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF 820	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium anisopliae</i> E6	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium anisopliae</i> E6 1	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
F	<i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF 3297	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF 3297 1	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF 977	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium majus</i> ARSEF 297	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF 2575 1	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF 23	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF 23 1	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Epichloe festucae</i> FI1	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium acridum</i> CQMa 102	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium acridum</i> CQMa 102 1	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium acridum</i> ARSEF 324	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF 2575	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF 820	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium anisopliae</i> E6	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
J	<i>Metarhizium anisopliae</i> E6 1	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF 3297	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF 3297 1	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF 977	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF 977 1	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium majus</i> ARSEF 297	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF 2575 1	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae
	<i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF 23	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae

Pr1	OTU	Filo	Classe	Ordem	Família
J(cont.)	<i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF 23 1	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae

APÊNDICE 9: ALINHAMENTO PR1A

	1	
Beauveria bassiana ARSEF_252	MRLSIIAAALPLAIAAPV-V	---E---P---APLIEARG--QTLAGKYIVKLDKDTATIGIMDAA-SKVP-NTEHVYENVLKGFSGTLNQE
Beauveria bassiana ARSEF_2860	MRLSIIAAALPLAIAAPV-V	---E---P---APLIEARG--QTLAGKYIVKLDKDTATIGIMDAA-SKVP-NTEHVYENVLKGFSATLNQE
Beauveria brongniartii 1019	MRLSIIAAALPLAIAAPV-V	---E---P---APLIEARG--QTLAGNYIVKLDKDTATMSIMDAA-SKVS-KPKFVYTDVFPGYAASLSPE
Claviceps purpurea 20.1	MQLSILLALLPAILAAPA-V	---E---P---APLIEARG--QTLAGNYIVKLDKDTATMSIMDAA-SKVS-KPKFVYTDVFPGYAASLSPE
Engyodontium album ATCC_22563	MRLSILLGLLPLAPRPPA-V	DAVEORSEP---APLIEARG--MIADKYIVKLEKGSALASLDAAMEKLSGKADHVYKKNIFKGPAAALDEKM
Engyodontium album ATCC_22563_1	MRLSVLLSLLPLALGAPA-V	---EORSEA---APLIEARG--MVANKYIVKPKREGSALSALDAAMEKISGKPDHVYKKNVFGPAAATLDENM
Epichloe festucae F11	MQLSVLLALLPAILAAPA-V	---EKRAEP---APLLTPRGVD-VVADKYIVKPKDGIARIAVDESMNILESKADPVYETAFRGPAHGLTKAE
Fusarium sp. S-19-5	MRLSIIA-VLPLAALAPV-L	---E---P---APLIEARG--SQPIAGKYIVKLDKDTAKIGIMEAT-AKVA-NPERVYQNVIKGFSASLCKEE
Hirsutella minnesotensis CBS115627	MKLSILLAILPAVLAAPP-A	---ERDEL---APLKAPONAKOLIEGKYIVKPKDGVSLQAVDSTLSSFTSKAEHVYTNILRGPAGKLTADE
Hirsutella rhossiliensis OWVT-1	MKLSILLAILPAVLAAPA-T	---KRDEP---APLLTPRGSKOLIADKYIVKPKDSMSIAAVDKTVKALSNKADHVYTNTPRGPAQOLSAKD
Lecanicillium psalliotae YMF1.00112	MRLSIIAAVPLAALAPV-A	---E---P---APLIEARG--AQPIAGKYIVKLDKDEAKFGIMNAK-SKIP-GIERVYENVLNGFSATLSNEE
Metacordyceps chlamydosporia 123	MQLSVLLTLLPAVLAAPAIV	---EORAEF---APLFTPKS-S-IIAGKYIVKPKDGVARIAADEATSALSAKADHVYSHLFGPAGSLTKEE
Metarhizium acridum CQMa_102	MHLSALLTLLPAVLADPATI	---GRRAEF---APLFTPAES-IIAGKYIVKPKDGIARIATDDA-SRETCK-----
Metarhizium album ARSEF_1941	MHLSALLTLLPAVLAAPATI	---GRRAGP---APLLTPQAEN-IISGKYIVKPKDGVARIATDDVVSVLSSKADFVYEHTMNGFAGSLTKEE
Metarhizium anisopliae ARSEF_549	MHLSALLTLLPAVLAAPATI	---GRRAEF---APLFTPAES-IIADKYIVKPKDDIARIATDDTVSALTSKADFVYEHAFHGFAGSLTKEE
Metarhizium anisopliae E6	MHLSALLTLLPAVLAAPATI	---GRRAEF---APLFTPAES-IIADKYIVKPKDDIARIATDDTVSALTSKADFVYEHAFHGFAGSLTKEE
Metarhizium brunneum ARSEF_3297	MHLSALLTLLPAVLAAPATI	---GRRAEF---APLFTPAES-IIADKYIVKPKDDIARIATDDTVSALTSKADFVYEHAFHGFAGSLTKEE
Metarhizium guizhouense ARSEF_977	MHLSALLTLLPAVLAAPATI	---GRRAEF---APLFTPAES-IIADKYIVKPKDDIARIATDDTVSALTSKADFVYEHAFHGFAGSLTKEE
Metarhizium lepidiotae CG648	MHLSALLTLLPAVLAAPATI	---GRRAEF---APLFTPAES-IIADKYIVKPKDDIARIATDDAVSALTSKADFVYEHAFKGFAGSLTKEE
Metarhizium majus ARSEF_297	MHLSALLTLLPAVLAAPATI	---GRRAEF---APLFTPAES-IIADKYIVKPKDDIARIATDDTVSALTSKADFVYEHAFHGFAGSLTKEE
Metarhizium robertsii ARSEF_23	MHLSALLTLLPAVLAAPATI	---GRRAEF---APLFTPAES-IIADKYIVKPKDDIARIATDDTVSALTSKADFVYEHAFHGFAGSLTKEE
Ophiocordyceps sinensis CO18	MKLYVILAILPAVLAAPA-A	---SRDEP---APLLTPRGSKOLIADKYIVKPKDSISIAAVDETVNALSKKADHVYTNTPRGPAQOLSAKD
Ophiocordyceps sinensis CS2	MKLSLLIALLPAISASPT-V	---KRRAEP---APLLTPRESKLIIPDKYIVKPKDAMSVASMDKAI GDLSSKADRVYSHAIRGPAAGRLGAQE
Pochonia chlamydosporia var. catenulata	MQLSVLLTLLPAVLAAPAIV	---EORAEF---APLFTPKS-S-VIAGKYIVKPKDGVARFAADEATSALSSKADHVYSHLFGPAGSLTKEE
Pochonia rubescens CBS_464.88	MHLSALLTLLPAVLAAPATI	---GRRAEF---APLFTPKAES-IISGKYIVKPKDGVVRTATDDAVSILSSKADRIYEHAFNGFAGSLTKEE
Purpureocillium lilacinum IPC	MKLSLLPAVLAAPA-V	---KRDEP---APLLTPRGASOLINGKYIVKPKDGMSTIASVDKTVSALSSKADRVYVNHIFRGPAGNLNAND
Tolypocladium inflatum	MRLSILLSTLPMVLAAPA	---AKRDEP---APLLVPRGNHEL IADKYIVKPKREGSALS VLED TMSSLTGNADHVYDVPVFKGPAGHLDKVM
Trichoderma koningii SMF2	MRLSVLLSVLPLVLVAPA-T	---EKRAEP---APLLVPTTKHGLVADKYIVKPKDGSLLQAVDEAISGLVSNADHVYQHVFVRFPAATLDKKT
Trichoderma reesei QM6a	MRLSVLLSVLPLVLVAPA-I	---EKRAEP---APLLVPTTKHGLVADKYIVKPKDGSLLQAVDEAISGLVSNADHVYQHVFVRFPAATLDKKT
Trichoderma virens Gv29-8	MRLSVLLSLLPMVLAAPA-I	---EKRAEP---APLFPKTSKHGLVADQYIVKPKREGSSLOAVDETLTRIASDAHVYQHVFVRFPAAGKLDQET

92

Beauveria bassiana ARSEF 252
 Beauveria bassiana ARSEF 2860
 Beauveria brongniartii_1019
 Claviceps purpurea_20.1
 Engyodontium album ATCC_22563
 Engyodontium album ATCC_22563_1
 Epichloe festucae_F11
 Fusarium sp. S-19-5
 Hirsutella minnesotensis CBS115627
 Hirsutella rhossiliensis_OWVT-1
 Lecanicillium psalliotae_YMF1.00112
 Metacordyceps chlamydosporia_123
 Metarhizium acridum_CQMa_102
 Metarhizium album_ARSEF_1941
 Metarhizium anisopliae_ARSEF_549
 Metarhizium anisopliae_E6
 Metarhizium brunneum_ARSEF_3297
 Metarhizium guizhouense_ARSEF_977
 Metarhizium lepidiotae_CG648
 Metarhizium majus_ARSEF_297
 Metarhizium robertsii_ARSEF_23
 Ophiocordyceps sinensis_CO18
 Ophiocordyceps sinensis_CS2
 Pochonia chlamydosporia_var. catenulata
 Pochonia rubescens_CBS_464.88
 Purpureocillium lilacinum_IPC
 Tolypocladium inflatum
 Trichoderma koningii_SMF2
 Trichoderma reesei_QM6a
 Trichoderma virens_Gv29-8

LDRLRHDPDVESTEQDAIVSINAVVRQAGAPWGLGRI SHRARGATTFDYDSSAGAGTCVYVIDTGVDASHPNFDGRAKQIKTFVTG-DSDG
 LDRLRHDPDVESTEQDAIVSINAIVRQPGAPWGLGRI SHRARGATTFDYDSSAGAGTCVYVIDTGVDASHPEFEGRAKQIKTFVSG-TIDG
 VERLRHDPNVESTEQDAIVSINAIVRQPGAPWGLGRI SHRARGDTTYVYDSTAGOGACVYVIDTGVEATHPEFEGRAKQVKTFSVSG-SKDG
 LKTLRDRPDVEYVEKDALMHINAVFTQPGAPWGLGRI SHRACGNSNYRYDSSAGAGTCAYIIDTGIEATHPEFEGRATPLKSPISGQNDG
 VEVLRAHPDVEYIEQDAIVNINA--EQRNAPWGLARI SSTSPGTSYRYDSSAGAGTCVYVIDTGVEASHPEFEGRACQMVKTYVAS-SRDG
 YRVLRAHPDVEYIEQDAIVTINA--AQTNAPWGLARI SSTSPGTSYRYDSSAGAGTCVYVIDTGVEASHPEFEGRACQMVKTYVYS-SRDG
 LQTLRNHPDVEYIEKDALMHINAVFVQPGAPWGLGRI SHRSKGISYRYDSSAGAGTCAYIIDTGIEASHPEFEGRATPLKSPFVSGQNSDG
 VERLRHDPDVESTEQDAIISINAITQQGATWGLTRI SHRQRGSTAYAYDTTAGOGACAYVIDTGVEDTHPEFEGRAKQIKTFAST-ARDG
 VKTLRARPDVDFIEQDAIFTINAIVQPGATWGLARI SSRQRGGSTYSYDSSAGAGTCAYVIDTGVEASHPEFEGRATMVRSPIPGQTKDG
 VKALRERPDVEYVEQDSIVTINALKQPGAPWGLGRI SHREPSTTYRYDSSAGAGTCAYVIDTGVEASHPEFEGRATMVRSPINGQATDG
 LERLRHDPDVESTEQDAIFSINAITQQGATWGLTRI SHRARGSTAYAYDTSAGAGACVYVIDTGVEDTHPEFEGRAKQIKSYAST-ARDG
 LQTLRNHPDVEYIEKDAVMTANAIVEQAGAPWGLGRI SNRQKSTTYRYDSSAGAGTCVYVIDTGIEITTHPEFEGRATWLKSPIDGQNDG
 -----RVDFIEKDAVMRISSTIEQNGAPWGLGRI SHRQGGSTTYRYDSSAGAGTCVYVIDTGVEVSHPEFGGRATWLRSPINGQNRDG
 LKSLRDRHDPDVEYIEKDAVMRINSITEQSGAPWGLGRI SHREKSTAYRYDSSAGAGTCVYVIDTGIEITSHPEFEGRATWLKSPIDGDEDDG
 LKMLREHPGVDFIEKDAVMRISGLTEQSGAPWGLGRI SHRNKSTTYRYDSSAGAGTCVYVIDTGIEASHPEFEGRATPLRSPISGQETDG
 LKMLREHPGVDFIEKDAVMRISGLTEQSGAPWGLGRI SHRNKSTTYRYDSSAGAGTCVYVIDTGIEASHPEFEGRATPLRSPISGQETDG
 LKMLREHPGVDFIEKDAVMRISGITEQSGAPWGLGRI SHRQRGSTTYRYDSSAGAGTCVYVIDTGIEASHPEFEGRATPLKSPISGQTSDG
 LKMLREHPGVDFIEKDAVMRISSLTDQSGAPWGLGRI SHRNKSTTYRYDSSAGAGTCVYVIDTGIEASHPEFEGRATPLKSPINGQNSDG
 LKTLRAHPGVDFIEKDAVMRISGITEQSGAPWGLGRI SHRARGSTTYRYDSSAGAGTCVYVIDTGVEVSHPEFGGRATWLKSPIPGENSDG
 LKMLREHPGVDFIEKDAVMRISSLTDQSGAPWGLGRI SHRNKSTTYRYDSSAGAGTCVYVIDTGIEASHPEFEGRATPLKSPINGQNSDG
 LKMLREHPGVDFIEKDAVMRISGITEQSGAPWGLGRI SHRSKSTTYRYDSSAGAGTCVYVIDTGIEASHPEFEGRATPLKSPISGQNTDG
 VQTLRERPDVDFIEQDAIFTINAQTEQPGAPWGLGRI SHREPSTTYRYDSSAGAGTCAYVIDTGVEANHREFEGRATMVRSPIAGQATDG
 LRLLRHDPDVEYIEQDAIVTLASFTIEPAPWGLGRL SHHQAGSTTYRYDSSAGAGTCAYVIDTGVDASHPEFEGRAMAHSPVDDQDIDG
 LKTLRNHPDVEYIEKDAVMTANAIVEQAGAPWGLGRI SNRQKSTTYRYDSSAGAGTCVYVIDTGIEITSHPEFEGRATWLKSPIDGEDNDG
 LKTLRNHPDVEYIEKDAVMTANAIVEQNGAPWGLGRI SHRARGSTTYRYDSSAGAGTCVYVIDTGIEASHPEFEGRATPLKSPISGQNTDG
 LKTLRDRHDPDVEYIEQDAIITINAYTQPGAPWGLGRI SHRSKSTTYRYDSSAGAGTCAYVIDTGVEASHPEFEGRASQIKSPISGQNTDG
 LDVLRGHPDVEYIEQDAVMTINGFVSPQPGATWGLGRVSHRQPGATSYDHDSSAGAGTCAYVIDTGVEASHPEFEGRASQIKSPINGQNSDG
 LETLRNHPEVDYIEQDAVVKINSYVSSQCAPWGLGRI SHKARGSTTYRYDSSAGAGTCVYVIDTGVDAAHPDFEGRATLLRSPFVSGQNTDG
 LEALRNHPDVEYIEQDAIVKINAYVSTGAPWGLGRI SHKARGSTTYRYDSSAGAGTCVYVIDTGVDATHPEFEGRATLLRSPFVSGQNTDG
 LEALRNHPDVEYIEQDAIVKVNAPVQQTGAPWGLGRI SHKARGSTTYRYDSSAGAGTCAYVIDTGVDATHPEFEGRATPLKTYVSGQNTDG

183

Beauveria bassiana ARSEF 252
 Beauveria bassiana ARSEF 2860
 Beauveria brongniartii_1019
 Claviceps purpurea_20.1
 Engyodontium album ATCC 22563
 Engyodontium album ATCC 22563_1
 Epichloe festucae F11
 Fusarium sp. S-19-5
 Hirsutella minnesotensis CBS115627
 Hirsutella rhossiliensis_OWVT-1
 Lecanicillium psalliotae_YMF1.00112
 Metacordyceps chlamydosporia_123
 Metarhizium acridum_CQMa_102
 Metarhizium album ARSEF 1941
 Metarhizium anisopliae ARSEF 549
 Metarhizium anisopliae E6
 Metarhizium brunneum ARSEF 3297
 Metarhizium guizhouense ARSEF 977
 Metarhizium lepidiotae CG648
 Metarhizium majus ARSEF 297
 Metarhizium robertsii ARSEF 23
 Ophiocordyceps sinensis CO18
 Ophiocordyceps sinensis CS2
 Pochonia chlamydosporia_var. catenulata
 Pochonia rubescens CBS 464.88
 Purpureocillium lilacinum_IPC
 Tolypocladium inflatum
 Trichoderma koningii_SMF2
 Trichoderma reesei_QM6a
 Trichoderma virens_Gv29-8

HGHGTHCAGTTIGSKSYGVAKKASILGVKVLDDSGSGSLSGVIAGMDFVATDRKSRP-CRKGTVASMSLGGGYSTVNQAAAALKASGVFLVA
 HGHGTHCAGTTIGSKTYGVAKKASIFGVKVLDDSGSGSLSGVIAGMDFVATDRKSRP-CSKGTIVASMSLGGGYSATVNQAAAALQASGVFVA
 HGHGTHCAGTTIGSKTYGVAKKVSIFGVKVLDDSGSGSLSGVIAGMDYVAQDRRTRSECTKGAIASMSLGGGYSAAVNKAAANLQASGVFVA
 NGHGTTCAGTTIGSKTYGVSKKVKLYGVKVLNDAGSGPYSATAGMDFVAQDSRTRA-CPKGAIASMSLGGYSAAVNQAAAALVRSGVFLA
 NGHGTTCAGTTIGSRTYGVAKKTOIFGVKVLNDGSGQYSTIISGMDFVANDYRNRN-CPNGVVASMSLGGGYSSVNSAAAALQOSGVMVVA
 NGHGTTCAGTVGSRTYGVAKKTOIFGVKVLDDNGSGQYSTIISGMDFVASDKNNRN-CPKGVVASLSLGGGYSSVNSAAAALQSSGVMVVA
 NGHGTTCAGTTIGSKSYGVAKKTKLYGVKVLNNGSGSAYSAIAGMEYVANDYPSRG-CPAGAIASMSLGGGYAASVNRAAAALVRSGVFLA
 NGHGTTCAGTTIGSKTYGVAKKVSIFGVKVLDDNGSGLSNVAGMDFVASDYRSRN-CPRGVVASMSLGGGYSATVNQAAAALQSSGVFVA
 NGHGTTCAGTTIGSRTYGVAKKTKIYGVKVLSDGSGSTSAIAGMDFAVQDSRKRS-CPKGVVANMSLGGGYSAALNNAAKKMITQGVFLA
 HGHGTHCAGTTIGSKTYGVAKKTKIYGVKVLSDGSGSAYSAIAGMDFAVQDSRKRS-CPKGVVANMSLGGGFSAAINNAASMIKRSGVFLA
 HGHGTHCAGTTIGSKTWVAKKVSIFGVKVLDDSGSGLSNVAGMDFVASDRQSRN-CPRRTVASMSLGGGYSAALNQAALRLQSSGVFVA
 HGHGTHCAGTVGSKTYGVAKKAKLLAVKVLDDAGSGSYAGVIAAGMEFVSQDYKTRG-CPNGAIASMSLGGPFSASVNQAAAAMVSSGVFLS
 HGHGTHCAGTTIGSRSYGVAKKAKLFAVKVLDDGSGSYSGIISGMDFVAQDSKTRN-CPNGHIASMSLGGGYASAVNQAAAALVRSGVFLA
 HGHGTHCAGTTIGSRDYGVSKTKLFAVKVLDDGSGSYSGILSGMDYVAQDSKTRD-CPNGHFASMSLGGGYASAVNKGAALGLVSSGVFLA
 HGHGTHCAGTTIGSKSYGVAKKAKLYGVKVLDDGSGSYSGIISGMDYVAQDSKTRG-CPKGAIASMSLGGGYASAVNQAAAALVNSGVFLA
 HGHGTHCAGTTIGSKSYGVAKKAKLYGVKVLDDGSGSYSGIISGMDYVAQDSKTRG-CPKGAIASMSLGGGYASAVNQAAAALVNSGVFLA
 HGHGTHCAGTTIGSKSYGVAKKAKLYGVKVLDDGSGSYSGIISGMDYVAQDSKTRG-CPKGAIASMSLGGGYASAVNQAAAALVNSGVFLA
 HGHGTHCAGTTIGSKSYGVAKKAKLYGVKVLDDGSGSYSGIISGMDYVAQDSKTRG-CPKGAIASMSLGGGYASAVNQAAAALVNSGVFLA
 HGHGTHCAGTTIGSKSYGVAKKAKLYGVKVLDDGSGSYSGIISGMDYVAQDSKTRG-CPKGAIASMSLGGGYASAVNQAAAALVNSGVFLA
 HGHGTHCAGTTIGSKSYGVAKKAKLYGVKVLDDGSGSYSGIISGMDYVAQDSKTRG-CPKGAIASMSLGGGYASAVNQAAAALVNSGVFLA
 HGHGTHCAGTTIGSKSYGVAKKAKLYGVKVLDDGSGSYSGIISGMDYVAQDSKTRG-CPKGAIASMSLGGGYASAVNQAAAALVNSGVFLA
 HGHGTHCAGTTIGSKTYGVAKKAKLYGVKVLDDGSGSYSGIISGMDYVAQDSKTRG-CPNGAIASMSLGGGYASAVNQAAAALVNSGVFLA
 HGHGTHCAGTTIGSKSYGVAKKAKLYGVKVLDDGSGSYSGIISGMDYVAQDSKTRG-CPKGFASMSLGGGYSAAVNQAAAALVSSGVFLA
 NGHGTTCAGTTIGSKTYGVAKKTKIYGVKVLDDGSGSYSGIISGMDFVAQDSKTRG-CPKGVANMSLGGGKQOSVNDGAAAMIRAGVFLA
 NGHGTTHVSGTTIGSKSYGIAKKTIKLYGVKVLDDGSGSFSIIAGMDFVAKDAKTRG-CPKGVANMSLGGGYAASVNQAAAALVNSGVFLG
 NGHGTTHVSGTTIGSRTYGVAKKTOIYGLKVLDDGSGSFSITVIAGMDYVAQDSQTRN-CPNGSVANMSLGGGYTASVNQAAAALIQAGVFLA
 NGHGTTHVSGTTIGSRTYGVAKKTOIYGVKVLDDGSGSFSITVIAGMDYVAQDSQTRN-CPNGSVANMSLGGGYTASVNQAAAALIQAGVFLA
 NGHGTTHVSGTTIGSRSYGVAKKTOIFGVKVLDDGSGSFTFANVIAAGMDFVASDKTRN-CPNGSVANMSLGGGYSAVNEAAAALIAADVFLA

274

Beauveria bassiana ARSEF 252
 Beauveria bassiana ARSEF 2860
 Beauveria brongniartii_1019
 Claviceps purpurea_20.1
 Engyodontium album ATCC_22563
 Engyodontium album ATCC_22563_1
 Epichloe festucae_F11
 Fusarium sp._S-19-5
 Hirsutella minnesotensis CBS115627
 Hirsutella rhossiliensis_OWVT-1
 Lecanicillium psalliotae_YMF1.00112
 Metacordyceps chlamydosporia_123
 Metarhizium acridum_CQMa_102
 Metarhizium album_ARSEF_1941
 Metarhizium anisopliae_ARSEF_549
 Metarhizium anisopliae_E6
 Metarhizium brunneum_ARSEF_3297
 Metarhizium guizhouense_ARSEF_977
 Metarhizium lepidiotae_CG648
 Metarhizium majus_ARSEF_297
 Metarhizium robertsii_ARSEF_23
 Ophiocordyceps sinensis_CO18
 Ophiocordyceps sinensis_CS2
 Pochonia chlamydosporia_var._catenulata
 Pochonia rubescens_CBS_464.88
 Purpureocillium lilacinum_IPC
 Tolypocladium inflatum
 Trichoderma koningii_SMF2
 Trichoderma reesei_QM6a
 Trichoderma virens_Gv29-8

VAAGNENKDAAQISPASEPSVCTVGATDSSDRRSSFNSYGRVVDIFAPGTCILSTWIGG---GINTISGTSMAIPPELRDPLDIVALR
 VAAGNDNRDAAQISPASEPSVCTVGATDSSDRRSTFSNFKAVDIPAPGTCILSTWNNNG---GTNTISGTSMATP-----HIAGL
 VAAGNDNRDAANTS PASEPSVCTVGATDSSDRRSSFNSYGVLDIPAPGTCILSTWING---GTNTISGTSMATP-----HIAGL
 VAAGNNNRDAGNTS PASEATACTVGATDINDNRSTFSNFRVVDIFAPGTDILSTWIGG---TTRISGTSMATP-----HIAGL
 VAAGNNNADARNYS PASESSICTVGATDRYDRRSSFNSYGSVLDIPAPGTDILSTWIGG---STRISGTSMATP-----HVAGL
 VAAGNNNADARNYS PASEPSVCTVGASDRYDRRSSFNSYGSVLDIFGPGTSLSTWIGG---STRISGTSMATP-----HVAGL
 VAAGNENRDAQNTS PASEATACTVGATDINDNRSSFNSYGRVVDIFAPGTMILSTWIANFI PPWDQRSISGTSMATP-----HVAGL
 VAAGNDNRDAANTS PASEPSVCTVGATDSSDRRSSFNSYGRALDIPAPGTDITSTWIGG---RINTISGTSMATP-----HIAGL
 VAAGNSNTDAASFS PASEPTVCTVGASDSSDRRSSFNSYGSVLDTPAPGTSVTLWIGG---RINTISGTSMASP-----HIAGL
 VAAGNDNTDASGSS PASEPTVCTVGASTISDQRSSFNSYGSVVDIPAPGSDILSTWIGG---RINTISGTSMATP-----HIAGL
 VAAGNDNRDAANTS PASEPTVCTVGATDSDNDVSTFSNYGRVVDIPAPGTSITSTWIGG---RINTISGTSMATP-----HIAGL
 VAAGNDGADAAAYS PASEPSACTVGATTSDDARSSFNSFGKLVLDIPAPGSAIILSTWING---GTRISGTSMATP-----HVAGL
 VAAGNDNRDAQNTS PASEPTACTVGATASDDSRSTFSNYGRVVDIPAPGTCILSTWING---RINTISGTSMATP-----HIAGL
 VAAGNDNRDAKNTS PASEPTVCTVGATASDDNRSTFSNYGVVDIPAPGTCILSTWIGG---QTNTISGTSMATP-----HIAGL
 VAAGNDNRDAQNTS PASEPSACTVGATDSSDRRSSFNSFRVVDIPAPGTCVLSSTWIGG---STNTISGTSMATP-----HIAGL
 VAAGNDNRDAQNTS PASEPSACTVGATDSSDRRSSFNSFRVVDIPAPGTCVLSSTWIGG---STNTISGTSMATP-----HIAGL
 VAAGNDNRDAQNTS PASEPSACTVGATDSDNDNRSSFNSYGVVDIPAPGTCVLSSTWIGG---STNTISGTSMATP-----HIAGL
 VAAGNDNRDAQNTS PASEPTACTVGATDSSDRRSSFNSFRVVDIPAPGTCVLSSTWIGG---STNTISGTSMATP-----HIAGL
 VAAGNDNRDAQNTS PASEPSACTVGATDSDNDNRSSFNSYGRVVDIPAPGSDNVLSTWING---GTNSISGTSMATP-----HIAGL
 VAAGNDNRDAQNTS PASEPSACTVGASAEENDSRSSFNSYGRVVDIPAPGSDNVLSTWIGG---RINTISGTSMATP-----HIAGL
 VAAGNDNTDAASFS PASEPTVCTVGASTSSDQSSFNSYGEVVDIPAPGSDILSTWIGG---RTV-----HIAGL
 VAAGNDNTDASGYS PASEPTACTVGASTVSDARSSFNSYGGPVRI PAPGSDVLSTWIGG---GTNSISGTSMATP-----HIAGL
 VAAGNDGADAAAFS PASEPTACTVGATTSADTRSSFNSFGKLVVDIPAPGSAIILSTWING---GTRISGTSMATP-----HVAGL
 VAAGNDNRDAQNTS PASEPSACTVGATASNDARSSFNSYGRVVDIPAPGTCVLSSTWIGG---STNTISGTSMATP-----HIAGL
 VAAGNDNANAANYS PASEPTVCTVGATTSDDARSSFNSYGSVLDIPAPGSDNVLSTWIGG---TNTISGTSMATP-----HIVGL
 VAAGNSNTDASGTS PASETSACTVGATDRDNDNRSSFNSYGSVVDIFGPGSDILSTWIGG---RINTISGTSMATP-----HIVGL
 VAAGNDGVDARNTS PASEPSVCTVGASTSSDARASFSNYGSVVDIPAPGQDILSTWPNR---QTNAISGTSMATP-----HIVGL
 VAAGNDGVDARNTS PASEPTVCTVGASTSSDARASFSNYGSVVDIPAPGQDILSTWPNR---QTNTISGTSMATP-----HIVGL
 VAAGNDGTDRARNTS PASEPTVCTVGATTSADARASFSNYGSVVDIPAPGQDILSTWPSG---RINTISGTSMATP-----HIVGL

365

Beauveria bassiana ARSEF 252	FRRPRENELSTILSRG	-----
Beauveria bassiana ARSEF 2860	GAYLLAL-GKGTAGNLCQTIQTLSTKNVLTGVPSTVNYLAFNG	--AT-
Beauveria brongniartii_1019	GAYLWVL-GKGTAGNLCRVIQDLSTKNVLTGVPSTVNYLAFNG	--AT-
Claviceps purpurea_20.1	AAFYALEGRSSPVALCORMQSLSTKNVIRNVPACTVNYLAYNG	NGQ--
Engyodontium album ATCC_22563	AAYLMTL-GRATASNACRYIAQTANQDLSNITSEFTVNLAYNNY	--QG-
Engyodontium album ATCC_22563_1	AAYLMTL-GKTTAASACRYIADTANKGDLNIPFETVNLAYNNY	--QA-
Epichloe festucae_F11	AAYSALEGSSNPALCGRIQSLSTKNVAISNIPSTVNYLAYNG	NGQ--
Fusarium sp. S-19-5	GAYLLAL-EGGSASTICARIQTLSTKNVAISGVPSTVNYLAFNN	--AT-
Hirsutella minnesotensis CBS115627	AAYLGLLEGRSEPAALCSRIQSLATRDVLTGTPSGTANLLAYNG	AGEE-
Hirsutella rhossiliensis_OWVT-1	GAYLAGLEGFSDPAALCSRIQELATSDVLTDDIPDGTVNLKLAENG	ASQ--
Lecanicillium psalliotae_YMF1.00112	AAYLFGLE-EGGSAGAMCGRIQTLSTKNVLTSLIPSTVNYLAFNG	--AT-
Metacordyceps chlamydosporia_123	AAYLNALQGVVSPAALCKKIQDTATKNAITGVPASTVNFAYNG	--A-
Metarhizium acridum_CQMa_102	AAYFSALSGKTSPPALCCKIQTSTKNVIRNVPACTVNFAYNG	NGA--
Metarhizium album_ARSEF_1941	AAYSGLKGRSNPEDLCKTIQDTSTKKAIRNVPSGTVNYLAYNG	NGA--
Metarhizium anisopliae_ARSEF_549	AAYSALQGGKTPAALCKKIQDTATKNAITGVPSTVNYLAYNG	NGA--
Metarhizium anisopliae_E6	AAYSALQGGKTPAALCKKIQDTATKNAITGVPSTVNYLAYNG	NGA--
Metarhizium brunneum_ARSEF_3297	AAYSALQGGKTPAALCKKIQDTATKNAITGVPSTVNYLAYNG	NGA--
Metarhizium guizhouense_ARSEF_977	AAYSALQGGKTPAALCKKIQDTATKNVLSGVPSTVNLAYNG	NGA--
Metarhizium lepidiotae_CG648	AAYLNALNGKTPAALCCKIQLSTKNVIRNVPACTVNYLAYNG	NGA--
Metarhizium majus_ARSEF_297	AAYSALQGGKTSPPALCCKIQDTATKNVLSGVPSTVNLAYNG	NGA--
Metarhizium robertsii_ARSEF_23	AAYSALQGGKTPAALCKKIQDTATKNVLTGVPSTVNYLAYNG	--A-
Ophiocordyceps sinensis_CO18	-----	-----
Ophiocordyceps sinensis_CS2	GAYLASLEGI TGAALCSRIQVLATRDVLTDDIPAGTVNYLAFNG	NPQG-
Pochonia chlamydosporia_var. catenulata	AAYLNALQGVVSPAALCKKIQDTATKNVLTGVPASTVNFAYNG	--V-
Pochonia rubescens CBS_464.88	AAYSALQGGKTSPPALCCKIQTSTKNVITGMPSTVNYLAYNG	NGS--
Purpureocillium lilacinum_IPC	GAYLAGLEGFPGAALCKRIQTLSTKNVLTGIPSTVNYLAFNG	NPSG-
Tolyposcladium inflatum	AAIYGGLEGR TG-GAVCNRLQELATRNVAIRGVPSTKNLLAFNG	NPSG-
Trichoderma kōningii_SMF2	GAYLAGLEGFSDPAALCARIQSLANRNLLSGIPSTINAIAFNG	NPSG-
Trichoderma reesei_QM6a	GAYLAGLEGFSDPAALCARIQSLANRNLLSGIPSTINAIAFNG	NPSG-
Trichoderma virens_Gv29-8	GAYLLSLEGHIAQAALCSRIQSLAGKSLLSGTPSGTINAVAFNG	NPSG-

APÊNDICE 10: ALINHAMENTO PR1B

Beauveria_bassiana_ARSEF_2860	1	M	SVLAGLAIAAELQSTV	APLFRPAGET
Cordyceps_confragosa_nostrain				
Eutypa_lata_UCREL1		M	HAALLLSLLPLA	LAVPAKRAQLAPLLKPRAPA
Metarhizium_acridum_ARSEF_324		M	RGFILFSLLSVVTTGSSVGRDNLAPLFKSKTSV	
Metarhizium_acridum_CQMa_I02		M	MNDQTSDTISKPRRGRIPDAEGAELVNMPKLEGTIPSPITPOKROGVFAM	RGFILFSLLSVVTTGSSVGRDNLAPLFKSKTSV
Metarhizium_album_ARSEF_1941		M	MVCSETEAVFPQVMR	VSVLFSLLSVATPALGVRHKLAPLPAQRNSV
Metarhizium_anisopliae_ARSEF_2575_1		M	RGFILFSLLSMAAVDARL	GPDNLAPLFKSKDSV
Metarhizium_anisopliae_ARSEF_549		M	RGILFSLLSVAAADANIG	ODNLAPLFKSKDSV
Metarhizium_anisopliae_ARSEF_820		M	RGFILFSLLSVATTDANIG	ODNLAPLFKSKDSV
Metarhizium_anisopliae_E6		M	RGILFSLLSVAAADANIG	ODNLAPLFKSKDSV
Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297		M	RGFILFSLLSVATTDANIG	ODNLAPLFKSKDSV
Metarhizium_guizhouense_ARSEF_977		M		MAADANIGODNLAPLFKSKNLV
Metarhizium_majus_ARSEF_297		M	RGFILFSLLSVA	TDANFGQDSLAPLFKSKNSI
Metarhizium_robertsii_ARSEF_23		M	RGFILFSLLSMAAVDANIG	ODNLAPLFKSKDSV
Metarhizium_robertsii_ARSEF_23_1		M		MAAVDANIGODNLAPLFKSKDSV
Sarocladium_strictum_SS71		M	RLSLVLLALLPVA	FGAPTRRDEPAPLHVPRD-V
Beauveria_bassiana_ARSEF_2860	96	I	PGRYIVKIKSDGHLRTASESVL	KHVAAAEHVYENMPFGFAASLDKAEALFLRLSPSVEYIEHDMTVKPPSYIDQPNAGWNLGRISHRLP
Cordyceps_confragosa_nostrain		K	EGTATGSPDDAVGALSEAAEF	KYGVKPGFAGTIGADDLERLRSHPDVEYVEQDAVVSINEYVTSQDAPWGLGRISHREA
Eutypa_lata_UCREL1		E	LIADKVIIVKFK	EGTVSASVEDAVSILAEGADYNYCTIVKGFAGTLDSALDLLRAHPDVEFIEQDAVVSINEYVTEQDAPWGLGRISHTEP
Metarhizium_acridum_ARSEF_324		P	DSYIIVKFK	DGISTSPFESTLAPPTDNSHHVYEAPKGFSAITLDTAAIRHLRRHPD-ELIEQDAIPTINGFVEQKAPWNLARISRRKR
Metarhizium_acridum_CQMa_I02		P	DSYIIVKFK	DGNSSTSPFESTLAPPTDNSHHVYEAPKGFSAITLDTAAIRHLRRHPDVEFIEQDAIPTINGFVEQKAPWNLARISRRKR
Metarhizium_album_ARSEF_1941		P	DSYIIVKFK	DGISTSPDSTLASFTDNSHHVYDAVPKGFSAITLDSVAIRNLRHPDVEFIEQDAIPTINGFVEQKAPWNLARISRRKR
Metarhizium_anisopliae_ARSEF_2575_1		P	DSYIIVKFK	DGISTSPDSTLASFTDNSHHVYDAVPKGFSAITLDSVAIRNLRHPD-EPFIEQDAIPTINGFVEQKAPWNLARISHRQR
Metarhizium_anisopliae_ARSEF_549		P	DSYIIVKFK	DGISTSPDSTLASFTDNSHHVYDAVPKGFSAITLDSVAIRNLRHPDVEFIEQDAIPTINGFVEQKAPWNLARISHRQR
Metarhizium_anisopliae_ARSEF_820		P	DSYIIVKFK	DGISTSPDSTLASFTDNSHHVYDAVPKGFSAITLDSVAIRNLRHPD-EPFIEQDAIPTINGFVEQKAPWNLARISHRQR
Metarhizium_anisopliae_E6		P	DSYIIVKFK	DGISTSPDSTLASFTDNSHHVYDAVPKGFSAITLDSVAIRNLRHPDVEFIEQDAIPTINGFVEQKAPWNLARISHRQR
Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297		P	DSYIIVKFK	DGISTSPDSTLASFTDNSHHVYDAVPKGFSAITLDSVAIRNLRHPDVEFIEQDAIPTINGFVEQKAPWNLARISHRQR
Metarhizium_guizhouense_ARSEF_977		P	DSYIIVKFK	DGISTSPDSTLASFTDNSHHVYDAVPKGFSAITLDSVAIRNLRHPDVEFIEQDAIPTINGFVEQKAPWNLARISHRQR
Metarhizium_majus_ARSEF_297		S	DSYIIVKFK	DGISTSPDSTLASFTDNSHHVYDAVPKGFSAITLDSVAIRNLRHPDVEFIEQDAIPTINGFVEQKAPWNLARISHRQR
Metarhizium_robertsii_ARSEF_23		P	DSYIIVKFK	DGISTSPDSTLASFTDNSHHVYDAVPKGFSAITLDSVAIRNLRHPDVEFIEQDAIPTINGFVEQKAPWNLARISHRQR
Metarhizium_robertsii_ARSEF_23_1		P	DSYIIVKFK	DGISTSPDSTLASFTDNSHHVYDAVPKGFSAITLDSVAIRNLRHPDVEFIEQDAIPTINGFVEQKAPWNLARISHRQR
Sarocladium_strictum_SS71		D	SLIKDTYIVKFK	DIAPSAVDEGLKLLSGKPKHIYKGFAGKIDAKTELELLDDPSVDFIEQDAIVTLAAVYTOASAPWGLARISTRQR

APÊNDICE 11: ALINHAMENTO PR1G

Metarhizium_acridum_CQMa_102	1	MHPTLSLLLSILPLTLASPTRKRSEAPALIIPRGEAFTLVPEYIVKLLKQDSAKAALDDAIKIIPGDADQVFDSPFKGFTGRLDSPTLDAMRAHPD-
Metarhizium_album_ARSEF_1941		MHLQLSLLSMLPLVLAIPAKRSEAPALLVPRGEAFTLVPEYIVKLLKGSASAALDDAIKIIPGDANHVFEIIFRGTGKLDSSSTLEALRSHPDV
Metarhizium_anisopliae_E6		MHPTLSLLFSILPLTLASPTRKRSEAPALIIPRGEAFTLVPEYIVKLLKGGCAKALDDAMKIMPGDADQVFDSPFKGFTGRLDSSSLDALRDNPDV
Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297		MHPTLSLLFSILPLTLASPTRKRSEAPALIIPRGEAFTLVPEYIVKLLKGGCAKALDDAMKIMPGDADQVFDSPFKGFTGRLDSSSLDALRDNPDV
Metarhizium_guizhouense_ARSEF_977		MHPTLSLLLSILPLTLASPTRKRSEAPALIIPRGEAFTLVPEYIVKLLKGGCAKALDDAMKIMPGDADQVFDSPFKGFTGRLDSSTLDALRANPDV
Metarhizium_majus_ARSEF_297		MHPTLSLLLSILPLTLASPTRKRSEAPALIIPRGEAFTLVPEYIVKLLKGGCAKALDDAMKIMPGDADQVFDSPFKGFTGRLDSSTLDALRANPDV
Metarhizium_robertsii_ARSEF_23		MHPTLSLLFSILPLTLASPTRKRSEAPALIIPRGEAFTLVPEYIVKLLKGGCAKALDDAMKIMPGDADQVFDSPFKGFTGRLDSSSLDALRDNPDV
Metarhizium_acridum_CQMa_102	98	-----NAYPEAYGGATQOOAPWNPRLSHRRPVASDYIPDESAGEGTCAYYVDSGLYAAHP-FEGRAOPLGTFIGDHNCLHGTHVAGTIIGGROVG
Metarhizium_album_ARSEF_1941		DYVEQNAFYEAFAVTSQAPWGLARLSHLOPGSGDYVYDSSAGEGTCAYYVDSGLYAAHPDFEGRAEPLGSPIGDYNDNCLHGTHVAGTIGSRTFG
Metarhizium_anisopliae_E6		DYVEQNAFYEAAYVTTQOOAPWGLARLSHRRPGASDYIYDESAGEGTCAYYVDSGLYAAHPFEGRAHFLGTFVGDQNDNCLHGTHVAGTIIGGROVG
Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297		DYVEQNAFYEAAYVTTQOOAPWGLARLSHRRPGASDYIYDESAGEGTCAYYVDSGLDAAHPFEGRAHFLGTFVGDQNDNCLHGTHVAGTIIGGROVG
Metarhizium_guizhouense_ARSEF_977		DYVEQNAFYEAAYVTTQOOAPWGLARLSHRRPGASDYIYDESAGEGTCAYYVDSGLYAAHPFEGRAHFLGTFVGDQNDNCLHGTHVAGTIIGGROVG
Metarhizium_majus_ARSEF_297		DYVEQNAFYEAAYVTTQOOAPWGLARLSHRRPGASDYIYDESAGEGTCAYYVDSGLYAAHPFEGRAHFLGTFVGDQNDNCLHGTHVAGTIIGGROVG
Metarhizium_robertsii_ARSEF_23		DYVEQNAFYEAAYVTTQOOAPWGLARLSHRRPGASDYIYDESAGEGTCAYYVDSGLYAAHPFEGRAHFLGTFVGDQNDNCLHGTHVAGTIIGGROVG
Metarhizium_acridum_CQMa_102	195	VAKKTAIYGIKVLDMNREEK-CGADTSVIVAGMEHVARDAAQRHCPN-----ASSSTSA-----WGAAGRS
Metarhizium_album_ARSEF_1941		VAKKTSIYGIKVLEYSAEARTCGSDNSIIMAGMEHVARDAAQRSCPNGVVVNLISLGGGWSQASINDAAAALVRRGFFVAVAAAGNDQNHNPMDAAASVS
Metarhizium_anisopliae_E6		VAKKTTIYGIKVLDMNREEK-CGADTSVIIAGIEHVARDAAERHCPNGVVVNLISLGGGWSQAMNEAAAALVRRGFFVAVAAAGNDQNHNPMDAAASVS
Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297		VAKKTTIYGIKVLDMNREEK-CGADTSVIIAGIEHVARDAAERHCPNGVVVNLISLGGGWSQAMNEAAAALVRRGFFVAVAAAGNDQNHNPMDAAASVS
Metarhizium_guizhouense_ARSEF_977		VAKKTTIYGIKVLDMNREEK-CGADTSVIIAGIEHVARDAAERHCPNGVVVNLISLGGGWSQAMNEAAAALVRRGFFVAVAAAGNDQNHNPMDAAASVS
Metarhizium_majus_ARSEF_297		VAKKTTIYGIKVLDMNREEK-CGADTSVIIAGIEHVARDAAERHCPNGVVVNLISLGGGWSQAMNEAAAALVRRGFFVAVAAAGNDQNHNPMDAAASVS
Metarhizium_robertsii_ARSEF_23		VAKKTTIYGIKVLDMNREEK-CGADTSVIIAGIEHVARDAAERHCPNGVVVNLISLGGGWSQAMNEAAAALVRRGFFVAVAAAGNDQNHNPMDAAASVS
Metarhizium_acridum_CQMa_102	292	PSTRPP-----RRWAIKTTIPWTRPPSPKPARDSNYGGVVDIQAPGVDVVSARAGGGYITMSGTSMAAPHVAGLGAYLLGLRKAASASNLCSYL
Metarhizium_album_ARSEF_1941		PASEPSVCTVGSVDSR-----DRTPARDSNYGDLVDIHAFPGVDVVSIRVGGYLAMSGTSMATPHITGLGAYFLGLGVASASDMCSFL
Metarhizium_anisopliae_E6		PASEPSVCTVGSVDSR-----DRTPARDSNYGDVVDVQAPGVEVVSARAGGGYITMSGTSMAAPHVAGLGAYLLGLRKAASASNLCSYL
Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297		PASEPSVCTVGSVDSR-----DRTPARDSNYGDVVDVQAPGVEVVSARAGGGYITMSGTSMAAPHVAGLGAYLLGLRKAASASNLCSYL
Metarhizium_guizhouense_ARSEF_977		PASEPSVCTVGSVDSR-----DRTPARDSNYGDVVDVQAPGVEVVSARAGGGYITMSGTSMAAPHVAGLGAYLLGLRKAASASNLCSYL
Metarhizium_majus_ARSEF_297		PASEPSVCTVGSVDSR-----DRTPARDSNYGDVVDVQAPGVEVVSARAGGGYITMSGTSMAAPHVAGLGAYLLGLRKAASASNLCSYL
Metarhizium_robertsii_ARSEF_23		PASEPSVCTVGSVDSR-----DRTPARDSNYGDVVDVQAPGVEVVSARAGGGYITMSGTSMAAPHVAGLGAYLLGLRKAASASNLCSYL
Metarhizium_acridum_CQMa_102	389	QENA-----
Metarhizium_album_ARSEF_1941		QYNALQDYIGNLRGRTKNLLAONGTCAWEQGLRE
Metarhizium_anisopliae_E6		QESALQNSISGLHWGTRNLLVONGVGA-----
Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297		QESALQNSISGLHWGTRNLLVONGVGA-----
Metarhizium_guizhouense_ARSEF_977		QESALQNSISGLHWGTRNLLVONGVGA-----
Metarhizium_majus_ARSEF_297		QESALQNSISGLHWGTRNLLVONGVGA-----
Metarhizium_robertsii_ARSEF_23		QESALQNSISGLHWGTRNLLVONGVGA-----

APÊNDICE 12: ALINHAMENTO PR11

1
 Claviceps_purpurea_20.1 MYSALYLLPLLPFAVAAPS--RPVAAPLLVPRGQIENKYIVKYKATFSTAADAATLKALSADADRVTGTFHGFAGSLNESSLERLRHHPDVEYIE
 Epichloe_festucaae_F11 MRPGLLFLOLLPLALAAPGARRSEEPAPILAPRGAVIENKYIVKYKTFSTIASADHTLKACCSAGADRVYSNI FHGFSGTLNESAI EQLRHHPDVDYIE
 Metarhizium_acridum_CQMa_102 MFPSFLLLNLLPLAIAAP-AKRAEPAPLLVPRGDTTPDKYIVKYRETFSTISSADSI IKAHHAQAEKTYSHVFNFGFAGALNATAIETLRNHPGVDFIE
 Metarhizium_album_ARSEF_1941 MISLPLFLTLLPLAIAAP-AKRAAPAPLLVPRGDAIPDRYIVKYMDSVAISSADSLQAHHAEAEERVPFSHFINGFAGPLNETAVEQLRNHPDVEYLE
 Metarhizium_anisopliae_ARSEF_549 MFSSLLLLNLLPLAIAAP-AKRAEPAPLLVPRGDTTPDKYIVKYKETFDMSSADITIKYEHAKAEKTYSHVFNFGFAGALNATSIE TLRNHPAVDFIE
 Metarhizium_anisopliae_ARSEF_820 MFPSLLLLNLLPLAIAAP-AKRAEPAPLLVPRGDTTPDKYIVKYKETFDFSTADSTTIKEYHAKAEKTYSHIFNGFAGALNATAIETLRNHSVAVDFIE
 Metarhizium_anisopliae_E6 MFSSLLLLNLLPLAIAAP-AKRAEPAPLLVPRGDTTPDKYIVKYKETFDMSSADITIKYEHAKAEKTYSHVFNFGFAGALNATSIE TLRNHPAVDFIE
 Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297 MFPSLLLLNLLPLAIAAP-AKRAEPAPLLVPRGDTTPDKYIVKYKETFDFSTADSTTIKEYHAKAEKTYSHIFNGFAGALNATAIETLRNHSVAVDFIE
 Metarhizium_guizhouense_ARSEF_977 MFPSLLLLNLLPLAIAAP-AKRAEPAPLLVPRGDTTPDKYIVKYKETFDISAADSIIKAHHAQAEKTYSHVFNFGFAGALNATAIETLRNHPDVDYIE
 Metarhizium_majus_ARSEF_297 MFPSLLLLNLLPLAIAAP-AKRAEPAPLLVPRGDTTPDKYIVKYKETFDISAADSIIKAHHAQAEKTYSHVFNFGFAGALNATAIETLRNHPDVDYIE
 Metarhizium_robertsii_ARSEF_23 MFPSLLLLNLLPLAIAAP-AKRAEPAPLLVPRGDTTPDKYIVKYKETFDISAADSIIKEYHAKAEKTYSHVFNFGFAGALNATSIE TLRNHPAVDFIE
 Neotyphodium_lolii_Lp19 MRPGLLFLOLLPLALAAPGARRSEEPAPILAPRGAVIENKYIVKYKTFSTIASADHTLKACCSAGADRVYSNI FHGFSGTLNESAI EQLRHHPDVDYIE

98
 Claviceps_purpurea_20.1 KDAVFTINGFVEQPGAPWGLNRISHHK-KKGG--SYIYDTSAGDGTCAIYIDTGVDDSHPDFQGRAQFVRSFVFGQNSDGHGHGTHVAGTIGSSSYG
 Epichloe_festucaae_F11 KDAIFKMNTEFVEQDAPRGLRRVSHRK-GDIG--GVVYHESAGEGTCYIYIDTGVDDSHPEPEGRAQLVTSFVDGEDADGHGHGTHVAGTIGSSSYG
 Metarhizium_acridum_CQMa_102 NDATVKISAFIEEPGAPWGLSRISHRRPGGSYGSYAYDSSAGEGTCAYVIDTGVDDSHPEPEGRAQLI RSFINGENYDGNHGHGTHVAGTIGSSSYG
 Metarhizium_album_ARSEF_1941 KDAMVKISAPAEQPGGPWGLSRISHRR-GGRD--GYAYDEGAGEGTCAYVIDTGVDDTHPEPEGRAQLI RSPFIEDERSDGNHGHGTHVAGTIGSSSYG
 Metarhizium_anisopliae_ARSEF_549 NDATVKISAFVEQPGAPWGLSRISHRO-RGAS--SYAYDSSAGEGTCAYVIDTGVVEASHPEPEGRAEFVRSFVAGENADGNHGHGTHVAGTIGSKKEFG
 Metarhizium_anisopliae_ARSEF_820 NDATVKISAPAEQSGAPWGLSRISHRR-PGGS--SYAYDSSAGEGTCAYVIDTGVVEASHPEPEERRALFLKSFVAGENS DRNGHGHGTHVAGTIGSKSYG
 Metarhizium_anisopliae_E6 NDATVKISAFVEQPGAPWGLSRISHRO-RGAS--SYAYDSSAGEGTCAYVIDTGVVEASHPEPEGRAEFVRSFVAGENADGNHGHGTHVAGTIGSKKEFG
 Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297 NDATVKISAPAEQSGAPWGLSRISHRR-PGGS--SYAYDSSAGEGTCAYVIDTGVVEASHPEPEERRALFLKSFVAGENS DRNGHGHGTHVAGTIGSKSYG
 Metarhizium_guizhouense_ARSEF_977 NDATVKISAFVEQPGAPWGLSRISHRO-RGGS--SYAYDSSAGEGTCAYVIDTGVVEDTHPEPEGRAKLI RSFVAGENS DRNGHGHGTHVAGTIGSSSYG
 Metarhizium_majus_ARSEF_297 NDATVNISAFVEQPGAPWGLSRISHRO-GGRS--TYAYDSSAGEGTCAYVIDTGVDA THPEPEGRAELVRSFINGENS DRNGHGHGTHVAGTIGSSSYG
 Metarhizium_robertsii_ARSEF_23 NDATVRLISAFVEQPGAPWGLSRISHRO-RGGS--SYAYDSSAGEGTCAYVIDTGVVEASHPEPEGRAEFI RSFVAGENS DRNGHGHGTHVAGTIGSKKYG
 Neotyphodium_lolii_Lp19 KDAIFKMNTEFVEQDAPRGLRRVSHRK-GDIG--GVVYHASAGEGTCYIYIDTGVDDSHPEPEGRAQLVTSFVDGEDADGHGHGTHVAGTIGSSSYG

195
 Claviceps_purpurea_20.1 VAKKTHLLGIKVLSDQGSYGSDDIVAGMDFAVKDSRERRECAKGLANMSLGGGFSQALNDAAAQMI RGGVFLAVAA GNSGQDAADTSPASEPTVCT
 Epichloe_festucaae_F11 IAKKTQLLGIKVLSDQGSYGNNSAI IAGMDFAVQDARQRS-CAKGVLANMSLGGGYSQALNDAAAQMI RSGVFLAVAA GNNRQDASGYSPASEPSVCT
 Metarhizium_acridum_CQMa_102 VAKKTTIYGIKVLSDQGSYGSYGLLAGMDFATQDSRQR-CPKGVVANMSLGGGYSAAINQAAAQMI RSGVFLAVAA GNDANDASNTSPASEPSVCT
 Metarhizium_album_ARSEF_1941 VAKKTSIYGVKVLSDQGSYGSYGLLAGMDFAVHDSRRRS-CPKGVVANMSLGGGYSAAVNHAAANMI RSGVFLAVAA GNDAAASNTSPASEPSVCT
 Metarhizium_anisopliae_ARSEF_549 VAKKTKILGIKVLSDQGSYGSYGLLAGMDFATQDSRERS-CPKGVVANMSLGGGYSAAINQAAAQMI RSGVFLAVAA GNDATDASQTSASEPSVCT
 Metarhizium_anisopliae_ARSEF_820 VAKKTTIIGIKVLSDQGSYGSYGLLAGMDFATQDSRTRS-CPKGVVANMSLGGGYSAAINQAAAQMI RSGVFLAVAA GNDAKDASQTSASEPSVCT
 Metarhizium_anisopliae_E6 VAKKTKILGIKVLSDQGSYGSYGLLAGMDFATQDSRERS-CPKGVVANMSLGGGYSAAINQAAAQMI RSGVFLAVAA GNDATDASQTSASEPSVCT
 Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297 VAKKTTIIGIKVLSDQGSYGSYGLLAGMDFATQDSRTRS-CPKGVVANMSLGGGYSAAINQAAAQMI RSGVFLAVAA GNDAKDASQTSASEPSVCT
 Metarhizium_guizhouense_ARSEF_977 VAKKTTIFGIKVLSDQGSYGSYGLLAGMDFATQDSQGOR-CPKGVVANMSLGGGYSAAINQAAAQMI RSGVFLAVAA GNDARDASNTSPASEPSVCT
 Metarhizium_majus_ARSEF_297 VAKKTTIFGIKVLSDQGSYGSYGLLAGMDFATQDSQGOR-CPKGVVANMSLGGGYSAAINQAAAQMI RSGVFLAVAA GNDARDASNTSPASEPSVCT
 Metarhizium_robertsii_ARSEF_23 VAKKTKILGIKVLSDQGSYGSYGLLAGMDFATQDSRTRS-CPKGVVANMSLGGGYSAAINQAAAQMI RSNVFLAVAA GNDAKDASQTSASEPSVCT
 Neotyphodium_lolii_Lp19 IAKKTQLLGIKVLSDQGSYGNNSAI IAGMDFAVQDARQRS-CAKGVLANMSLGGGYSQALNDAAAQMI RSGVFLAVAA GNNRQDASGYSPASEPSVCT

292

Claviceps purpurea 20.1	VGATDNIIDLASYSNFGKLVVDLAPGTDILSTWPGGNTNTISGTSMATPHIVGLAAYLAGLEGFPGAQALCKRIOSLATPGAISNVPGGTLNLLGFN
Epichloe festucae F11	VGSTDSSDSLSSFSNYGSVVDILAPGSDILSTWPGGSIKILSGTSMATPHIVGLAAYLAGLEGFPGAQALCKRIOSLATPGAISNVPGGTLNLLGFN
Metarhizium acridum CQMa_102	VGATDSLDRLLSSFSNYGAPLDILAPGSDILSTWPGGNTNSISGTSMATPHIVGLAAYLASLEGFPGAQALCERIRSLATPSAIKGVPPGTVNLLAFN
Metarhizium album ARSEF_1941	VGATDISDGLSSFSNYGNVVDILAPGSNILSTWPGKNTNTISGTSMATPHIVGLGAYLASLEGYPPGQALCERIRSLATRDATISGVPPGTVNLLAFN
Metarhizium anisopliae ARSEF_549	VGATDSSDRLLSSFSNYGAVVDILAPGSNILSTWIGGATKISISGTSMATPHIVGLGAYLASLEGFPGAQALCERIRSLAIRNAISNVPPASTVNLLAFN
Metarhizium anisopliae ARSEF_820	VGATDSSDRLLSSFSNYGAAVDILAPGSNILSTWINGATNSISGTSMATPHIVGLGAYLASLEGFPGAQALCERIRSLATKNTISSVPSGTVNLLAFN
Metarhizium anisopliae E6	VGATDSSDRLLSSFSNYGAVVDILAPGSNILSTWIGGATKISISGTSMATPHIVGLGAYLASLEGFPGAQALCERIRSLAIRNAISNVPPASTVNLLAFN
Metarhizium brunneum ARSEF_3297	VGATDSSDRLLSSFSNYGAAVDILAPGSNILSTWINGATNSISGTSMATPHIVGLGAYLASLEGFPGAQALCERIRSLATKNTISSVPSGTVNLLAFN
Metarhizium guizhouense ARSEF_977	VGATDSSDSLSSFSNYGAALDILAPGSNILSTWPGGRTNSISGTSMATPHIVGLGAYLASLEGFPGAQALCERIRSLATRDVINRVPGGTVNLLAFN
Metarhizium majus ARSEF_297	VGATDSSDSLSSFSNYGAAVDILAPGSNILSTWPGGRTNSISGTSMATPHIVGLGAYLASLEGFPGAQALCERIRSLATRDVINRVPGGTVNLLAFN
Metarhizium robertsii ARSEF_23	VGATDSSDRLLSSFSNYGAAVDILAPGSDILSTWIGGIIKISISGTSMATPHIVGLGAYLASLEGFPGAQALCERIRSLAIRNTISGVPPGTVNLLAFN
Neotyphodium lolii Lp19	VGSTDSSDSLSSFSNYGSVVDILAPGSDILSTWPGGSIKILSGTSMATPHIVGLAAYLAGLEGFPGAQALCKRIOSLATPGAISNVPGGTLNLLGFN

389

Claviceps purpurea 20.1	GNPSSG
Epichloe festucae F11	GNPSSG
Metarhizium acridum CQMa_102	GNPSSG
Metarhizium album ARSEF_1941	GNPSSG
Metarhizium anisopliae ARSEF_549	GNPSSG
Metarhizium anisopliae ARSEF_820	GNPSSG
Metarhizium anisopliae E6	GNPSSG
Metarhizium brunneum ARSEF_3297	GNPSSG
Metarhizium guizhouense ARSEF_977	GNPSSG
Metarhizium majus ARSEF_297	GNPSSG
Metarhizium robertsii ARSEF_23	GNPSSG
Neotyphodium lolii Lp19	GNPSSG

APÊNDICE 13: ALINHAMENTO PR1K

	1	
Acremonium chrysogenum C10	MR AATLLALVPL	---ALAAP SAV---KRDAPAPVLA PRDAK---LVFGKYIVKPKD---SVSTAVSSA IQSIAASAD---
Claviceps purpurea 20.1	-----MAAP A---	KRDS PAPVWVPRGVR---LVDGKYIVKMKGDSNVQSISSALSS---IKAHAD---
Colletotrichum gloeosporioides Cg-14	MHPPTLLALLPLT	---ALAAP SA---RRAQPAPLIKPRGMNVKLVDVKYIVRLKPEAEAGAMATAMSA---FAAEADH---
Colletotrichum orbiculare MAFF_240422	MHAATLLALLLPL	---AQAAP E---RRAQPAPLIRPRGAS---LIENKRYIVRLKPGAETGALETAMSV---FAADADH---
Epichloe festucae F11	MKVSALLALLPL	LPVAVAAP T---KRAPAPVWVPRGVC---LVEGKYI IKMKGDSNIQSVNAIISG---IRASAD---
Fusarium fujikuroi IMI 58289	MR SATLLALLPF	---ALAAP SAP---SRAEPAPILRPRGVK---LVDGKYIVKMKKGFOASSIESWVDKMI EYIEADAD---
Fusarium graminearum PH-1	MR SATLLALLPF	---ALAAP SASV---SRTEPAPVIRPRGVK---LVDGKYIVKMKAGVRAASVDSAVS---TIQADAD---
Fusarium oxysporum 26-1	MR SATLLALLPF	---ALAAP ---SRAEPAPILRPRGVK---LVDGKYIVKMKNGFOASSIESWVDKMI DSIEADAD---
Fusarium oxysporum f. sp. cubense race_1	MR SATLLALLPF	---ALAAP ---SRAEPAPILRPRGVK---LVDGKYIVKMKNGFOASSIESWVDKMI ESIEADAD---
Fusarium oxysporum f. sp. cubense race_4	MR SATLLALLPF	---ALAAP ---SRAEPAPILRPRGVK---LVDGKYIVKMKNGFOASSIESWVDKMI ESIEADAD---
Fusarium oxysporum f. sp. lycopersici	MR SATLLALLPF	---ALAAP ---SRAEPAPILRPRGVK---LVDGKYIVKMKNGFOASSIESWVDKMI ESIEADAD---
Fusarium oxysporum f. sp. lycopersici MN25	MR SATLLALLPF	---ALAAP ---SRAEPAPILRPRGVK---LVDGKYIVKMKNGFOASSIESWVDKMI ESIEADAD---
Fusarium oxysporum f. sp. radicis-lycopersici_26381	MR SATLLALLPF	---ALAAP ---SRWEPAPILRPRGVK---LVDGKYIVKMKNGFOASSIESWVDKMI ESIEADAD---
Fusarium oxysporum f. sp. vasinfectum_25433	MR SATLLALLPF	---ALAAP ---SRAEPAPILRPRGVK---LVDGKYIVKMKNGFOASSIESWVDKMI ESIEADAD---
Fusarium verticillioides 7600	MR SATLLALLPF	---ALAAP SAP---SRAEPAPILRPRGVK---LVDGKYIVKMKKGFOASSIESWVDKMI ESIEADAD---
Metarhizium acridum CQMa_102	MKASTLLAILPL	---AMAAP S---KRSFPAPVWVPRDAQ---LVEGKYIVKMKKKAAPSAVSSA ISS---IAADAD---
Metarhizium album ARSEF_1941	MKVS TLLAALPV	---AMAAP A---KRSFPAPVWVPRDAQ---LIEGKYIVKMKTDARLASVPSA ISS---IAADAD---
Metarhizium anisopliae ARSEF_549	MKGSTLLAILPL	---AMAAP A---KRSFPAPVWVPRGAE---LIEGKYI IKMKKA E VSAVSSA ISS---IAAEAD---
Metarhizium anisopliae E6	MKGSTLLAILPL	---AMAAP A---KRSFPAPVWVPRGAE---LIEGKYI IKMKKA E VSAVSSA ISS---IAAEAD---
Metarhizium brunneum ARSEF_3297	MKGSTLLAILPL	---AMAAP A---KRSFPAPVWVPRGAE---LIEGKYI IKMKKA E VSAVSSA ISS---IAAEAD---
Metarhizium guizhouense ARSEF_977	MKGSTLLAVIPL	---AMAAP A---KRSFPAPVWVPRGAE---LIEGKYI IKMKKA E VSAVSSA ISS---IAAEAD---
Metarhizium majus ARSEF_297	MKGSTLLAILPL	---AMAAP A---KRSFPAPVWVPRGAE---LIEGKYI IKMKKA E VSAVSSA ISS---IAAEAD---
Metarhizium robertsii ARSEF_23	MKGSTLLAILPL	---AMAAP A---KRSFPAPVWVPRGAE---LIEGKYI IKMKKA E VSAVSSA ISS---IAAEAD---
Nectria haematococca mpVI_77-13-4	MR ATLLALLLPL	---AFAAP ---SKRAEPAPVLRPRGVC---LVDGKYIVKMKSGVRATSVSSAVS---SIEADAD---
Trichoderma atroviride IMI_206040	-----MAAP S---	RRASPAPVWVPRGAC---VLEGRYIVKMKTEA QVSAVSSALSG---VSA GAS---
Villosiclava virens UV-8b	MKASTLLALLPF	---AAAAP A---KRASPAPVWVPRGAC---LRCGKPIV KMKGDSKLGSAVSAVSA---IKADAD---

80

Acremonium chrysogenum C10
 Claviceps purpurea 20.1
 Colletotrichum gloeosporioides Cg-14
 Colletotrichum orbiculare MAFP_240422
 Epichloe festucae F11
 Fusarium fujikuroi IMI 58289
 Fusarium graminearum PH-1
 Fusarium oxysporum 26-1
 Fusarium oxysporum f. sp. cubense_race_1
 Fusarium oxysporum f. sp. cubense_race_4
 Fusarium oxysporum f. sp. lycopersici
 Fusarium oxysporum f. sp. lycopersici_MN25
 Fusarium oxysporum f. sp. radicis-lycopersici_26381
 Fusarium oxysporum f. sp. vasinfectum_25433
 Fusarium verticillioides 7600
 Metarhizium acridum CQMa_102
 Metarhizium album ARSEF_1941
 Metarhizium anisopliae ARSEF_549
 Metarhizium anisopliae E6
 Metarhizium brunneum ARSEF_3297
 Metarhizium guizhouense ARSEF_977
 Metarhizium majus ARSEF_297
 Metarhizium robertsii ARSEF_23
 Nectria haematococca mpVI 77-13-4
 Trichoderma atroviride IMI_206040
 Villosiclava virens UV-8b

159

Acremonium chrysogenum C10
 Claviceps purpurea 20.1
 Colletotrichum gloeosporioides Cg-14
 Colletotrichum orbiculare MAFP_240422
 Epichloe festucae F11
 Fusarium fujikuroi IMI 58289
 Fusarium graminearum PH-1
 Fusarium oxysporum 26-1
 Fusarium oxysporum f. sp. cubense_race_1
 Fusarium oxysporum f. sp. cubense_race_4
 Fusarium oxysporum f. sp. lycopersici
 Fusarium oxysporum f. sp. lycopersici_MN25
 Fusarium oxysporum f. sp. radicis-lycopersici_26381
 Fusarium oxysporum f. sp. vasinfectum_25433
 Fusarium verticillioides 7600
 Metarhizium acridum CQMa_102
 Metarhizium album ARSEF_1941
 Metarhizium anisopliae ARSEF_549
 Metarhizium anisopliae E6
 Metarhizium brunneum ARSEF_3297
 Metarhizium guizhouense ARSEF_977
 Metarhizium majus ARSEF_297
 Metarhizium robertsii ARSEF_23
 Nectria haematococca mpVI 77-13-4
 Trichoderma atroviride IMI_206040
 Villosiclava virens UV-8b

238

Acremonium chrysogenum C10	EYVADNAG
Claviceps purpurea 20.1	DYVSKKAK
Colletotrichum gloeosporioides Cg-14	DFVAADAA
Colletotrichum orbiculare MAF240422	DFVTDAAA
Epichloe festucae F11	DYVAKEAQ
Fusarium fujikuroi IMI 58289	DFVSGHAK
Fusarium graminearum PH-1	DFVAGHAD
Fusarium oxysporum 26-1	DFVSGHAK
Fusarium oxysporum f. sp. cubense race 1	DFVSGHAK
Fusarium oxysporum f. sp. cubense race 4	DFVSGHAK
Fusarium oxysporum f. sp. lycopersici	DFVSGHAK
Fusarium oxysporum f. sp. lycopersici MN25	DFVSGHAK
Fusarium oxysporum f. sp. radicis-lycopersici 26381	DFVSGHAK
Fusarium oxysporum f. sp. vasinfectum 25433	DFVSGHAK
Fusarium verticillioides 7600	DFVSGHAK
Metarhizium acridum CQMa_102	EFVAQEAQKQOOSKCPKGIIVVNMSLGGGRSSAVNQAAQAISAGLFLAVAAGNDGKDAAGYSPASEQSARTVGSQNSAV
Metarhizium album ARSEF 1941	DYVAKEAK
Metarhizium anisopliae ARSEF 549	EYVAKNAK
Metarhizium anisopliae E6	EYVAKNAK
Metarhizium brunneum ARSEF 3297	EYVTQNAK
Metarhizium guizhouense ARSEF 977	DYVAKNAK
Metarhizium majus ARSEF 297	DYVAKNAK
Metarhizium robertsii ARSEF 23	EYVAKNAK
Nectria haematococca mpVI 77-13-4	DFVAGHAA
Trichoderma atroviride IMI 206040	DYVAKNAK
Villosiclava virens UV-8b	DYVAKEAQ

317

Acremonium chrysogenum C10	S	EDCPNGSVANMSLGGGFSSAINDPADAI	VSAGIFLAVAAGNDGADAADFS	PASAP	SACTVGA
Claviceps purpurea 20.1	N	QHCPKGIIVVNMSLGGSESA	INQAAAAGITKAGLFLAVAAGNDGIDA	SYSSPASAP	SACTVGA
Colletotrichum gloeosporioides Cg-14	G	QGCEKGVVNVNMSLGGQSSNAVNQAAAA	IVKAGHFLAAAAGNEAADA	STSSPGSEES	SVCTVGA
Colletotrichum orbiculare MAF240422	S	RPGCCPRGVVNVNMSLGGRLSTAVNQAAAA	IVGAGHFLAAAAGNEAADA	CTSSPGSEES	SVCTVGA
Epichloe festucae F11	N	QSCPKGSVANMSLGGSKSSAVNEAAA	AGITGAGIFLAVAAGNDGQDASDYS	PASAP	SACTVGA
Fusarium fujikuroi IMI 58289	E	ENCPNGVVNMSLGGETSDAVNQAAKA	IVDAGLFLAVAAGNDGKDAAGSS	PASEES	SACTVGA
Fusarium graminearum PH-1	D	ENCPNGAVVNMSLGGESDAVNQAAKA	IVDAGLFLAVAAGNEAVDASGSS	PASEES	SACTVGA
Fusarium oxysporum 26-1	D	ENCPNGVVNMSLGGETSDAVNQAAKA	IVDAGLFLAVAAGNDGKDAAGSS	PASEES	SACTVGA
Fusarium oxysporum f. sp. cubense race 1	D	ENCPKGVVNMSLGGETSDAVNQAAKA	IVDAGLFLAVAAGNDGKDAAGSS	PASEES	SACTVGA
Fusarium oxysporum f. sp. cubense race 4	D	ENCPKGVVNMSLGGETSDAVNQAAKA	IVDAGLFLAVAAGNDGKDAAGSS	PASEES	SACTVGA
Fusarium oxysporum f. sp. lycopersici	D	ENCPKGVVNMSLGGETSDAVNQAAKA	IVDAGLFLAVAAGNDGKDAAGSS	PASEES	SACTVGA
Fusarium oxysporum f. sp. lycopersici MN25	D	ENCPKGVVNMSLGGETSDAVNQAAKA	IVDAGLFLAVAAGNDGKDAAGSS	PASEES	SACTVGA
Fusarium oxysporum f. sp. radicis-lycopersici 26381	D	ENCPKGVVNMSLGGETSDAVNQAAKA	IVDAGLFLAVAAGNDGKDAAGSS	PASEES	SACTVGA
Fusarium oxysporum f. sp. vasinfectum 25433	D	ENCPKGVVNMSLGGETSDAVNQAAKA	IVDAGLFLAVAAGNDGKDAAGSS	PASEES	SACTVGA
Fusarium verticillioides 7600	D	ENCPNGVVNMSLGGETSDAVNQAAKA	IVDAGLFLAVAAGNDGKDAAGSS	PASEES	SACTVGA
Metarhizium acridum CQMa_102	L	AGMEFVAQEAQKQOOSK	CPKGIIVVNMSLGGGRSSAVNQAAQAISAGLFLAVAAGNDGKDAAGYSPASEQS	ACTVGA	
Metarhizium album ARSEF 1941	N	QTCPKGVVNMSLGGESAAVNDAARK	ITTAGLFLAVAAGNDGEDASAYS	PASEPS	SACTVGA
Metarhizium anisopliae ARSEF 549	S	KPCPKGVVNMSLGGQKSEAVNDAARK	ITGAGLFLAVAAGNDGKDAAGYSPASEES	SACTVGA	
Metarhizium anisopliae E6	S	KPCPKGVVNMSLGGQKSEAVNDAARK	ITGAGLFLAVAAGNDGKDAAGYSPASEES	SACTVGA	
Metarhizium brunneum ARSEF 3297	T	KTCPKGVVNMSLGGTKSEAVNDAARK	ITEAGLFLAVAAGNDGKDAAGYSPASEES	SACTVGA	
Metarhizium guizhouense ARSEF 977	S	KPCPKGVVNMSLGGESAAVNQAAQA	ITGAGLFLAVAAGNDGQDASGYS	PASEPS	SACTVGA
Metarhizium majus ARSEF 297	S	KPCPKGVVNMSLGGESAAVNQAAQA	ITGAGLFLAVAAGNDGQDASGYS	PASEPS	SACTVGA
Metarhizium robertsii ARSEF 23	S	KPCPKGVVNMSLGGQKSEAVNQAAQA	ITKAGLFLAVAAGNDGQDASGYS	PASEES	SACTVGA
Nectria haematococca mpVI 77-13-4	D	ASCPCGVVNMSLGGQFSSAVNNAAK	KSIVDAGLFLAVAAGNDGADA	SDSSPASEPS	SACTVGA
Trichoderma atroviride IMI 206040	S	QHCPKGIIVVNMSLGGIKTDAVNQAA	ISITNAGLFLAAAAGNDALDAADFS	PACVPA	SACTVGA
Villosiclava virens UV-8b	N	QSCPKGVVNMSLGGSKSSAVNRAAAA	ITKAGYFLAVAAGNDGEDASDYS	PASEPS	SACTVGA

396

Acremonium chrysogenum C10
 Claviceps purpurea 20.1
 Colletotrichum gloeosporioides Cg-14
 Colletotrichum orbiculare MAFP_240422
 Epichloe festucae F11
 Fusarium fujikuroi IMI 58289
 Fusarium graminearum PH-1
 Fusarium oxysporum 26-1
 Fusarium oxysporum f. sp. cubense race_1
 Fusarium oxysporum f. sp. cubense race_4
 Fusarium oxysporum f. sp. lycopersici
 Fusarium oxysporum f. sp. lycopersici MN25
 Fusarium oxysporum f. sp. radicis-lycopersici_26381
 Fusarium oxysporum f. sp. vasinfectum_25433
 Fusarium verticillioides 7600
 Metarhizium acridum CQMa_102
 Metarhizium album ARSEF_1941
 Metarhizium anisopliae ARSEF_549
 Metarhizium anisopliae E6
 Metarhizium brunneum ARSEF_3297
 Metarhizium guizhouense ARSEF_977
 Metarhizium majus ARSEF_297
 Metarhizium robertsii ARSEF_23
 Nectria haematococca mpVI 77-13-4
 Trichoderma atroviride IMI_206040
 Villosiclava virens UV-8b

475

Acremonium chrysogenum C10
 Claviceps purpurea 20.1
 Colletotrichum gloeosporioides Cg-14
 Colletotrichum orbiculare MAFP_240422
 Epichloe festucae F11
 Fusarium fujikuroi IMI 58289
 Fusarium graminearum PH-1
 Fusarium oxysporum 26-1
 Fusarium oxysporum f. sp. cubense race_1
 Fusarium oxysporum f. sp. cubense race_4
 Fusarium oxysporum f. sp. lycopersici
 Fusarium oxysporum f. sp. lycopersici MN25
 Fusarium oxysporum f. sp. radicis-lycopersici_26381
 Fusarium oxysporum f. sp. vasinfectum_25433
 Fusarium verticillioides 7600
 Metarhizium acridum CQMa_102
 Metarhizium album ARSEF_1941
 Metarhizium anisopliae ARSEF_549
 Metarhizium anisopliae E6
 Metarhizium brunneum ARSEF_3297
 Metarhizium guizhouense ARSEF_977
 Metarhizium majus ARSEF_297
 Metarhizium robertsii ARSEF_23
 Nectria haematococca mpVI 77-13-4
 Trichoderma atroviride IMI_206040
 Villosiclava virens UV-8b

APÊNDICE 14: ALINHAMENTO SF1

1

(A) Beauveria bassiana_ARSEF_252
 (A) Beauveria bassiana_ARSEF_2860
 (A) Beauveria brongniartii_1019
 (A) Claviceps purpurea_20.1
 (A) Engyodontium album_ATCC_22563
 (A) Engyodontium album_ATCC_22563_1
 (A) Epichloe festucae_F11
 (A) Fusarium_sp._S-19-5
 (A) Hirsutella minnesotensis_CES115627
 (A) Hirsutella rhossiliensis_0MVT-1
 (A) Lecanicillium psalliotae_YMFI.00112
 (A) Metacordyceps chlamydosporia_123
 (A) Metarhizium acridum_CQMa_102
 (A) Metarhizium album_ARSEF_1941
 (A) Metarhizium anisopliae_ARSEF_549
 (A) Metarhizium anisopliae_E6
 (A) Metarhizium brunneum_ARSEF_3297
 (A) Metarhizium guizhouense_ARSEF_977
 (A) Metarhizium lepidiotae_CG648
 (A) Metarhizium majus_ARSEF_297
 (A) Metarhizium robertsii_ARSEF_23
 (A) Ophiocordyceps sinensis_C018
 (A) Ophiocordyceps sinensis_CS2
 (A) Pochonia chlamydosporia_var._catenulata
 (A) Pochonia rubescens_CBS_464_88
 (A) Purpureogillium lilacinum_IPC
 (A) Tolypocladium inflatum
 (A) Trichoderma koningii_SMP2
 (A) Trichoderma reesei_QM6a
 (A) Trichoderma virens_Gv29-8
 (B) Beauveria bassiana_ARSEF_2860
 (B) Cordyceps confragosa
 (B) Eutypa lata_UCREL1
 (B) Metarhizium acridum_ARSEF_324
 (B) Metarhizium acridum_CQMa_102
 (B) Metarhizium album_ARSEF_1941
 (B) Metarhizium anisopliae_ARSEF_2575_1
 (B) Metarhizium anisopliae_ARSEF_549
 (B) Metarhizium anisopliae_ARSEF_820
 (B) Metarhizium anisopliae_E6
 (B) Metarhizium brunneum_ARSEF_3297
 (B) Metarhizium guizhouense_ARSEF_977
 (B) Metarhizium majus_ARSEF_297
 (B) Metarhizium robertsii_ARSEF_23
 (B) Metarhizium robertsii_ARSEF_23_1
 (B) Sarocladium strictum_SS71
 (G) Metarhizium acridum_CQMa_102
 (G) Metarhizium album_ARSEF_1941
 (G) Metarhizium anisopliae_E6
 (G) Metarhizium brunneum_ARSEF_3297
 (G) Metarhizium guizhouense_ARSEF_977
 (G) Metarhizium majus_ARSEF_297
 (G) Metarhizium robertsii_ARSEF_23
 (I) Claviceps purpurea_20.1
 (I) Epichloe festucae_F11
 (I) Metarhizium acridum_CQMa_102
 (I) Metarhizium album_ARSEF_1941
 (I) Metarhizium anisopliae_ARSEF_549
 (I) Metarhizium anisopliae_ARSEF_820
 (I) Metarhizium anisopliae_E6
 (I) Metarhizium brunneum_ARSEF_3297
 (I) Metarhizium guizhouense_ARSEF_977
 (I) Metarhizium majus_ARSEF_297
 (I) Metarhizium robertsii_ARSEF_23
 (I) Neotyphodium lolii_Lp19
 (K) Acremonium chrysogenum_C10
 (K) Claviceps purpurea_20.1
 (K) Colletotrichum gloeosporioides_Cg-14
 (K) Colletotrichum orbiculare_MAPP_240422
 (K) Epichloe festucae_F11
 (K) Fusarium_fujikuroi_IMI_58289
 (K) Fusarium_graminearum_PH-1
 (K) Fusarium_oxysporum_26-1
 (K) Fusarium_oxysporum_f._sp._cubense_race_1
 (K) Fusarium_oxysporum_f._sp._cubense_race_4
 (K) Fusarium_oxysporum_f._sp._lycopersici
 (K) Fusarium_oxysporum_f._sp._lycopersici_MN25
 (K) Fusarium_oxysporum_f._sp._radicis-lycopersici_26381
 (K) Fusarium_oxysporum_f._sp._vasinfectum_25433
 (K) Fusarium_verticillioidea_7600
 (K) Metarhizium acridum_CQMa_102
 (K) Metarhizium album_ARSEF_1941
 (K) Metarhizium anisopliae_ARSEF_549
 (K) Metarhizium anisopliae_E6
 (K) Metarhizium brunneum_ARSEF_3297
 (K) Metarhizium guizhouense_ARSEF_977
 (K) Metarhizium majus_ARSEF_297
 (K) Metarhizium robertsii_ARSEF_23
 (K) Nectria haematococca_mpVI_77-13-4
 (K) Trichoderma atroviride_IMI_206040
 (K) Villosiclava virens_UV-8b

MNDQTSDLISKPRRCHIPDAEGCBLVNMPLKIECTIPSTPKKRCQVFA
 MGCSETEAVF

(A) Beauveria bassiana ARSEF_252	RHPDVEYIEQDAIVSINAV	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	AT	TFDYD
(A) Beauveria bassiana ARSEF_2860	RHPDVEYIEQDAIVSINAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	AT	TFDYD
(A) Beauveria brongniartii 1019	RHPDVEYIEQDAIVSINAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	DT	TFVYD
(A) Claviceps purpurea 20.1	RHPDVEYVEKDALMHINAF	VI	QCAPMGLGRISHRAA	GE	NS	NRYVD
(A) Engyodontium album ATCC_22563	RHPDVEYIEQDAIVNINA	E	QCAPMGLGRISHRAA	GE	TS	TYRYD
(A) Engyodontium album ATCC_22563_1	RHPDVEYIEQDAVVITINA	A	QCAPMGLGRISHRAA	GE	TS	TYRYD
(A) Epicichloe festucae Fl1	RHPDVEYIEKDALMHINAF	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	IS	SYRYD
(A) Fusarium sp_s-19-5	RHPDVEYIEQDAIVSINAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	AYAYD
(A) Hirsutella minnesotensis CES115627	RHPDVEYIEQDAIVSINAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	TS	TYRYD
(A) Hirsutella rhossiliensis OMVT-1	RHPDVEYVEQDSIVTINAL	KQ	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(A) Lecanicillium psalliotae YMP1.00112	RHPDVEYIEQDAIVSINAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	AYAYD
(A) Metacordyceps chlamydosporia_123	RHPDVEYIEQDAIVSINAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(A) Metarhizium acridum CQMa_102	---RVDFPIEKDAVMTANAI	TE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(A) Metarhizium album ARSEF_1941	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	TE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(A) Metarhizium anisopliae ARSEF_549	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	TE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(A) Metarhizium anisopliae B6	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	TE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(A) Metarhizium brunneum ARSEF_3297	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	TE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(A) Metarhizium guizhouense ARSEF_977	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	TE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(A) Metarhizium lepidiotae CG648	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	TE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(A) Metarhizium majus ARSEF_297	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	TE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(A) Metarhizium robertsii ARSEF_23	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	TE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(A) Ophiocordyceps sinensis C018	RHPDVEYVEQDAIVTINAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(A) Ophiocordyceps sinensis CS2	RHPDVEYIEQDAIVTINAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(A) Pochonia chlamydosporia var_catenulata	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(A) Pochonia rubescens CBS_464.88	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(A) Purpureocillium lilacinum IPC	RHPDVEYIEQDAIVTINAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(A) Tolyposcladium inflatum	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(A) Trichoderma koningii SMP2	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(A) Trichoderma reesei QM6a	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(A) Trichoderma virens Gv29-8	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(B) Beauveria bassiana ARSEF_2860	RLSPVSEYIEQDAVMTANAI	TE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(B) Cordyceps confragosa	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(B) Eutypa lata UCREF1	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(B) Metarhizium acridum ARSEF_324	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(B) Metarhizium acridum CQMa_102	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(B) Metarhizium album ARSEF_1941	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(B) Metarhizium anisopliae ARSEF_2575_1	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(B) Metarhizium anisopliae ARSEF_549	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(B) Metarhizium anisopliae ARSEF_820	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(B) Metarhizium anisopliae B6	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(B) Metarhizium brunneum ARSEF_3297	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(B) Metarhizium guizhouense ARSEF_977	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(B) Metarhizium majus ARSEF_297	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(B) Metarhizium robertsii ARSEF_23	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(B) Metarhizium robertsii ARSEF_23_1	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(B) Sarocladium strictum SS71	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(G) Metarhizium acridum CQMa_102	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(G) Metarhizium album ARSEF_1941	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(G) Metarhizium anisopliae B6	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(G) Metarhizium brunneum ARSEF_3297	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(G) Metarhizium guizhouense ARSEF_977	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(G) Metarhizium majus ARSEF_297	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(G) Metarhizium robertsii ARSEF_23	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(I) Claviceps purpurea 20.1	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(I) Epicichloe festucae Fl1	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(I) Metarhizium acridum CQMa_102	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(I) Metarhizium album ARSEF_1941	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(I) Metarhizium anisopliae ARSEF_549	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(I) Metarhizium anisopliae ARSEF_820	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(I) Metarhizium anisopliae B6	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(I) Metarhizium brunneum ARSEF_3297	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(I) Metarhizium guizhouense ARSEF_977	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(I) Metarhizium majus ARSEF_297	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(I) Metarhizium robertsii ARSEF_23	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(I) Neotyphodium lolii Lp19	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(K) Acremonium chrysogenum C10	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(K) Claviceps purpurea 20.1	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(K) Colletotrichum gloeosporioides Cg-14	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(K) Colletotrichum orbiculare MAFF_240422	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(K) Epicichloe festucae Fl1	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(K) Fusarium fujikuroi IMI_59289	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(K) Fusarium graminearum PH-1	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(K) Fusarium oxysporum 26-1	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(K) Fusarium oxysporum f_sp_cubense_race_1	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(K) Fusarium oxysporum f_sp_cubense_race_4	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(K) Fusarium oxysporum f_sp_lycopersici	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(K) Fusarium oxysporum f_sp_lycopersici MN25	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(K) Fusarium oxysporum f_sp_radicalis-lycopersici_26381	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(K) Fusarium oxysporum f_sp_vasinfectum_25433	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(K) Fusarium verticillioides 7600	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(K) Metarhizium acridum CQMa_102	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(K) Metarhizium album ARSEF_1941	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(K) Metarhizium anisopliae ARSEF_549	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(K) Metarhizium anisopliae B6	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(K) Metarhizium brunneum ARSEF_3297	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(K) Metarhizium guizhouense ARSEF_977	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(K) Metarhizium majus ARSEF_297	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(K) Metarhizium robertsii ARSEF_23	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(K) Nectria haematococca mpVI 77-13-4	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(K) Trichoderma atroviride IMI_206040	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD
(K) Villosiclava virens UV-8b	RHPDVEYIEQDAVMTANAI	VE	QCAPMGLGRISHRAA	GE	ST	TYRYD

233

(A) Beauveria bassiana ARSEP_252	SSAGACTCVYVVDTCVDA	SHFNPDGGRAKOIKTFV	GC	DSDDGCHGHTCAGTIGSKSY
(A) Beauveria bassiana ARSEP_2860	SSAGACTCVYVVDTCVY	DSPHPEFEGRAKQIKTFV	GC	ITDDGCHGHTCAGTIGSKTY
(A) Beauveria brongniartii 1019	STRAGOCACVYVVDTCG	VEATHPEFEGRAQVKTFFV	GC	SKDDGCHGHTCAGTIGSKTY
(A) Claviceps purpurea 20.1	SSAGACTCAYIIDTGTG	IEATHPEFEGRATPLKSPF	GC	GNADGCHGHTCAGTIGSKTY
(A) Engyodontium album ATCC_22563	DSAGOCCTCVYVVDTCG	VEASHPEFEGRAQVKTFFV	GC	SRDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(A) Engyodontium album ATCC_22563_1	DSAGOCSCVYVVDTCG	IEASHPEFEGRAQVKTFFV	GC	SRDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(A) Epiclloe festucae Fl1	GSAGACTCAYIIDTGTG	IEASHPEFEGRATPLKSPV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSKSY
(A) Fusarium sp_s-19-5	TTAGOCACAYVIDTGTG	VEDTHPEFEGRAKQIKTFV	GC	ARDGCHGHTCAGTIGSKTY
(A) Hirsutella minnesotensis CES115627	DSAGACTCAYVIDTGTG	VEASHPEFEGRAIMVRSPI	GC	ITDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(A) Hirsutella rhossiliensis OMVT-1	SSAGOCCTCAYVIDTGTG	VEASHPEFEGRAIMVRSPI	GC	ATDDGCHGHTCAGTIGSKTY
(A) Lecanicillium psalliotae YMP1.00112	TSAGACTCAYVIDTGTG	VEDTHPEFEGRAKQIKTFV	GC	ARDGCHGHTCAGTIGSKTY
(A) Metacordyceps chlamydosporia_123	DSAGNACVYVVDTCG	IEATHPEFEGRAIMVRSPI	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSKTY
(A) Metarhizium acridum CQMA_102	DSAGECTCVYIIDTGTG	VEASHPEFEGRAIMVRSPI	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(A) Metarhizium album ARSEP_1941	DSAGECTCVYIIDTGTG	IEATHPEFEGRAIMVRSPI	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(A) Metarhizium anisopliae ARSEP_549	DSAGECTCVYIIDTGTG	IEASHPEFEGRATPLKSPF	GC	ETDDGCHGHTCAGTIGSKSY
(A) Metarhizium anisopliae B6	DSAGECTCVYIIDTGTG	IEASHPEFEGRATPLKSPF	GC	ETDDGCHGHTCAGTIGSKSY
(A) Metarhizium brunneum ARSEP_3297	DSAGECTCVYIIDTGTG	IEASHPEFEGRATPLKSPF	GC	ETDDGCHGHTCAGTIGSKSY
(A) Metarhizium guizhouense ARSEP_977	DSAGECTCVYIIDTGTG	IEASHPEFEGRATPLKSPF	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSKTY
(A) Metarhizium lepidiotae CG648	NSAGECTCVYIIDTGTG	VEASHPEFEGRAIMVRSPI	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSKTY
(A) Metarhizium majus ARSEP_297	DSAGECTCVYIIDTGTG	IEASHPEFEGRATPLKSPF	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSKTY
(A) Metarhizium robertsii ARSEP_23	DSAGOCCTCVYIIDTGTG	IEASHPEFEGRATPLKSPF	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSKTY
(A) Ophiocordyceps sinensis C018	DSAGOCCTCAYVIDTGTG	VEANHPEFEGRAIMVRSPI	GC	ATDDGCHGHTCAGTIGSKTY
(A) Ophiocordyceps sinensis CS2	DSAGOCCTCAYVIDTGTG	VDASHPEFEGRAAMAHSPV	GC	DDDDGCHGHTCAGTIGSKTY
(A) Pochonia chlamydosporia var_catenulata	DSAGNACVYVVDTCG	IEATHPEFEGRAIMVRSPI	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSKTY
(A) Pochonia rubescens CBS_464.88	DSAGOCCTCVYIIDTGTG	IEASHPEFEGRATPLKSPF	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(A) Purpleocillium lilacinum IPC	TSAGSCTCAYVIDTGTG	VEASHPEFEGRAQIKTFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSKTY
(A) Tolytocoladium inflatum	SSAGACTCAYVIDTGTG	VEASHPEFEGRAQVKTFFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSKSY
(A) Trichoderma koningii SMP2	DSAGECTCVYVVDTCG	VDAAHPDFEGRATLLRSFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(A) Trichoderma reesei QM6a	DSAGACTCVYVVDTCG	VDATHDFEGRATLLRSFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(A) Trichoderma virens Gv29-8	DSAGACTCAYIIDTGTG	VDATHDFEGRATPLKTFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(B) Beauveria bassiana ARSEP_2860	SSAGACTCVYIIDTGTG	IEASHPEFEGRAQIKTFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(B) Cordyceps confragosa	DSAGACTCAYIIDTGTG	VEDDHPDFEGRAQIKTFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(B) Eutypa lata UCREF1	STAGACTCVYIIDTGTG	VEDDHPDFEGRATQIKTFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(B) Metarhizium acridum ARSEP_324	DSAGECTCVYIIDTGTG	IEASHPEFEGRAQIKTFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(B) Metarhizium acridum CQMA_102	DSAGECTCVYIIDTGTG	IEASHPEFEGRAQIKTFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(B) Metarhizium album ARSEP_1941	DSAGECTCVYIIDTGTG	IEASHPEFEGRAQIKTFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(B) Metarhizium anisopliae ARSEP_2575_1	DSAGECTCVYIIDTGTG	IEASHPEFEGRAQIKTFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(B) Metarhizium anisopliae ARSEP_549	DSAGECTCVYIIDTGTG	IEASHPEFEGRAQIKTFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(B) Metarhizium anisopliae ARSEP_820	DSAGECTCVYIIDTGTG	IEASHPEFEGRAQIKTFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(B) Metarhizium anisopliae B6	DSAGECTCVYIIDTGTG	IEASHPEFEGRAQIKTFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(B) Metarhizium brunneum ARSEP_3297	DSAGECTCVYIIDTGTG	IEASHPEFEGRAQIKTFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(B) Metarhizium guizhouense ARSEP_977	DSAGECTCVYIIDTGTG	IEASHPEFEGRAQIKTFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(B) Metarhizium majus ARSEP_297	DSAGECTCVYIIDTGTG	IEASHPEFEGRAQIKTFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(B) Metarhizium robertsii ARSEP_23	DSAGECTCVYIIDTGTG	IEASHPEFEGRAQIKTFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(B) Metarhizium robertsii ARSEP_23_1	DSAGECTCVYIIDTGTG	IEASHPEFEGRAQIKTFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(B) Sarocladium strictum SS71	DSAGACTCVYVVDTCG	VDAAHPDFEGRAQIKTFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(G) Metarhizium acridum CQMA_102	DSAGECTCAYVVDSCGLYAA	HPDFEGRAHFLCTFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(G) Metarhizium album ARSEP_1941	SSAGACTCAYVVDSCGLYAA	HPDFEGRAHFLCTFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(G) Metarhizium anisopliae B6	ESAGECTCAYVVDSCGLYAA	HPDFEGRAHFLCTFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(G) Metarhizium brunneum ARSEP_3297	ESAGECTCAYVVDSCGLYAA	HPDFEGRAHFLCTFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(G) Metarhizium guizhouense ARSEP_977	ESAGECTCAYVVDSCGLYAA	HPDFEGRAHFLCTFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(G) Metarhizium majus ARSEP_297	ESAGECTCAYVVDSCGLYAA	HPDFEGRAHFLCTFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(G) Metarhizium robertsii ARSEP_23	ESAGECTCAYVVDSCGLYAA	HPDFEGRAHFLCTFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(I) Claviceps purpurea 20.1	TSAGDCTCAYIIDTGTG	VDASHPEFEGRAQVKTFFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(I) Epiclloe festucae Fl1	TSAGDCTCAYIIDTGTG	VDASHPEFEGRAQVKTFFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(I) Metarhizium acridum CQMA_102	DSAGECTCAYVIDTGTG	VEASHPEFEGRAQVKTFFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(I) Metarhizium album ARSEP_1941	ESAGECTCAYVIDTGTG	VEASHPEFEGRAQVKTFFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(I) Metarhizium anisopliae ARSEP_549	DSAGECTCAYVIDTGTG	VEASHPEFEGRAQVKTFFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(I) Metarhizium anisopliae ARSEP_820	DSAGECTCAYVIDTGTG	VEASHPEFEGRAQVKTFFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(I) Metarhizium anisopliae B6	DSAGECTCAYVIDTGTG	VEASHPEFEGRAQVKTFFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(I) Metarhizium brunneum ARSEP_3297	DSAGECTCAYVIDTGTG	VEASHPEFEGRAQVKTFFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(I) Metarhizium guizhouense ARSEP_977	DSAGECTCAYVIDTGTG	VEASHPEFEGRAQVKTFFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(I) Metarhizium majus ARSEP_297	DSAGECTCAYVIDTGTG	VEASHPEFEGRAQVKTFFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(I) Metarhizium robertsii ARSEP_23	DSAGECTCAYVIDTGTG	VEASHPEFEGRAQVKTFFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(I) Neotyphodium lolii Lp19	ASAGECTCAYIIDTGTG	VDASHPEFEGRAQVKTFFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(K) Acremonium chrysogenum C10	DSAGACTCAYVIDTGTG	VEASHPEFEGRAQVKTFFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(K) Claviceps purpurea 20.1	TSAGDCTCAYIIDTGTG	VDASHPEFEGRAQVKTFFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(K) Colletotrichum gloeosporioides Cg-14	DSAGACTCAYVIDTGTG	VEASHPEFEGRAQVKTFFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(K) Colletotrichum orbiculare_MAFF_240422	DSAGACTCAYVIDTGTG	VEASHPEFEGRAQVKTFFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(K) Epiclloe festucae Fl1	DSAGACTCAYVIDTGTG	VEASHPEFEGRAQVKTFFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(K) Fusarium fujikuroi IMI_59289	DSAGECTCAYVIDTGTG	VEASHPEFEGRAQVKTFFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(K) Fusarium graminearum PH-1	ESAGECTCAYVIDTGTG	VEASHPEFEGRAQVKTFFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(K) Fusarium oxysporum 26-1	DSAGECTCAYVIDTGTG	VEASHPEFEGRAQVKTFFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(K) Fusarium oxysporum f_sp_cubense_race_1	DSAGECTCAYVIDTGTG	VEASHPEFEGRAQVKTFFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(K) Fusarium oxysporum f_sp_cubense_race_4	DSAGECTCAYVIDTGTG	VEASHPEFEGRAQVKTFFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(K) Fusarium oxysporum f_sp_lycopersici	NSAGECTCAYVIDTGTG	VEASHPEFEGRAQVKTFFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(K) Fusarium oxysporum f_sp_lycopersici_MN25	DSAGECTCAYVIDTGTG	VEASHPEFEGRAQVKTFFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(K) Fusarium oxysporum f_sp_radicalis-lycopersici_26381	DSAGECTCAYVIDTGTG	VEASHPEFEGRAQVKTFFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(K) Fusarium oxysporum f_sp_vasinfectum_25433	DSAGVCTCAYVIDTGTG	VEASHPEFEGRAQVKTFFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(K) Fusarium verticillioides 7600	DSAGECTCAYVIDTGTG	VEASHPEFEGRAQVKTFFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(K) Metarhizium acridum CQMA_102	DSAGECTCAFVIDTGTG	VEASHPEFEGRAQVKTFFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(K) Metarhizium album ARSEP_1941	DSAGECTCAFVIDTGTG	VEASHPEFEGRAQVKTFFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(K) Metarhizium anisopliae ARSEP_549	DSAGECTCAFVIDTGTG	VEASHPEFEGRAQVKTFFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(K) Metarhizium anisopliae B6	DSAGECTCAFVIDTGTG	VEASHPEFEGRAQVKTFFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(K) Metarhizium brunneum ARSEP_3297	DSAGECTCAFVIDTGTG	VEASHPEFEGRAQVKTFFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(K) Metarhizium guizhouense ARSEP_977	DSAGECTCAFVIDTGTG	VEASHPEFEGRAQVKTFFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(K) Metarhizium majus ARSEP_297	DSAGECTCAFVIDTGTG	VEASHPEFEGRAQVKTFFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(K) Metarhizium robertsii ARSEP_23	DSAGECTCAFVIDTGTG	VEASHPEFEGRAQVKTFFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(K) Nectria haematococca mpVI_77-13-4	DTAGECTCAYVVDTCG	VDAAHPDFEGRAQVKTFFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(K) Trichoderma atroviride IMI_206040	SSAGACTCAFVIDTGTG	VEASHPEFEGRAQVKTFFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY
(K) Villosiclava virens UV-8b	DSAGACTCAFVIDTGTG	VEASHPEFEGRAQVKTFFV	GC	NSDDGCHGHTCAGTIGSRTY

291

(A) Beauveria bassiana ARSEF 252	GVAKKASLLGKVKLEDS	GGGSLGVTACMDFAVADR
(A) Beauveria bassiana ARSEF 2860	GVAKKASLFGKVKLEDS	GGGSLGVTACMDFAVADR
(A) Beauveria brongniartii 1019	GVAKKVSIFGKVKLEDS	GGGSLGVTACMDFAVADR
(A) Claviceps purpurea 20.1	GVSKVKLYGKVKLNDG	GGGYSALLAGMDFAVADR
(A) Engyodontium album ATCC 22563	GVAKKTLFGKVKLNDG	GGGYSITLLAGMDFAVADR
(A) Engyodontium album ATCC 22563_1	GVAKKTLFGKVKLDDN	GGGYSITLLAGMDFAVADR
(A) Epicichloe festucae Fl1	GVAKKTKLYGKVKLNNS	GGGYSALLAGMEYVANDYR
(A) Fusarium sp. s-19-5	GVAKKVSIFGKVKLDDN	GGGSLSNVLAGMDFAVADYR
(A) Hirsutella minnesotensis CES115627	GVAKKTKLYGKVKLSDG	GGGYSALLAGMDFAVADR
(A) Hirsutella rhossiliensis OMVT-1	GVAKKTKLYGKVKLSNG	GGGYSVLLAGMDFAVADR
(A) Lecanicillium psalliotae YMP1.00112	GVAKKVSIFGKVKLDDG	GGGSLSNVLAGMDFAVADR
(A) Metacordyceps chlamydosporia_123	GVAKKAKLPAVKVLDNA	GGGYSAGVLAGMEFVSQDYR
(A) Metarhizium acridum CQMa 102	GVAKKAKLPAVKVLDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(A) Metarhizium album ARSEF 1941	GVSKKTKLPAVKVLDG	GGGYSGLTSGMDYVADR
(A) Metarhizium anisopliae ARSEF 549	GVAKKAKLYGKVKLNDG	GGGYSGLTSGMDYVADR
(A) Metarhizium anisopliae B6	GVAKKAKLYGKVKLNDG	GGGYSGLTSGMDYVADR
(A) Metarhizium brunneum ARSEF 3297	GVAKKAKLYGKVKLNDG	GGGYSGLTSGMDYVADR
(A) Metarhizium guizhouense ARSEF 977	GVAKKAKLYGKVKLNDG	GGGYSGLTSGMDYVADR
(A) Metarhizium lepidiotae CG648	GVAKKAKLYGKVKLNDG	GGGYSGLTSGMDYVADR
(A) Metarhizium majus ARSEF 297	GVAKKAKLYGKVKLNDG	GGGYSGLTSGMDYVADR
(A) Metarhizium robertsii ARSEF 23	GVAKKAKLYGKVKLNDG	GGGYSGLTSGMDYVADR
(A) Ophiocordyceps sinensis C018	GVAKKTKLYGKVKLSNG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(A) Ophiocordyceps sinensis CS2	GVAKKTKLYGKVKLDDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(A) Pochonia chlamydosporia var. catenulata	GVAKKAKLPAVKVLDNG	GGGYSAGVLAGMEFVSQDYR
(A) Pochonia rubescens CBS 464.88	GVAKKTKLFGKVKLNDG	GGGYSGLTSGMDYVADR
(A) Purpureocillium lilacinum IPC	GVAKKTKLYGKVKLNDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(A) Tolyposcladium inflatum	GVAKKTKLYGKVKLNDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(A) Trichoderma koningii SMP2	GVAKKTKLYGKVKLNDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(A) Trichoderma reesei QM6a	GVAKKTKLYGKVKLNDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(A) Trichoderma virens Gv29-8	GVAKKTKLYGKVKLNDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(B) Beauveria bassiana ARSEF 2860	GVAKKTRLYGKVKLDDG	GGGSLSNVLAGMDFAVADR
(B) Cordyceps confragosa	GVAKKTSLFGKVKLDDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(B) Eutypa lata UCREF1	GVAKKTSLYGKVKLDDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(B) Metarhizium acridum ARSEF 324	GVAKKTKLYGKVKLDDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(B) Metarhizium acridum CQMa 102	GVAKKTKLYGKVKLDDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(B) Metarhizium album ARSEF 1941	GVAKKTKLYGKVKLDDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(B) Metarhizium anisopliae ARSEF 2575_1	GVAKKTKLYGKVKLDDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(B) Metarhizium anisopliae ARSEF 549	GVAKKTKLYGKVKLDDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(B) Metarhizium anisopliae ARSEF 820	GVAKKTKLYGKVKLDDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(B) Metarhizium anisopliae B6	GVAKKTKLYGKVKLDDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(B) Metarhizium brunneum ARSEF 3297	GVAKKTKLYGKVKLDDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(B) Metarhizium guizhouense ARSEF 977	GVAKKTKLYGKVKLDDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(B) Metarhizium majus ARSEF 297	GVAKKTKLYGKVKLDDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(B) Metarhizium robertsii ARSEF 23	GVAKKTKLYGKVKLDDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(B) Metarhizium robertsii ARSEF 23_1	GVAKKTKLYGKVKLDDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(B) Sarocladium strictum SS71	GVAKKTKLYGKVKLDDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(G) Metarhizium acridum CQMa 102	GVAKKTSLYGKVKLDDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(G) Metarhizium album ARSEF 1941	GVAKKTSLYGKVKLDDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(G) Metarhizium anisopliae B6	GVAKKTSLYGKVKLDDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(G) Metarhizium brunneum ARSEF 3297	GVAKKTSLYGKVKLDDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(G) Metarhizium guizhouense ARSEF 977	GVAKKTSLYGKVKLDDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(G) Metarhizium majus ARSEF 297	GVAKKTSLYGKVKLDDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(G) Metarhizium robertsii ARSEF 23	GVAKKTSLYGKVKLDDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(I) Claviceps purpurea 20.1	GVAKKTKLLGKVKLSDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(I) Epicichloe festucae Fl1	GVAKKTKLLGKVKLSDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(I) Metarhizium acridum CQMa 102	GVAKKTKLLGKVKLSDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(I) Metarhizium album ARSEF 1941	GVAKKTKLLGKVKLSDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(I) Metarhizium anisopliae ARSEF 549	GVAKKTKLLGKVKLSDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(I) Metarhizium anisopliae ARSEF 820	GVAKKTKLLGKVKLSDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(I) Metarhizium anisopliae B6	GVAKKTKLLGKVKLSDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(I) Metarhizium brunneum ARSEF 3297	GVAKKTKLLGKVKLSDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(I) Metarhizium guizhouense ARSEF 977	GVAKKTKLLGKVKLSDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(I) Metarhizium majus ARSEF 297	GVAKKTKLLGKVKLSDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(I) Metarhizium robertsii ARSEF 23	GVAKKTKLLGKVKLSDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(I) Neotyphodium lolii Lp19	GVAKKTKLLGKVKLSDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(K) Acremonium chrysogenum C10	GVAKKTKLPAVKVLDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(K) Claviceps purpurea 20.1	GVAKKTKLFGKVKLDDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(K) Colletotrichum gloeosporioides Cg-14	GVAKKTKLPAVKVLDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(K) Colletotrichum orbiculare MAFF_240422	GVAKKTKLPAVKVLDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(K) Epicichloe festucae Fl1	GVAKKTKLYGKVKLDDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(K) Fusarium fujikuroi IMI 59289	GVAKKTKLPAVKVLDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(K) Fusarium graminearum PH-1	GVAKKTKLPAVKVLDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(K) Fusarium oxysporum 26-1	GVAKKTKLPAVKVLDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(K) Fusarium oxysporum f. sp. cubense race 1	GVAKKTKLPAVKVLDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(K) Fusarium oxysporum f. sp. cubense race 4	GVAKKTKLPAVKVLDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(K) Fusarium oxysporum f. sp. lycopersici	GVAKKTKLPAVKVLDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(K) Fusarium oxysporum f. sp. lycopersici MN25	GVAKKTKLPAVKVLDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(K) Fusarium oxysporum f. sp. radialis-lycopersici_26381	GVAKKTKLPAVKVLDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(K) Fusarium oxysporum f. sp. vasinfectum 25433	GVAKKTKLPAVKVLDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(K) Fusarium verticillioides 7600	GVAKKTKLPAVKVLDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(K) Metarhizium acridum CQMa 102	GVAKKTKLFGKVKLDDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(K) Metarhizium album ARSEF 1941	GVAKKTKLFGKVKLDDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(K) Metarhizium anisopliae ARSEF 549	GVAKKTKLYGKVKLDDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(K) Metarhizium anisopliae B6	GVAKKTKLYGKVKLDDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(K) Metarhizium brunneum ARSEF 3297	GVAKKTKLFGKVKLDDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(K) Metarhizium guizhouense ARSEF 977	GVAKKTKLFGKVKLDDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(K) Metarhizium majus ARSEF 297	GVAKKTKLFGKVKLDDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(K) Metarhizium robertsii ARSEF 23	GVAKKTKLFGKVKLDDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(K) Nectria haematococca mpVI 77-13-4	GVAKKTSLPAVKVLDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(K) Trichoderma atroviride IMI 206040	GVAKKTSLPAVKVLDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR
(K) Villosiclava virens UV-8b	GVAKKTKLYGKVKLDDG	GGGYSGLTSGMDFAVADR

(A) Beauveria bassiana ARSEP_252	-----
(A) Beauveria bassiana ARSEP_2860	-----
(A) Beauveria brongniartii_1019	-----
(A) Claviceps purpurea_20_1	-----
(A) Engyodontium album ATCC_22563	-----
(A) Engyodontium album ATCC_22563_1	-----
(A) Epichloe festucae Fl1	-----
(A) Fusarium sp_s-19-5	-----
(A) Hirsutella minnesotensis CES115627	-----
(A) Hirsutella rhossiliensis OMVT-1	-----
(A) Lecanicillium psalliotae YMP1.00112	-----
(A) Metacordyceps chlamydosporia_123	-----
(A) Metarhizium acridum CQMa_102	-----
(A) Metarhizium album ARSEP_1941	-----
(A) Metarhizium anisopliae ARSEP_549	-----
(A) Metarhizium anisopliae E6	-----
(A) Metarhizium brunneum ARSEP_3297	-----
(A) Metarhizium guizhouense ARSEP_977	-----
(A) Metarhizium lepidiotae CG648	-----
(A) Metarhizium majus ARSEP_297	-----
(A) Metarhizium robertsii ARSEP_23	-----
(A) Ophiocordyceps sinensis C018	-----
(A) Ophiocordyceps sinensis CS2	-----
(A) Pochonia chlamydosporia var. catenulata	-----
(A) Pochonia rubescens CBS_464.88	-----
(A) Purpureocillium lilacinum IPC	-----
(A) Tolyocladium inflatum	-----
(A) Trichoderma koningii SMP2	-----
(A) Trichoderma reesei QM6a	-----
(A) Trichoderma virens Gv29-8	-----
(B) Beauveria bassiana ARSEP_2860	-----
(B) Cordyceps confragosa	-----
(B) Eutypa lata UCREL1	-----
(B) Metarhizium acridum ARSEP_324	-----
(B) Metarhizium acridum CQMa_102	-----
(B) Metarhizium album ARSEP_1941	-----
(B) Metarhizium anisopliae ARSEP_2575_1	-----
(B) Metarhizium anisopliae ARSEP_549	-----
(B) Metarhizium anisopliae ARSEP_820	-----
(B) Metarhizium anisopliae E6	-----
(B) Metarhizium brunneum ARSEP_3297	-----
(B) Metarhizium guizhouense ARSEP_977	-----
(B) Metarhizium majus ARSEP_297	-----
(B) Metarhizium robertsii ARSEP_23	-----
(B) Metarhizium robertsii ARSEP_23_1	-----
(B) Sarocladium strictum S571	-----
(G) Metarhizium acridum CQMa_102	-----
(G) Metarhizium album ARSEP_1941	-----
(G) Metarhizium anisopliae E6	-----
(G) Metarhizium brunneum ARSEP_3297	-----
(G) Metarhizium guizhouense ARSEP_977	-----
(G) Metarhizium majus ARSEP_297	-----
(G) Metarhizium robertsii ARSEP_23	-----
(I) Claviceps purpurea_20_1	-----
(I) Epichloe festucae Fl1	-----
(I) Metarhizium acridum CQMa_102	-----
(I) Metarhizium album ARSEP_1941	-----
(I) Metarhizium anisopliae ARSEP_549	-----
(I) Metarhizium anisopliae ARSEP_820	-----
(I) Metarhizium anisopliae E6	-----
(I) Metarhizium brunneum ARSEP_3297	-----
(I) Metarhizium guizhouense ARSEP_977	-----
(I) Metarhizium majus ARSEP_297	-----
(I) Metarhizium robertsii ARSEP_23	-----
(I) Neotyphodium lolii Lp19	-----
(K) Acremonium chrysogenum C10	-----
(K) Claviceps purpurea_20_1	-----
(K) Colletotrichum gloeosporioides Cg-14	-----
(K) Colletotrichum orbiculare MAFF_240422	-----
(K) Epichloe festucae Fl1	-----
(K) Fusarium fujikuroi IMI_59289	-----
(K) Fusarium graminearum PH-1	-----
(K) Fusarium oxysporum 26-1	-----
(K) Fusarium oxysporum f. sp. cubense race_1	-----
(K) Fusarium oxysporum f. sp. cubense race_4	-----
(K) Fusarium oxysporum f. sp. lycopersici	-----
(K) Fusarium oxysporum f. sp. lycopersici MN25	-----
(K) Fusarium oxysporum f. sp. radialis-lycopersici_26381	-----
(K) Fusarium oxysporum f. sp. vasinfectum_25433	-----
(K) Fusarium verticillioides 7600	-----
(K) Metarhizium acridum CQMa_102	-----
(K) Metarhizium album ARSEP_1941	-----
(K) Metarhizium anisopliae ARSEP_549	-----
(K) Metarhizium anisopliae E6	-----
(K) Metarhizium brunneum ARSEP_3297	-----
(K) Metarhizium guizhouense ARSEP_977	-----
(K) Metarhizium majus ARSEP_297	-----
(K) Metarhizium robertsii ARSEP_23	-----
(K) Nectria haematococca mpVI 77-13-4	-----
(K) Trichoderma atroviride IMI_206040	-----
(K) Villosiclava virens UV-8b	-----

TTGGCRSSAVNQAACATSSAGLFLAVAAAGNDCKDASGYSPEAQESARTVCGSGSNSAVIA

(A) Beauveria bassiana ARSEP 252	-----SRP-CRIGCTVASMISLGGGYSVITVNOAAARLKAAGCVLVAVAAGNDN
(A) Beauveria bassiana ARSEP 2860	-----SRP-CSKGTVASMISLGGGYSATVNOAAARLQASGVFVAVAAGNDN
(A) Beauveria brongniartii 1019	-----TRP-CTKGTASMSLGGGYSAAVNAKAAALQASGVFVAVAAGNDN
(A) Claviceps purpurea 20.1	-----TRA-CPKGTASMSLGGYSAAVNQAAAALVRSQGVFLVAVAAGNDN
(A) Engyodontium album ATCC 22563	-----NRN-CPNGVASMISLGGGYSVNSAAAALQOQSGVMVAVAAGNDN
(A) Engyodontium album ATCC 22563_1	-----NRN-CPKGVASLSLGGGYSVNSAAAALQSSGVMVAVAAGNDN
(A) Epicichloe festucae Fl1	-----SRG-CPKGTASMSLGGGYSAAVNRAAAALVRSQGVFLVAVAAGNDN
(A) Fusarium sp_s-19-5	-----SRN-CPKGVASMISLGGGYSATVNOAAARLQSSGVFVAVAAGNDN
(A) Hirsutella minnesotensis CBS115627	-----KRS-CPKGVANMSLGGYSAAALNNAAKMITQGVFLVAVAAGNDN
(A) Hirsutella rhossiliensis OMVT-1	-----KRS-CPKGVANMSLGGGFSAAINNAASMTIRSGVFLVAVAAGNDN
(A) Lecanicillium psalliotae YMP1.00112	-----SRN-CPKGTASMSLGGGYSAAALNNAARLQSSGVFVAVAAGNDN
(A) Metacordyceps chlamydosporia_123	-----TRG-CPNGATASMSLGGGFSASVNOAAAAMVSSGVFLSVAAGNDG
(A) Metarhizium acridum CQMA 102	-----SRN-CPNGHTASMSLGGGYSASVNOAAAALVRSQGVFLVAVAAGNDN
(A) Metarhizium album ARSEP 1941	-----TRD-CPNGHPASMSLGGGYSASVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNDN
(A) Metarhizium anisopliae ARSEP 549	-----TRG-CPKGTASMSLGGGYSASVNOAAAALVNSGVFLVAVAAGNDN
(A) Metarhizium anisopliae B6	-----TRG-CPKGTASMSLGGGYSASVNOAAAALVNSGVFLVAVAAGNDN
(A) Metarhizium brunneum ARSEP 3297	-----TRG-CPKGTASMSLGGGYSASVNOAAAALVNSGVFLVAVAAGNDN
(A) Metarhizium guizhouense ARSEP 977	-----TRG-CPKGTASMSLGGGYSASVNOAAAALVNSGVFLVAVAAGNDN
(A) Metarhizium lepidiotae CG648	-----TRD-CPKGTASMSLGGGYSAAVNOAAAALVNSGVFLVAVAAGNDN
(A) Metarhizium majus ARSEP 297	-----TRG-CPKGTASMSLGGGYSASVNOAAAALVNSGVFLVAVAAGNDN
(A) Metarhizium robertsii ARSEP 23	-----TRG-CPNGATASMSLGGGYSASVNOAAAALVNSGVFLVAVAAGNDN
(A) Ophiocordyceps sinensis C018	-----KRS-CPKGVANMSLGGGFSAAINNAASMTIRSGVFLVAVAAGNDN
(A) Ophiocordyceps sinensis CS2	-----QRD-CPKGVANMSLGGGFSAAVNOAAAALVNSGVFLVAVAAGNDN
(A) Pochonia chlamydosporia var_catenulata	-----TQG-CPNGATASMSLGGGFSATVNOAAAAMVSSGVFLSVAAGNDG
(A) Pochonia rubescens CBS 464.88	-----TRG-CPKGTASMSLGGGYSAAVNOAAAALVNSGVFLVAVAAGNDN
(A) Purpureocillium lilacinum IPC	-----TRG-CPKGVANMSLGGGYSASVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNDN
(A) Tolyposcladium inflatum	-----TRG-CPKGVANMSLGGGYSAAVNOAAAALVNSGVFLSVAAGNSN
(A) Trichoderma koningii SMP2	-----TRN-CPNGVANMSLGGGYSASVNOAAAALVNSGVFLVAVAAGNDG
(A) Trichoderma reesei QM6a	-----TRN-CPNGVANMSLGGGYSASVNOAAAALVNSGVFLVAVAAGNDG
(A) Trichoderma virens Gv29-8	-----TRN-CPNGVANMSLGGGYSAAVNEAAAALVNSGVFLVAVAAGNDG
(B) Beauveria bassiana ARSEP 2860	-----TRT-CPKGTANMSLGGGYSAAVNDAAALVRSQGVFLVAVAAGNDN
(B) Cordyceps confragosa	-----SRG-CPKGVANMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(B) Eutypa lata UCURE11	-----SRG-CPKGTANMSLGGGYSAAVNDAAALVRSQGVFLVAVAAGNSN
(B) Metarhizium acridum ARSEP 324	-----TRH-CPKGTANMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(B) Metarhizium acridum CQMA 102	-----TRH-CPKGTANMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(B) Metarhizium album ARSEP 1941	-----TRG-CPKGVANMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(B) Metarhizium anisopliae ARSEP 2575_1	-----TRG-CPKGTANMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(B) Metarhizium anisopliae ARSEP 549	-----TRG-CPKGTANMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(B) Metarhizium anisopliae ARSEP 820	-----TRG-CPKGTANMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(B) Metarhizium anisopliae B6	-----TRG-CPKGTANMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(B) Metarhizium brunneum ARSEP 3297	-----TRG-CPKGTANMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(B) Metarhizium guizhouense ARSEP 977	-----TRG-CPKGTANMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(B) Metarhizium majus ARSEP 297	-----TRG-CPKGTANMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(B) Metarhizium robertsii ARSEP 23	-----TRG-CPKGTANMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(B) Metarhizium robertsii ARSEP 23_1	-----TRG-CPKGTANMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(B) Sarocladium strictum SS71	-----SRG-CPNGVANMSLGGGYSASVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(G) Metarhizium acridum CQMA 102	-----GRH-CPN-----R-SSSTSA-----
(G) Metarhizium album ARSEP 1941	-----GRH-CPNGVNNLSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(G) Metarhizium anisopliae B6	-----GRH-CPNGVNNLSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(G) Metarhizium brunneum ARSEP 3297	-----GRH-CPNGVNNLSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(G) Metarhizium guizhouense ARSEP 977	-----GRH-CPNGVNNLSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(G) Metarhizium majus ARSEP 297	-----GRH-CPNGVNNLSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(G) Metarhizium robertsii ARSEP 23	-----GRH-CPNGVNNLSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(I) Claviceps purpurea 20.1	-----SRP-CPKGTANMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(I) Epicichloe festucae Fl1	-----GRS-CPKGTANMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(I) Metarhizium acridum CQMA 102	-----GRP-CPKGTANMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(I) Metarhizium album ARSEP 1941	-----GRS-CPKGTANMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(I) Metarhizium anisopliae ARSEP 549	-----ERS-CPKGTANMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(I) Metarhizium anisopliae ARSEP 820	-----TRG-CPKGTANMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(I) Metarhizium brunneum ARSEP 3297	-----ERS-CPKGTANMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(I) Metarhizium guizhouense ARSEP 977	-----GRP-CPKGTANMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(I) Metarhizium majus ARSEP 297	-----GRP-CPKGTANMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(I) Metarhizium robertsii ARSEP 23	-----TRG-CPKGTANMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(I) Neotyphodium lolii Lp19	-----GRS-CPKGTANMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(K) Acremonium chrysogenum C10	-----SRD-CPNGVANMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(K) Claviceps purpurea 20.1	-----NRH-CPKGTANMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(K) Colletotrichum gloeosporioides Cg-14	-----GQG-CPKGTANMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(K) Colletotrichum orbiculare_MAFF_240422	-----SRP-CPKGTANMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(K) Epicichloe festucae Fl1	-----NQS-CPKGTANMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(K) Fusarium fujikuroi IMI 59289	-----EEN-CPNGVNNMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(K) Fusarium graminearum PH-1	-----DEN-CPNGVNNMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(K) Fusarium oxysporum 26-1	-----DEN-CPNGVNNMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(K) Fusarium oxysporum f._sp._cubense_race_1	-----DEN-CPKGVNNMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(K) Fusarium oxysporum f._sp._cubense_race_4	-----DEN-CPKGVNNMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(K) Fusarium oxysporum f._sp._lycopersici	-----DEN-CPKGVNNMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(K) Fusarium oxysporum f._sp._lycopersici_MN25	-----DEN-CPKGVNNMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(K) Fusarium oxysporum f._sp._radicis-lycopersici_26381	-----DEN-CPKGVNNMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(K) Fusarium oxysporum f._sp._vasinfectum_25433	-----DEN-CPKGVNNMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(K) Fusarium verticillioides 7600	-----DEN-CPNGVNNMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(K) Metarhizium acridum CQMA 102	-----GMBFVVAQBARCQQRK-CPKGTANMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(K) Metarhizium album ARSEP 1941	-----NOT-CPKGVNNMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(K) Metarhizium anisopliae ARSEP 549	-----SKP-CPKGVNNMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(K) Metarhizium anisopliae B6	-----SKP-CPKGVNNMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(K) Metarhizium brunneum ARSEP 3297	-----TKT-CPKGVNNMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(K) Metarhizium guizhouense ARSEP 977	-----SKP-CPKGVNNMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(K) Metarhizium majus ARSEP 297	-----SKP-CPKGVNNMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(K) Metarhizium robertsii ARSEP 23	-----SKP-CPKGVNNMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(K) Nectria haematococca mpVI 77-13-4	-----DAG-CPKGVNNMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(K) Trichoderma atroviride IMI_206040	-----SOH-CPKGVNNMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN
(K) Villosiclava virens UV-8b	-----NQS-CPKGVNNMSLGGGYSAAVNRCAAGLVSQGVFLVAVAAGNSN

465

(A) Beauveria bassiana ARSEF_252	D	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(A) Beauveria bassiana ARSEF_2860	D	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSTSPNPKAVDIPAGTGLL
(A) Beauveria brongniartii_1019	D	DAANTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGVLDIPAGTGLL
(A) Claviceps purpurea_20_1	D	DAGNTSPASEAT	ACTVGAIDLNDNRSTSPNPKRVVDIPAGTGLL
(A) Engyodontium album ATCC_22563	A	DARNYSPASESS	ICTVGAIDRYDRRSGSPNYGVLDIPAGTGLL
(A) Engyodontium album ATCC_22563_1	A	DARNYSPASEPP	VCTVGAIDRYDRRSGSPNYGVLDIPAGTGLL
(A) Epiclloe festucae Fl1	D	DAQNTSPASEAT	ACTVGAIDLNDNRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(A) Fusarium sp_s-19-5	D	DAANTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRALDIPAGTGLL
(A) Hirsutella minnesotensis CES115627	L	DAASPSASEPT	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGVLDIPAGTGLL
(A) Hirsutella rhossiliensis OMVT-1	L	DAGSSPSASEPT	VCTVGAITSDORSGSPNYGVLDIPAGSDDL
(A) Lecanicillium psalliotae_YMP1.00112	D	DAANTSPASEPT	VCTVGAIDSNDRSTSPNYGRVVDIPAGTGLL
(A) Metarhizium chlamydosporia_123	A	DAARVSPASEPP	ACTVGAITSDARSGSPNPKLVDIPAGSAIL
(A) Metarhizium acridum CQMa_102	D	DAQNTSPASEPT	ACTVGAITSDDRSTSPNYGRVVDIPAGTGLL
(A) Metarhizium album ARSEF_1941	D	DAKNTSPASEPT	VCTVGAITSDNRSTSPNYGRVVDIPAGTGLL
(A) Metarhizium anisopliae ARSEF_549	D	DAQNTSPASEPT	ACTVGAIDSSDRRSGSPNPKRVVDIPAGTGLL
(A) Metarhizium anisopliae E6	D	DAQNTSPASEPP	ACTVGAIDSSDRRSGSPNPKRVVDIPAGTGLL
(A) Metarhizium brunneum ARSEF_3297	D	DAQNTSPASEPP	ACTVGAIDSSDRRSGSPNPKRVVDIPAGTGLL
(A) Metarhizium guizhouense ARSEF_977	D	DAQNTSPASEPT	ACTVGAITSDNRSTSPNYGRVVDIPAGTGLL
(A) Metarhizium lepidiotae CG648	D	DAQNTSPASEPP	ACTVGAITSDDRSTSPNYGRVVDIPAGTGLL
(A) Metarhizium majus ARSEF_297	D	DAQNTSPASEPT	ACTVGAITSDNRSTSPNYGRVVDIPAGSIVL
(A) Metarhizium robertsii ARSEF_23	D	DAQNTSPASEPP	ACTVGAIDSNDRSGSPNYGRVVDIPAGSIVL
(A) Ophiocordyceps sinensis C018	L	DAASPSASEPT	VCTVGAITSDORSGSPNYGVLDIPAGSDDL
(A) Ophiocordyceps sinensis CS2	L	DAGSYSPASEPT	ACTVGAITSDORSGSPNYGGPVRIPAGSIVL
(A) Pochonia chlamydosporia var_catenulata	A	DAARVSPASEVT	ACTVGAITSDARSGSPNPKLVDIPAGSAIL
(A) Pochonia rubescens CBS_464.88	D	DAQNTSPASEPP	ACTVGAITSDNRSTSPNYGRVVDIPAGTGLL
(A) Purpureocillium lilacinum IPC	A	DAANTSPASEPT	VCTVGAITSDARSGSPNPKLVDIPAGSAIL
(A) Tolyocladium inflatum	V	DAGSTSPASETS	ACTVGAITDRNDRSGSPNYGVLDIPAGSDDL
(A) Trichoderma koningii SMP2	V	DARNTSPASEPS	VCTVGAITSDARSGSPNYGVLDIPAGSDDL
(A) Trichoderma reesei QM6a	V	DARNTSPASEPT	VCTVGAITSDARSGSPNYGVLDIPAGSDDL
(A) Trichoderma virens Gv29-8	L	DARNTSPASEPT	VCTVGAITSDARSGSPNYGVLDIPAGSDDL
(B) Beauveria bassiana ARSEF_2860	D	DAGRTPASEPT	VCTVGAITSDARSGSPNPKLVDIPAGSIVL
(B) Cordyceps confragosa	D	DAANTSPASEPP	VHTVGAITSDNRSTSPNYGRVVDIPAGTGLL
(B) Eutypa lata UCURE11	D	DTEHYSPASEPT	VCTVGAITSDARSGSPNPKLVDIPAGTGLL
(B) Metarhizium acridum ARSEF_324	D	DAKNTSPASEPT	VCTVGAITSDNRSTSPNYGRVVDIPAGSDDL
(B) Metarhizium acridum CQMa_102	D	DAKNTSPASEPT	VCTVGAITSDNRSTSPNYGRVVDIPAGSDDL
(B) Metarhizium album ARSEF_1941	D	DAKQTPASEPT	VCTVGAITSDNRSTSPNYGRVVDIPAGSAIL
(B) Metarhizium anisopliae ARSEF_2575_1	D	DAKNTSPASEPT	VCTVGAITSDNRSTSPNYGRVVDIPAGSAIL
(B) Metarhizium anisopliae ARSEF_549	D	DAKNTSPASEPT	VCTVGAITSDNRSTSPNYGRVVDIPAGSAIL
(B) Metarhizium anisopliae ARSEF_820	D	DAKNTSPASEPT	VCTVGAITSDNRSTSPNYGRVVDIPAGSAIL
(B) Metarhizium anisopliae E6	D	DAKNTSPASEPT	VCTVGAITSDNRSTSPNYGRVVDIPAGSAIL
(B) Metarhizium brunneum ARSEF_3297	D	DAKNTSPASEPT	VCTVGAITSDNRSTSPNYGRVVDIPAGSAIL
(B) Metarhizium guizhouense ARSEF_977	D	DAKNTSPASEPT	VCTVGAITSDNRSTSPNYGRVVDIPAGSAIL
(B) Metarhizium majus ARSEF_297	D	DAKNTSPASEPT	VCTVGAITSDNRSTSPNYGRVVDIPAGSAIL
(B) Metarhizium robertsii ARSEF_23	D	DAKNTSPASEPT	VCTVGAITSDNRSTSPNYGRVVDIPAGSAIL
(B) Metarhizium robertsii ARSEF_23_1	D	DAKNTSPASEPT	VCTVGAITSDNRSTSPNYGRVVDIPAGSAIL
(B) Sarocladium strictum SS71	L	DAANTSPASEPT	VCTVGAITSDNRSTSPNYGRVVDIPAGSAIL
(G) Metarhizium acridum CQMa_102	D	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(G) Metarhizium album ARSEF_1941	D	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(G) Metarhizium anisopliae E6	D	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(G) Metarhizium brunneum ARSEF_3297	D	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(G) Metarhizium guizhouense ARSEF_977	D	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(G) Metarhizium majus ARSEF_297	D	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(G) Metarhizium robertsii ARSEF_23	D	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(I) Claviceps purpurea_20_1	D	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(I) Epiclloe festucae Fl1	D	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(I) Metarhizium acridum CQMa_102	D	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(I) Metarhizium album ARSEF_1941	D	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(I) Metarhizium anisopliae ARSEF_549	D	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(I) Metarhizium anisopliae ARSEF_820	D	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(I) Metarhizium anisopliae E6	D	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(I) Metarhizium brunneum ARSEF_3297	D	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(I) Metarhizium guizhouense ARSEF_977	D	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(I) Metarhizium majus ARSEF_297	D	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(I) Metarhizium robertsii ARSEF_23	D	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(I) Neotyphodium lolii Lp19	D	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(K) Acremonium chrysogenum C10	A	DAADPSASEPP	VCTVGAITSDNRSTSPNYGRVVDIPAGTGLL
(K) Claviceps purpurea_20_1	D	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(K) Colletotrichum gloeosporioides Cg-14	A	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(K) Colletotrichum orbiculare_MAFF_240422	A	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(K) Epiclloe festucae Fl1	D	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(K) Fusarium fujikuroi IMI_59289	D	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(K) Fusarium graminearum PH-1	V	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(K) Fusarium oxysporum_26-1	D	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(K) Fusarium oxysporum f_sp_cubense_race_1	D	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(K) Fusarium oxysporum f_sp_cubense_race_4	D	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(K) Fusarium oxysporum f_sp_lycopersici	D	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(K) Fusarium oxysporum f_sp_lycopersici_MN25	D	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(K) Fusarium oxysporum f_sp_radicalis-lycopersici_26381	D	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(K) Fusarium oxysporum f_sp_vasinfectum_25433	D	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(K) Fusarium verticillioides_7600	D	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(K) Metarhizium acridum CQMa_102	D	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(K) Metarhizium album ARSEF_1941	D	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(K) Metarhizium anisopliae ARSEF_549	D	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(K) Metarhizium anisopliae E6	D	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(K) Metarhizium brunneum ARSEF_3297	D	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(K) Metarhizium guizhouense ARSEF_977	D	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(K) Metarhizium majus ARSEF_297	D	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(K) Metarhizium robertsii ARSEF_23	D	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(K) Nectria haematococca mpVI_77-13-4	A	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(K) Trichoderma atroviride IMI_206040	L	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL
(K) Villosiclava virens UV-8b	D	DAAGTSPASEPP	VCTVGAIDSSDRRSGSPNYGRVVDIPAGTGLL

523

(A) Beauveria bassiana ARSEP_252	TWIGG	CTNTISGCTSMATPPELRDDIDIVALRPRRFEENELSLILSRRC	HIAGI	CAYLL
(A) Beauveria bassiana ARSEP_2860	TWNGC	CTNTISGCTSMATP	HIAGI	CAYLL
(A) Beauveria brongniartii 1019	TWNGC	CTNTISGCTSMATP	HIAGI	CAYLL
(A) Claviceps purpurea 20.1	TWIGG	CTRSISGCTSMATP	HIAGI	CAYFL
(A) Engyodontium album ATCC_22563	TWIGG	STRSISGCTSMATP	HVAGI	CAYLL
(A) Engyodontium album ATCC_22563_1	TWIGG	STRSISGCTSMATP	HVAGI	CAYLL
(A) Epicichloe festucae Fl1	TWIAN	FLPBDORSISGCTSMATP	HVAGI	CAYLL
(A) Fusarium sp. s-19-5	TWIGG	CTNTISGCTSMATP	HIAGI	CAYLL
(A) Hirsutella minnesotensis CES115627	LMWGG	CTNTISGCTSMASP	HIAGI	CAYLL
(A) Hirsutella rhossiliensis OMVT-1	TWIGG	CTNTISGCTSMATP	HIAGI	CAYLL
(A) Lecanicillium psalliotae YMF1.00112	TWIGG	CTNTISGCTSMATP	HIAGI	CAYFL
(A) Metacordyceps chlamydosporia_123	TWING	CTRSISGCTSMATP	HVAGI	CAYLL
(A) Metarhizium acridum CQMa_102	TWING	CTNTISGCTSMATP	HIAGI	CAYFL
(A) Metarhizium album ARSEP_1941	TWIGG	CTNTISGCTSMATP	HIAGI	CAYLL
(A) Metarhizium anisopliae ARSEP_549	TWIGG	STNTISGCTSMATP	HIAGI	CAYLL
(A) Metarhizium anisopliae E6	TWIGG	STNTISGCTSMATP	HIAGI	CAYLL
(A) Metarhizium brunneum ARSEP_3297	TWIGG	STNTISGCTSMATP	HIAGI	CAYLL
(A) Metarhizium guizhouense ARSEP_977	TWIGG	STNTISGCTSMATP	HIAGI	CAYLL
(A) Metarhizium lepidiotae CG648	TWIGG	STNTISGCTSMATP	HIAGI	CAYLL
(A) Metarhizium majus ARSEP_297	TWING	CTNSISGCTSMATP	HIAGI	CAYLL
(A) Metarhizium robertsii ARSEP_23	TWIGG	CTNTISGCTSMATP	HIAGI	CAYLL
(A) Ophiocordyceps sinensis C018	TWIGG	RTV		
(A) Ophiocordyceps sinensis CS2	TWIGG	CTNSISGCTSMATP	HITGI	CAYLA
(A) Pochonia chlamydosporia var. catenulata	TWING	CTRSISGCTSMATP	HVAGI	CAYLL
(A) Pochonia rubescens CBS_464.88	TWIGG	STNTISGCTSMATP	HIAGI	CAYLL
(A) Purpureocillium lilacinum IPC	TWIGG	TTNTISGCTSMATP	HIVGI	CAYLA
(A) Tolyposcladium inflatum	TWIGG	CTNTISGCTSMATP	HIVGI	CAYIG
(A) Trichoderma koningii SMP2	TWPNR	CTNAISGCTSMATP	HIVGI	CAYLA
(A) Trichoderma reesei QM6a	TWPNR	CTNTISGCTSMATP	HIVGI	CAYLA
(A) Trichoderma virens Gv29-8	TWPGG	CTNTISGCTSMATP	HIVGI	CAYLL
(B) Beauveria bassiana ARSEP_2860	AWRNG	TTQTLGCTSMASP	HITGI	CAYIA
(B) Cordyceps confragosa				
(B) Eutypa lata UCREF1	TWIGG	STNTISGCTSMATP	HITGI	CAYLA
(B) Metarhizium acridum ARSEP_324	TWING	TTNTIFG		
(B) Metarhizium acridum CQMa_102	TWING	TTNTISGCTSMASP	HITGI	CAYIA
(B) Metarhizium album ARSEP_1941	TWING	TTNTISGCTSMASP	HITGI	CAYIA
(B) Metarhizium anisopliae ARSEP_2575_1	TWING	ASNTLSGCTSMASP	HITGI	CAYIA
(B) Metarhizium anisopliae ARSEP_549	TWING	ASNTLSGCTSMASP	HITGI	CAYIA
(B) Metarhizium anisopliae ARSEP_820	TWING	ASNTLSGCTSMASP	HITGI	CAYIA
(B) Metarhizium anisopliae E6	TWING	ASNTLSGCTSMASP	HITGI	CAYIA
(B) Metarhizium brunneum ARSEP_3297	TWING	ASNTLSGCTSMASP	HITGI	CAYIA
(B) Metarhizium guizhouense ARSEP_977	TWING	ASNTLSGCTSMASP	HITGI	CAYIA
(B) Metarhizium majus ARSEP_297	TWING	ASNTLSGCTSMASP	HITGI	CAYIA
(B) Metarhizium robertsii ARSEP_23	TWING	ASNTLSGCTSMASP	HITGI	CAYIA
(B) Metarhizium robertsii ARSEP_23_1	TWING	ASNTLSGCTSMASP	HITGI	CAYIA
(B) Sarocladium strictum SS71	TWIGG	STNTISGCTSMASP	HIAGI	CAYLA
(G) Metarhizium acridum CQMa_102	ARAGG	CYILMSGCTSMATP	HVAGI	CAYLL
(G) Metarhizium album ARSEP_1941	BRVGG	CYILMSGCTSMATP	HITGI	CAYPL
(G) Metarhizium anisopliae E6	ARAGG	CYILMSGCTSMATP	HVAGI	CAYLL
(G) Metarhizium brunneum ARSEP_3297	ARAGG	CYILMSGCTSMATP	HVAGI	CAYLL
(G) Metarhizium guizhouense ARSEP_977	ARAGG	CYILMSGCTSMATP	HVAGI	CAYLL
(G) Metarhizium majus ARSEP_297	ARAGG	CYILMSGCTSMATP	HVAGI	CAYLL
(G) Metarhizium robertsii ARSEP_23	ARAGG	CYILMSGCTSMATP	HVAGI	CAYLL
(I) Claviceps purpurea 20.1	TWPGG	STNTISGCTSMATP	HIVGI	CAYLA
(I) Epicichloe festucae Fl1	TWPGG	SLKILGCTSMATP	HIVGI	CAYLA
(I) Metarhizium acridum CQMa_102	TWPGG	CTNSISGCTSMATP	HIVGI	CAYLA
(I) Metarhizium album ARSEP_1941	TWPGG	CTNTISGCTSMATP	HIVGI	CAYLA
(I) Metarhizium anisopliae ARSEP_549	TWPGG	ATKSISGCTSMATP	HIVGI	CAYLA
(I) Metarhizium anisopliae ARSEP_820	TWPGG	ATNSISGCTSMATP	HIVGI	CAYLA
(I) Metarhizium anisopliae E6	TWPGG	ATKSISGCTSMATP	HIVGI	CAYLA
(I) Metarhizium brunneum ARSEP_3297	TWPGG	ATNSISGCTSMATP	HIVGI	CAYLA
(I) Metarhizium guizhouense ARSEP_977	TWPGG	CTNSISGCTSMATP	HIVGI	CAYLA
(I) Metarhizium majus ARSEP_297	TWPGG	CTNSISGCTSMATP	HIVGI	CAYLA
(I) Metarhizium robertsii ARSEP_23	TWPGG	ITKSISGCTSMATP	HIVGI	CAYLS
(I) Neotyphodium lolii Lp19	TWPGG	SLKILGCTSMATP	HIVGI	CAYLA
(K) Acremonium chrysogenum C10	SPGGG	GEDSLGCTSMASP	HVAGI	CAYLL
(K) Claviceps purpurea 20.1	TWIGG	CTNTISGCTSMASP	HVAGI	CAYFL
(K) Colletotrichum gloeosporioides Cg-14	TWPGG	CTRSISGCTSMASP	HIAGI	CAYFL
(K) Colletotrichum orbiculare MAFF_240422	TWPGG	STNTISGCTSMASP	HVAGI	CAYFL
(K) Epicichloe festucae Fl1	TWIGG	CTNTISGCTSMASP	HVAGI	CAYFL
(K) Fusarium fujikuroi IMI_59289	TWPGG	CTNTISGCTSMASP	HVAGI	CAYFL
(K) Fusarium graminearum PH-1	TWPGG	CTNTISGCTSMASP	HVAGI	CAYFL
(K) Fusarium oxysporum 26-1	TWPGG	CTNTISGCTSMASP	HVAGI	CAYFL
(K) Fusarium oxysporum f. sp. cubense race_1	TWPGG	CTNTISGCTSMASP	HVAGI	CAYFL
(K) Fusarium oxysporum f. sp. cubense race_4	TWPGG	CTNTISGCTSMASP	HVAGI	CAYFL
(K) Fusarium oxysporum f. sp. lycopersici	TWPGG	CTNTISGCTSMASP	HVAGI	CAYFL
(K) Fusarium oxysporum f. sp. lycopersici MN25	TWPGG	CTNTISGCTSMASP	HVAGI	CAYFL
(K) Fusarium oxysporum f. sp. radicis-lycopersici_26381	TWPGG	CTNTISGCTSMASP	HVAGI	CAYFL
(K) Fusarium oxysporum f. sp. vasinfectum_25433	TWPGG	CTNTISGCTSMASP	HVAGI	CAYFL
(K) Fusarium verticillioides 7600	TWPGG	CTNTISGCTSMASP	HVAGI	CAYFL
(K) Metarhizium acridum CQMa_102	TWING	CVNTISGCTSMASP	HVAGI	CAYPL
(K) Metarhizium album ARSEP_1941	TWIGG	CTNTISGCTSMASP	HVAGI	CAYPL
(K) Metarhizium anisopliae ARSEP_549	TWIOG	CTRTISGCTSMASP	HVAGI	CAYPL
(K) Metarhizium anisopliae E6	TWIOG	CTRTISGCTSMASP	HVAGI	CAYPL
(K) Metarhizium brunneum ARSEP_3297	TWING	CTNTISGCTSMASP	HVAGI	CAYPL
(K) Metarhizium guizhouense ARSEP_977	TWIOG	CTRTISGCTSMASP	HVAGI	CAYPL
(K) Metarhizium majus ARSEP_297	TWIOG	CTRTISGCTSMASP	HVAGI	CAYPL
(K) Metarhizium robertsii ARSEP_23	TWIOG	CTRTISGCTSMASP	HVAGI	CAYPL
(K) Nectria haematococca mpVI 77-13-4	TWPGG	CTNTISGCTSMASP	HVAGI	CAYLL
(K) Trichoderma atroviride IMI_206040	SWPGG	CTRTISGCTSMASP	HVAGI	CAYLL
(K) Villosiclava virens UV-8b	TWIGG	CTNTISGCTSMASP	HVAGI	CAYPL

639

(A) Beauveria bassiana ARSEF 252
(A) Beauveria bassiana ARSEF 2860
(A) Beauveria brongniartii 1019
(A) Claviceps purpurea 20.1
(A) Engyodontium album ATCC 22563
(A) Engyodontium album ATCC 22563_1
(A) Epicichloe festucae Fl1
(A) Fusarium sp. s-19-5
(A) Hirsutella minnesotensis CES115627
(A) Hirsutella rhossiliensis OMVT-1
(A) Lecanicillium psalliotae YMF1.00112
(A) Metacordyceps chlamydosporia 123
(A) Metarhizium acridum CQMa 102
(A) Metarhizium album ARSEF 1941
(A) Metarhizium anisopliae ARSEF 549
(A) Metarhizium anisopliae E6
(A) Metarhizium brunneum ARSEF 3297
(A) Metarhizium guizhouense ARSEF 977
(A) Metarhizium lepidiotae CG648
(A) Metarhizium majus ARSEF 297
(A) Metarhizium robertsii ARSEF 23
(A) Ophiocordyceps sinensis C018
(A) Ophiocordyceps sinensis CS2
(A) Pochonia chlamydosporia var. catenulata
(A) Pochonia rubescens CBS 464.88
(A) Purpureocillium lilacinum IPC
(A) Tolyocladium inflatum
(A) Trichoderma koningii SMP2
(A) Trichoderma reesei QM6a
(A) Trichoderma virens Gv29-8
(B) Beauveria bassiana ARSEF 2860
(B) Cordyceps confragosa
(B) Eutypa lata UCREL1
(B) Metarhizium acridum ARSEF 324
(B) Metarhizium acridum CQMa 102
(B) Metarhizium album ARSEF 1941
(B) Metarhizium anisopliae ARSEF 2575_1
(B) Metarhizium anisopliae ARSEF 549
(B) Metarhizium anisopliae ARSEF 820
(B) Metarhizium anisopliae E6
(B) Metarhizium brunneum ARSEF 3297
(B) Metarhizium guizhouense ARSEF 977
(B) Metarhizium majus ARSEF 297
(B) Metarhizium robertsii ARSEF 23
(B) Metarhizium robertsii ARSEF 23_1
(B) Sarocladium strictum S571
(G) Metarhizium acridum CQMa 102
(G) Metarhizium album ARSEF 1941
(G) Metarhizium anisopliae E6
(G) Metarhizium brunneum ARSEF 3297
(G) Metarhizium guizhouense ARSEF 977
(G) Metarhizium majus ARSEF 297
(G) Metarhizium robertsii ARSEF 23
(I) Claviceps purpurea 20.1
(I) Epicichloe festucae Fl1
(I) Metarhizium acridum CQMa 102
(I) Metarhizium album ARSEF 1941
(I) Metarhizium anisopliae ARSEF 549
(I) Metarhizium anisopliae ARSEF 820
(I) Metarhizium anisopliae E6
(I) Metarhizium brunneum ARSEF 3297
(I) Metarhizium guizhouense ARSEF 977
(I) Metarhizium majus ARSEF 297
(I) Metarhizium robertsii ARSEF 23
(I) Neotyphodium lolii Lp19
(K) Acremonium chrysogenum C10
(K) Claviceps purpurea 20.1
(K) Colletotrichum gloeosporioides Cg-14
(K) Colletotrichum orbiculare_MAFF_240422
(K) Epicichloe festucae Fl1
(K) Fusarium fujikuroi IMI 59289
(K) Fusarium graminearum PH-1
(K) Fusarium oxysporum 26-1
(K) Fusarium oxysporum f. sp. cubense race 1
(K) Fusarium oxysporum f. sp. cubense race 4
(K) Fusarium oxysporum f. sp. lycopersici
(K) Fusarium oxysporum f. sp. lycopersici MN25
(K) Fusarium oxysporum f. sp. radialis-lycopersici 26381
(K) Fusarium oxysporum f. sp. vasinfectum 25433
(K) Fusarium verticillioides 7600
(K) Metarhizium acridum CQMa 102
(K) Metarhizium album ARSEF 1941
(K) Metarhizium anisopliae ARSEF 549
(K) Metarhizium anisopliae E6
(K) Metarhizium brunneum ARSEF 3297
(K) Metarhizium guizhouense ARSEF 977
(K) Metarhizium majus ARSEF 297
(K) Metarhizium robertsii ARSEF 23
(K) Nectria haematococca mpVI 77-13-4
(K) Trichoderma atroviride IMI 206040
(K) Villosiclava virens UV-8b

APÊNDICE 15: ALINHAMENTO PR1D

```

1
Metarhizium_acridum_ARSEF_324 MLFKSI IAAVSAFAGLSAAA -- PANIR-ASN-VIEGSIYIVLKDVADEHISWVSGIHARRNVNDDFAGIQHEYNSPAFRGYAGHPDQOTIEEIKS
Metarhizium_acridum_CQMa_102 MLFKSI IAGASALVSLASAAA -- PVDSRASNN-VIEGSIYIVLKDVADEHISWV-----
Metarhizium_album_ARSEF_1941 MFPKIIAAAASALACLASAAAA PVHSRASSSAVIEGSIYIVLKENVAIDTHMSWVRIHARRNSGKNDPAGVEREYNGPAPFRGYAG-----
Metarhizium_anisopliae_ARSEF_2575 MLFKSI IAAVSAFAGLSAAA -- PANIR-ASN-VIEGSIYIVLKDVAIDKHLISWVSGIHARRNVNDDVAGVEREYNSPAPFRGYAGQFDQOTIVEIES
Metarhizium_anisopliae_E6 MLFKSI IAAVSAFAGLSAAA -- PANIR-ASN-VIEGSIYIVLKDVAIDKHLISWVSGIHARRNVNDDVAGVEREYNSPAPFRGYAGQFDQOTIVEIES
Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297 MLFKSI IAAVSAPDSLASAAA -- PANIR-ASN-VIEGSIYIVLKDVAIDKHLISWVSGIHARRNVNDDVAGVEREYNSPAPFRGYAGQFDQOTIVEIES
Metarhizium_guizhouense_ARSEF_977 MLFKSI IAAASAPASLSAAA -- PADNRAASN-VIIGSIYIVLKDVAIDKHLISWVSGIHARRNVNDDVAGVEREYNSPAPFRGYAGHPDQOTIDIEIES
Metarhizium_majus_ARSEF_297 MLFKSI IAAVSAPASLSAAA -- PADNRAASN-VIIGSIYIVLKDVAIDKHLISWVSGIHARRNVNDDVAGVEREYNSPAPFRGYAGQFDQOTIDIEIER
Metarhizium_robertsii_ARSEF_23 MLFKSI IAAVSAFAGLSAAA -- PANIR-ASN-VIEGSIYIVLKDVAIDKHLISWVSGIHARRNVNDDVAGVEREYNSPAPFRGYAGQFDQOTIVEIES

98
Metarhizium_acridum_ARSEF_324 SSEVAYVEADQIWTLEESAVKRDLLTQESAPWGLAAISHREANAAGYIHDTAAGAGTFGYVVDSSGVRITTHQEFEG--RASTGWTGYPGDESDTLGHGT
Metarhizium_acridum_CQMa_102 ---VAYVEADQIWTLEESAVKRDLLTQESAPWGLAAISHREANAAGYIHDTAAGAGTFGYVVDSSGVRITTHQEFEG--RASTGWTGYPGDESDTLGHGT
Metarhizium_album_ARSEF_1941 -----PCTGYAYIVDSGVSTAHWFRGDRAAN-----
Metarhizium_anisopliae_ARSEF_2575 SPEVAYVEADQIWTLEESMEKRDLLTQESAPWGLAAISHRQPNATGYIYDTAAGGCTFGYVMDTGIRATHREFEG--RASTGWTGWAGDDRDIDSGHGT
Metarhizium_anisopliae_E6 SPEVAYVEADQIWTLEESMEKRDLLTQESAPWGLAAISHRQPNATGYIYDTAAGGCTFGYVMDTGIRATHREFEG--RASTGWTGWAGDDRDIDSGHGT
Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297 SPEVAYVEADQIWTLEESMEKRDLLTQESAPWGLAAISHRQPNATGYIYDTAAGGCTFGYVMDTGIRATHREFEG--RASTGWTGWAGDDRDIDSGHGT
Metarhizium_guizhouense_ARSEF_977 SPEVAYVEADQVWTLEESVRRALTTQESAPWGLAAISHREP NATGYIHDTAAGGCTFGYIIDSIRITTHREFEG--RASTGWTGYPGDESDTLGHGT
Metarhizium_majus_ARSEF_297 SPEVAYVEADQIWTLEESMEKRDLLTQELAPWGLAAISHRQPNATGYIHDTAAGGCTFGYVMDSGIRATHREFEG--RASTGWTGYPGDESDIDSGHGT
Metarhizium_robertsii_ARSEF_23 SPEVAYVEADQIWTLEESMEKRDLLTQESAPWGLAAISHRQPNATGYIYDTAAGGCTFGYVMDTGIRATHREFEG--RASTGWTGWAGDDRDIDSGHGT

195
Metarhizium_acridum_ARSEF_324 HVAGITVGGKTFGVAKKATIIIVKVPFGKRGSTSIIVLAGFDWAVNDIISKGRDRKSAINLSLAGPYSRAWNDIAEAAFTRGVLSVIDDGNQAQRDASEV
Metarhizium_acridum_CQMa_102 HVAGITVGGKTFGVAKKATIIIVKVPFGKRGSTSIIVLAGFDWAVNDIISKGRDRKSAINLSLAGPYSRAWNEAVRTAFTRGVLSIVAAGNAQADAGNY
Metarhizium_album_ARSEF_1941 -----SVVLAGFAWAVNDIISKNRQDRSVINLSLGGYSQAQWDDAIESAFSNGVLSIVAAGNGQVDAQTT
Metarhizium_anisopliae_ARSEF_2575 HILPVQVGGVTFGVAKKATIIIVKVPFHGTQTSTSIIMGGFDWAVNDIVSKGRQDKSVINQSLGGPYSRAWNDIAEAAFTRGVLSVIAAGNAQRDASEV
Metarhizium_anisopliae_E6 HVAGITVGGVTFGVAKKATIIIVKVPFHGTQTSTSIIMGGFDWAVNDIVSKGRQDKSVINQSLGGPYSRAWNDIAEAAFTRGVLSVIAAGNAQRDASEV
Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297 HVAGITVGGVTFGVAKKATIIIVKVPFHGTQTSTSIIMGGFDWAVNDIVSKGRQDKSVINQSLGGPYSRAWNDIAEAAFTRGVLSVIAAGNAQRDASEV
Metarhizium_guizhouense_ARSEF_977 HVAGITVGGVTFGVAKKASIIIVKVPFRGRGSTSIISLAGFDWAVNDIVSKGRVDRKSAINLSLAPYSRAWNDIAEAAFRGVLSIAAAGNDQNAANY
Metarhizium_majus_ARSEF_297 HVAGITVGGVTFGVAKKATIIIVKVPFHGTQTSTSIIMGGFDWAVNDIVSKGRQDRSVINQSLGGPYSRAWNDIAEAAFTRGVLSVIAAGNAQRDASEV
Metarhizium_robertsii_ARSEF_23 HVAGITVGGVTFGVAKKATIIIVKVPFHGTQTSTSIIMGGFDWAVNDIVSKGRQDKSVINQSLGGPYSRAWNDIAEAAFTRGVLSVIAAGNAQRDASEV

292
Metarhizium_acridum_ARSEF_324 SPASAPNAVTVGAVDKNWRIVTNWPNCGGSNYGPVLDIFAPGDGIESAEPNSDSQTLRSGTSMASPHVAGLALYAMSDVGVNCAQAVTDHLIKNSG
Metarhizium_acridum_CQMa_102 SPASAPNAVTVGAVNQNNGIIVTDWVPGGSNYGTVLDIFAPGDNLSAGSPNSDSESRFDSGTSMAPHVTLGLALYAI SVDGVRGAKAVTDHLIKNSG
Metarhizium_album_ARSEF_1941 SPASAPNAVTVGAVGR-----YGTALDLFAPGDNLSAGSGSDSAVRLDSGTSMATSYVTGLALYAMSVNGVRGAKAVTSHLISNSG
Metarhizium_anisopliae_ARSEF_2575 SPASAPNAVTVGAVDKNWRIVTNWPNCGGSNYGPVLDIFAPGDGIESAEPNSDSQTLRSGTSMASPHVAGLALYAMSDVGVNCAQAVTDHLIKNSG
Metarhizium_anisopliae_E6 SPASAPNAVTVGAVDRNWRIVTNWPLCGGSNYGPVLDIFAPGDGIESAEPNSDSQTLRSGTSMASPHVAGLALYAMSDVGVNCAQAVTDHLIKNSG
Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297 SPASAPNAVTVGAVDRNWRIVTNWPLCGGSNYGPVLDIFAPGDGIESAEPNSDSQTLRSGTSMASPHVAGLALYAMSDVGVNCAQAVTDHLIKNSG
Metarhizium_guizhouense_ARSEF_977 SPASAPNAVTVGAVDRNWRIVTNWPNCGGSNYGPVLDIFAPGDGIESAEPNSDSESRISGTSMAAPHVAGLALYAMSDVGVNCAQAVTDHLIKNSG
Metarhizium_majus_ARSEF_297 SPASAPNAVTVGAVDRNWRIVTNWPNCGGSNYGPVLDIFAPGDGIESAEPNSDSESRISGTSMAAPHVAGLALYAMSDVGVNCAQAVTDHLIKNSG
Metarhizium_robertsii_ARSEF_23 SPASAPNAVTVGAVDKNWRIVTNWPNCGGSNYGPVLDIFAPGDGIESAEPNSDSQTLRSGTSMASPHVAGLALYAMSDVGVNCAQAVTDHLIKNSG

```

389

```

Metarhizium_acridum_ARSEF_324  KGVVTGPLRGSPNRFANNGNPSQ-----
Metarhizium_acridum_CQMa_I02  KGVVTGPLRGSPNRFANNGNPSQ-----
Metarhizium_album_ARSEF_I941   KNVITGPLRCSPNRLANNGNITIQRTIAR
Metarhizium_anisopliae_ARSEF_2575 KGVVTGPLRGSPNRFANNGNPSQ-----
Metarhizium_anisopliae_E6     KGVVTGPLRGSPNRFANNGNPSQ-----
Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297 KGVVTGPLRGSPNRFANNGNPSQ-----
Metarhizium_guizhouense_ARSEF_977 KGVVTGPLRGSPNRFANNGNPSQ-----
Metarhizium_majus_ARSEF_297   KGVVTGPLRGSPNRFANNGNPSQ-----
Metarhizium_robertsii_ARSEF_23 KGVVTGPLRGSPNRFANNGNPSQ-----

```


APÊNDICE 16: ALINHAMENTO PR1E

	1	
Metarhizium_acridum_CQMa_102	MKASTLALFFFGLTSAAGVTRAPDGLAEHIDQLDSD-----I-KSTNAAPLRRSSQNGPESSAPKDRRLAKR--ALKTQK	
Metarhizium_anisopliae_ARSEF_2575	MHISITLALFFGLTSARVAHAPVV-ESQIDQPESSVRAHIVRGQQLSVYLVGLRQIND-NTLAPLELA-----LGLKNHVKLAKR--SLOTQT	
Metarhizium_anisopliae_ARSEF_820	MHISITLALFFGLTSARVAHAPVV-ESQIDQPESSV-----IND-NTLAPLELA-----LGLKNHVKLAKR--SLOTQT	
Metarhizium_anisopliae_E6	MHISITLALFFGLTSARVAHAPVV-ESQIDQPESSV-----IND-NTLAPLELA-----LGLKNHVKLAKR--SLOTQT	
Metarhizium_anisopliae_E6_1	MNISAAILLLFGLASAHLAHTFVVLEPQINOHGSD-----FNKANGGLPKTSSQRNOPEGSLETRNDITLAKRNGAPRTQT	
Metarhizium_anisopliae_E6_2	MKTSAILAFFFGLTSAAGVTRGPEGLSHIAQLDSD-----I-KGTNAAPLRRSLONGPETSSAPGRHPMLAKR--ASKTQK	
Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297	MHISITLALFFGLTSARVAHAPVV-ESQIDQPESSV-----IND-NTLAPLELA-----LGLKNHVKLAKR--SLOTQT	
Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297_1	MNISAAILLLFGLASAHLAHTFVVLEPQINOHGSD-----FNKANGELPEMSSERNQPEGSLETRNDMTLEKRHCAPKTQT	
Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297_2	MKTSAILAFFFGLTSAAGVTRGPEGLSHIAQLDSD-----I-KGTNAAPLRRSLONGPETSSAPGRHPMLAKR--ASKTQK	
Metarhizium_guizhouense_ARSEF_977	MKTSMLAFFFGLTSAAGVTRGPEGLSPIAQLDSD-----I-KGTNAAPLRRSLONGPESSAPESSHPMLAKR--ASKTQK	
Metarhizium_majus_ARSEF_297	MKTSIILAFFFGLTSAAGVTRGPEGLSPIAHFSD-----I-KGTNAASLRRSLONGPKTSSASGSPILAKR--ASKTQK	
Metarhizium_robertsii_ARSEF_23	MKTSAILAFFFGLTSAAGVTRGPEGLSHIAQLDSD-----I-KGTNAAPLRRSLONGPETSSAPGRHPMLVKK--ASKTQK	
Metarhizium_robertsii_ARSEF_23_1	MNISAAILLLFGLASAHLAHTFVVLEPQINOHGSD-----FNKANGGLPEISLORNOPEGSLETRNDITLAKRNRAPKTQT	
Metarhizium_robertsii_ARSEF_23_2	MHISITLALFFGLTSARVAHAPVV-ESQIDQPESSV-----IND-NTLAPLELA-----LGLKNHVKLAKR--SLOTQT	
Metarhizium_robertsii_ARSEF_2575	MKTSAILAFFFGLTSAAGVTRGPEGLSHIAQLDSD-----I-KGTNAAPLRRSLONGPETSSAPGRHPMLVKK--ASKTQK	
Metarhizium_robertsii_ARSEF_2575_1	MHISITLALFFGLTSARVAHAPVV-ESQIDQPESSV-----IND-NTLAPLELA-----LGLKNHVKLAKR--SLOTQT	
	97	
Metarhizium_acridum_CQMa_102	SAPWGLRAVSHRRAGAFYEKFPDPAKYYDDDRAGLTYAYILDDGIRITHEEPEGRAETVFTLYPGDEIDHRG--HGTGVAGVLGSKTYGVAKK	
Metarhizium_anisopliae_ARSEF_2575	SAPWGLRAISHRRSPGDFYEEFPPPESSKYYDDKAGAGTFPAYILDSGIRITHEEPEGRAKAAHSIYPADQTIHGD--HGTGVAGIIGSKTYGVAKK	
Metarhizium_anisopliae_ARSEF_820	SAPWGLRAISHRRSPGDFYEEFPPPESSKYYDDKAGAGTFPAYILDSGIRITHEEPEGRAKAAHSIYPADQTIHGD--HGTGVAGIIGSKTYGVAKK	
Metarhizium_anisopliae_E6	SAAWGLRAISHRRSPGDFYEEFPPPESSKYYDDKAGAGTFPAYILDDGIRITHEEPEGRAKFAHSIYPADQTIYGD--HGTGVAGIIGSKTYGVAKK	
Metarhizium_anisopliae_E6_1	SAPWGLRSISHRLLPGAIYEGFPPSRNSYYDDTNSGSGTFPAYILDDGIRETHKEPEGRAKNIYSIFPEKQA--GDYVHGTAVAGIIGSKTYGVAKK	
Metarhizium_anisopliae_E6_2	GAPWGLRAISHRRAGAFYEKFPDPAKYYDDDRAGLTYAYILDSGIRITHEEPEGRAETVFTVYVPGDEIDHRG--HGTAVAGVLGSKTYGVAKK	
Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297	SAPWGLRAISHRRSPGDFYEEFPPPESSKYYDDKAGAGTFPAYILDSGIRITHEEPEGRAKAAHSIYPADQTIHGD--HGTGVAGIIGSKTYGVAKK	
Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297_1	SAPWGLRSISHRLLPGVIYEGFPPSQNSYYDDTNSGSGTFPAYILDDGIRETHKEPEGRAKNIYSIFPEKQA--GDYVHGTAVAGIIGSKTYGVAKK	
Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297_2	GAPWGLRAISHRRAGAFYEKFPDPAKYYDDDRAGLNTYAYILDSGIRITHEEPEGRAETVFTVYVPGDEIDHRG--HGTAVAGVLGSKTYGVAKK	
Metarhizium_guizhouense_ARSEF_977	GAPWGLRAISHRRAGAFYEKFPDPAKYYDDDRAGLTYAYILDSGIRITHEEPEGRAETVFTLYPGDEIDHRG--HGTAVAGVLGSKTYGVAKK	
Metarhizium_majus_ARSEF_297	GAPWGLRAISHRRAGAFYEKFPDPAKYYDDDRAGLNTYAYILDSGIRITHEEPEGRAETVFTLYPGDEIDHCG--HGTAVAGVLGSKTYGVAKK	
Metarhizium_robertsii_ARSEF_23	GAPWGLRAISHRRAGAFYEKFPDPAKYYDDDRAGLTYAYILDSGIRITHEEPEGRAETVFTVYVPGDEIDHRG--HGTAVAGVLGSKTYGVAKK	
Metarhizium_robertsii_ARSEF_23_1	SAPWGLRSISHRLLPGAIYEGFPPSRNSYYDDTNSGSGTFPAYILDDGIRETHKEPEGRAKNIYSIFPEKQA--GDYVHGTAVAGIIGSKTYGVAKK	
Metarhizium_robertsii_ARSEF_23_2	SAPWGLRAISHRRSPGDFYEEFPPPESSKYYDDKAGAGTFPAYILDSGIRITHEEPEGRAKAAHSIYPADQTIHGD--HGTGVAGIIGSKTYGVAKK	
Metarhizium_robertsii_ARSEF_2575	GAPWGLRAISHRRAGAFYEKFPDPAKYYDDDRAGLTYAYILDSGIRITHEEPEGRAETVFTVYVPGDEIDHRG--HGTAVAGVLGSKTYGVAKK	
Metarhizium_robertsii_ARSEF_2575_1	SAPWGLRAISHRRSPGDFYEEFPPPESSKYYDDKAGAGTFPAYILDSGIRITHEEPEGRAKAAHSIYPADQTIHGD--HGTGVAGIIGSKTYGVAKK	

193
 Metarhizium_acridum_CQMa_102 AKLLSVKTLDEEGGCTASAALRALSWTAEHILRNGRQHSVINLSFGVKKVQSLNFTIEALISEADVPVVAAGNENEDASISTPGSAKGVINVGH
 Metarhizium_anisopliae_ARSEF_2575 ATLLSIHLLGPDG-CTGSEAINALLWAAEDILKNSRKDSSVINLSFGIPKALKALNTFVERLITDIPVVAAGNEADDA SNHSPGSADGVI SVGH
 Metarhizium_anisopliae_ARSEF_820 ATLLSIHLLGPDG-CTGSEAINALLWAAEDILKNSRKDSSVINLSFGIPKALKALNTFVERLITDIPVVAAGNEADDA SNHSPGSADGVI SVGH
 Metarhizium_anisopliae_E6 ATLLSIHLLGPDG-CTGSEAINALLWAAEDILKNSRKDSSVINLSFGIPKALKALNTFVERLITDIPVVAAGNEADDA SNHSPGSADGVI SVGH
 Metarhizium_anisopliae_E6_1 TLLSVKTLGTTG-ADHSEVLKALLWTAEHIVNNTROKSSVINLSFGVKKNDALNKFTIELLVSKYDIPVVAAGNEGEDASTKTPGSAKGAINVGY
 Metarhizium_anisopliae_E6_2 AKLLSVKTLDDNGSCAASAALHALSWTAEHILSNGRQHSVINLSFGIPKALKALNTFIEALVSOVGI PVVTAAGNENEDASLSTPGSAKGVINVGH
 Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297 ATLLSIHLLGPDG-CTGSEAINALLWAAEDILKNSRKDSSVINLSFGIPKALKALNTFVERLITDIPVVAAGNEADDA SNHSPGSADGVI SVGH
 Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297_1 TLLSVKTLGTTG-AAHSEVLKALLWTAEHIANNTROKSSVINLSFGVKKSDALNKFTIELLVSKYDIPVVAAGNEGEDASTKTPGSAKGAINVGY
 Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297_2 AKLLSVKTLDDKGSACAASAALHALSWTAEHILSNGRQHSVINLSFGIPKALKALNTFIEALVSOVGI PVVTAAGNENEDASLSTPGSAKGVINVGH
 Metarhizium_guizhouense_ARSEF_977 AKLLSVKTLDDKGSACAASAALHALSWTAEHILSNGRQHSVINLSFGIPKALKALNTFIEALVSOVGI PVVTAAGNENEDASLSTPGSAKGVINVGH
 Metarhizium_majus_ARSEF_297 AKLLSVKTLDDKGSACAASAALHALSWTAEHILSNGRQHSVINLSFGIPKALKALNTFIEALVSOVGI PVVTAAGNENEDASLSTPGSAKGVINVGH
 Metarhizium_robertsii_ARSEF_23 AKLLSVKTLDDKGSACAASAALHALSWTAEHILSNGRQHSVINLSFGIPKALKALNTFIEALVSOVGI PVVTAAGNENEDASLSTPGSAKGVINVGH
 Metarhizium_robertsii_ARSEF_23_1 TLLSVKTLGTTG-ADHSEVLKALLWTAEHIVNNTROKSSVINLSFGVKKSDALNKFTIELLVSKYDIPVVAAGNEGEDASTKTPGSAKGAINVGY
 Metarhizium_robertsii_ARSEF_23_2 ATLLSIHLLGPDG-CTGSEAINALLWAAEDILKNSRKDSSVINLSFGIPKALKALNTFVERLITDIPVVAAGNEADDA SNHSPGSADGVI SVGH
 Metarhizium_robertsii_ARSEF_2575 AKLLSVKTLDDKGSACAASAALHALSWTAEHILSNGRQHSVINLSFGIPKALKALNTFIEALVSOVGI PVVTAAGNENEDASLSTPGSAKGVINVGH
 Metarhizium_robertsii_ARSEF_2575_1 ATLLSIHLLGPDG-CTGSEAINALLWAAEDILKNSRKDSSVINLSFGIPKALKALNTFVERLITDIPVVAAGNEADDA SNHSPGSADGVI SVGH

289
 Metarhizium_acridum_CQMa_102 MNKHVWVLPKSNWGPVITMLAPGVQVECPSSGSDTNVILQSGSSFAAPHVAGLVLNATSVHGIKGAATKIKKFLLOSATRDQ-----
 Metarhizium_anisopliae_ARSEF_2575 INQOWAISETSNFGSAVSI LAPGVQVE TTGAGSDTNI IRETGSSPATPYISGLILNATSIHGKGAANLKRHILETATKDKKTKLVFLLKRRTRK
 Metarhizium_anisopliae_ARSEF_820 INQOWAISETSNFGSAVSI LAPGVQVE TTGAGSDTNI IRETGSSPATPYISGLILNATSIHGKGAANLKRHILETATKDKK-----
 Metarhizium_anisopliae_E6 INQOWAISETSNFGSAVSI LAPGVQVE TTGAGSDTNI IRETGSSPATPYISGLILNATSIHGKGAANLKRHILETATKDKK-----
 Metarhizium_anisopliae_E6_1 INKQWGLAPRSNWGPVITMLAPGVQVE TTGAGSDTNAVLSQSGSSYAAPYISGLVNLATSVHGVKGAANIKKFLLEKATKDR-----
 Metarhizium_anisopliae_E6_2 MDKNWVSPNSNWGPVITMLAPGVQVECPSSASDTNVVLESQSSFAAPHVAGLVLNATSVHGIKGAATKIKKFLLOSATRDQ-----
 Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297 INQOWAISETSNFGSAVSI LAPGVQVE TTGAGSDTNI IRETGSSPATPYISGLILNATSIHGKGAANLKRHILETATKDKK-----
 Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297_1 INKQWGLAPRSNWGPVITMLAPGVQVE TTGAGSDTNAVLSQSGSSYAAPYISGLVNLATSVHGVKGAANIKKFLLEKATKDR-----
 Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297_2 MDKNWVSPNSNWGPVITMLAPGVQVECPSSASDTNVVLESQSSFAAPHVAGLVLNATSVHGIKGAATKIKKFLLESATRDQ-----
 Metarhizium_guizhouense_ARSEF_977 MDKNWVSPNSNWGPVITMLAPGVQVECPSSASDTNVVLESQSSFAAPHVAGLVLNATSVHGMKGAATKIRDFLLOSATKDK-----
 Metarhizium_majus_ARSEF_297 MDKNWVSPNSNWGPVITMLAPGVQVECPSSASDTNVVLESQSSFAAPHVAGLVLNATSVHGMKGAATKIRDFLLOSATKDK-----
 Metarhizium_robertsii_ARSEF_23 MDKNWVSPNSNWGPVITMLAPGVQVECPSSASDTNVVLESQSSFAAPHVAGLVLNATSVHGIKGAATKIRDFLLOSATKDK-----
 Metarhizium_robertsii_ARSEF_23_1 INKQWGLAPRSNWGPVITMLAPGVQVE TTGAGSDTNAVLSQSGSSYAAPYISGLVNLATSVHGVKGAANIKKFLLEKATKDR-----
 Metarhizium_robertsii_ARSEF_23_2 INQOWAISETSNFGSAVSI LAPGVQVE TTGAGSDTNI IRETGSSPATPYISGLILNATSIHGKGAANLKRHILETATKDKK-----
 Metarhizium_robertsii_ARSEF_2575 MDKNWVSPNSNWGPVITMLAPGVQVECPSSASDTNVVLESQSSFAAPHVAGLVLNATSVHGIKGAATKIRDFLLOSATKDK-----
 Metarhizium_robertsii_ARSEF_2575_1 INQOWAISETSNFGSAVSI LAPGVQVE TTGAGSDTNI IRETGSSPATPYISGLILNATSIHGKGAANLKRHILETATKDKK-----

385
 Metarhizium_acridum_CQMa_102 -----ACTY-----HNTPNIVANNGNTVQKK-----HTKPRNC
 Metarhizium_anisopliae_ARSEF_2575 TGRQTW-----
 Metarhizium_anisopliae_ARSEF_820 -----ACIPPEKEDKNNRTPNLVGNMNNABQDKEKQDEPSSSRMPCC-NGLLSKLCGRNRPTNV
 Metarhizium_anisopliae_E6 -----ACIPPEKEDKNNRTPNLVGNMNNABQDKEKQDEPSSSRMPCC-NGLLSKLCGRNRPTNV
 Metarhizium_anisopliae_E6_1 -----ACVS-----KGTPNLVANNGNAMQDKVPGDKSALS KLMCCIKGSLNKCK-----
 Metarhizium_anisopliae_E6_2 -----ACTS-----RNTPNIVANNGNTAQKK-----HTKPRNC
 Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297 -----ACIPPEKEDKNNRTPNLVGNMNNABQDKEKQDEPSSSRMPCC-NGLLSKLCGRNRPTNV
 Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297_1 -----ACV-----KRTPNLVANNGNAMQDKVPGDKSALS KLMCCIKESLNKCK-----
 Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297_2 -----ACTS-----RNTPNIVANNGNTAQKK-----HTKPRNC
 Metarhizium_guizhouense_ARSEF_977 -----ACTY-----GNTPNIVANNGNTAQTK-----HTKPRNC
 Metarhizium_majus_ARSEF_297 -----ACAC-----GGTPNIVANNGNTAQTK-----HTKPRNC
 Metarhizium_robertsii_ARSEF_23 -----ACTS-----RNTPNIVANNGNTAQKK-----HTKPRNC
 Metarhizium_robertsii_ARSEF_23_1 -----ACVS-----KSTPNLVANNGNAMQDKVSDDKSALS KLMCCIKGSLNKCK-----
 Metarhizium_robertsii_ARSEF_23_2 -----ACIPPEKEDKNNRTPNLVGNMNNABQDKEKQDEPSSSRMPCC-NGLLSKLCGRNRPTNV
 Metarhizium_robertsii_ARSEF_2575 -----ACTS-----RNTPNIVANNGNTAQKK-----HTKPRNC
 Metarhizium_robertsii_ARSEF_2575_1 -----ACIPPEKEDKNNRTPNLVGNMNNABQDKEKQDEPSSSRMPCC-NGLLSKLCGRNRPTNV

APÊNDICE 17: ALINHAMENTO PR1F

	1
Metarhizium_acridum_ARSEF_324	MKTSTALAVLFLGLAL--AAPEGP-KATVQNKAPWNLRAISHRPPHKLPSVTVFRNFQYYYSWTNGKTYAYVVDTGIRTTHOEPEGRAENLWTAV
Metarhizium_album_ARSEF_1941	MKTSLVLAASFGLLTLANLRPPGKVAVDWAPWNLRAVSHRSPPTALWP TAWRNFQYNYRDWAGDETYVYVVDTGIRTTHOEPEGRAENLFTLFL
Metarhizium_anisopliae_ARSEF_549_1	MKASILL-AAF8-CLVSAAPPKTKTAAQSKAPWNLQAISHRSAPTRL--NMFRNSDYLTPWPKDKTLAYVLDTGIRTTHOEPEGRAENPWTAF
Metarhizium_anisopliae_ARSEF_820	MKTSTALAVLFLGLAL--AAPKGP-KATVQNRAPWNLRAISHRPPHKLPSVTVFRNFQYYYSWTNGKTYAYVVDTGIRTTHOEPEGRAENLWTAV
Metarhizium_anisopliae_E6	MKTSTALAVLFLGLAS--AAPEGP-KATVQNKAPWNLRAISHRPPHKLPSVTVFRNFQYYYSWTNGKTYAYVVDTGIRTTHOEPEGRAENLWTAV
Metarhizium_anisopliae_E6_1	MKASILL-AAF8-CLVSAAPPKTKTAAQSKAPWNLQAISHRSAPTRL--NMFRNSDYLTPWPKDKTLAYVLDTGIRTTHOEPEGRAENPWTAF
Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297	MKTSTALAVLFLGLAL--AAPEGP-KATVQNRAPWNLRAISHRPPHKLPSVTVFRNFQYYYSWTNGKTYAYVVDTGIRTTHOEPEGRAENLWTAV
Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297_1	MKISILL-AAF8-CLVSAAPPKTKTAAQSKAPWNLQAISHRSAPTRL--NMFRNSDYLTPWPKDKTLAYVLDTGIRTTHOEPEGRAENPWTAF
Metarhizium_guizhouense_ARSEF_977	MKASILL-AAC8-CLVSAAPPKTKTAAQSKAPWNLQAISHRSAPTRL--NMFRNSDYLTPWPKDKTLAYVLDTGIRTTHOEPEGRAENPWTAF
Metarhizium_majus_ARSEF_297	MKASILLAAAF8-CLVSAAPPKTKTAAQSKAPWNLQAISHRSAPTRL--NMFRNSDYLTPWPKDKTLAYVLDTGIRTTHOEPEGRAENLWTAV
Metarhizium_robertsii_ARSEF_23	MKISILL-AAF8-CLVSAAPPKTKTAAQSKAPWNLQAISHRSAPTRL--NMFRNSDYLTPWPKDKTLAYVLDTGIRTTHOEPEGRAENPWTAF
Metarhizium_robertsii_ARSEF_23_1	MKTSTALAVLFLGLAL--AAPEGP-KATVQNKAPWNLRAISHRPPHKLPSVTVFRNFQYYYSWTNGKTYAYVVDTGIRTTHOEPEGRAENLWTAV
Metarhizium_robertsii_ARSEF_2575_1	MKTSTALAVLFLGLAL--AAPEGP-KATVQNKAPWNLRAISHRPPHKLPSVTVFRNFQYYYSWTNGKTYAYVVDTGIRTTHOEPEGRAENLWTAV
	97
Metarhizium_acridum_ARSEF_324	KTATGEDDFSDGTGHGTHVAGIIAAKTYGAAKQARVLSVKVFDKNDATTSQILAGFNHAANDIADKGRKNTAVINCSLGAASSPALKLVYERAAHH
Metarhizium_album_ARSEF_1941	KTADGEDDFEDRSGHGTHVAGIVASKAYGVAKKARVVSVKVLDENIGLTSQMIKGFHAAVNDI IKKGRFNNAVNL SLA GPCSAWNAAVDRALN
Metarhizium_anisopliae_ARSEF_549_1	KTADNQDDFEDQS GHGTHVAGIIAAKTYGVAKQARVLSVKVFGPNGOVLTSQAILGFTFAMNDI IKKGRONSAVINYSGGRRKYSMAWNTIVERAFN
Metarhizium_anisopliae_ARSEF_820	KTATGEDDFSDGTGHGTHVAGIIAAKTYGAAKQARVLSVKVFDKNDATTSQILAGFNHAANDIADKGRKNTAVINCSMGSAASPALKLAYERAAHH
Metarhizium_anisopliae_E6	KTATGEDDFSDGTGHGTHVAGIIAAKTYGAAKQARVLSVKVFDKNDATTSQILAGFNHAANDIADKGRKNTAVINCSMGSAASPALKLAYERAAHH
Metarhizium_anisopliae_E6_1	KTADNQDDFEDQS GHGTHVAGIIAAKTYGVAKQARVLSVKVFGPNGOVLTSQAILGFTFAMNDI IKKGRONSAVINYSGGRRKYSMAWNTIVERAFN
Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297	KTATGEDDFSDGTGHGTHVAGIIAAKTYGAAKQARVLSVKVFDKNDATTSQILAGFNHAANDIADKGRKNTAVINCSMGSAASPALKLAYERAAHH
Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297_1	KTADNQDDFEDRS GHGTHVAGIIAAKTYGVAKQARVLSVKVFGPNGOVLTSQAILGFTFAMNDI IKKGRONSAVINYSGGRRKYSMAWNTIVERAFN
Metarhizium_guizhouense_ARSEF_977	KTADNQDDFEDQS GHGTHVAGIIAAKTYGVAKQARVLSVKVFGPNGOVLTSQAILGFTFAMNDI IKKGRONSAVINYSGGRRKYSMAWNTIVERAFN
Metarhizium_majus_ARSEF_297	KTADNRDNFDDRS GHGTHVAGIIAAKTYGVAKQARVLSVKVFDKNDATTSQILAGFNHAANDIADKGRKNTAVINCSMGSAASPALKLAYERAAHH
Metarhizium_robertsii_ARSEF_23	KTADNQDDFEDRS GHGTHVAGIIAAKTYGVAKQARVLSVKVFGPNGOVLTSQAILGFTFAMNDI IKKGRONSAVINYSGGRRKYSMAWNTIVERAFN
Metarhizium_robertsii_ARSEF_23_1	KTATGEDDFSDGTGHGTHVAGIIAAKTYGAAKQARVLSVKVFDKNDATTSQILAGFNHAANDIADKGRKNTAVINCSLGAASSPALKLVYERAAHH
Metarhizium_robertsii_ARSEF_2575_1	KTATGEDDFSDGTGHGTHVAGIIAAKTYGAAKQARVLSVKVFDKNDATTSQILAGFNHAANDIADKGRKNTAVINCSLGAASSPALKLVYERAAHH
	193
Metarhizium_acridum_ARSEF_324	R--G----ILTVTSAGNNAQSVGAASGGASGSIITVGSINQDWSIAASHSNYGSHVTFAPGADILSLSHKSDSATAIMSGTSMAPPHVAAVVLNA
Metarhizium_album_ARSEF_1941	HRDGSKPGAVLTVASAGNEKMAESCS PASASRAITVGSIRSDWRMAPSSNFCAKVNILAPGANIVSLSHESDSEETATMSGTSMAPPHVAALALNA
Metarhizium_anisopliae_ARSEF_549_1	RPNGP----ILTVTSAGNNAQSVGAASGGASGSIITVGSINQDWSIAASHSNYGSHVTFAPGADILSLSHKSDSATAIMSGTSMAPPHVAALALNA
Metarhizium_anisopliae_ARSEF_820	R--G----ILTVTSAGNNAQSVGAASGGASGSIITVGSINQDWSIAASHSNYGSHVTFAPGADILSLSHKSDSATAIMSGTSMAPPHVAAVVLNA
Metarhizium_anisopliae_E6	R--G----ILTVTSAGNNAQSVGAASGGASGSIITVGSINQDWSIAASHSNYGSHVTFAPGADILSLSHKSDSATAIMSGTSMAPPHVAAVVLNA
Metarhizium_anisopliae_E6_1	RPNGP----ILTVTSAGNNAQSVGAASGGASGSIITVGSINQDWSIAASHSNYGSHVTFAPGADILSLSHKSDSATAIMSGTSMAPPHVAALALNA
Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297	R--G----ILTVTSAGNNAQSVGAASGGASGSIITVGSINQDWSIAASHSNYGSHVTFAPGADILSLSHKSDSATAIMSGTSMAPPHVAAVVLNA
Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297_1	RPNGP----ILTVTSAGNNAQSVGAASGGASGSIITVGSINQDWSIAASHSNYGSHVTFAPGADILSLSHKSDSATAIMSGTSMAPPHVAALALNA
Metarhizium_guizhouense_ARSEF_977	RPNGP----ILTVTSAGNNAQSVGAASGGASGSIITVGSINQDWSIAASHSNYGSHVTFAPGADILSLSHKSDSATAIMSGTSMAPPHVAALALNA
Metarhizium_majus_ARSEF_297	RPNGP----VLTITTSAGNDAENAMSSPACADKAITVA8IRSDWRVAPSSNFCCRVSLAPGEKIRLSSTSDVATKRLSGTSMAPPHVAALALNA
Metarhizium_robertsii_ARSEF_23	RPNGP----ILTVTSAGNNAQSVGAASGGASGSIITVGSINQDWSIAASHSNYGSHVTFAPGADILSLSHKSDSATAIMSGTSMAPPHVAALALNA
Metarhizium_robertsii_ARSEF_23_1	R--G----ILTVTSAGNNAQSVGAASGGASGSIITVGSINQDWSIAASHSNYGSHVTFAPGADILSLSHKSDSATAIMSGTSMAPPHVAAVVLNA
Metarhizium_robertsii_ARSEF_2575_1	R--G----ILTVTSAGNNAQSVGAASGGASGSIITVGSINQDWSIAASHSNYGSHVTFAPGADILSLSHKSDSATAIMSGTSMAPPHVAAVVLNA

289

```

Metarhizium_acridum_ARSEF_324  MAAYSQESSLVDFPLETTATRDKITGDLRGS PNVLVNNNNDRQESSCGQDDRC
Metarhizium_album_ARSEF_1941  MSVFGRAHQVPLFLQETCTKDKVKGDLRGS PNLVNNNNIKKQ-----
Metarhizium_anisopliae_ARSEF_549_1 MAVFGKSSKDVLEFLTQTATKDKVKGDLKGS PNLANNNNPRQ-----RA
Metarhizium_anisopliae_ARSEF_820 MAVHSQESSLVDFPLETTATRDKITGDLRGS PNVLVNNNNDRQESSCGQDDRC
Metarhizium_anisopliae_E6 MAVHSQESSLVDFPLETTATRDKITGDLRGS PNVLVNNNNDRQESSCGQDDRC
Metarhizium_anisopliae_E6_1 MAVFGKSSKDVLEFLTQTATKDKVKGDLKGS PNLANNNNPRQ-----RA
Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297 MAVHSQESSLVDFPLETTATRDKITGDLRGS PNVLVNNNNDRQESSCGQDDRC
Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297_1 MAVFGKSSKDVLEFLTQTATKDKVKGDLKGS PNLANNNNARQ-----RA
Metarhizium_guizhouense_ARSEF_977 MAVFGKSSKDVLEFLTQTATKDKVKGDLKGS PNLANNNNAKQ-----RV
Metarhizium_majus_ARSEF_297 MAVFGKSSKHVLGFLTQTATKDKVKGHLRGS PNLANNNNDRQ-----CP
Metarhizium_robertsii_ARSEF_23 MAVFGKSSKDVLEFLTQTATKDKVKGDLKGS PNLANNNNPRQ-----RA
Metarhizium_robertsii_ARSEF_23_1 MAAYSQESSLVDFPLETTATRDKITGDLRGS PNVLVNNNNDRQESSCGQDDRC
Metarhizium_robertsii_ARSEF_2575_1 MAAYSQESSLVDFPLETTATRDKITGDLRGS PNVLVNNNNDRQESSCGQDDRC
    
```

APÊNDICE 18: ALINHAMENTO PR1J

	1
Epiclhoe_festucaae_F11	MVSPFRRLATLLVAALLPLGNA-SPLPETRAASVVEGKYIITLTKDDISAAALGGHMNWVRDVHENSIG-RRQLSFAQVEKTFVGNFNAYAGHFDA
Metarhizium_acridum_ARSEF_324	MFSFKNLASLLVAAL-PLSNA-TPLAGS--AADLVPDKYIITLTKDGISASDFNAHMNWVRDVQVARARHRRGLNFRGVVEKTYGVGNFNAYAGHFDE
Metarhizium_acridum_CQMa_102	MFSFKNLASLLVAAL-PLSNA-TPLAGS--AADLVPDKYIITLTKDGSANDFNPHMNNWVRDVQVARARHRRGLNFRGVVEKTYGVGNFNAYAGHFDE
Metarhizium_acridum_CQMa_102_1	MAIVKAPATAIIAAL-SLSVAAAPARD-NAQN---DKYIITLTKSGISSRDVESHMNNWARGIHDAISLG-RRALDLPGLIEKRYDVAIDPHAYLGSFDDK
Metarhizium_anisopliae_ARSEF_2575	MFSFKTLASLLVAAL-PLGNA-TPOAGS--AANLVPDKYIVTLKDGISANDFNPHMNNWVRDVQVARAGHRRGLNFRGVVEKTYGVGNFNAYAGHFDE
Metarhizium_anisopliae_ARSEF_820	MFSFKTLASLLVAAL-PLGNA-TPOAGS--AANLVPDKYIVTLKDGISANDFNPHLNNWVRDVQVARAGRRLNFRGVVEKTYGVGNFNAYAGHFDE
Metarhizium_anisopliae_E6	MFSFKTLASLLVAAL-PLGNA-TPOAGS--AANLVPDRYIVTLKDGISANDFNPHMNNWVRDVQVARAGHRRGLNFRGVVEKTYGVGNFNAYAGHFDE
Metarhizium_anisopliae_E6_1	MAILKAPTAVIAAL-SLSVAAAPAQDSNGOK---DKYIVTLKGGISSRDVESHMNNWARGIHDAISLG-RRALDLPGLIEKRYDFGDFHAYLGSFDDK
Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297	MFSFKTLASLLVAAL-PLGNA-TPOAGS--AANLVPDKYIVTLKDGISANDFNPHLNNWVRDVQVARAGRRLNFRGVVEKTYGVGNFNAYAGHFDE
Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297_1	MAILKAPTAVIAAL-SLSVAAALAQDSNGOK---DKYIVTLKSGISSTRDVESHMNNWARGIHDAISLG-RRALDLPGLIEKRYDFGDFHAYLGSFDDK
Metarhizium_guizhouense_ARSEF_977	MFSFKTLASLLVAAL-PLGNA-TPOAGS--AANLVPDKYIVTLKDGISANDFNPHMNNWVRDVQVARARHRRGLNFRGVVEKTYGVGNFNAYAGHFDE
Metarhizium_guizhouense_ARSEF_977_1	MPLLKAPTAVIAAL-SLSVAAAPAQENNSQN---NKYIITLKGGISSRDVESHVIWARGIHDAISLG-RRALDLPGLIEQRVDFGDFTLIWHGLMK
Metarhizium_majus_ARSEF_297	MFSFKTLASLLVAAL-PLGNA-TPOAGS--AANLVPDKYIVTLKDGISANDFNPHMNNWVRDVQVARARHRRGLNFRGVVEKTYGVGNFNAYAGHFDE
Metarhizium_robertsii_ARSEF_23	MFSFKTLASLLVAAL-PLGNA-TPOAGS--AANLVPDKYIVTLKDGISANDFNPHMNNWVRDVQVARAGHRRGLNFRGVVEKTYGVGNFNAYAGHFDE
Metarhizium_robertsii_ARSEF_23_1	MAILKAPTAVIAAL-SLGVAAAPTQDSNGOK---DKYIVTLKSGISSRDVESHMNNWARGIHDASLG-HRALDLPGLIEKRYDFGDFHAYLGSFDDK
Metarhizium_robertsii_ARSEF_2575_1	MAILKAPTAVIAAL-SLGVAAAPTQDSNGOK---DKYIVTLKSGISSRDVESHMNNWARGIHDASLG-HRALDLPGLIEKRYDFGDFHAYLGSFDDK
	96
Epiclhoe_festucaae_F11	DTLEAIRNSPEVADVVEQQOOLYLHLHELTTQKNSHGLATVSHREPGATEYVYDSSAGEGSTVYVLDSSGIQDHPPEFEGRAIRGYNAVK----DATT
Metarhizium_acridum_ARSEF_324	HTLEAIRRNADVVEVEQQOOLYLHLHELTTQKNSHGLATVSHREPGATEYVYDSSAGEGSTVYVLDSSGIQDHPPEFEGRAIRGYNAVK----GETD
Metarhizium_acridum_CQMa_102	HTLEAIRRNADVVEVEQQOOLYLHLHELTTQKNSHGLATVSHREPGATEYVYDSSAGEGSTVYVLDSSGIQDHPPEFEGRAIRGYNAVK----GETD
Metarhizium_acridum_CQMa_102_1	ETLRKIMESPDVLGVERDAETIIPMALITQONPPWALSAMSSRTPGPPYRYDDSSAGKDTFAYVLDSSGVNANHVFEFGGRAITIGYSAFEADPEPNNPH
Metarhizium_anisopliae_ARSEF_2575	HTLEAIRRNADVVEVEQQOOLYLHLHELTTQKNSHGLATVSHREPGATEYVYDSSAGEGSTVYVLDSSGIQDHPPEFEGRAIRGYNAVK----DATT
Metarhizium_anisopliae_ARSEF_820	HTLEAIRRNADVVEVEQQOOLYLHLHELTTQKNSHGLATVSHREPGATEYVYDSSAGEGSTVYVLDSSGIQDHPPEFEGRAIRGYNAVK----DATT
Metarhizium_anisopliae_E6	HTLEAIRRNADVVEVEQQOOLYLHLHELTTQKNSHGLATVSHREPGATEYVYDSSAGEGSTVYVLDSSGIQDHPPEFEGRAIRGYNAVK----DATT
Metarhizium_anisopliae_E6_1	GTLEKIMSPDVLGVEPDGIIIMPLALITQONPPWALSAMSSRTPGPPYRYDDSSAGKDTFAYVLDSSGVNANHVFEFGGRAITIGYSAFEADPEPNNPH
Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297	HTLEAIRRNADVVEVEQQOOLYLHLHELTTQKNSHGLATVSHREPGATEYVYDSSAGEGSTVYVLDSSGIQDHPPEFEGRAIRGYNAVK----DATT
Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297_1	ETLEKIMGNPDVLGVEPDGIIIMPLALITQONPPWALSAMSSRTPGPPYRYDDSSAGKDTFAYVLDSSGVNANHVFEFGGRAITIGYSAFEADPEPNNPH
Metarhizium_guizhouense_ARSEF_977	HTLEAIRRNADVVEVEQQOOLYLHLHELTTQKNSHGLATVSHREPGATEYVYDSSAGEGSTVYVLDSSGIQDHPPEFEGRAIRGYNAVK----DATT
Metarhizium_guizhouense_ARSEF_977_1	RLFGK-----SWTTQ-----IRTSQPQYRYDDSSAGKDTFAYVLDSSGVNANHVFEFGGRAITIGYSAFEADPEPNNPH
Metarhizium_majus_ARSEF_297	HTLEAIRRNADVVEVEQQOOLYLHLHELTTQKNSHGLATVSHREPGATEYVYDSSAGEGSTVYVLDSSGIQDHPPEFEGRAIRGYNAVK----DATT
Metarhizium_robertsii_ARSEF_23	HTLEAIRRNADVVEVEQQOOLYLHLHELTTQKNSHGLATVSHREPGATEYVYDSSAGEGSTVYVLDSSGIQDHPPEFEGRAIRGYNAVK----DATT
Metarhizium_robertsii_ARSEF_23_1	ETLEKIMANPDVLGVEPDGIIIMPLALITQONPPWALSAMSSRTPGPPYRYDDSSAGKDTFAYVLDSSGVNANHVFEFGGRAITIGYSAFEADPEPNNPH
Metarhizium_robertsii_ARSEF_2575_1	ETLEKIMANPDVLGVEPDGIIIMPLALITQONPPWALSAMSSRTPGPPYRYDDSSAGKDTFAYVLDSSGVNANHVFEFGGRAITIGYSAFEADPEPNNPH

191
 Epichloe_festuceae_F11 RDVQGHGTHVAGIVGSRITYGVAKRAKLVLDVVKLFPHDCASTTEVILDDGTEWAIKDIIAKKIQNRAILNMS-----FGGG--KSAVONKLV
 Metarhizium_acridum_ARSEF_324 DDVQGHGTHVAGIVGSKTYGVAKKTKLVLDVKMFHDAGSTNAIILDDGIEWTKDITAKQIQNRTVVNMS-----FGGG--NSTALNKII
 Metarhizium_acridum_CQMa_102 DDVQGHGTHVAGIVGSKTYGVAKKTKLVLDVKLFPHDAGSTSEIILDDGIEWTKDITAKQIQNRTVVNMS-----FGGG--NSTALNKII
 Metarhizium_acridum_CQMa_102_1 ADRSCHGTMVAGLIASNTYGVAKKANIIVAG----SONSASALLDSMSWAVQDIQKQGRVGRAVINYSG--GIFOKPADSNPFVTESPGISMARIM
 Metarhizium_anisopliae_ARSEF_2575 EDVQGHGTHVAGIVGSKTYGVAKKTKLVLDVKMFHDAGSTNEIILDDGIEWTKDITAKQIQNRTVVNMS-----FGGG--NSTALNKII
 Metarhizium_anisopliae_ARSEF_820 EDVQGHGTHVAGIVGSKTYGVAKKTKLVLDVKMFHDAGSTNAIILDDGIEWTKDITAKQIQNRTVVNMS-----FGGG--NSTALNKII
 Metarhizium_anisopliae_E6 EDVQGHGTHVAGIVGSKTYGVAKKTKLVLDVKMFHDAGSTNEIILDDGIEWTKDITAKQIQNRTVVNMS-----FGGG--NSTALNKII
 Metarhizium_anisopliae_E6_1 GDVTCGHGTMVAGIIASNTYGVAKKANIIVAG----IDQTVSGLGGIAWAVRDIQSQGRVGOAVINYSG--GLPTIPDSAGYKYQ--PGIAMAQSM
 Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297 EDVQGHGTHVAGIVGSKTYGVAKKTKLVLDVKMFHDAGSTNAIILDDGIEWTKDITAKQIQNRTVVNMS-----FGGG--NSTALNKII
 Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297_1 GDVTCGHGTMVAGIIASNTYGVAKKANIIVAG----IDQTVSGLGGIAWAVRDIQSQGRVGOAVINYSG--GLHTVSNAGYKYQ--PGIAMAQSM
 Metarhizium_guizhouense_ARSEF_977 EDVQGHGTHVAGIVGSKTYGVAKKTKLVLDVKMFHDAGSTNEIILDDGIEWTKDITAKQIQNRTVVNMS-----FGGG--NSTALNKII
 Metarhizium_guizhouense_ARSEF_977_1 EDRCSPRTMVADIIASNTYGVAKKINIVAVG----IDQTVSGLGGIAWAVRDIQKQGRVGOAVINYSG--GLESVPEAGLYQ--PGVALARSM
 Metarhizium_majus_ARSEF_297 EDVQGHGTHVAGIVGSKTYGVAKKTKLVLDVKMFHDAGSTNEIILDDGIEWTKDITAKQIQNRTVVNMS-----FGGG--NSTALNKII
 Metarhizium_robertsii_ARSEF_23 EDVQGHGTHVAGIVGSKTYGVAKKTKLVLDVKMFHDAGSTNEIILDDGIEWTKDITAKQIQNRTVVNMS-----FGGG--NSTALNKII
 Metarhizium_robertsii_ARSEF_23_1 GDTSCGHGTMVAGIIASNTYGVAKKANIIVAG----LDHTVSGTLGGIAWAVRDIQSQGRVGOAVINYSG--GLETIPDSAGYKYQ--PGVAMAQSM
 Metarhizium_robertsii_ARSEF_2575_1 GDTSCGHGTMVAGIIASNTYGVAKKANIIVAG----LDHTVSGTLGGIAWAVRDIQSQGRVGOAVINYSGEVGLLETIPDSAGYKYQ--PGVAMAQSM

286
 Epichloe_festuceae_F11 KTAYDAGILLCVIAAGNEAIDAEDRS--PA--SSPDGITVAAIDDEWKLWQYSNYGSGVHILAPGVNVLSTYIGSKTATQEDSGTSMAPHVAGLA
 Metarhizium_acridum_ARSEF_324 KTAYDAGILLCVIAAGNEAIDAEDRS--PA--SSPDGITVGAIDANWRLWDHNSHGPPVHILAPGVDVLSLAPGNRL--REGA-----
 Metarhizium_acridum_CQMa_102 KAAYDAGILLCVIAAGNEAIDAEDRS--PA--SSPDGITVGAIDANWRLWDHNSHGPPVHILAPGVDVLSLAPGNRL--REGA-----
 Metarhizium_acridum_CQMa_102_1 ETAFNQGILLCVIAAGNEAIDAEDRS--SDAPYQGNSTALVVGAVDEKKGHAFSFGVSDILAPGANVVTITIGSDTATVQSGTSLAAPHVAGLA
 Metarhizium_anisopliae_ARSEF_2575 KTAYDAGILLCVIAAGNEAIDAEDRS--PA--SSPDGITVGAIDANWRLWDHNSHGPPVHILAPGVDVLSLAPGNRL--REGA-----
 Metarhizium_anisopliae_ARSEF_820 KTAYDAGILLCVIAAGNEAIDAEDRS--PA--SSPDGITVGAIDANWRLWDHNSHGPPVHILAPGVDVLSLAPGNRL--REGA-----
 Metarhizium_anisopliae_E6 KTAYDAGILLCVIAAGNEAIDAEDRS--PA--SSPDGITVGAIDANWRLWDHNSHGPPVHILAPGVDVLSLAPGNRL--REGA-----
 Metarhizium_anisopliae_E6_1 DIAFNEGILLCVIAAGNDGQVVEG--STTPYQGNSTALVVGAVDEKKGHAFSFGVSDILAPGANVVTITIGSDTATVQSGTSLAAPHVAGLA
 Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297 KTAYDAGILLCVIAAGNEAIDAEDRS--PA--SSPDGITVGAIDANWRLWDHNSHGPPVHILAPGVDVLSLAPGNRL--REGA-----
 Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297_1 DIAFNEGILLCVIAAGNDGQVVEG--STTPYQGNSTALVVGAVDEKKGHAFSFGVSDILAPGANVVTITIGSDTATVQSGTSLAAPHVAGLA
 Metarhizium_guizhouense_ARSEF_977 KTAYDAGILLCVIAAGNEAIDAEDRS--PA--SSPDGITVGAIDANWRLWDHNSHGPPVHILAPGVDVLSLAPGNRL--REGA-----
 Metarhizium_guizhouense_ARSEF_977_1 DIAFNEGILLCVIAAGNDGQVVEG--STTPYQGNSTALVVGAVDEKKGHAFSFGVSDILAPGANVVTITIGSDTATVQSGTSLAAPHVAGLA
 Metarhizium_majus_ARSEF_297 KTAYDAGILLCVIAAGNEAIDAEDRS--PA--SSPDGITVGAIDANWRLWDHNSHGPPVHILAPGVDVLSLAPGNRL--REGA-----
 Metarhizium_majus_ARSEF_297_1 DIAFNEGILLCVIAAGNDGQVVEG--STTPYQGNSTALVVGAVDEKKGHAFSFGVSDILAPGANVVTITIGSDTATVQSGTSLAAPHVAGLA
 Metarhizium_robertsii_ARSEF_23 KTAYDAGILLCVIAAGNEAIDAEDRS--PA--SSPDGITVGAIDANWRLWDHNSHGPPVHILAPGVDVLSLAPGNRL--REGA-----
 Metarhizium_robertsii_ARSEF_23_1 DIAFNEGILLCVIAAGNDGQVVEG--STTPYQGNSTALVVGAVDEKKGHAFSFGVSDILAPGANVVTITIGSDTATVQSGTSLAAPHVAGLA
 Metarhizium_robertsii_ARSEF_2575_1 DIAFNEGILLCVIAAGNDGQVVEG--STTPYQGNSTALVVGAVDEKKGHAFSFGVSDILAPGANVVTITIGSDTATVQSGTSLAAPHVAGLA

381
 Epichloe_festuceae_F11 AYLAIAEENINTVKE-----LKAIRIL--ALGTNGTATSVKQGTIVNLVAYNCKR
 Metarhizium_acridum_ARSEF_324 -----ELLRRLLMLLGWPPITWQLLKTSTLQRS
 Metarhizium_acridum_CQMa_102 AYLAIAEENINTVKE-----LKAIRIL--ALGTNGTATSVKQGTIVNLVAYNCKR
 Metarhizium_acridum_CQMa_102_1 LYLIIAAEIKITPAE-----LKRIL--ALATKDKITINVPANTVNLVAYNGII
 Metarhizium_anisopliae_ARSEF_2575 AYLAIAEENINTVKE-----LKAIRIL--ALGTNGTATSVKQGTIVNLVAYNCKR
 Metarhizium_anisopliae_ARSEF_820 AYLAIAEENINTVKE-----LKRIL--ALATKDKITINVPANTVNLVAYNGII
 Metarhizium_anisopliae_E6 AYLAIAEENINTVKE-----LKRIL--ALATKDKITINVPANTVNLVAYNGII
 Metarhizium_anisopliae_E6_1 LYLIIAAEIKITPAE-----LKRIL--ALATKDKITINVPANTVNLVAYNGII
 Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297 -----ELLRRLLMLLGWPPITWQLLKTSTLQRS
 Metarhizium_brunneum_ARSEF_3297_1 LYLIIAAEIKITPAE-----LKRIL--ALATKDKITINVPANTVNLVAYNGII
 Metarhizium_guizhouense_ARSEF_977 AYLAIAEENINTVKE-----LKRIL--ALATKDKITINVPANTVNLVAYNGII
 Metarhizium_guizhouense_ARSEF_977_1 LYLIIAAEIKITPAE-----LKRIL--ALATKDKITINVPANTVNLVAYNGII
 Metarhizium_majus_ARSEF_297 AYLAIAEENINTVKE-----LKRIL--ALATKDKITINVPANTVNLVAYNGII
 Metarhizium_majus_ARSEF_297_1 AYLAIAEENINTVKE-----LKRIL--ALATKDKITINVPANTVNLVAYNGII
 Metarhizium_robertsii_ARSEF_23 AYLAIAEENINTVKE-----LKRIL--ALATKDKITINVPANTVNLVAYNGII
 Metarhizium_robertsii_ARSEF_23_1 LYLIIAAEIKITPAE-----LKRIL--ALATKDKITINVPANTVNLVAYNGII
 Metarhizium_robertsii_ARSEF_2575_1 LYLIIAAEIKITPAE-----LKRIL--ALATKDKITINVPANTVNLVAYNGII

APÊNDICE 19: ALINHAMENTO Sf2

	1		
(D) <i>Metarhizium acridum</i> _ARSEF_324	MLF-K--SIIAAVSAFAGL	-----	
(D) <i>Metarhizium acridum</i> _CQMa_102	MLF-K--SIIAGASALVSL	-----	
(D) <i>Metarhizium album</i> _ARSEF_1941	MFP-K--IIAAAAALACL	-----	
(D) <i>Metarhizium anisopliae</i> _ARSEF_2575	MLF-K--SIIAAVSAFAGL	-----	
(D) <i>Metarhizium anisopliae</i> _E6	MLF-K--SIIAAVSAFAGL	-----	
(D) <i>Metarhizium brunneum</i> _ARSEF_3297	MLF-K--SIIAAVSAFDSL	-----	
(D) <i>Metarhizium guizhouense</i> _ARSEF_977	MLF-K--SIIAAVSAFASL	-----	
(D) <i>Metarhizium majus</i> _ARSEF_297	MLF-K--SIIAAVSAFASL	-----	
(D) <i>Metarhizium robertsii</i> _ARSEF_23	MLF-K--SIIAAVSAFAGL	-----	
(E) <i>Metarhizium acridum</i> _CQMa_102	M---KA-STLLAPFF--GLTSAGVTRAPDGLEAHIDQLDSD	-----	
(E) <i>Metarhizium anisopliae</i> _ARSEF_2575	M---H-I-SITLALFF--GLTSARVAHAPVV-EQIDQPEVSRARVRGQ	-----	
(E) <i>Metarhizium anisopliae</i> _ARSEF_820	M---H-I-SITLALFF--GLTSARVAHAPVV-EQIDQPEV---	-----	
(E) <i>Metarhizium anisopliae</i> _E6	M---H-I-SITLALFF--GLTSARVAHAPVV-EQIDQPEV---	-----	
(E) <i>Metarhizium anisopliae</i> _E6_1	M---N-I-SAILTLFF--GLSAHLAHTPVVLEPQINQHGSD	-----	
(E) <i>Metarhizium anisopliae</i> _E6_2	M---K-I-SAILAPFF--GLTSAGVTRGPEGLESHIAQLDSD	-----	
(E) <i>Metarhizium brunneum</i> _ARSEF_3297	M---H-I-SITLALFF--GLTSARVAHAPVV-EQIDQPEV---	-----	
(E) <i>Metarhizium brunneum</i> _ARSEF_3297_1	M---N-I-SAILTLFF--GLSAHLAHTPVVLEPQINQHGSD	-----	
(E) <i>Metarhizium brunneum</i> _ARSEF_3297_2	M---K-I-SAILAPFF--GLTSAGVTRGPEGLESHIAQLDSD	-----	
(E) <i>Metarhizium guizhouense</i> _ARSEF_977	M---K-I-SAILAPFF--GLTSAGVTRGPEGLESHIAQLDSD	-----	
(E) <i>Metarhizium majus</i> _ARSEF_297	M---K-I-SAILAPFF--GLTSAGVTRGPEGLESHIAHFDSD	-----	
(E) <i>Metarhizium robertsii</i> _ARSEF_23	M---K-I-SAILAPFF--GLTSAGVTRGPEGLESHIAQLDSD	-----	
(E) <i>Metarhizium robertsii</i> _ARSEF_23_1	M---N-I-SAILTLFF--GLSAHLAHTPVVLEPQINQHGSD	-----	
(E) <i>Metarhizium robertsii</i> _ARSEF_23_2	M---H-I-SITLALFF--GLTSARVAHAPVV-EQIDQPEV---	-----	
(E) <i>Metarhizium robertsii</i> _ARSEF_2575	M---K-I-SAILAPFF--GLTSAGVTRGPEGLESHIAQLDSD	-----	
(E) <i>Metarhizium robertsii</i> _ARSEF_2575_1	M---H-I-SITLALFF--GLTSARVAHAPVV-EQIDQPEV---	-----	
(F) <i>Metarhizium acridum</i> _ARSEF_324	M---KT-STALAVLF--GLAL	-----	
(F) <i>Metarhizium album</i> _ARSEF_1941	M---KT-SLVLAASF--GLTLA	-----	
(F) <i>Metarhizium anisopliae</i> _ARSEF_549_1	M---K--ASILLAA-F--ECLV	-----	
(F) <i>Metarhizium anisopliae</i> _ARSEF_820	M---KT-STALAVLF--GLAL	-----	
(F) <i>Metarhizium anisopliae</i> _E6	M---KT-STALAVLF--GLAS	-----	
(F) <i>Metarhizium anisopliae</i> _E6_1	M---K--ASILLAA-F--ECLV	-----	
(F) <i>Metarhizium brunneum</i> _ARSEF_3297	M---K-I-SILLAA-F--ECLV	-----	
(F) <i>Metarhizium brunneum</i> _ARSEF_3297_1	M---K-I-SILLAA-F--ECLV	-----	
(F) <i>Metarhizium guizhouense</i> _ARSEF_977	M---K--ASILLAA-C--ECLV	-----	
(F) <i>Metarhizium majus</i> _ARSEF_297	M---K--ASILLAAAF--ECLV	-----	
(F) <i>Metarhizium robertsii</i> _ARSEF_23	M---K-I-SILLAA-F--ECLV	-----	
(F) <i>Metarhizium robertsii</i> _ARSEF_23_1	M---K-I-SILLAA-F--ECLV	-----	
(F) <i>Metarhizium robertsii</i> _ARSEF_23_1	M---KT-STALAVLF--GLAL	-----	
(F) <i>Metarhizium robertsii</i> _ARSEF_2575_1	M---KT-STALAVLF--GLAL	-----	
(J) <i>Epichloa festucae</i> _F11	MVSFRRLATLLVAAL	L-----	PLG
(J) <i>Metarhizium acridum</i> _ARSEF_324	MFSFKNLASLLVAA	L-----	PLS
(J) <i>Metarhizium acridum</i> _CQMa_102	MFSFKNLASLLVAA	L-----	PLS
(J) <i>Metarhizium acridum</i> _CQMa_102_1	MAIVKAPATAIAA	L-----	SLG
(J) <i>Metarhizium anisopliae</i> _ARSEF_2575	MFSFKTLASLLVAA	L-----	PLG
(J) <i>Metarhizium anisopliae</i> _ARSEF_820	MFSFKTLASLLVAA	L-----	PLG
(J) <i>Metarhizium anisopliae</i> _E6	MFSFKTLASLLVAA	L-----	PLG
(J) <i>Metarhizium anisopliae</i> _E6_1	MAILKAFTTAVIAA	L-----	SLG
(J) <i>Metarhizium brunneum</i> _ARSEF_3297	MFSFKTLASLLVAA	L-----	PLG
(J) <i>Metarhizium brunneum</i> _ARSEF_3297_1	MAILKAFTTAVIAA	L-----	SLG
(J) <i>Metarhizium guizhouense</i> _ARSEF_977	MFSFKTLASLLVAA	L-----	PLG
(J) <i>Metarhizium guizhouense</i> _ARSEF_977_1	MAILKAFTTAVIAA	L-----	SLG
(J) <i>Metarhizium majus</i> _ARSEF_297	MFSFKTLASLLVAA	L-----	PLG
(J) <i>Metarhizium robertsii</i> _ARSEF_23	MFSFKTLASLLVAA	L-----	PLG
(J) <i>Metarhizium robertsii</i> _ARSEF_23_1	MAILKAFTTAVIAA	L-----	SLG
(J) <i>Metarhizium robertsii</i> _ARSEF_2575_1	MAILKAFTTAVIAA	L-----	SLG

(D) Metarhizium acridum ARSEF_324	-----SAAA-----P
(D) Metarhizium acridum CQMa_102	-----SAAA-----P
(D) Metarhizium album ARSEF_1941	-----SAAA-----A - AP
(D) Metarhizium anisopliae ARSEF_2575	-----SAAA-----P
(D) Metarhizium anisopliae E6	-----SAAA-----P
(D) Metarhizium brunneum ARSEF_3297	-----SAAA-----P
(D) Metarhizium guizhouense ARSEF_977	-----SAAA-----P
(D) Metarhizium majus ARSEF_297	-----SAAA-----P
(D) Metarhizium robertsii ARSEF_23	-----SAAA-----P
(E) Metarhizium acridum CQMa_102	-----IKSTNAAPLRRSSQ - NGPESSAPKDRRMLAKR - AL - K
(E) Metarhizium anisopliae ARSEF_2575	GLSVYLVGLRQINDNTLAPLEL - - - - - ALGLKNHVKKLAKR - SL - Q
(E) Metarhizium anisopliae ARSEF_820	-----INDNTLAPLEL - - - - - ALGLKNHVKKLAKR - SL - Q
(E) Metarhizium anisopliae E6	-----INDNTLAPLEL - - - - - ALGLKNHVKKLAKR - SL - Q
(E) Metarhizium anisopliae E6_1	-----FNKANGGLPKISSQRNQPESGLETRNDITLAKRNGAP - K
(E) Metarhizium anisopliae E6_2	-----IKGTNAAPLRRSLQ - NGPETSSAPGRHPMLAKR - AS - K
(E) Metarhizium brunneum ARSEF_3297	-----INDNTLAPLEL - - - - - ALGLKNHVKKLAKR - SL - Q
(E) Metarhizium brunneum ARSEF_3297_1	-----FNKANGGLEPMSSESRNQPESGLETRNDITLAKRNGAP - K
(E) Metarhizium brunneum ARSEF_3297_2	-----IKGTNAAPLRRSLQ - NGPETSSAPGRHPMLAKR - AS - K
(E) Metarhizium guizhouense ARSEF_977	-----IKGTNAAPLRRSLQ - NGPETSSAPGRHPMLAKR - AS - K
(E) Metarhizium majus ARSEF_297	-----IKGTNAAPLRRSLQ - NGPETSSAPGRHPMLAKR - AS - K
(E) Metarhizium robertsii ARSEF_23	-----IKGTNAAPLRRSLQ - NGPETSSAPGRHPMLVCR - AS - K
(E) Metarhizium robertsii ARSEF_23_1	-----FNKANGGLEPISLQRNQPESGLETRNDITLAKRNGAP - K
(E) Metarhizium robertsii ARSEF_23_2	-----INDNTLAPLEL - - - - - ALGLKNHVKKLAKR - SL - Q
(E) Metarhizium robertsii ARSEF_2575	-----IKGTNAAPLRRSLQ - NGPETSSAPGRHPMLVCR - AS - K
(E) Metarhizium robertsii ARSEF_2575_1	-----INDNTLAPLEL - - - - - ALGLKNHVKKLAKR - SL - Q
(F) Metarhizium acridum ARSEF_324	-----AAP-----E - GP - K
(F) Metarhizium album ARSEF_1941	-----NLRP-----R - PPG - K
(F) Metarhizium anisopliae ARSEF_549_1	-----SAAP-----P - AKT - K
(F) Metarhizium anisopliae ARSEF_820	-----AAP-----K - GP - K
(F) Metarhizium anisopliae E6	-----AAP-----E - GP - K
(F) Metarhizium anisopliae E6_1	-----SAAP-----P - AKT - K
(F) Metarhizium brunneum ARSEF_3297	-----AAP-----E - GP - K
(F) Metarhizium brunneum ARSEF_3297_1	-----SAAP-----P - AKP - K
(F) Metarhizium guizhouense ARSEF_977	-----SAAP-----P - AKT - K
(F) Metarhizium majus ARSEF_297	-----SAAP-----P - AKT - E
(F) Metarhizium robertsii ARSEF_23	-----SAAP-----P - AKP - K
(F) Metarhizium robertsii ARSEF_23_1	-----AAP-----E - GP - K
(F) Metarhizium robertsii ARSEF_2575_1	-----AAP-----E - GP - K
(J) Epichloe festucae Fl1	-----NASP-----L - PET - R
(J) Metarhizium acridum ARSEF_324	-----NATP-----L - AGS - -
(J) Metarhizium acridum CQMa_102	-----NATP-----L - AGS - -
(J) Metarhizium acridum CQMa_102_1	-----VAAA-----P - ARD - N
(J) Metarhizium anisopliae ARSEF_2575	-----NATP-----Q - AGS - -
(J) Metarhizium anisopliae ARSEF_820	-----NATP-----Q - AGS - -
(J) Metarhizium anisopliae E6	-----NATP-----Q - AGS - -
(J) Metarhizium anisopliae E6_1	-----VAAA-----P - AQDSN
(J) Metarhizium brunneum ARSEF_3297	-----NATP-----Q - AGS - -
(J) Metarhizium brunneum ARSEF_3297_1	-----VAAA-----L - AQDSN
(J) Metarhizium guizhouense ARSEF_977	-----NATP-----Q - AGS - -
(J) Metarhizium guizhouense ARSEF_977_1	-----VAAA-----P - AQENN
(J) Metarhizium majus ARSEF_297	-----NATP-----Q - AGS - -
(J) Metarhizium robertsii ARSEF_23	-----NATP-----Q - AGS - -
(J) Metarhizium robertsii ARSEF_23_1	-----VAAA-----P - TQDSN
(J) Metarhizium robertsii ARSEF_2575_1	-----VAAA-----P - TQDSN

103

(D) <i>Metarhizium acridum</i> ARSEF_324	--ANIRAS-N-VIEGSSYIVKLDNVAA---DEHISWVSGIHH-ARRNV---N
(D) <i>Metarhizium acridum</i> CQMa_102	--VDSRASSN-VIEGSSYIVKLDNVAA---DEHISWV-----
(D) <i>Metarhizium album</i> ARSEF_1941	--VHSRASSS-VIEGSSYIVRLKENVAT---DTHMSWVRGIHH-ARSNGL---K
(D) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_2575	--ANIR-ASN-VIEGSSYIVKLDNVAT---DKHLSWVSGIHH-ARRNV---N
(D) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6	--ANIR-ASN-VIEGSSYIVKLDNVAT---DKHLSWVSGIHH-ARRNV---N
(D) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297	--ANIR-ASN-VIEGSSYIVKLDNVAT---DKHLSWVSGIHH-ARRNV---N
(D) <i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF_977	--ADNR AASN-VI QGSSYIVKLDNVAT---DKHLSWVSGIHH-ARRNV---D
(D) <i>Metarhizium majus</i> ARSEF_297	--ADNR AASN-VI QGSSYIVKLDNVAT---DKHLSWVSGIHH-ARRNV---D
(D) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23	--ANIR-ASN-VIEGSSYIVKLDNVAT---DKHLSWVSGIHH-ARRNV---N
(E) <i>Metarhizium acridum</i> CQMa_102	T--QKSAPWG-----LRAVS-HRRAGAPYE
(E) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_2575	T--QTSAPWG-----LRAIS-HRSPGDFYE
(E) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_820	T--QTSAPWG-----LRAIS-HRSPGDFYE
(E) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6	T--QTSAPWG-----LRAIS-HRSPGDFYE
(E) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6_1	T--QTSAPWG-----LRAIS-HRSPGDFYE
(E) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6_2	T--QK GAPWG-----LRAIS-HRCAGGPFYE
(E) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297	T--QTSAPWG-----LRAIS-HRSPGDFYE
(E) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297_1	T--QTSAPWG-----LRAIS-HRSPGDFYE
(E) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297_2	T--QK GAPWG-----LRAIS-HRRAGAPYE
(E) <i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF_977	T--QK GAPWG-----LRAIS-HRRAGAPYE
(E) <i>Metarhizium majus</i> ARSEF_297	T--QK GAPWG-----LRAIS-HRRAGAPYE
(E) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23	T--QK GAPWG-----LRAIS-HRRAGAPYE
(E) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23_1	T--QTSAPWG-----LRAIS-HRSPGDFYE
(E) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23_2	T--QTSAPWG-----LRAIS-HRSPGDFYE
(E) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_2575	T--QK GAPWG-----LRAIS-HRRAGAPYE
(E) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_2575_1	T--QTSAPWG-----LRAIS-HRSPGDFYE
(F) <i>Metarhizium acridum</i> ARSEF_324	ATVQNKAPWN-----LRAIS-HRRPH---K
(F) <i>Metarhizium album</i> ARSEF_1941	VAVQNDAPWN-----LRAVS-HRSPH---T
(F) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_549_1	TAAQSKAPWN-----LQAIS-HRSAP---T
(F) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_820	ATVQNRAPWN-----LRAIS-HRRPH---K
(F) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6	ATVQNKAPWN-----LRAIS-HRRPH---K
(F) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6_1	TAAQSKAPWN-----LQAIS-HRSAP---T
(F) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297	ATVQNRAPWN-----LRAIS-HRRPH---K
(F) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297_1	TAAQSKAPWN-----LQAIS-HRSAP---T
(F) <i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF_977	TAAQSKAPWN-----LQAIS-HRSAP---T
(F) <i>Metarhizium majus</i> ARSEF_297	TAAQSKAPWN-----LHAIS-HRSAP---A
(F) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23	TAAQSKAPWN-----LQAIS-HRSAP---T
(F) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23_1	ATVQNKAPWN-----LRAIS-HRRPH---K
(F) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_2575_1	ATVQNKAPWN-----LRAIS-HRRPH---K
(J) <i>Epichloe festucae</i> Fl1	A--ASVVE-----GKYIITLKD D I S A A A L G C H M N W R D V H - E N S I G ---R
(J) <i>Metarhizium acridum</i> ARSEF_324	A--ADLVP-----DKYIITLKDGI S A S D F N A H M N W R D V Q V A R A R H ---R
(J) <i>Metarhizium acridum</i> CQMa_102	A--ADLVP-----DKYIITLKDGI S A S D F N A H M N W R D V Q V A R A R H ---R
(J) <i>Metarhizium acridum</i> CQMa_102_1	A--CN-----DKYIITLKS G I S S R D V E S H M N W A R G I H - D A S I G ---R
(J) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_2575	A--ANLVP-----DKYIVTLKDGI S A N D F N F H M N W R D V Q V A R A G H ---R
(J) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_820	A--ANLVP-----DKYIVTLKDGI S A N D F N F H M N W R D V Q V A R A G R ---R
(J) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6	A--ANLVP-----DRYIVTLKDGI S A N D F N F H M N W R D V Q V A R A G H ---R
(J) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6_1	G--CK-----DKYIVTLKGGI S S R D V E S H M N W A R G I H - D A S I G ---R
(J) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297	A--ANLVP-----DKYIVTLKDGI S A N D F N F H M N W R D V Q V A R A G R ---R
(J) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297_1	G--CK-----DKYIVTLKS G I S S R D V E S H M N W A R G I H - D A S I G ---R
(J) <i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF_977	A--ANLVP-----DKYIVTLKDGI S A N D F N F H M N W R D V Q V A R A R H ---R
(J) <i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF_977_1	S--CN-----NKYIITLKGGI S S R D V E S H V I W A R G I H - D A S I G ---R
(J) <i>Metarhizium majus</i> ARSEF_297	A--ANLVP-----DKYIVTLKDGI S A N E F N F H M N W R D V Q V A R A R H ---R
(J) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23	A--ANLVP-----DKYIVTLKDGI S A N D F N F H M N W R D V Q V A R A G H ---R
(J) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23_1	G--CK-----DKYIVTLKS G I S S R D V E S H M N W A R G V H - D A S I G ---H
(J) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_2575_1	G--CK-----DKYIVTLKS G I S S R D V E S H M N W A R G V H - D A S I G ---H

154

(D) <i>Metarhizium acridum</i> ARSEF_324	D--DFAGIQH--EY--NSPAPRGGYAGHFDOOTIEEIKSSSEVAYVEADQI
(D) <i>Metarhizium acridum</i> CQMa_102	-----AYVEADQI
(D) <i>Metarhizium album</i> ARSEF_1941	N--DPAGVER--EY--NGPAPRGGYAG--
(D) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_2575	N--DVAGVER--EY--NSPAPRGGYAGQFDQOQTIIVEIESSPEVAYVEADQI
(D) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6	N--DVAGVER--EY--NSPAPRGGYAGQFDQOQTIIVEIESSPEVAYVEADQI
(D) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297	N--DVAGVER--EY--NSPAPRGGYAGQFDQOQTIIVEIESSPEVAYVEADQI
(D) <i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF_977	N--DFAGVER--EY--NSPAPRGGYAGHFDOOTIDEIESSPEVAYVEADQI
(D) <i>Metarhizium majus</i> ARSEF_297	N--DVAGVER--EY--NSPAPRGGYAGQFDQOQTIIVEIESSPEVAYVEADQI
(D) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23	N--DVAGVER--EY--NSPAPRGGYAGQFDQOQTIIVEIESSPEVAYVEADQI
(E) <i>Metarhizium acridum</i> CQMa_102	K--FPPDPAS--KY--Y--YDDRAG--
(E) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_2575	E--FPPPESS--KY--Y--YDDKAG--
(E) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_820	G--FPPPESS--KY--Y--YDDKAG--
(E) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6	G--FPPPESS--KY--Y--YDDKAG--
(E) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6_1	G--FPPSRNS--EY--Y--YDTNSG--
(E) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6_2	K--FPPDPAS--KY--Y--YDDRAG--
(E) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297	G--FPPPESS--KY--Y--YDDKAG--
(E) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297_1	G--FPPSQNG--EY--Y--YDTNSG--
(E) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297_2	K--FPPDPAS--KY--Y--YDDRAG--
(E) <i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF_977	K--FPPDPAS--KY--Y--YDDRAG--
(E) <i>Metarhizium majus</i> ARSEF_297	K--FPPDPAS--KY--Y--YDDRAG--
(E) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23	K--FPPDPAS--KY--Y--YDDRAG--
(E) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23_1	G--FPPSRNS--EY--Y--YDTNSG--
(E) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23_2	E--FPPPESS--KY--Y--YDDKAG--
(E) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_2575	K--FPPDPAS--KY--Y--YDDRAG--
(E) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_2575_1	E--FPPPESS--KY--Y--YDDKAG--
(F) <i>Metarhizium acridum</i> ARSEF_324	L--PSVIVFRNFQY--Y--YDSWTN--
(F) <i>Metarhizium album</i> ARSEF_1941	A--LWPTAWRNFQY--N--YRDWAG--
(F) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_549_1	R--L--NMFRRNSDY--L--YTPWPK--
(F) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_820	L--PSVIVFRNFLQY--Y--YDLWTN--
(F) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6	L--PSVIVFRNFQY--Y--YDLWTN--
(F) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6_1	R--L--NMFRRNSDY--L--YTPWPK--
(F) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297	L--PSVIVFRNFQY--Y--YDLWTN--
(F) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297_1	R--L--NMFRRNSDY--L--YTPWPK--
(F) <i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF_977	R--L--NMFRRNSDY--L--YTPWPK--
(F) <i>Metarhizium majus</i> ARSEF_297	R--L--NMFRRNSDY--L--YTPWPK--
(F) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23	R--L--NMFRRNSDY--L--YTPWPK--
(F) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23_1	L--PSVIVFRNFQY--Y--YDSWTN--
(F) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_2575_1	L--PSVIVFRNFQY--Y--YDSWTN--
(J) <i>Epichloe festucae</i> Fl1	RQLSPAGVEK--TYGVGN--FNAYAGHFDEHTLEAIRRNADVESVEQQQL
(J) <i>Metarhizium acridum</i> ARSEF_324	RGLNFRGVEK--TYGVGN--FNAYAGHFDEHTLEAIRRNADVESVEQQQL
(J) <i>Metarhizium acridum</i> CQMa_102	RGLNFRGVEK--TYGVGN--FNAYAGHFDEHTLEAIRRNADVESVEQQQL
(J) <i>Metarhizium acridum</i> CQMa_102_1	RALDLPGLIEK--RYDFGD--PHAYLGSFDPKETLEKIMNSPDVLGVEPDGI
(J) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_2575	RGLNFRGVEK--TYGVGN--FNAYAGHFDEHTLEAIRRNADVESVEQQQL
(J) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_820	RGLNFRGVEK--TYGVGN--FNAYAGHFDEHTLEAIRRNADVESVEQQQL
(J) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6	RGLNFRGVEK--TYGVGN--FNAYAGHFDEHTLEAIRRNADVESVEQQQL
(J) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6_1	RALDLPGLIEK--RYDFGD--PHAYLGSFDPKETLEKIMNSPDVLGVEPDGI
(J) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297	RGLNFRGVEK--TYGVGN--FNAYAGHFDEHTLEAIRRNADVESVEQQQL
(J) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297_1	RALDLPGLIEK--RYDFGD--PHAYLGSFDPKETLEKIMNSPDVLGVEPDGI
(J) <i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF_977	RGLNFRGVEK--TYGVGN--FNAYAGHFDEHTLEAIRRNADVESVEQQQL
(J) <i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF_977_1	RALDLPGLIEK--RYDFGD--FTLIWGHLMKRLFGK--
(J) <i>Metarhizium majus</i> ARSEF_297	RGLNFRGVEK--TYGVGN--FNAYAGHFDEHTLEAIRRNADVESVEQQQL
(J) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23	RGLNFRGVEK--TYGVGN--FNAYAGHFDEHTLEAIRRNADVESVEQQQL
(J) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23_1	RALDLPGLIEK--RYDFGD--PHAYLGSFDPKETLEKIMANPDVLGVEPDGI
(J) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_2575_1	RALDLPGLIEK--RYDFGD--PHAYLGSFDPKETLEKIMANPDVLGVEPDGI

205

(D) <i>Metarhizium acridum</i> ARSEF_324	WTLEESAVKRDLLTQESAPWGLAAISHREANAAGYIHDTAAGAGTFFGYVVD
(D) <i>Metarhizium acridum</i> CQMa_102	WTLEESAVKRDLLTQESAPWGLAAISHREANAAGYIHDTAAGAGTFFGYVVD
(D) <i>Metarhizium album</i> ARSEF_1941	-----PCTGTAYIVD
(D) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_2575	WTLEESMEKRDLLTQESAPWGLAAISHRQPNATGYIYDTAAGCGTFFGYVMD
(D) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6	WTLEESMEKRDLLTQESAPWGLAAVSHRQPNATGYIYDTAAGCGTFFGYVMD
(D) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297	WTLEESMEKRDLLTQESAPWGLAAVSHRQPNATGYIYDTAAGCGTFFGYVMD
(D) <i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF_977	WTLEESVVRRLTQESAPWGLAAISHREPNATGYIHDTAAGCGTFFGYIID
(D) <i>Metarhizium majus</i> ARSEF_297	WTLEESMEKRDLLTQKLPWGLAAISHRQPNATGYIHDTAAGCGTFFGYVMD
(D) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23	WTLEESMEKRDLLTQESAPWGLAAISHRQPNATGYIYDTAAGCGTFFGYVMD
(E) <i>Metarhizium acridum</i> CQMa_102	-----LGT--YAYILD
(E) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_2575	-----AGT--PAYILD
(E) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_820	-----AGT--PAYILD
(E) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6	-----AGT--PAYILD
(E) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6_1	-----SGT--PAYILD
(E) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6_2	-----LDT--YAYILD
(E) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297	-----AGT--PAYILD
(E) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297_1	-----SGT--PAYILD
(E) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297_2	-----LNM--YAYILD
(E) <i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF_977	-----LDT--YAYILD
(E) <i>Metarhizium majus</i> ARSEF_297	-----LNT--YAYILD
(E) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23	-----LDT--YAYILD
(E) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23_1	-----SGT--PAYILD
(E) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23_2	-----AGT--PAYILD
(E) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_2575	-----LDT--YAYILD
(E) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_2575_1	-----AGT--PAYILD
(F) <i>Metarhizium acridum</i> ARSEF_324	-----GKT--YYAYVVD
(F) <i>Metarhizium album</i> ARSEF_1941	-----DET--YVYVVD
(F) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_549_1	-----DKT--LYAYVLD
(F) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_820	-----GKT--YYAYVVD
(F) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6	-----GKT--YYAYVVD
(F) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6_1	-----DKT--LYAYVLD
(F) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297	-----GKT--YYAYVVD
(F) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297_1	-----DKT--LYAYVLD
(F) <i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF_977	-----DKT--LYAYVLD
(F) <i>Metarhizium majus</i> ARSEF_297	-----DKT--LYAYVVD
(F) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23	-----DKT--LYAYVLD
(F) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23_1	-----GKT--YYAYVVD
(F) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_2575_1	-----GKT--YYAYVVD
(J) <i>Epichloe festucae</i> Fl1	YYLSR-----LATQKNSTYGLATISHRRPGATEYVYDSSAGEGSTVYVLD
(J) <i>Metarhizium acridum</i> ARSEF_324	YHLHE-----LTTQKNSTHGLATVSHREPGSTEYVYDSSRAGEGSTVYVLD
(J) <i>Metarhizium acridum</i> CQMa_102	YHLHE-----LTTQKNSTHGLATVSHREPGSTEYVYDSSRAGEGSTVYVLD
(J) <i>Metarhizium acridum</i> CQMa_102_1	YLPMA-----LTTQCNPPWALSASSRTPGPQPYQYDSSAGKDTPAYVLD
(J) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_2575	YHLHE-----LTTQKESTHGLATI SHREPGSTEYVYDSSAGEGSTVYVLD
(J) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_820	YHLHE-----LTTQKDESTHGLATVSHREPGATEYVYDSSAGEGSTVYVLD
(J) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6	YHLHE-----LTTQKESTHGLATI SHREPGSTEYVYDSSAGEGSTVYVLD
(J) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6_1	YMLPLA-----LTTQCNPPWALSAMSSRTPGPPS-----LID
(J) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297	YHLHE-----LTTQKDESTHGLATVSHREPGATEYVYDSSAGEGSTVYVLD
(J) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297_1	YMLPLA-----LTTQCNPPWALSAMSSRTPGPQPYRYDSSAGENTPAYVLD
(J) <i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF_977	YHLHE-----LTTQKNSTHGLATVSHREPGSTEYVYDSSAGEGSTVYVLD
(J) <i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF_977_1	WTTQ-----LRTSGFPQPYRYDSSAGENTPAYVLD
(J) <i>Metarhizium majus</i> ARSEF_297	YHLHE-----LTTQKNSTHGLATVSHREPGSTEYVYDSSAGEGSTVYVLD
(J) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23	YHLHE-----LTTQKESTHGLATI SHREPGSTEYVYDSSAGEGSTVYVLD
(J) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23_1	YMLPLA-----LTTQCNPPWALSAMSSRTPGPQPYRYDSSAGENTPAYVLD
(J) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_2575_1	YMLPLA-----LTTQCNPPWALSAMSSRTPGPQPYRYDSSAGENTPAYVLD

256

(D) <i>Metarhizium acridum</i> ARSEF_324	SGVRTTHQEPFG-RASTGWTGY-----PGDESDTLG--HGTHVAGTV
(D) <i>Metarhizium acridum</i> CQMa_102	SGVRTTHQEPFG-RASTGWTGY-----PGDESDTLG--HGTHVAGTV
(D) <i>Metarhizium album</i> ARSEF_1941	SGVSTAHWEFRGDRAAN-----
(D) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_2575	TGIRATHREFEG-RASTGWTGW-----AGDDRDISG--HGTHLPVQV
(D) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6	TGIRATHREFEG-RASTGWTGW-----AGDDRDISG--HGTHVAGTV
(D) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297	TGIRATHREFEG-RASTGWTGW-----PGDDRDISG--HGTHVAGTV
(D) <i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF_977	SGIRTTHEEFG-RASTGWTGY-----PGDESDTLG--HGTHVAGTV
(D) <i>Metarhizium majus</i> ARSEF_297	SGIRATHREFEG-RASTGWTGF-----PGDEIDISG--HGTHVAGTV
(D) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23	TGIRATHREFEG-RASTGWTGW-----AGDDRDISG--HGTHVAGTV
(E) <i>Metarhizium acridum</i> CQMa_102	GGIRTTHEEFG-RAETVFTLY-----PGDEIDHRG--HGTGVAGVL
(E) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_2575	SGIRTTHEEFG-RAKAAHSIY-----PADQTIHGD--HGTGVAGII
(E) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_820	SGIRTTHEEFG-RAKAAHSIY-----PADQTIHGD--HGTGVAGII
(E) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6	DGIRETHKEFG-RAKFAHSIY-----PADQTIYGD--HGTGVAGII
(E) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6_1	DGIRETHKEFG-RAKNIYSIF-----PEKQA--GDYVHGTA VAGII
(E) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6_2	SGIRTTHEEFG-RAETVFTVY-----PGDEIDHRG--HGTAVAGVL
(E) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297	SGIRTTHEEFG-RAKAAHSIY-----PADQTIHGD--HGTGVAGII
(E) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297_1	DGIRETHKEFG-RAKNIYSIF-----PEKQA--GDYVHGTA VAGII
(E) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297_2	SGIRTTHEEFG-RAETVFTVY-----PGDEIDHRG--HGTAVAGVL
(E) <i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF_977	SGIRTTHEEFG-RAETVFTLY-----PGDEIDHRG--HGTAVAGVL
(E) <i>Metarhizium majus</i> ARSEF_297	SGIRTTHEEFG-RAETVFTLY-----PGDEIDHRG--HGTAVAGVL
(E) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23	SGIRTTHEEFG-RAETVFTVY-----PGDEIDHRG--HGTAVAGVL
(E) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23_1	DGIRETHKEFG-RAKNIYSIF-----PEKQA--GDYVHGTA VAGII
(E) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23_2	SGIRTTHEEFG-RAKAAHSIY-----PADQTIHGD--HGTGVAGII
(E) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_2575	SGIRTTHEEFG-RAETVFTVY-----PGDEIDHRG--HGTAVAGVL
(E) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_2575_1	SGIRTTHEEFG-RAKAAHSIY-----PADQTIHGD--HGTGVAGII
(F) <i>Metarhizium acridum</i> ARSEF_324	TGIRTTTHQEPFG-RAENLWTAVK-----TATGEDDFSDGTG--HGTHVAGII
(F) <i>Metarhizium album</i> ARSEF_1941	TGIRTTTHQELG-RAENLFTLPK-----TADGEDDFEDRSG--HGTHVAGIV
(F) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_549_1	TGIRTTTHQEPFG-RAENPWTAPK-----TADNQDDFEDQSG--HGTHVAGII
(F) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_820	TGIRXTHQEPFG-RAENLWTAVK-----TATGEDDFSDGTG--HGTHVAGII
(F) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6	TGIRTTTHQEPFG-RAENLWTAVK-----TATGEDDFSDGTG--HGTHVAGII
(F) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6_1	TGIRTTTHQEPFG-RAENPWTAPK-----TADNQDDFEDQSG--HGTHVAGII
(F) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297	TGIRTTTHQEPFG-RAENLWTAVK-----TATGEDDFSDGTG--HGTHVAGII
(F) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297_1	TGIRTTTHQEPFG-RAENPWTAPK-----TADNQDDFEDSSG--HGTHVAGII
(F) <i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF_977	TGIRTTTHQEPFG-RAENPWTAPK-----TADNQDNFDDES G--HGTHVAGII
(F) <i>Metarhizium majus</i> ARSEF_297	TGIRTTTHREFEG-RAENLWTAVK-----TADNRDNFDDES G--HGTHVAGII
(F) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23	TGIRTTTHQEPFG-RAENPWTAPK-----TADNQDDFDES G--HGTHVAGII
(F) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23_1	TGIRTTTHQEPFG-RAENLWTAVK-----TATGEDDFSDGTG--HGTHVAGII
(F) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_2575_1	TGIRTTTHQEPFG-RAENLWTAVK-----TATGEDDFSDGTG--HGTHVAGII
(J) <i>Epichloe festucae</i> Fl1	SGIDIDHEEFG-RAELGYNAVK-----HAP-----ARDVDC--HGTHVAGIV
(J) <i>Metarhizium acridum</i> ARSEF_324	SGIQLDHPEFG-RAIHGYNAVK-----GET-----DDDVOG--HGTHVAGIV
(J) <i>Metarhizium acridum</i> CQMa_102	SGIQLDHPEFG-RAIHGYNAVK-----GET-----DDDVOG--HGTHVAGIV
(J) <i>Metarhizium acridum</i> CQMa_102_1	SGVYNAHVEFG-RAITIGYSGYNNNNPKG-----VADRS G--HGTMVAGLI
(J) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_2575	SGIQVDHPEFG-RAIRGYNAVK-----DAT-----DEDVOG--HGTHVAGIV
(J) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_820	SGIQVDHPEFG-RAFRGYNAVK-----DAT-----DEDVOG--HGTHVAGIV
(J) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6	SGIQVDHPEFG-RAIRGYNAVK-----DAT-----DEDVOG--HGTHVAGIV
(J) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6_1	TGVNDKHVEFG-RVTPGWSAYEEDFPDRP-----HGDVTG--HGTMVAGII
(J) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297	SGIQVDHPEFG-RAFRGYNAVK-----DAT-----DEDVOG--HGTHVAGIV
(J) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297_1	SGVHDKHVEFG-RVTPGWSAYEEDFPDRP-----HGDVTG--HGTMVAGII
(J) <i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF_977	SGIQVDHPEFG-RAIRGYNAVK-----DAT-----DEDVOG--HGTHVAGIV
(J) <i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF_977_1	TGVNDKHVEFG-RAILGYSAFEADFPNNP-----HEDRS G--PRTMVADII
(J) <i>Metarhizium majus</i> ARSEF_297	SGIQVDHPEFG-RAIRGYNAVK-----DAT-----DEDVOG--HGTHVAGIV
(J) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23	SGIQVDHPEFG-RAIRGYNAVK-----DAT-----DEDVOG--HGTHVAGIV
(J) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23_1	SGVHDKHVEFG-RAAPGWSAYEEDFPDRP-----HGDTS G--HGTMVAGII
(J) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_2575_1	SGVHDKHVEFG-RAAPGWSAYEEDFPDRP-----HGDTS G--HGTMVAGII

307

(D) Metarhizium acridum ARSEF_324	GGKTFGVAKKATIISVKVF- QGKEG STSIVLGAPDVA VNDIISKGRRDKSA
(D) Metarhizium acridum CQMa_102	GGKTFGVAKKATIISVKVF- QGKEG STSIVLGAPDVA VNDIISKGRRDKSA
(D) Metarhizium album ARSEF_1941	-----SVVLGAPVAWVNDIISKNRODRSV
(D) Metarhizium anisopliae ARSEF_2575	GGVTFGVAKKATI IAVKVF-HGTOTSTSI IMGGPDVAVNDIIVSKGRQDKSV
(D) Metarhizium anisopliae E6	GGVTFGVAKKATI IAVKVF-HGTOTSTSI IMGGPDVAVNDIIVSKGRQDKSV
(D) Metarhizium brunneum ARSEF_3297	GGVTFGVAKKATI IAVKVF-HGTOTSTSI IMGGPDVAVNDIIVSKGRQDKSV
(D) Metarhizium guizhouense ARSEF_977	GGVTFGVAKKASIIISVKVF- RGR EGSTSI SLGAPDVAVNDIIVSKGRVDKSA
(D) Metarhizium majus ARSEF_297	GGVTFGVAKKATI IAVKVF-HGTOTSTSI IMGGPDVAVNDIIVSKGRQDRSV
(D) Metarhizium robertsii ARSEF_23	GGVTFGVAKKATI IAVKVF-HGTOTSTSI IMGGPDVAVNDIIVSKGRQDKSV
(E) Metarhizium acridum CQMa_102	GSKTYGVAKRAKLLSVKTLDEEGGC TASAAALRALSWTAEHILNRGQHSV
(E) Metarhizium anisopliae ARSEF_2575	GSKTYGVAKKATLISIHLLGPDG-CTGSEAI NALLWAAEDILKNSRKDSSV
(E) Metarhizium anisopliae ARSEF_820	GSKTYGVAKKATLISIHLLGPDG-CTGSEAI NALLWAAEDILKNSRKDSSV
(E) Metarhizium anisopliae E6	GSKTYGVAKKATLISIHLLGPDG-CTGSEAI NALLWAAEDILKNSRKDSSV
(E) Metarhizium anisopliae E6_1	GSKTYGVAKKATLISIHLLGPDG-ADHSEVL KALLWTAEHIVNNTROKSSV
(E) Metarhizium anisopliae E6_2	GSKTYGVAKRAKLLSVKTLDDKGS CAASAALHALSWTAEHILSNGRQHSV
(E) Metarhizium brunneum ARSEF_3297	GSKTYGVAKKATLISIHLLGPDG-CTGSEAI NALLWAAEDILKNSRKDSSV
(E) Metarhizium brunneum ARSEF_3297_1	GSKTYGVAKKITLLSVKTLGTTG-AAHSEVL KALLWTAEHIANNTROKSSV
(E) Metarhizium brunneum ARSEF_3297_2	GSKTYGVAKRAKLLSVKTLDDKGS CAASAALHALSWTAEHILSNGRQHSV
(E) Metarhizium guizhouense ARSEF_977	GSKTYGVAKRAKLLSVKTLDDKGS CAASAALHALSWTAEHILSNGRQHSV
(E) Metarhizium majus ARSEF_297	GSKTYGVAKRAKLLSVKTLDDKGS CAASAALHALSWTAEHILSNGRQHSV
(E) Metarhizium robertsii ARSEF_23	GSKTYGVAKKATLISIHLLGPDG-CTGSEAI NALLWAAEDILKNSRKDSSV
(E) Metarhizium robertsii ARSEF_23_1	GSKTYGVAKKITLLSVKTLGTTG-ADHSEVL KALLWTAEHIVNNTROKSSV
(E) Metarhizium robertsii ARSEF_23_2	GSKTYGVAKKATLISIHLLGPDG-CTGSEAI NALLWAAEDILKNSRKDSSV
(E) Metarhizium robertsii ARSEF_2575	GSKTYGVAKRAKLLSVKTLDDKGS CAASAALHALSWTAEHILSNGRQHSV
(E) Metarhizium robertsii ARSEF_2575_1	GSKTYGVAKKATLISIHLLGPDG-CTGSEAI NALLWAAEDILKNSRKDSSV
(F) Metarhizium acridum ARSEF_324	ASKTYGAAKQARVLSVKVFDDKNDATTSQ ILAGFNHAANDIADKGRKNTAV
(F) Metarhizium album ARSEF_1941	ASKAYGVAKKARVLSVKVLDENIGLTSQMI KGFHAAVNDI I KKGFRNNAV
(F) Metarhizium anisopliae ARSEF_549_1	AAKTYGVAKQARVLSVKVFGPNGOVLTSQA ILGPTFAMNDI I KKGGRQNSAV
(F) Metarhizium anisopliae ARSEF_820	ASKTYGAVKQARVLSVKVFDKNDATTSQ ILAGFNHAANDIADKGRKNTAV
(F) Metarhizium anisopliae E6	ASKTYGAAKQARVLSVRFVDDKNDATTSQ ILAGFNHAANDIADKGRKNTAV
(F) Metarhizium anisopliae E6_1	AAKTYGVAKQARVLSVKVFGPNGOVLTSQA ILGPTFAMNDI I KKGGRQNSAV
(F) Metarhizium brunneum ARSEF_3297	ASKTYGAAKQARVLSVKVFDKNDATTSQ ILAGFNHAANDIADKGRKNTAV
(F) Metarhizium brunneum ARSEF_3297_1	AAKTYGVAKQARVLSVKVFGPNGOVLTSQA ILGPTFAMNDI I KKGGRQNSAV
(F) Metarhizium guizhouense ARSEF_977	AAKTYGVAKKARVLSVKVFGPNGOVLTSQA ILGPTFAMNDI I KKGGRQNSAV
(F) Metarhizium majus ARSEF_297	AAKTYGVAKQARVLSVKVFDKNDATTSQ ILAGFNHAANDIADKGRKNTAV
(F) Metarhizium robertsii ARSEF_23	AAKTYGVAKQARVLSVKVFGPNGOVLTSQA ILGPTFAMNDI I KKGGRQNSAV
(F) Metarhizium robertsii ARSEF_23_1	ASKTYGAAKQARVLSVKVFDKNDATTSQ ILAGFNHAANDIADKGRKNTAV
(F) Metarhizium robertsii ARSEF_2575_1	ASKTYGAAKQARVLSVKVFDKNDATTSQ ILAGFNHAANDIADKGRKNTAV
(J) Epichloe festucae F11	GSRTYGVAKRKLVDVKLFPHDAGS-ITVEI ILDGIEWAIKDI IAKKIQRRAI
(J) Metarhizium acridum ARSEF_324	GSRTYGVAKKTKLVDVKMFPHDAGS-ITNAI ILDGIEWTIKDI ITAKQIQNRIV
(J) Metarhizium acridum CQMa_102	GSRTYGVAKKTKLVDVKMFPHDAGS-ITSEI ILDGIEWTIKDI ITAKQIQNRIV
(J) Metarhizium acridum CQMa_102_1	ASNTYGVAKKANI IAVQ----SON-SASALLD SMWAVQDI QKQGRVGRAV
(J) Metarhizium anisopliae ARSEF_2575	GSRTYGVAKKTKLVDVKMFPHDAGS-ITNEI ILDGIEWTIKDI ITAKQIQNRIV
(J) Metarhizium anisopliae ARSEF_820	GSRTYGVAKKTKLVDVKMFPHDAGS-ITNAI ILDGIEWTIKDI ITAKQIQNRIV
(J) Metarhizium anisopliae E6	GSRTYGVAKKTKLVDVKMFPHDAGS-ITNEI ILDGIEWTIKDI ITAKQIQNRIV
(J) Metarhizium anisopliae E6_1	ASNTYGVAKKANI IAVQ----TDQ-IVSGLL GGIAWAVRDI QSQGRVGGAV
(J) Metarhizium brunneum ARSEF_3297	GSRTYGVAKKTKLVDVKMFPHDAGS-ITNAI ILDGIEWTIKDI ITAKQIQNRIV
(J) Metarhizium brunneum ARSEF_3297_1	ASNTYGVAKKANI IAVQ----TDQ-IVSGLL GGIAWAVRDI QSQGRVGGAV
(J) Metarhizium guizhouense ARSEF_977	GSRTYGVAKKTKLVDVKMFPHDAGS-ITNEI ILDGIEWTIKDI ITAKQIQNRIV
(J) Metarhizium guizhouense ARSEF_977_1	ASNTYGVAKKANI IAVQ----TDQ-IVSGLT LGAIAWAVRDI QKQGRVGGAV
(J) Metarhizium majus ARSEF_297	GSRTYGVAKKTKLVDVKMFPHDAGS-ITNEI ILDGIEWTIKDI ITAKQIQNRIV
(J) Metarhizium robertsii ARSEF_23	GSRTYGVAKKTKLVDVKMFPHDAGS-ITNEI ILDGIEWTIKDI ITAKQIQNRIV
(J) Metarhizium robertsii ARSEF_23_1	ASNTYGVAKKANI IAVQ----TDH-IVSGLT GGIAWAVRDI QSQGRVGGAV
(J) Metarhizium robertsii ARSEF_2575_1	ASNTYGVAKKANI IAVQ----TDH-IVSGLT GGIAWAVRDI QSQGRVGGAV

358

(D) Metarhizium acridum ARSEF_324	INLS	-----	LAGP	YSRAWNDAI	EAAFT	R	---	G	---	VLSVID												
(D) Metarhizium acridum CQMa_102	INLS	-----	LAGP	YSRAWNEAV	RTAFT	K	---	G	---	VLSIVA												
(D) Metarhizium album ARSEF_1941	INLS	-----	LGGS	YSQAWDDAI	ESAFS	N	---	G	---	VLSIVA												
(D) Metarhizium anisopliae ARSEF_2575	INOS	-----	LGPP	YSRAWNDAI	EAAFT	R	---	G	---	VLSVIA												
(D) Metarhizium anisopliae E6	INOS	-----	LGPP	FSRAWNDAI	EAAFT	R	---	G	---	VLSVIA												
(D) Metarhizium brunneum ARSEF_3297	INOS	-----	LGPP	FSRAWNDAI	EAAFT	R	---	G	---	VLSVIA												
(D) Metarhizium guizhouense ARSEF_977	INLS	-----	LFAP	YSRAWNDAI	EAAFS	R	---	G	---	VLSIAA												
(D) Metarhizium majus ARSEF_297	INOS	-----	LGPP	YSRAWNDAI	EAAFT	R	---	G	---	VLSVIS												
(D) Metarhizium robertsii ARSEF_23	INOS	-----	LGPP	YSRAWNDAI	EAAFT	R	---	G	---	VLSVIA												
(E) Metarhizium acridum CQMa_102	INLS	-----	FGVK	KVQSLNT	P	IEAL	I	SEAD	---	VPVVTA												
(E) Metarhizium anisopliae ARSEF_2575	INLS	-----	FGIP	KLKALNT	P	VERLI	I	TD	---	IPIVVA												
(E) Metarhizium anisopliae ARSEF_820	INLS	-----	FGIP	KLQALNT	P	VERLI	I	TD	---	VPIVVA												
(E) Metarhizium anisopliae E6	INLS	-----	FGIP	KLQALNT	P	VERLI	I	TD	---	IPIVVA												
(E) Metarhizium anisopliae E6_1	INLS	-----	FGVK	KNDALNK	P	IELLV	S	KYD	---	IPVVTA												
(E) Metarhizium anisopliae E6_2	INLS	-----	FGIP	KLQALDT	P	IEALV	S	QVG	---	IPVVTA												
(E) Metarhizium brunneum ARSEF_3297	INLS	-----	FGIP	KLQALNT	P	VERLI	I	TD	---	IPIVVA												
(E) Metarhizium brunneum ARSEF_3297_1	INLS	-----	FGVE	KSDALNK	P	IELLV	G	KYD	---	IPVVTA												
(E) Metarhizium brunneum ARSEF_3297_2	INLS	-----	FGIP	KLQALDT	P	IEALV	S	QVG	---	IPVVTA												
(E) Metarhizium guizhouense ARSEF_977	INLS	-----	FGIP	KLQALDT	P	IEALV	S	QVG	---	IPVVTA												
(E) Metarhizium majus ARSEF_297	INLS	-----	FGIS	KLQALDT	P	IEALV	S	QVG	---	IPVVTA												
(E) Metarhizium robertsii ARSEF_23	INLS	-----	FGIP	KLQALDT	P	IEALV	S	QVG	---	IPVVTA												
(E) Metarhizium robertsii ARSEF_23_1	INLS	-----	FGVE	KSDALNK	P	IELLV	G	KYD	---	IPVVTA												
(E) Metarhizium robertsii ARSEF_23_2	INLS	-----	FGIP	KLKALNT	P	VERLI	I	TD	---	IPIVVA												
(E) Metarhizium robertsii ARSEF_2575	INLS	-----	FGIP	KLQALDT	P	IEALV	S	QVG	---	IPVVTA												
(E) Metarhizium robertsii ARSEF_2575_1	INLS	-----	FGIP	KLKALNT	P	VERLI	I	TD	---	IPIVVA												
(F) Metarhizium acridum ARSEF_324	INCS	-----	LGAA	SSPALKL	VYER	AH	H	K	---	ILTVTS												
(F) Metarhizium album ARSEF_1941	VNLS	-----	LAGP	CSAAWNA	AVDR	ALNH	RD	GS	R	PGAVLTVAS												
(F) Metarhizium anisopliae ARSEF_549_1	INYS	-----	GGRK	YSMAWNT	I	VERAF	N	R	P	NGP												
(F) Metarhizium anisopliae ARSEF_820	INCS	-----	MGSA	SSPALK	LAYER	AH	H	R	---	ILTVTS												
(F) Metarhizium anisopliae E6	INCS	-----	MGSA	SSQALK	VAYER	AH	H	R	---	ILTVTS												
(F) Metarhizium anisopliae E6_1	INYS	-----	GGRK	YSMAWNT	I	VERAF	N	R	P	NGP												
(F) Metarhizium brunneum ARSEF_3297	INCS	-----	MGSA	SSPALK	LAYER	AH	H	R	---	ILTVTS												
(F) Metarhizium brunneum ARSEF_3297_1	INYS	-----	GGRK	YSMAWNT	I	VERAF	N	R	P	NGP												
(F) Metarhizium guizhouense ARSEF_977	INYS	-----	GGRK	FSLAWNT	I	VERAF	N	R	P	NGP												
(F) Metarhizium majus ARSEF_297	INYS	-----	GGGE	FSVAWNT	I	VERA	H	N	R	P	NGP											
(F) Metarhizium robertsii ARSEF_23	INYS	-----	GGRK	YSMAWNT	I	VERAF	N	R	P	NGP												
(F) Metarhizium robertsii ARSEF_23_1	INCS	-----	LGAA	SSPALKL	VYER	AH	H	R	---	ILTVTS												
(F) Metarhizium robertsii ARSEF_2575_1	INCS	-----	LGAA	SSPALKL	VYER	AH	H	R	---	ILTVTS												
(J) Epichloe festucae Fl1	LNMS	-----	FGGG	KSAVQNK	L	V	K	T	A	---	ILCVIA											
(J) Metarhizium acridum ARSEF_324	VNMS	-----	FGGG	NSTALNK	I	I	K	T	A	---	ILCVIS											
(J) Metarhizium acridum CQMa_102	VNMS	-----	FGGG	NSTALNK	I	I	K	A	A	---	ILCVIA											
(J) Metarhizium acridum CQMa_102_1	INYSG	---	GLQK	FADSNP	V	T	E	S	P	G	I	S	M	A	R	I	M	E	T	A	---	ILCVIA
(J) Metarhizium anisopliae ARSEF_2575	VNMS	-----	FGGG	NSTALNK	I	I	K	T	A	---	ILCVIS											
(J) Metarhizium anisopliae ARSEF_820	VNMS	-----	FGGG	NSTALNK	I	I	K	T	A	---	ILCVIS											
(J) Metarhizium anisopliae E6	VNMS	-----	FGGG	NSTALNK	I	I	K	T	A	---	ILCVIS											
(J) Metarhizium anisopliae E6_1	INYSG	---	GLPT	IPDS	A	G	Y	K	Y	---	ILCVIA											
(J) Metarhizium brunneum ARSEF_3297	VNMS	-----	FGGG	NSTALNK	I	I	K	T	A	---	ILCVIS											
(J) Metarhizium brunneum ARSEF_3297_1	INYSG	---	GLH	VSNS	A	G	Y	P	Y	---	ILCVIA											
(J) Metarhizium guizhouense ARSEF_977	VNMS	-----	FGGG	NSTALNK	I	I	K	T	A	---	ILCVIS											
(J) Metarhizium guizhouense ARSEF_977_1	MDYSG	---	GL	ESVPE	S	A	G	L	Y	---	ILCVIA											
(J) Metarhizium majus ARSEF_297	VNMS	-----	FGGG	NSTALNK	I	I	K	T	A	---	ILCVIS											
(J) Metarhizium robertsii ARSEF_23	VNMS	-----	FGGG	NSTALNK	I	I	K	T	A	---	ILCVIS											
(J) Metarhizium robertsii ARSEF_23_1	INYSG	---	GL	ETIP	D	S	A	G	Y	K	---	ILCVIA										
(J) Metarhizium robertsii ARSEF_2575_1	INYS	---	GL	ETIP	D	S	A	G	Y	K	---	ILCVIA										

409

(D) <i>Metarhizium acridum</i> ARSEF_324	DGNAQRDASEVSPA---SAPNAVTVGAVDKNWRIVTNWPNQGGSNYGPFVLD
(D) <i>Metarhizium acridum</i> CQMa_102	AGNAQADAGNYSPA---SAPNAVTVGAVNQNWGIIVTDWPFVGGGSNYGTVLD
(D) <i>Metarhizium album</i> ARSEF_1941	AGNGQVDAQITSPA---SAPNAVTVGAVGR-----YGTALD
(D) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_2575	AGNAQRDASEVSPA---SAPNAVTVGAVDKNWRIVTNWPNQGGSNYGPFVLD
(D) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6	AGNAQRDASEVSPA---SAPNAVTVGAVDRNWRIVTNWPLGGGSNYGPFVLD
(D) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297	AGNAQRDASEVSPA---SAPNAVTVGAVDRNWRIVTNWPLGGGSNYGPFVLD
(D) <i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF_977	AGNDQQNAANYSPA---SAPNAVTVGAVDRNWRIVATNWNNGGSNYGPFVLD
(D) <i>Metarhizium majus</i> ARSEF_297	AGNAQRDASEVSPA---SAPNAVTVGAVDRNWRIVATNWNNGGSNYGPFVLD
(D) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23	AGNAQRDASEVSPA---SAPNAVTVGAVDKNWRIVTNWPNQGGSNYGPFVLD
(E) <i>Metarhizium acridum</i> CQMa_102	AGNENEDASLSTPG---SAKGVINVGHMKNHWLSPK-----SNWGPSVT
(E) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_2575	AGNEADDASNHSPG---SADGVI SVGH INQOWA ISET-----SNFGSAVS
(E) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_820	AGNEADDASNHSPG---SADGVI SVGH INQOWA ISET-----SNFGSAVS
(E) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6	AGNEADDASNHSPG---SADGVI SVGH INQOWA ISET-----SNFGSAVS
(E) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6_1	AGNEGEDASTKTPG---SAKGAINVGY INKOWGLAPR-----SNWGPAVT
(E) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6_2	AGNENEDASLSTPG---SAKGVINVGHMKNWVMSPN-----SNWGPAVT
(E) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297	AGNEADDASNHSPG---SADGVI SVGH INQOWA ISET-----SNFGSAVS
(E) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297_1	AGNEGEDASTKTPG---SAKGAINVGY INKOWGLAPR-----SNWGPAVT
(E) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297_2	AGNENEDASLSTPG---SAKGVINVGHMKNWVISP-----SNWGPAVT
(E) <i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF_977	AGNENEDASLSTPG---SAKGVINVGHMKNWVISP-----SNWGPAVT
(E) <i>Metarhizium majus</i> ARSEF_297	AGNENEDASLSTPG---SAKGVINVGHMKNWVISP-----SNWGPAVT
(E) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23	AGNENEDASLSTPG---SAKGVINVGHMKNWVMSPN-----SNWGPAVT
(E) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23_1	AGNEGEDASTKTPG---SAKGAINVGY INKOWGLAPR-----SNWGPAVT
(E) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23_2	AGNEADDASNHSPG---SADGVI SVGH INQOWA ISET-----SNFGSAVS
(E) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_2575	AGNENEDASLSTPG---SAKGVINVGHMKNWVMSPN-----SNWGPAVT
(E) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_2575_1	AGNEADDASNHSPG---SADGVI SVGH INQOWA ISET-----SNFGSAVS
(F) <i>Metarhizium acridum</i> ARSEF_324	AGNNAQSVGAASGG---SASGSI TVGS IHQDWS IASH-----SNYGSHTV
(F) <i>Metarhizium album</i> ARSEF_1941	AGNEKMNABSCSPA---SASRAITVGS IRSDWRMAPS-----SNFGAKVN
(F) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_549_1	AGNDAKDAAGASPA---CADEAITVGS IRSDWSVAPS-----SNFGCKVN
(F) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_820	AGNNAQSVGAASGG---SASGSI TVGS INQDWS IASH-----SNYGPVNV
(F) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6	AGNDAQSVGAASAS---SASGSI TVGS INQDWS IAAH-----SNYGSHTV
(F) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6_1	AGNDAKDAAGASPA---CADEAITVGS IRSDWSVAPS-----SNFGCKVN
(F) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297	AGNNAQSVGAASAS---SASGSI TVGS INQDWS IASH-----SNYGPVNV
(F) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297_1	AGNDAKDAAGASPA---CADEAITVGS IRSDWSVAPS-----SNFGCKVN
(F) <i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF_977	AGNDAKDAAGASPA---CADEAITVGS IRSDWSVAPS-----SNFGCKVN
(F) <i>Metarhizium majus</i> ARSEF_297	AGNDAENAAASSPA---CADKAITVAS IRSDWRVAPS-----SNFGCRVS
(F) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23	AGNDAKDAAGASPA---CADEAITVGS IRSDWSVAPS-----SNFGCKVN
(F) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23_1	AGNNAQSVGAASGG---SASGSI TVGS INQDWS IASH-----SNYGSHTV
(F) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_2575_1	AGNNAQSVGAASGG---SASGSI TVGS INQDWS IASH-----SNYGSHTV
(J) <i>Epichloe festucae</i> Fl1	AGNEAIDAEDRSPA---SSPDGITVAAIDDEWKLWQY-----SNYGSQVH
(J) <i>Metarhizium acridum</i> ARSEF_324	SGNMGVSDASDWSPA---SSPDGITVGA IDANWRLWDH-----SNHGPFVH
(J) <i>Metarhizium acridum</i> CQMa_102	SGNMGVSDASDWSPA---SSPDGITVGA IDANWRLWDH-----SNYGPVVH
(J) <i>Metarhizium acridum</i> CQMa_102_1	SGNGQVVVEQSDAPYCGNSTALVVGAVDEKKGHASF-----SNYGPSVD
(J) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_2575	SGNVGVDASDWSPA---SSPDGITVGA IDANWRLWDH-----SNHGPFVH
(J) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_820	SGNMGVSDASDWSPA---SSPDGITVGA IDANWRLWDH-----SNHGPFVH
(J) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6	SGNMGVSDASDWSPA---SSPDGITVGA IDANWRLWDH-----SNHGPFVH
(J) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6_1	AGNDGKVVVEQSTTPYCGNSTTALVVGGINQOWDFMRL-----SNHGSPVD
(J) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297	SGNMGVSDASDWSPA---SSPDGITVGA IDANWRLWDH-----SNHGPFVH
(J) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297_1	AGNDGKVVVEQSTTPYCGNSTTALVVGGINQOWDFMRL-----SNHGSPVD
(J) <i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF_977	SGNMGVSDASDWSPA---SSPDGITVGA IDANWRLWDH-----SNHGPFVH
(J) <i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF_977_1	AGNDGQVVVEQSSSTPYCGNSTTAFVVGAINQOWNPMRL-----SNHGSPVD
(J) <i>Metarhizium majus</i> ARSEF_297	SGNMGVSDASDWSPA---SSPDGITVGA IDANWRLWDH-----SNHGPFVH
(J) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23	SGNVGVDASDWSPA---SSPDGITVGA IDANWRLWDH-----SNHGPFVH
(J) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23_1	AGNDGQVVVEQSSSTPYCGNSTTALAVGAINQOWNPMRL-----SNHGSPVD
(J) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_2575_1	AGNDGQVVVEQSSSTPYCGNSTTALAVGAINQOWNPMRL-----SNHGSPVD

460

(D) <i>Metarhizium acridum</i> ARSEF_324	IPAPGDGIESAEPNS	-----DSC
(D) <i>Metarhizium acridum</i> CQMa_102	IPAPGDNILSAGFNS	-----DSE
(D) <i>Metarhizium album</i> ARSEF_1941	LFAPGDNILSAGSGS	-----DSA
(D) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_2575	IFAPGDGIESAEPNS	-----DSC
(D) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6	IFAPGDGIESAEPNS	-----DSC
(D) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297	IFAPGDGIESAEPNS	-----DSC
(D) <i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF_977	IFAPGDSIESAGPNS	-----DSE
(D) <i>Metarhizium majus</i> ARSEF_297	IFAPGDSIESAGPNS	-----DSE
(D) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23	IFAPGDGIESAEPNS	-----DSC
(E) <i>Metarhizium acridum</i> CQMa_102	MLAPGVQVECPSSGS	-----DTN
(E) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_2575	ILAPGVGVETTGAGS	-----DTN
(E) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_820	ILAPGVGVETTGAGS	-----DTN
(E) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6	ILAPGVGVETTGAGS	-----DTN
(E) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6_1	ILAPGVGVETTGSES	-----DTN
(E) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6_2	MLAPGVQVECPSSAS	-----DTN
(E) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297	ILAPGVGVETTGAGS	-----DTN
(E) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297_1	ILAPGVQVECPSSGS	-----DTN
(E) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297_2	MLAPGVQVECPSSAS	-----DSE
(E) <i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF_977	MLAPGVQVECPSSAS	-----DTN
(E) <i>Metarhizium majus</i> ARSEF_297	MLAPGVQVECPSSAS	-----DTN
(E) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23	MLAPGVQVECPSSAS	-----DTN
(E) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23_1	ILAPGVQVECPSSAS	-----DTN
(E) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23_2	ILAPGVGVETTGAGS	-----DTN
(E) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_2575	MLAPGVQVECPSSAS	-----DTN
(E) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_2575_1	ILAPGVGVETTGAGS	-----DTN
(F) <i>Metarhizium acridum</i> ARSEF_324	IFAPGADILSLSHKS	-----DCA
(F) <i>Metarhizium album</i> ARSEF_1941	ILAPGANIVSLSHEE	-----DSE
(F) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_549_1	ILAPGGKIVSLSNTS	-----DVA
(F) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_820	IFAPGADILSLSHKS	-----DSA
(F) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6	IFAPGADILSLSHKS	-----DSA
(F) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6_1	ILAPGGKIVSLSNTS	-----DVA
(F) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297	IFAPGADILSLSHKS	-----DSA
(F) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297_1	ILAPGGKIVSLSNTS	-----DVA
(F) <i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF_977	ILAPGGKIVSLSNTS	-----DVA
(F) <i>Metarhizium majus</i> ARSEF_297	ILAPGEXIKSLSSTS	-----DVA
(F) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23	ILAPGGKIVSLSNTS	-----DVA
(F) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23_1	IFAPGADILSLSHKS	-----DSA
(F) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_2575_1	IFAPGADILSLSHKS	-----DSA
(J) <i>Epichloe festucae</i> Fl1	ILAPGVNVLSTYIGS	-----KTA
(J) <i>Metarhizium acridum</i> ARSEF_324	ILAPGVQVECPSSGS	-----DSE
(J) <i>Metarhizium acridum</i> CQMa_102	ILAPGVQVECPSSGS	-----DSE
(J) <i>Metarhizium acridum</i> CQMa_102_1	ILAPGANVVTITIGS	-----DTA
(J) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_2575	ILAPGVQVECPSSGS	-----DSE
(J) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_820	ILAPGVQVECPSSGS	-----DSE
(J) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6	ILAPGVQVECPSSGS	-----DSE
(J) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6_1	ILAPGVQVECPSSGS	-----DSE
(J) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297	ILAPGVQVECPSSGS	-----DSE
(J) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297_1	ILAPGVQVECPSSGS	-----DSE
(J) <i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF_977	ILAPGVQVECPSSGS	-----DSE
(J) <i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF_977_1	ILAPGVQVECPSSGS	-----DSE
(J) <i>Metarhizium majus</i> ARSEF_297	ILAPGVQVECPSSGS	-----DSE
(J) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23	ILAPGVQVECPSSGS	-----DSE
(J) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23_1	ILAPGVQVECPSSGS	-----DSE
(J) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_2575_1	ILAPGVQVECPSSGS	-----DSE

511

(D) *Metarhizium acridum* ARSEF_324
 (D) *Metarhizium acridum* CQMa_102
 (D) *Metarhizium album* ARSEF_1941
 (D) *Metarhizium anisopliae* ARSEF_2575
 (D) *Metarhizium anisopliae* E6
 (D) *Metarhizium brunneum* ARSEF_3297
 (D) *Metarhizium guizhouense* ARSEF_977
 (D) *Metarhizium majus* ARSEF_297
 (D) *Metarhizium robertsii* ARSEF_23
 (E) *Metarhizium acridum* CQMa_102
 (E) *Metarhizium anisopliae* ARSEF_2575
 (E) *Metarhizium anisopliae* ARSEF_820
 (E) *Metarhizium anisopliae* E6
 (E) *Metarhizium anisopliae* E6_1
 (E) *Metarhizium anisopliae* E6_2
 (E) *Metarhizium brunneum* ARSEF_3297
 (E) *Metarhizium brunneum* ARSEF_3297_1
 (E) *Metarhizium brunneum* ARSEF_3297_2
 (E) *Metarhizium guizhouense* ARSEF_977
 (E) *Metarhizium majus* ARSEF_297
 (E) *Metarhizium robertsii* ARSEF_23
 (E) *Metarhizium robertsii* ARSEF_23_1
 (E) *Metarhizium robertsii* ARSEF_23_2
 (E) *Metarhizium robertsii* ARSEF_2575
 (E) *Metarhizium robertsii* ARSEF_2575_1
 (F) *Metarhizium acridum* ARSEF_324
 (F) *Metarhizium album* ARSEF_1941
 (F) *Metarhizium anisopliae* ARSEF_549_1
 (F) *Metarhizium anisopliae* ARSEF_820
 (F) *Metarhizium anisopliae* E6
 (F) *Metarhizium anisopliae* E6_1
 (F) *Metarhizium brunneum* ARSEF_3297
 (F) *Metarhizium brunneum* ARSEF_3297_1
 (F) *Metarhizium guizhouense* ARSEF_977
 (F) *Metarhizium majus* ARSEF_297
 (F) *Metarhizium robertsii* ARSEF_23
 (F) *Metarhizium robertsii* ARSEF_23_1
 (F) *Metarhizium robertsii* ARSEF_2575_1
 (J) *Epichloe festucae* Fl1
 (J) *Metarhizium acridum* ARSEF_324
 (J) *Metarhizium acridum* CQMa_102
 (J) *Metarhizium acridum* CQMa_102_1
 (J) *Metarhizium anisopliae* ARSEF_2575
 (J) *Metarhizium anisopliae* ARSEF_820
 (J) *Metarhizium anisopliae* E6
 (J) *Metarhizium anisopliae* E6_1
 (J) *Metarhizium brunneum* ARSEF_3297
 (J) *Metarhizium brunneum* ARSEF_3297_1
 (J) *Metarhizium guizhouense* ARSEF_977
 (J) *Metarhizium guizhouense* ARSEF_977_1
 (J) *Metarhizium majus* ARSEF_297
 (J) *Metarhizium robertsii* ARSEF_23
 (J) *Metarhizium robertsii* ARSEF_23_1
 (J) *Metarhizium robertsii* ARSEF_2575_1

TGLRSGTSMASPHVAGLALYAMSVDGVGGAQA
 SRFDSGTSMAPHVTGLALYATISVDGVRGAKA
 VRLDSGTSMATSYVTGLALYAMSVNGVRGAKA
 TGLRSGTSMASPHVAGLALYAMSVDGVGGAQA
 TGLRSGTSMASPHVAGLALYAMSVDGVGGAQA
 TGLRSGTSMASPHVAGLALYAMSVDGVGGAQA
 SRISSGTSMAPHVAGLALYAMSVDGVGGAQA
 SRISSGTSMAPHVAGLALYAMSVDGVGGAQA
 TGLRSGTSMASPHVAGLALYAMSVDGVGGAQA
 VILQSGSSFAAPHVAGLVLNAISVHGKKGATK
 IIRETGSFPATPYISGLILNAISIHGKKGAN
 IIRETGSFPATPYISGLILNAISIHGKKGAN
 IVRQTGSYYAAPYISGLILNAISTHGKKGAIN
 AVLQSGSSYAAPYISGLVLNAISVHGKKGAN
 VVLESQSSFAAPHVAGLVLNAISVHGKKGAGE
 IIRETGSFPATPYISGLILNAISIHGKKGAN
 AVLKSGSSYAAPYISGLVLNVISVHGKKGAN
 VKLESQSSFAAPHVAGLVLNAISVHGKKGAGE
 VVLESQSSFAAPHVAGLVLNAISVHGKKGAAQ
 VVLESQSSFAAPHVAGLVLNAISVHGKKGAAQ
 VVLESQSSFAAPHVAGLVLNAISVHGKKGAAE
 AVLQSGSSYAAPYISGLVLNAISVHGKKGAN
 IIRETGSFPATPYISGLILNAISIHGKKGAN
 VVLESQSSFAAPHVAGLVLNAISVHGKKGAAE
 IIRETGSFPATPYISGLILNAISIHGKKGAN
 TAIMSGTSMAPHVAAVVLNAMAAYS_QESSL
 TAIMSGTSMAPHVAALALNAMSVFG_RASHQ
 TKTLSGTSMAPHVAALALNAMAVFG_KSSKD
 TAIMSGTSMAPHVAAILNMAVHSG_QESSL
 TAIKSGTSMAPHVAAVVLNMAVHSG_QESSL
 TKTLSGTSMAPHVAALALNAMAVFG_KSSKD
 TAIMSGTSMAPHVAAILNMAVHSG_QESSL
 TKTLSGTSMAPHVAALALNAMAVFG_KSSKD
 TKTLSGTSMAPHVAALALNAMAVFG_KSSKD
 TKRLSGTSMAPHVAALALNAMAVFG_KSSKH
 TKTLSGTSMAPHVAALALNAMAVFG_KSSKD
 TAIMSGTSMAPHVAAVVLNAMAAYS_QESSL
 TAIMSGTSMAPHVAAVVLNAMAAYS_QESSL
 TQEDSGTSMAPHVAGLAAYLAAENINTVKE
 -----LREGAELLRRLLMLLGNPPIWC
 S--GSGTSQAAPHVAGLAAYLAVAKNINTVKE
 TVTQSGTSLAAPHVAGLALYLITAEIKTAEE
 T--GSGTSQAAPHVAGLAAYLAVAKNINTAKE
 R--GSGTSQAAPHVAGLAAYLAVAKNINTAKE
 T--GSGTSQAAPHVAGLAAYLAVAKNINTAKE
 TTVQTGTSLAAPHVAGLALYLIAAEKIKTPVE

 TTVQSGTSLAAPHVAGLALYLIAAEKIKTPTE
 T--ESGTSQAAPHVAGLAAYLAVAKNINTAKE
 TTVQSGTSLAAPHVAGLALYLIAAEKIKTPAE
 T--ESGTSQAAPHVAGLAAYLAVAKNINTAKE
 T--GSGTSQAAPHVAGLAAYLAVAKNINTAKE
 TTVQSGTSLAAPHVAGLALYLIAAEKIKTPAE

562

(D) Metarhizium acridum ARSEF_324	-VTDHLL--KNSGKGV-----	-VTGP-----	-LRG-----
(D) Metarhizium acridum CQMa_102	-VTDHLL--KNSGKGV-----	-VTGP-----	-LRG-----
(D) Metarhizium album ARSEF_1941	-VTSHLI--KNSGKNV-----	-ITGP-----	-LRG-----
(D) Metarhizium anisopliae ARSEF_2575	-VTDHLL--KNSGKGV-----	-VTGP-----	-LRG-----
(D) Metarhizium anisopliae E6	-VTDHLL--KNSGKGV-----	-VTGP-----	-LRG-----
(D) Metarhizium brunneum ARSEF_3297	-VTDHLL--KNSGKGV-----	-VTGP-----	-LRG-----
(D) Metarhizium guizhouense ARSEF_977	-VTDHLL--KNSGKGV-----	-VTGP-----	-LRG-----
(D) Metarhizium majus ARSEF_297	-VTDHLL--KNSGKGV-----	-VTGP-----	-LRG-----
(D) Metarhizium robertsii ARSEF_23	-VTDHLL--KNSGKGV-----	-VTGP-----	-LRG-----
(E) Metarhizium acridum CQMa_102	-IKQFLL--QSATRDQ-----	-ACTY-----	-HN-----
(E) Metarhizium anisopliae ARSEF_2575	-LKRHLI--ETATKDKK KL LVPLLKRTRK IG QTW	-----	-----
(E) Metarhizium anisopliae ARSEF_820	-LKKHIL--ETATKDK-----	-ACIPPEKEDK KNR -----	-----
(E) Metarhizium anisopliae E6	-LKKHIL--ETATKDK-----	-ACIPPEKEDK KNR -----	-----
(E) Metarhizium anisopliae E6_1	-IKKFLI--EKATKDR-----	-ACVS-----	-RG-----
(E) Metarhizium anisopliae E6_2	-ISKFLL--QSATRDQ-----	-ACTS-----	-RN-----
(E) Metarhizium brunneum ARSEF_3297	-LKKHIL--ETATKDK-----	-ACIPPEKEDK KNR -----	-----
(E) Metarhizium brunneum ARSEF_3297_1	-IKKYLL--EKATKDR-----	-ACVF-----	-KR-----
(E) Metarhizium brunneum ARSEF_3297_2	-IRKFLI--ESATRDQ-----	-ACTS-----	-RN-----
(E) Metarhizium guizhouense ARSEF_977	-IRDPLL--QSATKDD-----	-ACTY-----	-GN-----
(E) Metarhizium majus ARSEF_297	-IRDPLL--QSATKDD-----	-ACAC-----	-GG-----
(E) Metarhizium robertsii ARSEF_23	-IRKFLI--QSATKDD-----	-ACTS-----	-RN-----
(E) Metarhizium robertsii ARSEF_23_1	-IKKFLI--EKATKDR-----	-ACVS-----	-KS-----
(E) Metarhizium robertsii ARSEF_23_2	-LKRHLI--ETATKDK-----	-ACIPPEKEDK KNR -----	-----
(E) Metarhizium robertsii ARSEF_2575	-IRKFLI--QSATKDD-----	-ACTS-----	-RN-----
(E) Metarhizium robertsii ARSEF_2575_1	-LKRHLI--ETATKDK-----	-ACIPPEKEDK KNR -----	-----
(F) Metarhizium acridum ARSEF_324	-VDFPLE--ITATRDK-----	-ITGD-----	-LRG-----
(F) Metarhizium album ARSEF_1941	-VPLFLQ--ETCTKDK-----	-VKGD-----	-LRG-----
(F) Metarhizium anisopliae ARSEF_549_1	-VLEFLT--QTATKDK-----	-VKGD-----	-LRG-----
(F) Metarhizium anisopliae ARSEF_820	-VDFPLE--ITATRDK-----	-ITGD-----	-LRG-----
(F) Metarhizium anisopliae E6	-VDFPLE--ITATRDK-----	-ITGD-----	-LRG-----
(F) Metarhizium anisopliae E6_1	-VLEFLT--QTATKDK-----	-VKGD-----	-LRG-----
(F) Metarhizium brunneum ARSEF_3297	-VDFPLE--ITATRDK-----	-ITGD-----	-LRG-----
(F) Metarhizium brunneum ARSEF_3297_1	-VLEFLT--QTATKDK-----	-VKGD-----	-LRG-----
(F) Metarhizium guizhouense ARSEF_977	-VLEFLT--QTATKDK-----	-VKGD-----	-LRG-----
(F) Metarhizium majus ARSEF_297	-VIGFLT--QPATKDK-----	-VKGH-----	-LRG-----
(F) Metarhizium robertsii ARSEF_23	-VLEFLT--QTATKDK-----	-VKGD-----	-LRG-----
(F) Metarhizium robertsii ARSEF_23_1	-VDFPLE--ITATRDK-----	-ITGD-----	-LRG-----
(F) Metarhizium robertsii ARSEF_2575_1	-VDFPLE--ITATRDK-----	-ITGD-----	-LRG-----
(J) Epichloe festucae Fl1	-LRARIL--ALGTNGT-----	-ATSV-----	-KQG-----
(J) Metarhizium acridum ARSEF_324	LLR TSTL QRS -----	-----	-----
(J) Metarhizium acridum CQMa_102	-LKASIL--SLGTSNK-----	-AISV-----	-QNN-----
(J) Metarhizium acridum CQMa_102_1	-LRARIL--ALATKDK-----	-ITNV-----	-PAN-----
(J) Metarhizium anisopliae ARSEF_2575	-LKATIL--SLGTRDK-----	-ATAV-----	-KDG-----
(J) Metarhizium anisopliae ARSEF_820	-LKASIL--SLGTRDK-----	-ATAV-----	-KDG-----
(J) Metarhizium anisopliae E6	-LKASIL--SLGTRDK-----	-ATAV-----	-KDG-----
(J) Metarhizium anisopliae E6_1	-LRARIL--ALATKDK-----	-ITNV-----	-PAN-----
(J) Metarhizium brunneum ARSEF_3297	-----	-----	-----
(J) Metarhizium brunneum ARSEF_3297_1	-LRARIL--ALATKDK-----	-ITNV-----	-PAN-----
(J) Metarhizium guizhouense ARSEF_977	-LKASIL--SLGTRDK-----	-AIGV-----	-QNK-----
(J) Metarhizium guizhouense ARSEF_977_1	-LRARIL--ALATKDK-----	-ITNV-----	-PAN-----
(J) Metarhizium majus ARSEF_297	-LKASIL--SLGTRDK-----	-AIGV-----	-QNK-----
(J) Metarhizium robertsii ARSEF_23	-LKATIL--SLGTRDK-----	-ATAV-----	-KDG-----
(J) Metarhizium robertsii ARSEF_23_1	-LRARIL--ALATKDK-----	-ITNV-----	-PAN-----
(J) Metarhizium robertsii ARSEF_2575_1	-LRARIL--ALATKDK-----	-ITNV-----	-PAN-----

613

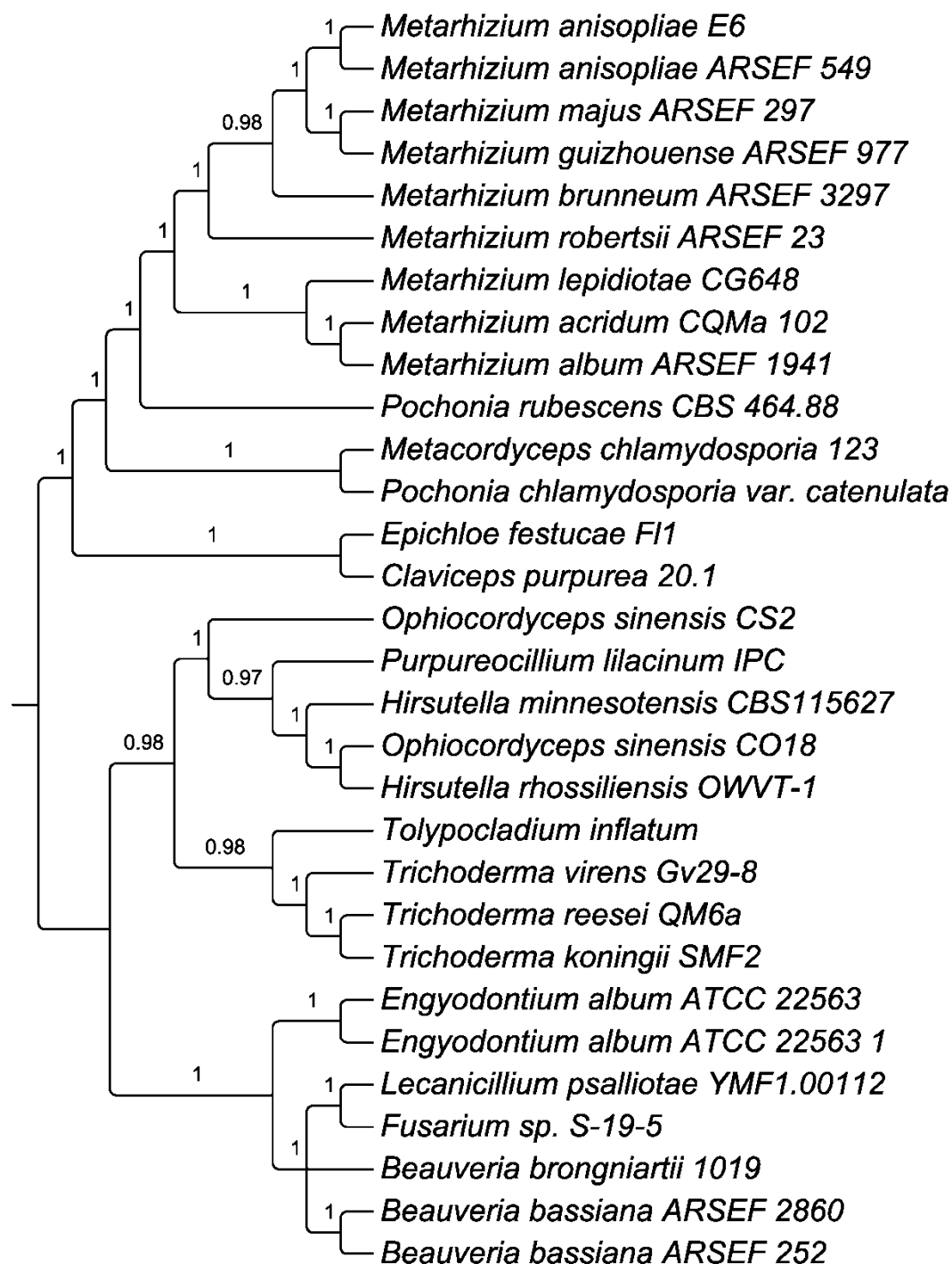
(D) <i>Metarhizium acridum</i> ARSEF_324	SPNRFANNGNPSQ	-----	-----
(D) <i>Metarhizium acridum</i> CQMa_102	SPNRFANNGNPSQ	-----	-----
(D) <i>Metarhizium album</i> ARSEF_1941	SPNRLANNGNTIQ	-----	-----
(D) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_2575	SPNRFANNGNPSQ	-----	-----
(D) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6	SPNRFANNGNPSQ	-----	-----
(D) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297	SPNRFANNGNPSQ	-----	-----
(D) <i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF_977	SPNRFANNGNPSQ	-----	-----
(D) <i>Metarhizium majus</i> ARSEF_297	SPNRFANNGNPSQ	-----	-----
(D) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23	SPNRFANNGNPSQ	-----	-----
(E) <i>Metarhizium acridum</i> CQMa_102	TPNIVANNGNTVQ	KK	H
(E) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_2575	-----	-----	-----
(E) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_820	TPNLVGNNNNAEQ	DKEKQEDDFSSSRMFCC	NGLLSKLACGR
(E) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6	TPNLVGNNNNAEQ	DKEKQKDFSSSRMFCC	NGLLSKLACGR
(E) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6_1	TPNLVANNGNAMQ	DKVKPGDKSALSKLMCC	IRGSLNKK
(E) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6_2	TPNIVANNGNTAQ	KK	H
(E) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297	TPNLVGNNNNAEQ	DKEKQEDDFSSSRMFCC	NGLLSKLACGR
(E) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297_1	TPNLVANNGNAMQ	DKVKPGDKSALSKLMCC	IRGSLNKK
(E) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297_2	TPNIVANNGNTAQ	KK	H
(E) <i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF_977	TPNIVANNGNTAQ	TK	H
(E) <i>Metarhizium majus</i> ARSEF_297	TPNIVANNGNTAQ	TK	H
(E) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23	TPNIVANNGNTAQ	KK	H
(E) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23_1	TPNLVANNGNAMQ	DKVKSDDKSALSKLMCC	IRGSLNKK
(E) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23_2	TPNLVGNNNNAEQ	DKEKQKDFSSSRMFCC	NGLLSKLACGR
(E) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_2575	TPNIVANNGNTAQ	KK	H
(E) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_2575_1	TPNLVGNNNNAEQ	DKEKQKDFSSSRMFCC	NGLLSKLACGR
(F) <i>Metarhizium acridum</i> ARSEF_324	SPNVLVNNNDROESSCGQDD	-----	-----
(F) <i>Metarhizium album</i> ARSEF_1941	SPNALVNNNTKKQ	-----	-----
(F) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_549_1	SPNLLANNNNPRQ	-----	-----
(F) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_820	SPNVLVNNNDROESSCGQDD	-----	-----
(F) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6	SPNVLVNNNDROESSCGQDD	-----	-----
(F) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6_1	SPNLLANNNNPRQ	-----	-----
(F) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297	SPNVLVNNNDROESSCGQDD	-----	-----
(F) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297_1	SPNLLANNNNARQ	-----	-----
(F) <i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF_977	SPNLLANNNNAKQ	-----	-----
(F) <i>Metarhizium majus</i> ARSEF_297	SPNLLANNNNDRO	-----	-----
(F) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23	SPNLLANNNNPRQ	-----	-----
(F) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23_1	SPNVLVNNNDROESSCGQDD	-----	-----
(F) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_2575_1	SPNVLVNNNDROESSCGQDD	-----	-----
(J) <i>Epichloe festucae</i> Fl1	TVNLVAYNGI	-----	-----
(J) <i>Metarhizium acridum</i> ARSEF_324	-----	-----	-----
(J) <i>Metarhizium acridum</i> CQMa_102	TVNLVAYNGI	-----	-----
(J) <i>Metarhizium acridum</i> CQMa_102_1	TVNLLASNRA	-----	-----
(J) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_2575	TVNLVAYNGI	-----	-----
(J) <i>Metarhizium anisopliae</i> ARSEF_820	TVNLVAYNGI	-----	-----
(J) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6	TVNLVAYNGI	-----	-----
(J) <i>Metarhizium anisopliae</i> E6_1	TVNLLAFNGV	-----	-----
(J) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297	-----	-----	-----
(J) <i>Metarhizium brunneum</i> ARSEF_3297_1	TVNLLAFNGV	-----	-----
(J) <i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF_977	TVNLVAYNGI	-----	-----
(J) <i>Metarhizium guizhouense</i> ARSEF_977_1	TVNLLAFNGV	-----	-----
(J) <i>Metarhizium majus</i> ARSEF_297	TVNLVAYNGI	-----	-----
(J) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23	TVNLVAYNGI	-----	-----
(J) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_23_1	TVNLLAFNGV	-----	-----
(J) <i>Metarhizium robertsii</i> ARSEF_2575_1	TVNLLAFNGV	-----	-----

664

(D) *Metarhizium acridum* ARSEF_324 -----
 (D) *Metarhizium acridum* CQMa_102 -----
 (D) *Metarhizium album* ARSEF_1941 -R-LAR
 (D) *Metarhizium anisopliae* ARSEF_2575 -----
 (D) *Metarhizium anisopliae* E6 -----
 (D) *Metarhizium brunneum* ARSEF_3297 -----
 (D) *Metarhizium guizhouense* ARSEF_977 -----
 (D) *Metarhizium majus* ARSEF_297 -----
 (D) *Metarhizium robertsii* ARSEF_23 -----
 (E) *Metarhizium acridum* CQMa_102 TKPRNC
 (E) *Metarhizium anisopliae* ARSEF_2575 -----
 (E) *Metarhizium anisopliae* ARSEF_820 NRP MNV
 (E) *Metarhizium anisopliae* E6 NRP TNE
 (E) *Metarhizium anisopliae* E6_1 -----
 (E) *Metarhizium anisopliae* E6_2 TKPRNC
 (E) *Metarhizium brunneum* ARSEF_3297 NRP MNV
 (E) *Metarhizium brunneum* ARSEF_3297_1 -----
 (E) *Metarhizium brunneum* ARSEF_3297_2 TKPRNC
 (E) *Metarhizium guizhouense* ARSEF_977 TKPRNC
 (E) *Metarhizium majus* ARSEF_297 TKPRNC
 (E) *Metarhizium robertsii* ARSEF_23 TKPRNC
 (E) *Metarhizium robertsii* ARSEF_23_1 -----
 (E) *Metarhizium robertsii* ARSEF_23_2 NRP TNV
 (E) *Metarhizium robertsii* ARSEF_2575 TKPRNC
 (E) *Metarhizium robertsii* ARSEF_2575_1 NRP TNV
 (F) *Metarhizium acridum* ARSEF_324 -RC---
 (F) *Metarhizium album* ARSEF_1941 -----
 (F) *Metarhizium anisopliae* ARSEF_549_1 -RA---
 (F) *Metarhizium anisopliae* ARSEF_820 -RC---
 (F) *Metarhizium anisopliae* E6 -RC---
 (F) *Metarhizium anisopliae* E6_1 -RA---
 (F) *Metarhizium brunneum* ARSEF_3297 -RC---
 (F) *Metarhizium brunneum* ARSEF_3297_1 -RA---
 (F) *Metarhizium guizhouense* ARSEF_977 -RV---
 (F) *Metarhizium majus* ARSEF_297 -OP---
 (F) *Metarhizium robertsii* ARSEF_23 -RA---
 (F) *Metarhizium robertsii* ARSEF_23_1 -RC---
 (F) *Metarhizium robertsii* ARSEF_2575_1 -RC---
 (J) *Epichloe festucae* Fl1 -K
 (J) *Metarhizium acridum* ARSEF_324 -----
 (J) *Metarhizium acridum* CQMa_102 -K
 (J) *Metarhizium acridum* CQMa_102_1 -O
 (J) *Metarhizium anisopliae* ARSEF_2575 -----
 (J) *Metarhizium anisopliae* ARSEF_820 -----
 (J) *Metarhizium anisopliae* E6 -----
 (J) *Metarhizium anisopliae* E6_1 -----
 (J) *Metarhizium brunneum* ARSEF_3297 -----
 (J) *Metarhizium brunneum* ARSEF_3297_1 -----
 (J) *Metarhizium guizhouense* ARSEF_977 -----
 (J) *Metarhizium guizhouense* ARSEF_977_1 -----
 (J) *Metarhizium majus* ARSEF_297 -----
 (J) *Metarhizium robertsii* ARSEF_23 -----
 (J) *Metarhizium robertsii* ARSEF_23_1 -----
 (J) *Metarhizium robertsii* ARSEF_2575_1 -----

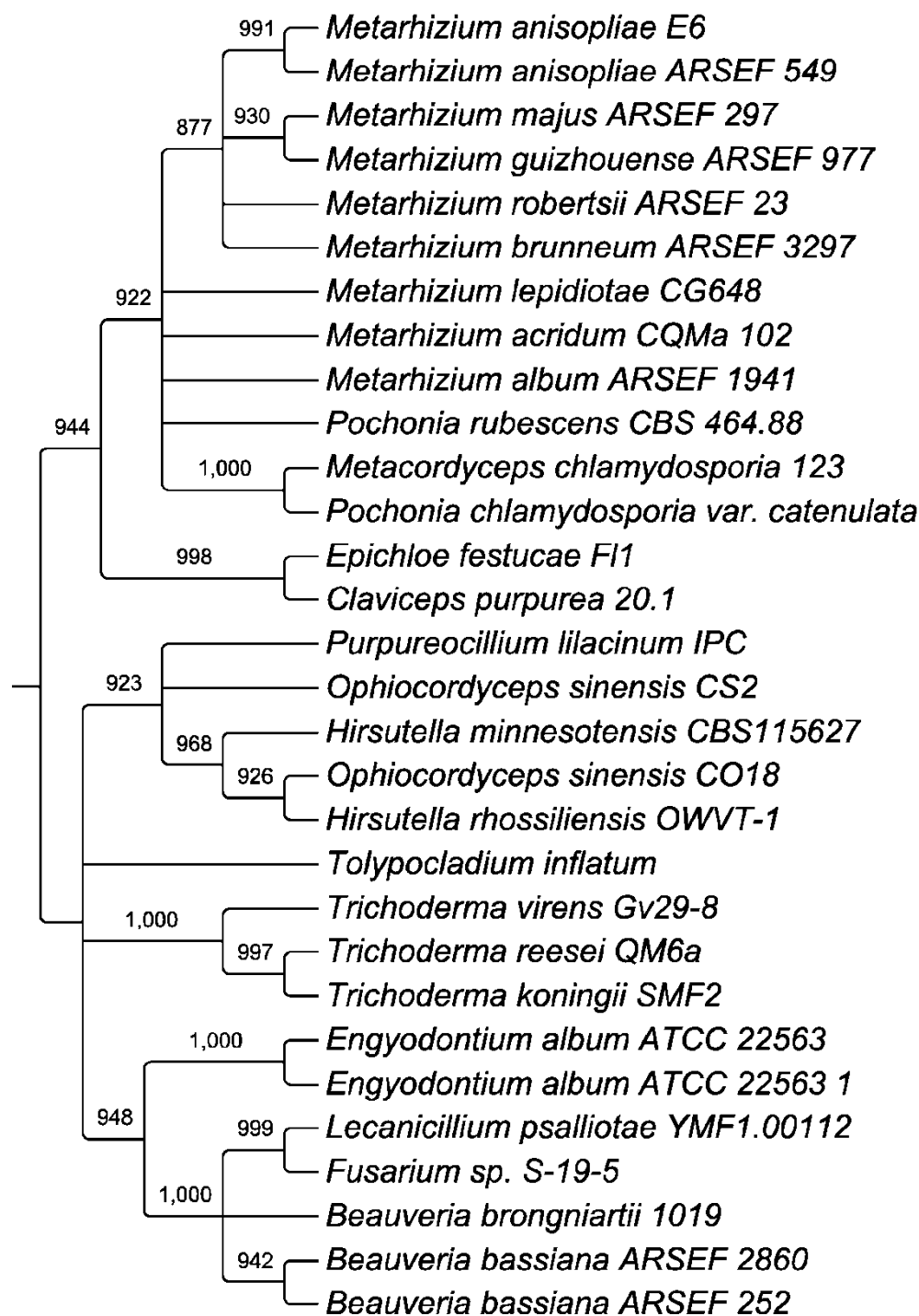
APÊNDICE 20: PR1A-AA-BI.

Árvore obtida utilizando o conjunto de aminoácidos pelo método de Inferência Bayesiana, modelo LG+I+G, com amostragem de 10.000.000 de gerações.



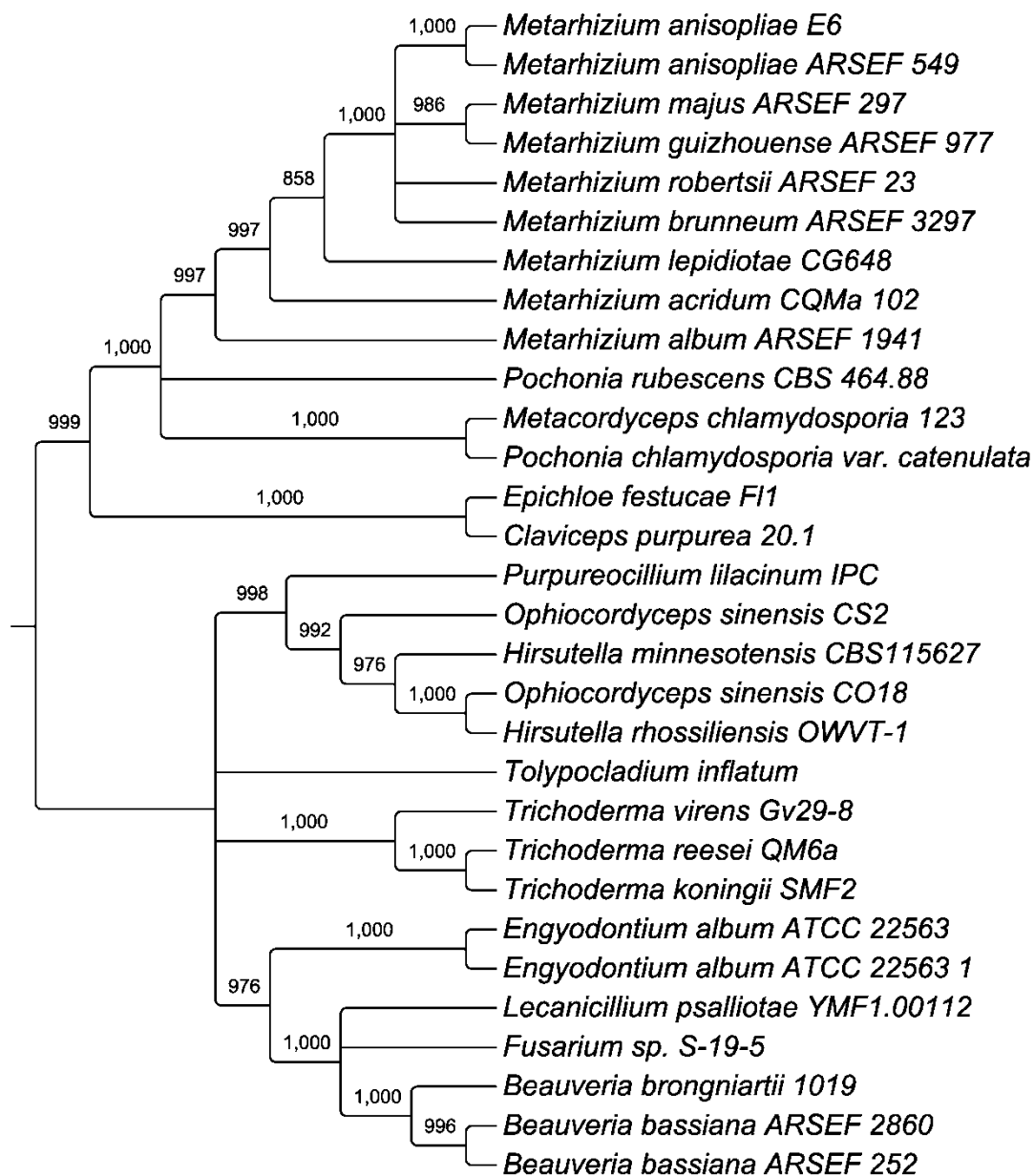
APÊNDICE 21: PR1A-AA-ML

Árvore obtida utilizando o conjunto de aminoácidos pelo método de Máxima Verossimilhança, modelo LG+I+G, com 1.000 replicatas de *bootstrap*.



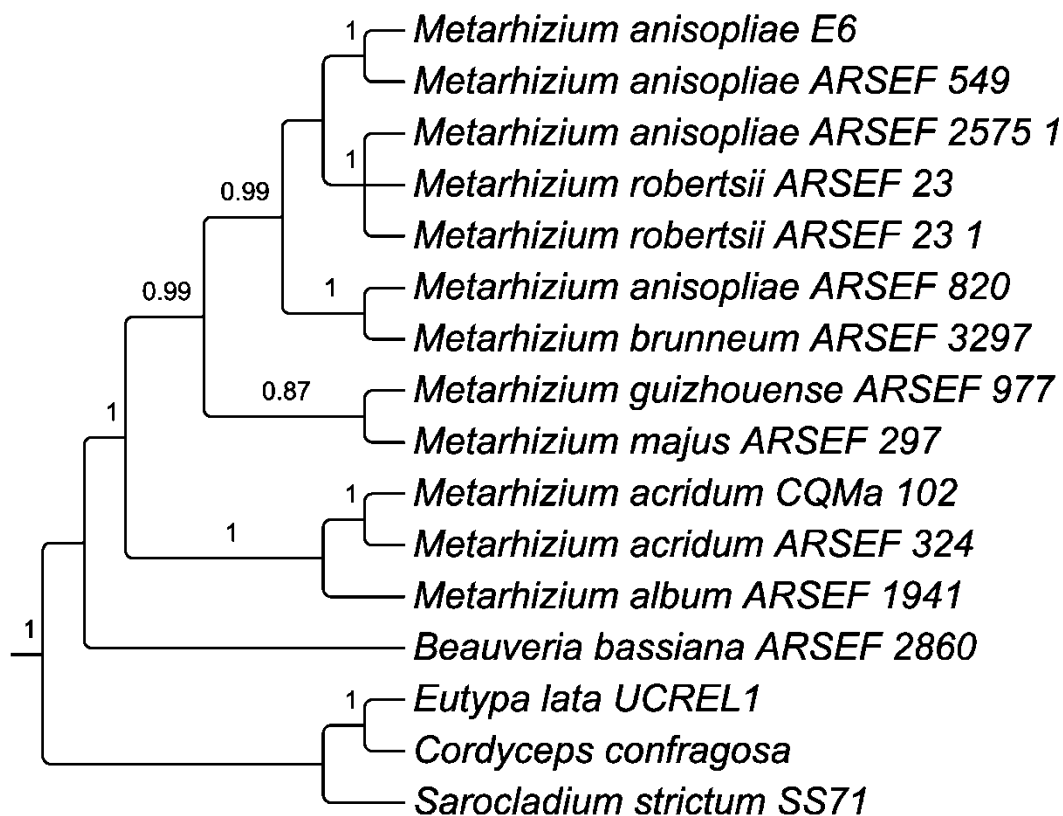
APÊNDICE 22: PR1A-NT-ML

Árvore obtida utilizando o conjunto de nucleotídeos pelo método de Máxima Verossimilhança, modelo GTR+I+G, com 1.000 replicatas de *bootstrap*.



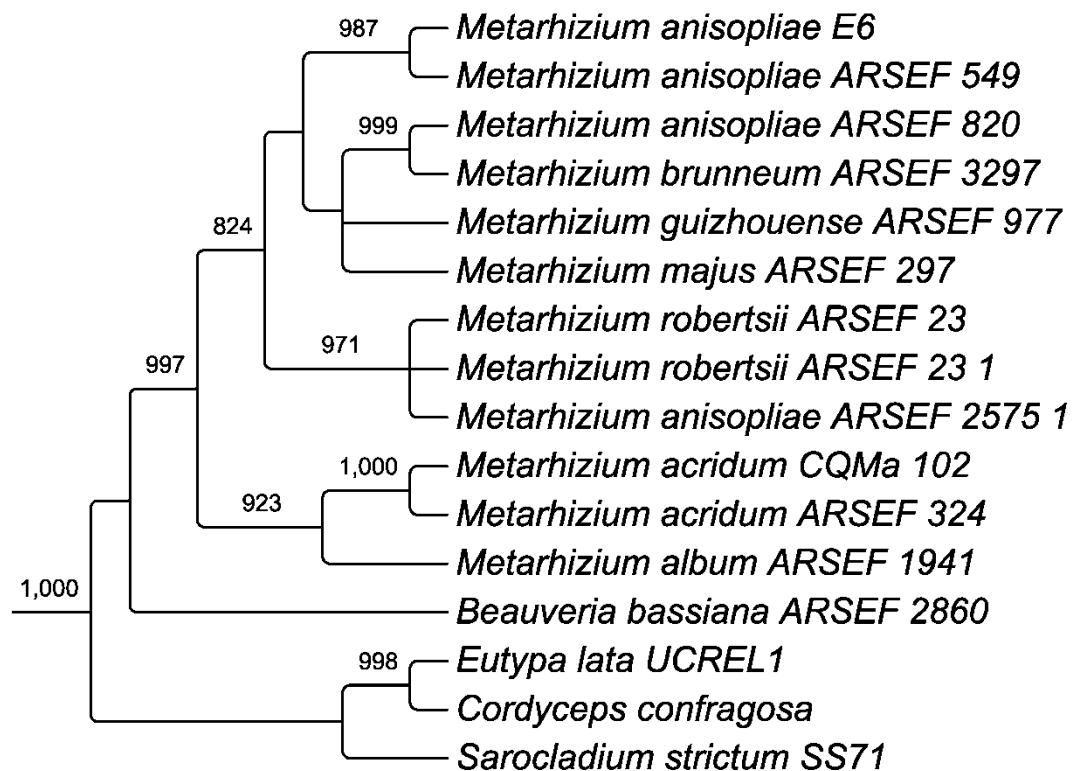
APÊNDICE 23: PR1B-AA-BI

Árvore obtida utilizando o conjunto de aminoácidos pelo método de Inferência Bayesiana, modelo WAG+G, com amostragem de 29.000 gerações.



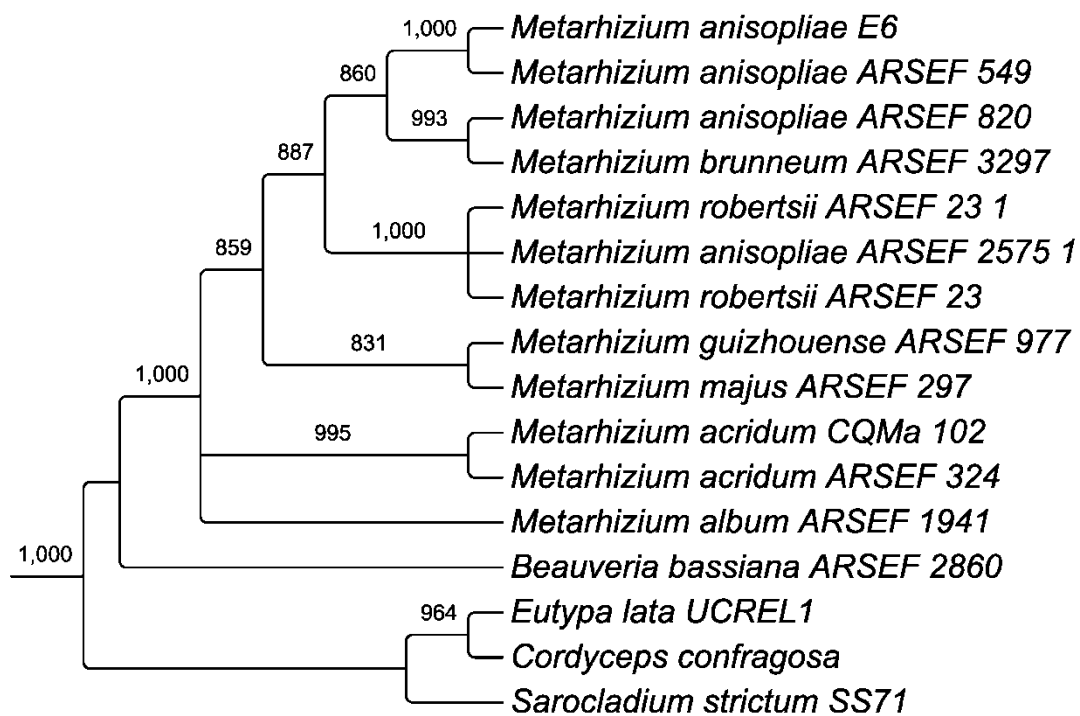
APÊNDICE 24: PR1B-AA-ML

Árvore obtida utilizando o conjunto de aminoácidos pelo método de Máxima Verossimilhança, modelo WAG+G, com 1.000 replicatas de *bootstrap*.



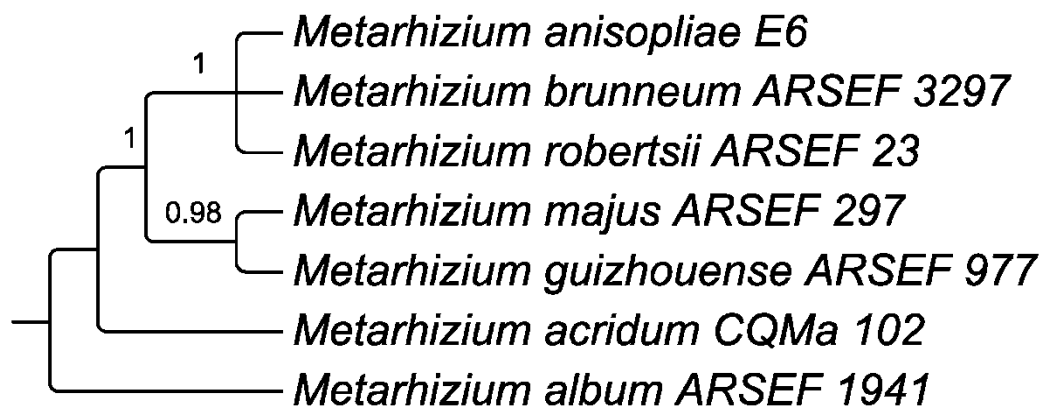
APÊNDICE 25: PR1B-NT-ML

Árvore obtida utilizando o conjunto de nucleotídeos pelo método de Máxima Verossimilhança, modelo HKY+I+G, com 1.000 replicatas de *bootstrap*.



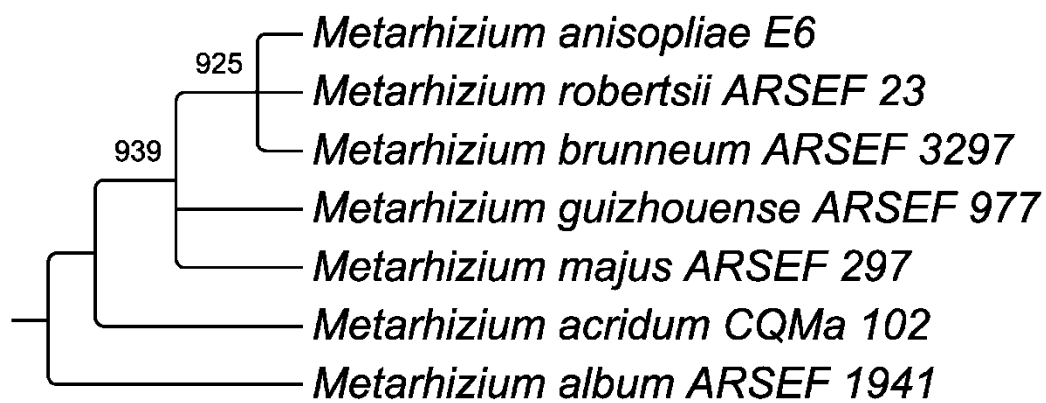
APÊNDICE 26: PR1G-AA-BI

Árvore obtida utilizando o conjunto de aminoácidos pelo método de Inferência Bayesiana, modelo JTT+I, com amostragem de 60.000 gerações.



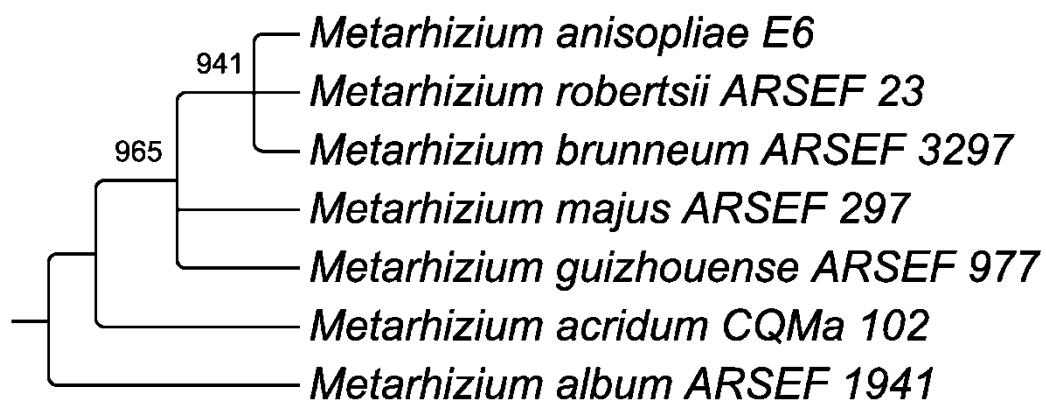
APÊNDICE 27: PR1G-AA-ML

Árvore obtida utilizando o conjunto de aminoácidos pelo método de Máxima Verossimilhança, modelo JTT+I, com 1.000 replicatas de *bootstrap*.



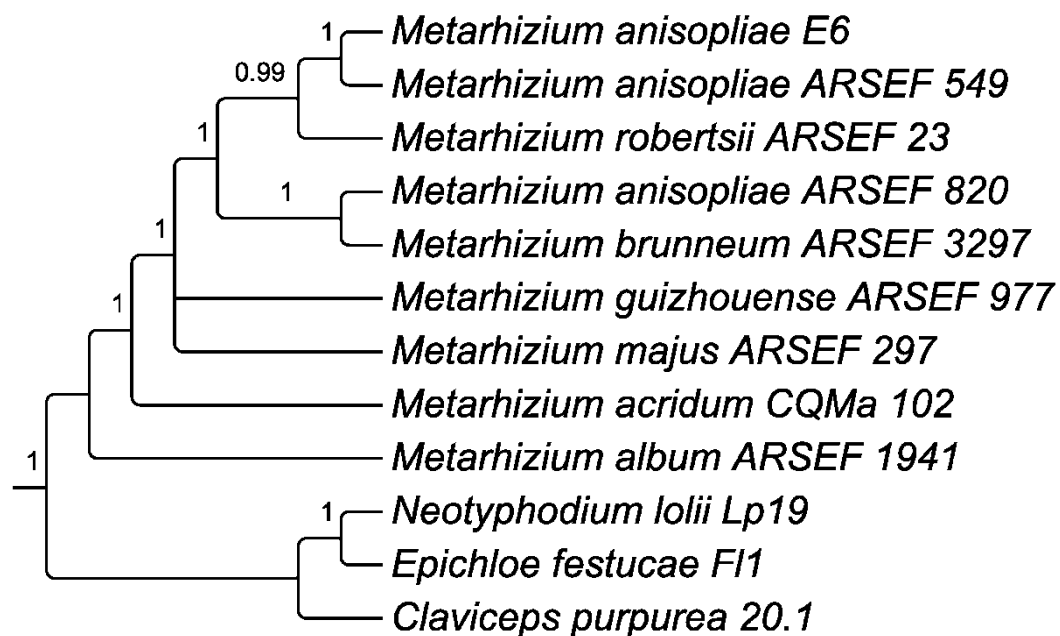
APÊNDICE 28: PR1G-NT-ML

Árvore obtida utilizando o conjunto de nucleotídeos pelo método de Máxima Verossimilhança, modelo HKY+G com 1.000 replicatas de *bootstrap*.



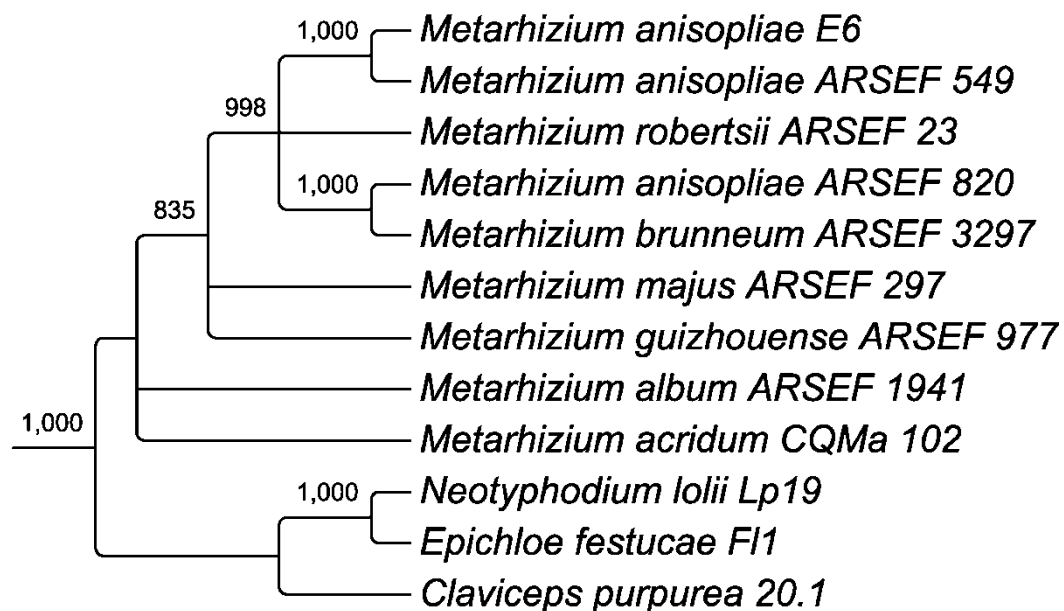
APÊNDICE 29: PR1I-AA-BI

Árvore obtida utilizando o conjunto de aminoácidos pelo método de Inferência Bayesiana, modelo WAG+G, com amostragem de 10.000.000 de gerações.



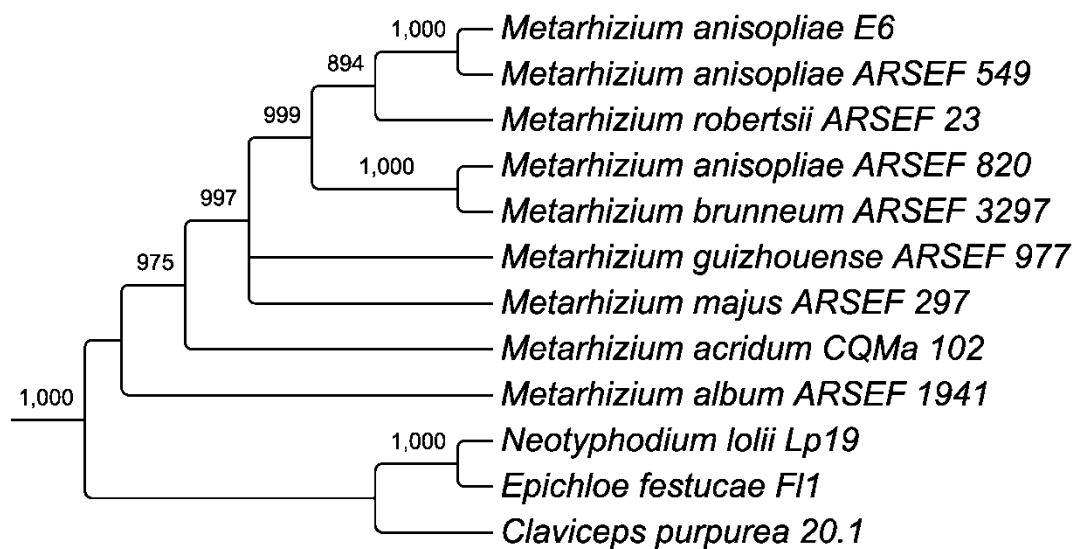
APÊNDICE 30: PR1I-AA-ML

Árvore obtida utilizando o conjunto de aminoácidos pelo método de Máxima Verossimilhança, modelo WAG+G, com 1.000 replicatas de *bootstrap*.



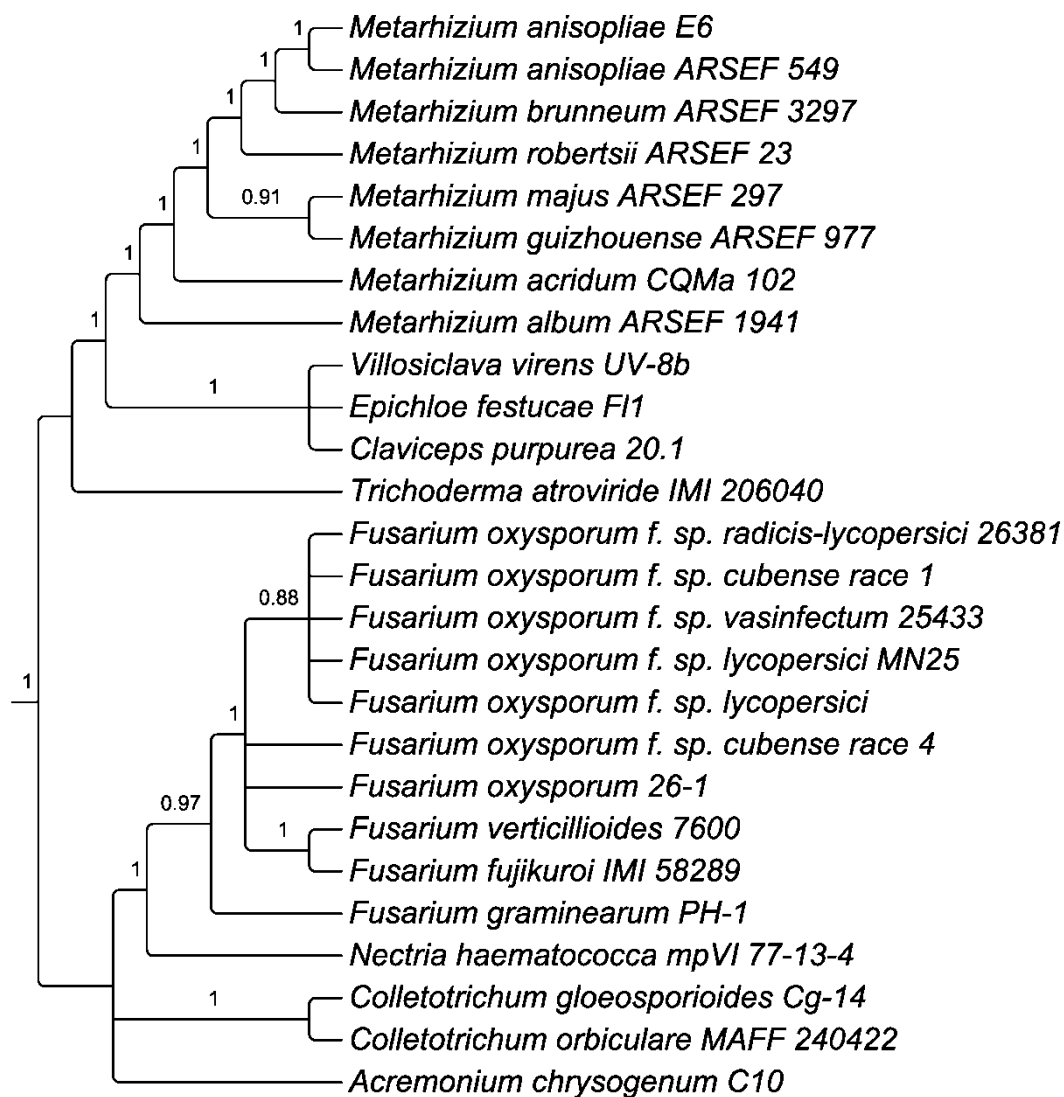
APÊNDICE 31: PR1I-NT-ML

Árvore obtida utilizando o conjunto de nucleotídeos pelo método de Máxima Verossimilhança, modelo GTR+I, com 1.000 replicatas de *bootstrap*.



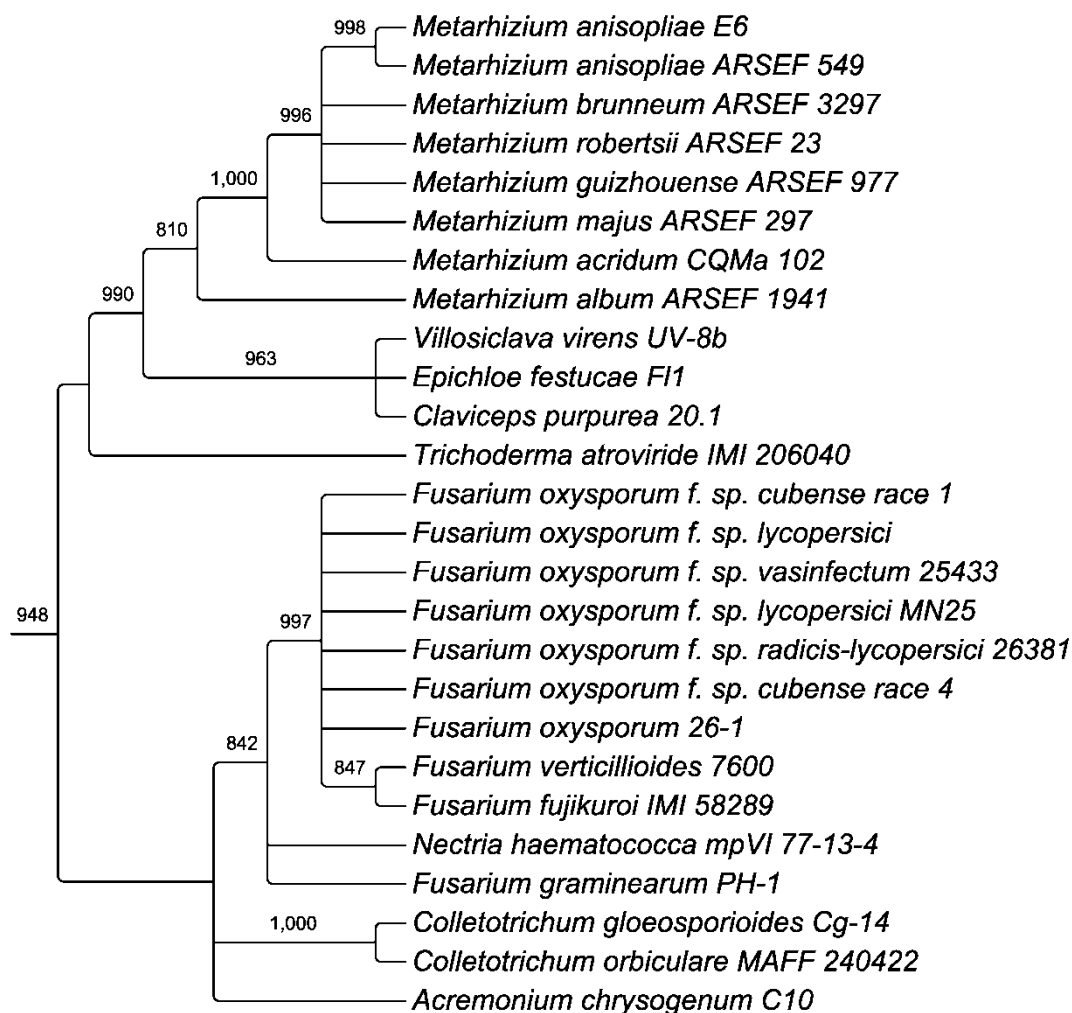
APÊNDICE 32: PR1K-AA-BI

Árvore obtida utilizando o conjunto de aminoácidos pelo método de Inferência Bayesiana, modelo WAG+I+G, com amostragem de 42.000 gerações



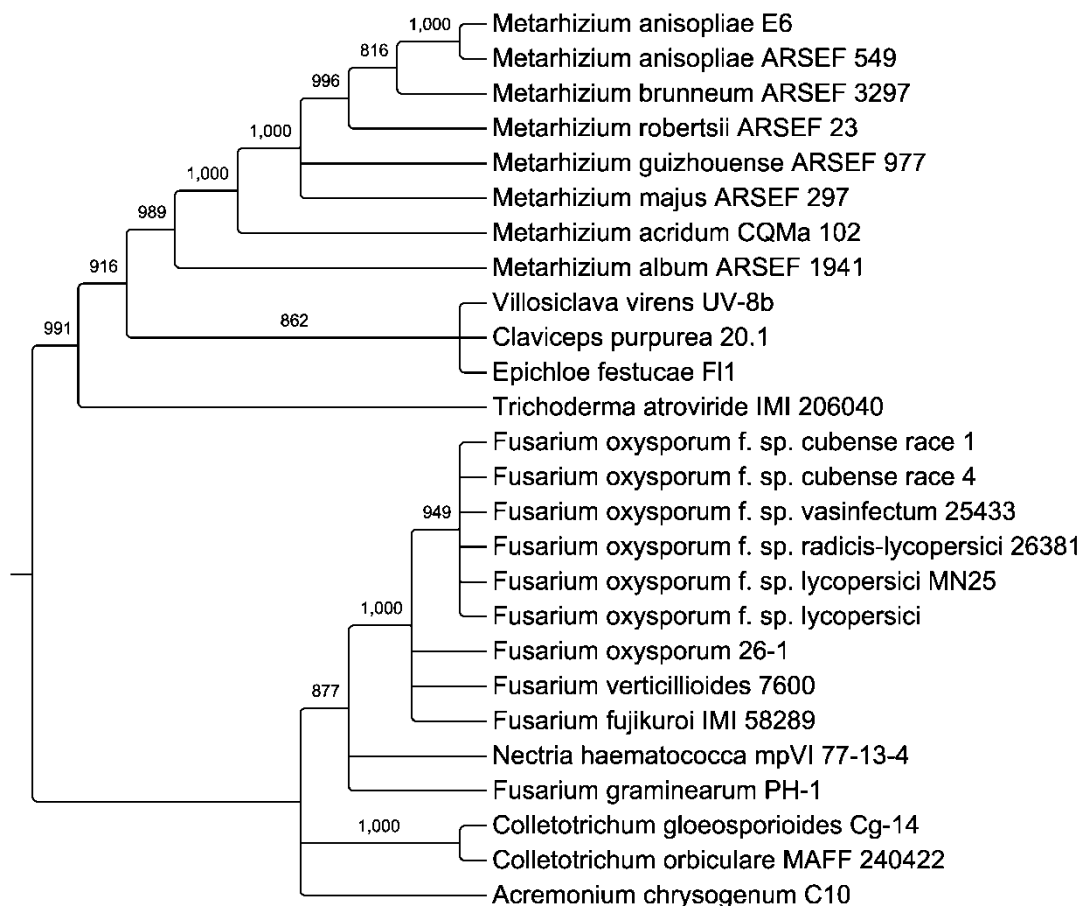
APÊNDICE 33: PR1K-AA-ML

Árvore obtida utilizando o conjunto de aminoácidos pelo método de Máxima Verossimilhança, modelo WAG+I+G, com 1.000 replicatas de *bootstrap*.



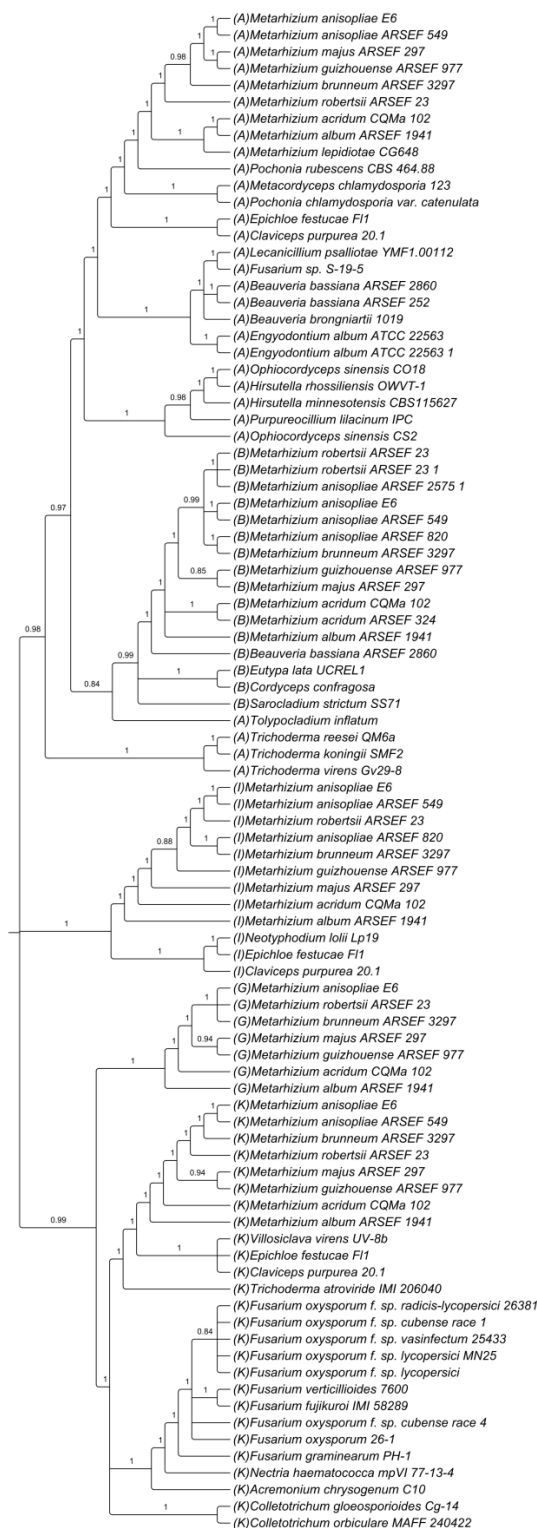
APÊNDICE 34: PR1K-NT-ML

Árvore obtida utilizando o conjunto de nucleotídeos pelo método de Máxima Verossimilhança, modelo GTR+I+G, com 1.000 replicatas de *bootstrap*.



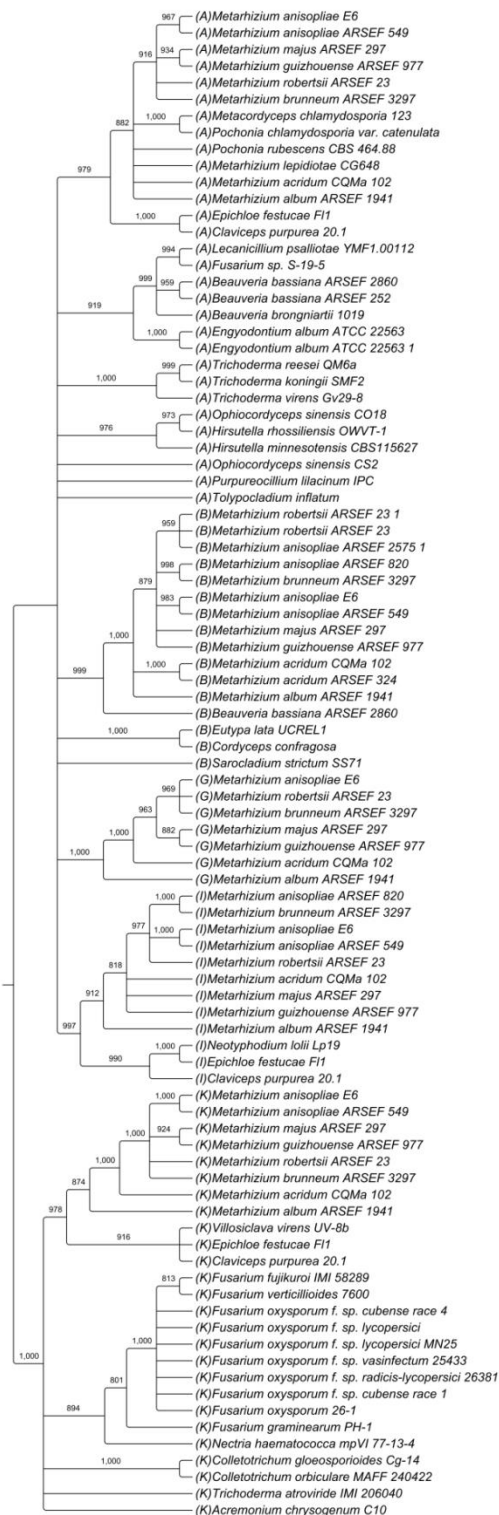
APÊNDICE 35: SF1-AA-BI

Árvore obtida utilizando o conjunto de aminoácidos pelo método de Inferência Bayesiana, modelo LG+I+G, com amostragem de 265.000 gerações



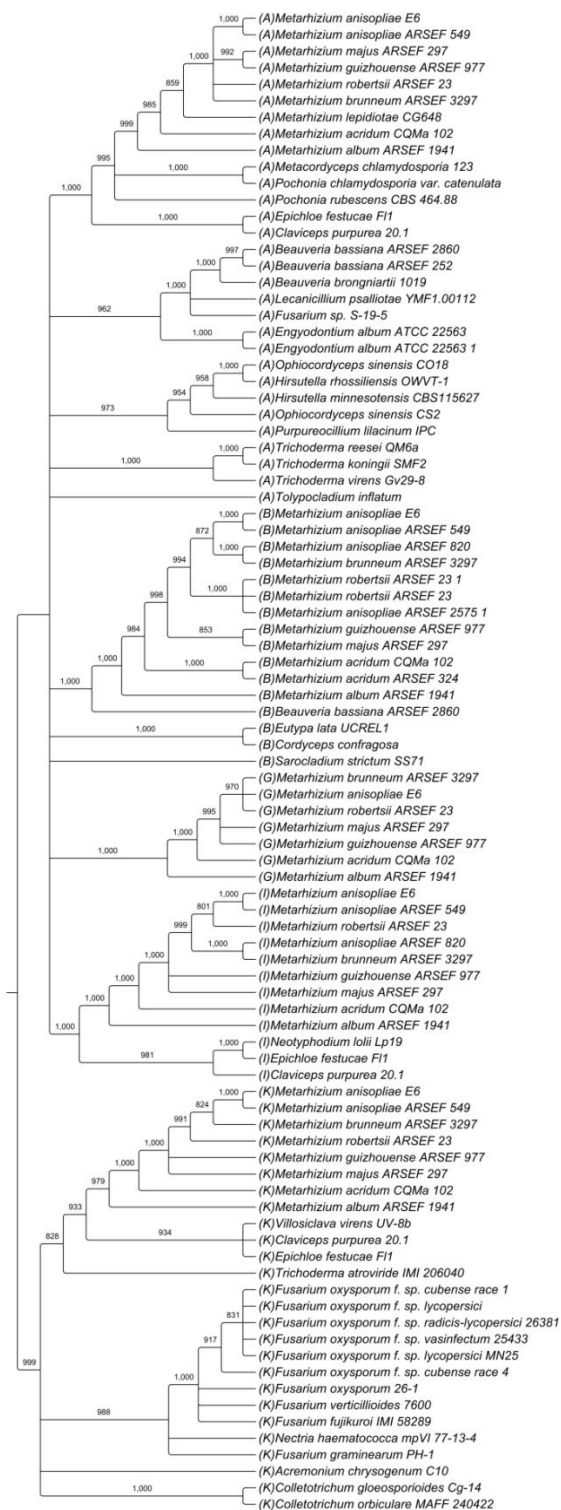
APÊNDICE 36: SF1-AA-ML

Árvore obtida utilizando o conjunto de aminoácidos pelo método de Máxima Verossimilhança, modelo LG+I+G, com 1.000 replicatas de *bootstrap*.



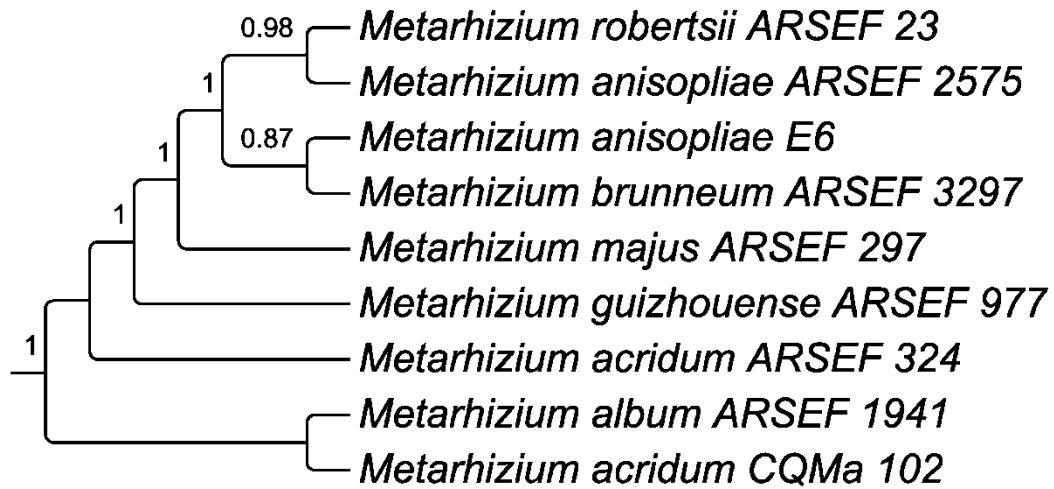
APÊNDICE 37: SF1-NT-ML

Árvore obtida utilizando o conjunto de nucleotídeos pelo método de Máxima Verossimilhança, modelo GTR+I+G, com 1.000 replicatas de *bootstrap*.



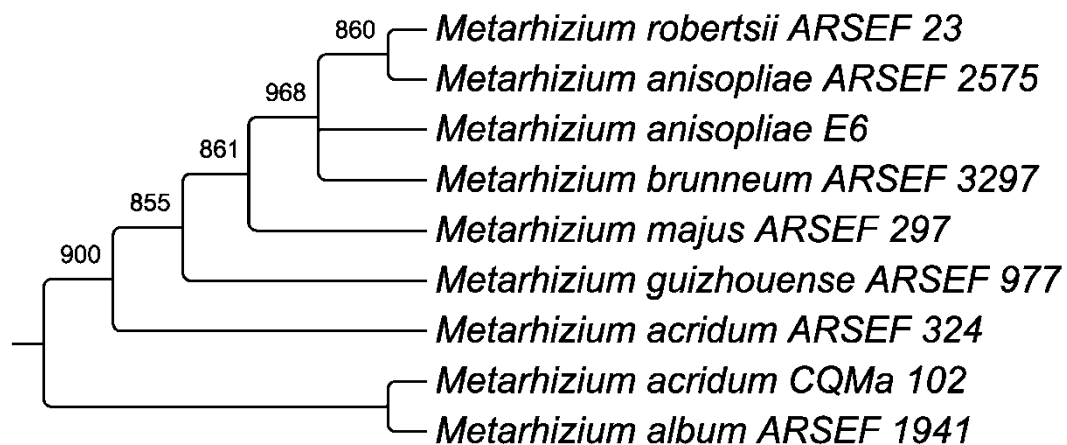
APÊNDICE 38: PR1D-AA-BI

Árvore obtida utilizando o conjunto de aminoácidos pelo método de Inferência Bayesiana, modelo JTT+G, com amostragem de 10.000.000 de gerações.



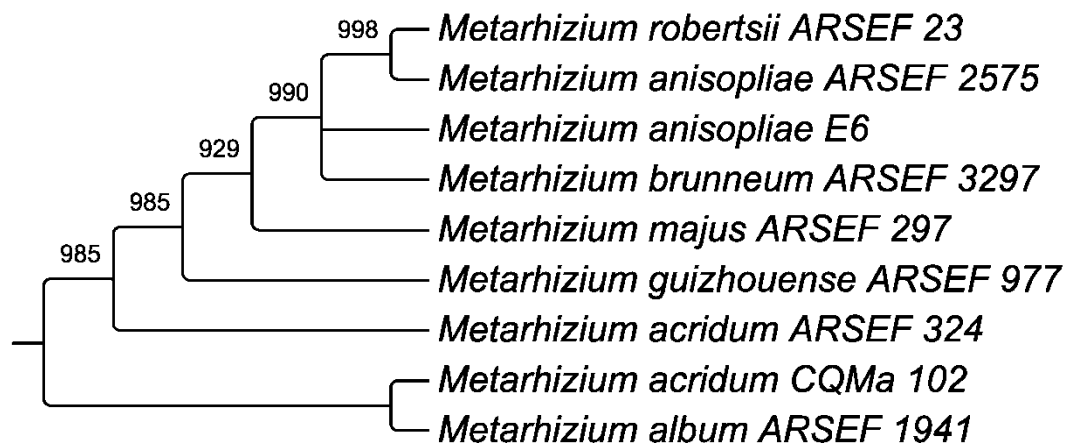
APÊNDICE 39: PR1D-AA-ML

Árvore obtida utilizando o conjunto de aminoácidos pelo método de Máxima Verossimilhança, modelo JTT+G, com 1.000 replicatas de *bootstrap*.



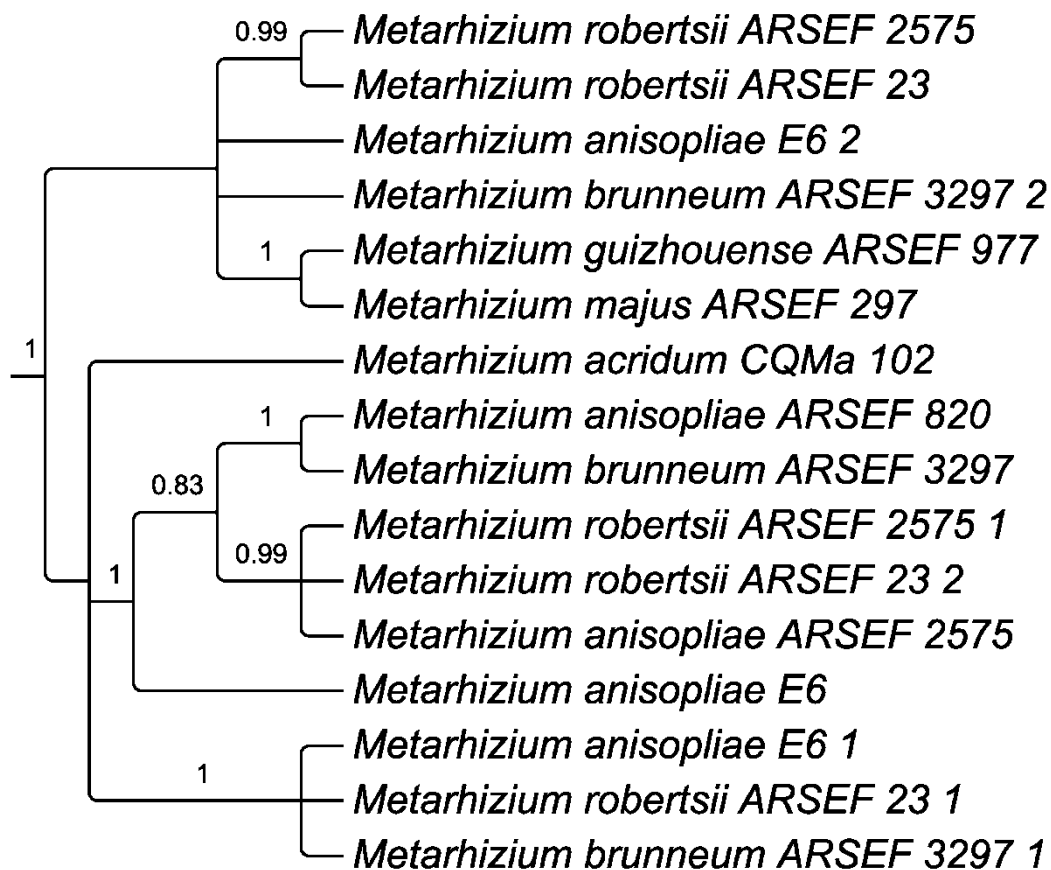
APÊNDICE 40: PR1D-NT-ML

Árvore obtida utilizando o conjunto de nucleotídeos pelo método de Máxima Verossimilhança, modelo HKY+G, com 1.000 replicatas de *bootstrap*.



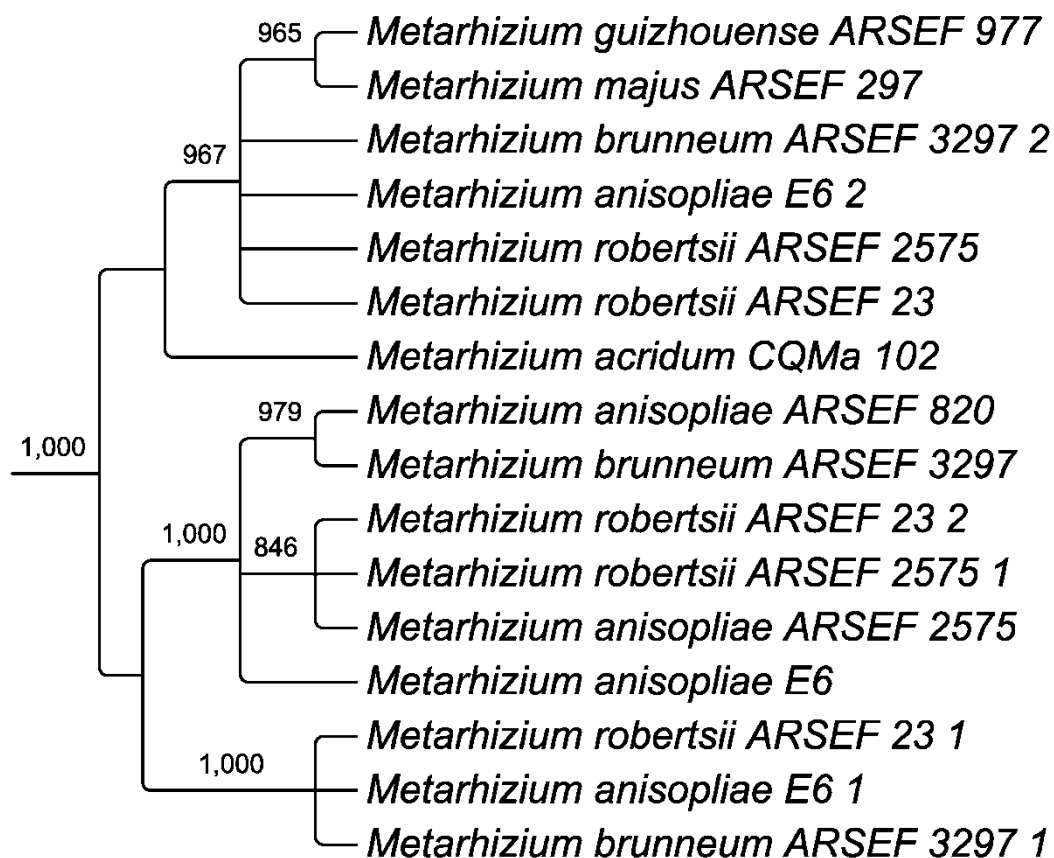
APÊNDICE 41: PR1E-AA-BI

Árvore obtida utilizando o conjunto de aminoácidos pelo método de Inferência Bayesiana, modelo JTT+G, com amostragem de 78.000 de gerações.



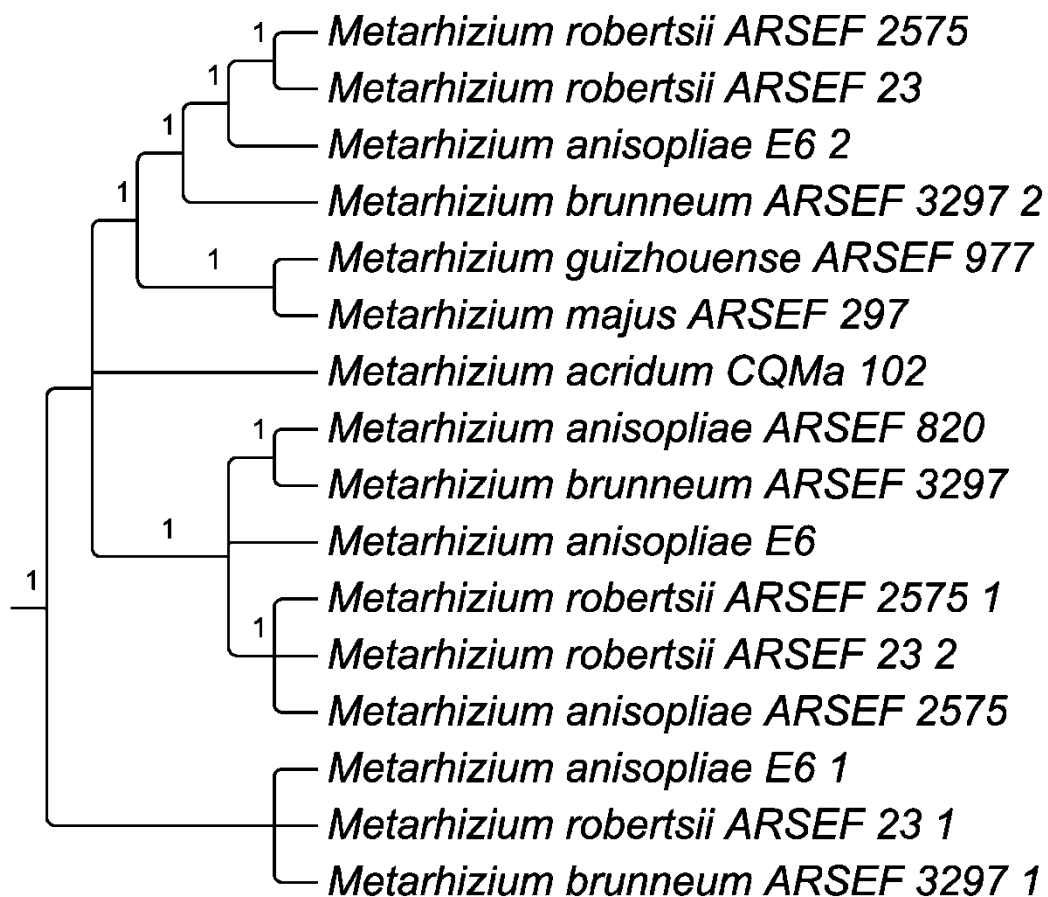
APÊNDICE 42: PR1E-AA-ML

Árvore obtida utilizando o conjunto de aminoácidos pelo método de Máxima Verossimilhança, modelo JTT+G, com 1.000 replicatas de *bootstrap*.



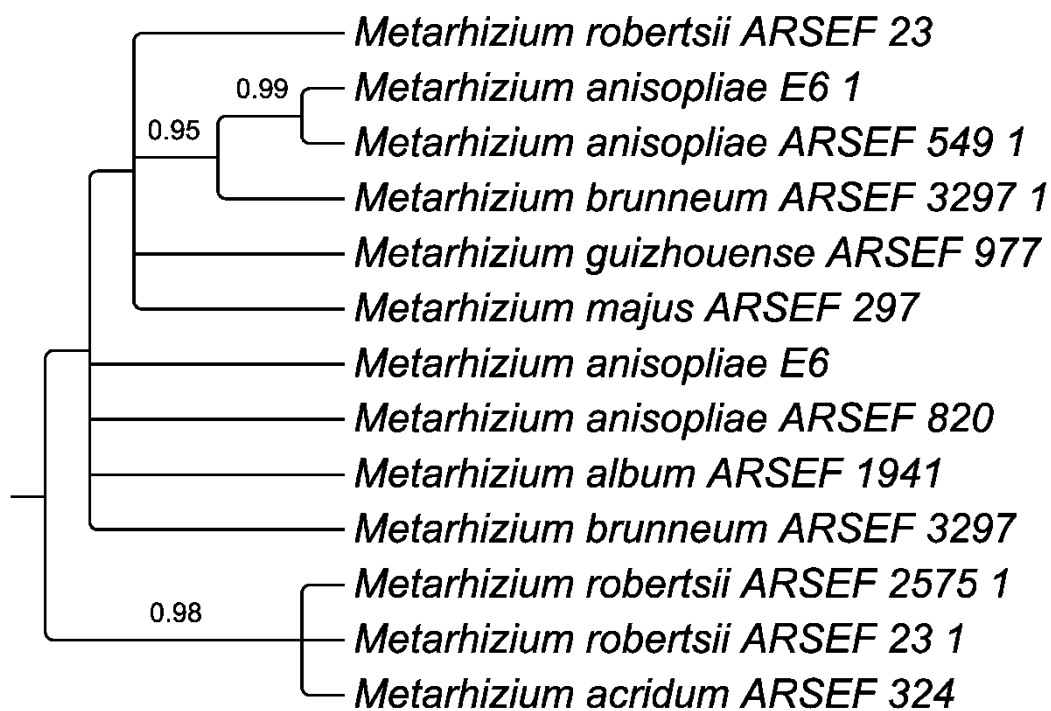
APÊNDICE 43: PR1E-NT-BI

Árvore obtida utilizando o conjunto de nucleotídeos pelo método de Inferência Bayesiana, modelo GTR+G, com amostragem de 44.000 gerações.



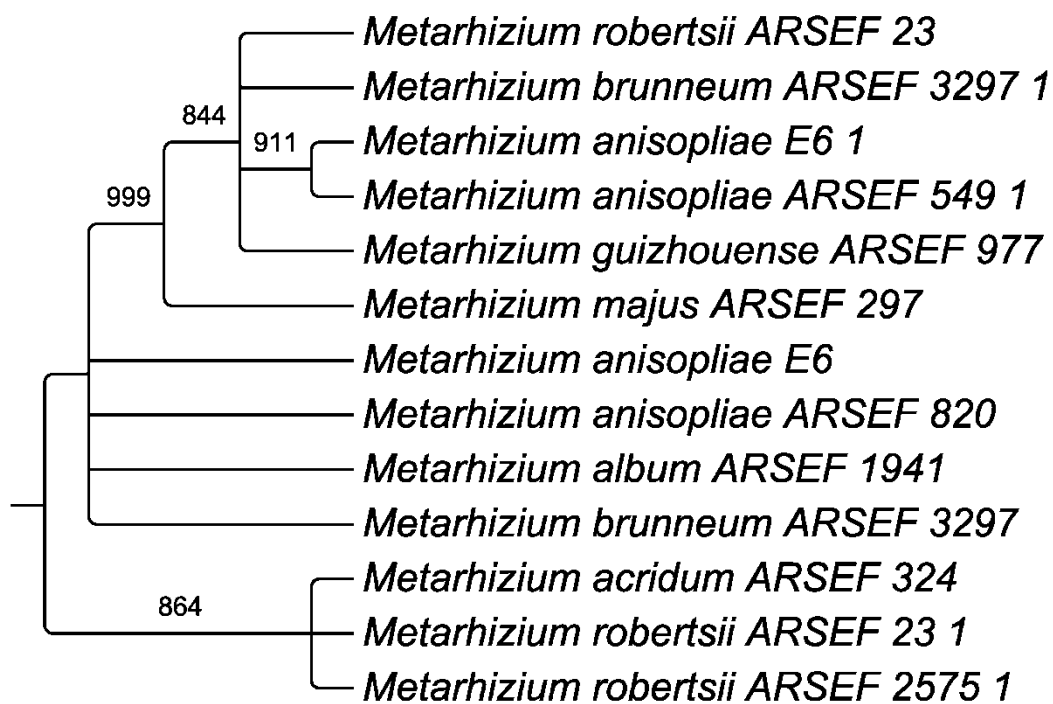
APÊNDICE 44: PR1F-NT-BI

Árvore obtida utilizando o conjunto de nucleotídeos pelo método de Inferência Bayesiana, modelo GTR+G, com amostragem de 151.000 gerações.



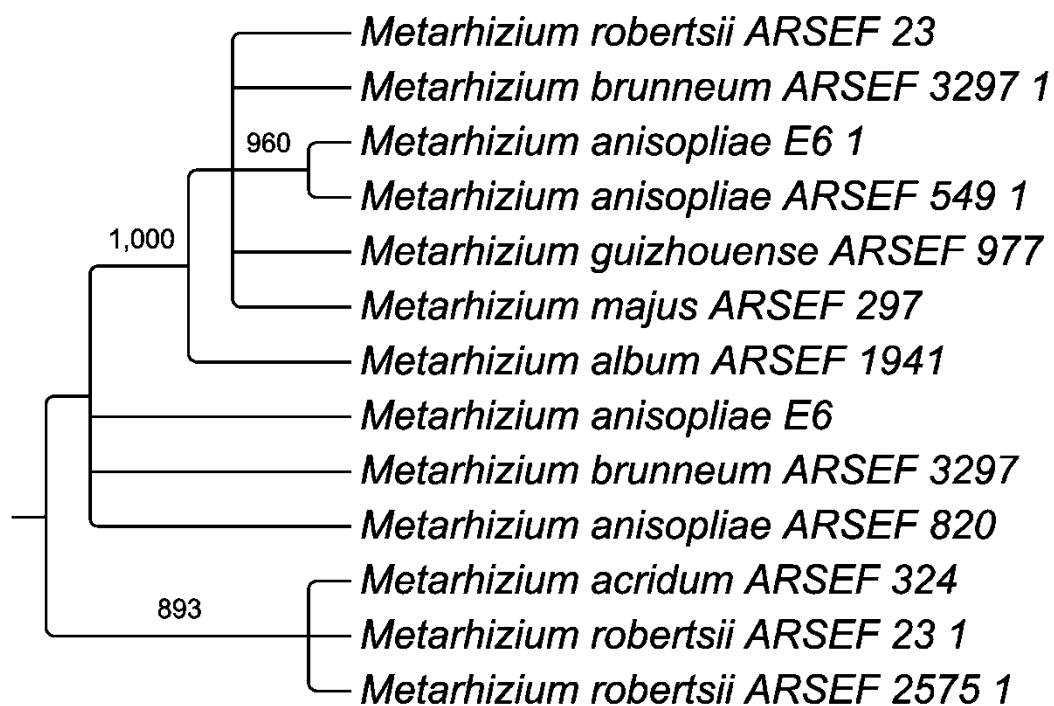
APÊNDICE 45: PR1F-AA-ML

Árvore obtida utilizando o conjunto de aminoácidos pelo método de Máxima Verossimilhança, modelo WAG+G, com 1.000 replicatas de *bootstrap*.



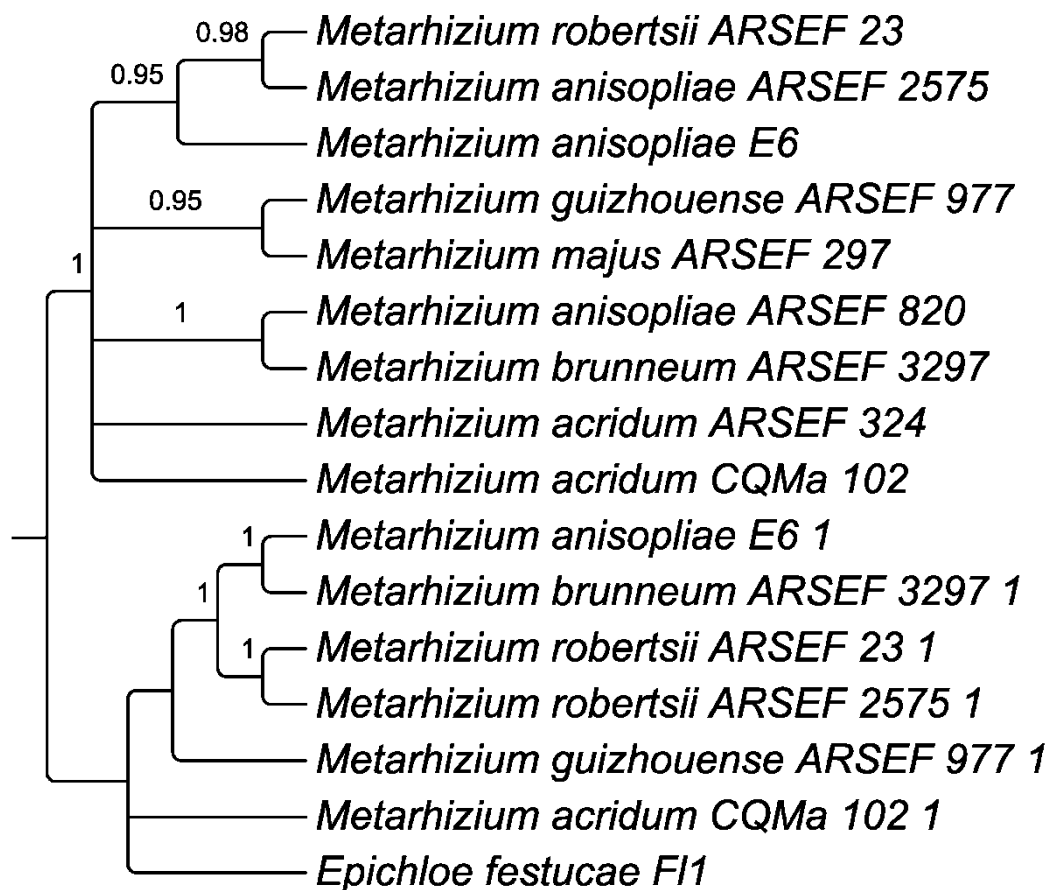
APÊNDICE 46: PR1F-NT-ML

Árvore obtida utilizando o conjunto de nucleotídeos pelo método de Máxima Verossimilhança, modelo GTR+G, com 1.000 replicatas de *bootstrap*.



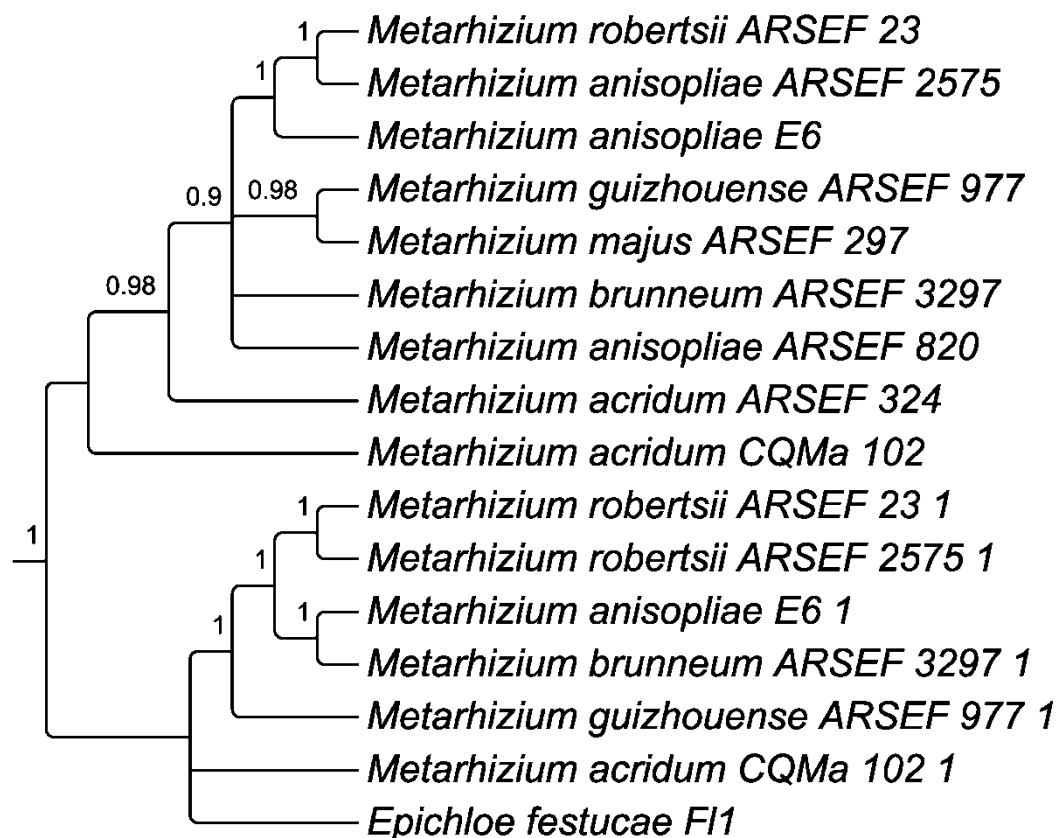
APÊNDICE 47: PR1J-AA-BI

Árvore obtida utilizando o conjunto de aminoácidos pelo método de Inferência Bayesiana, modelo WAG+G, com amostragem de 20.000 gerações.



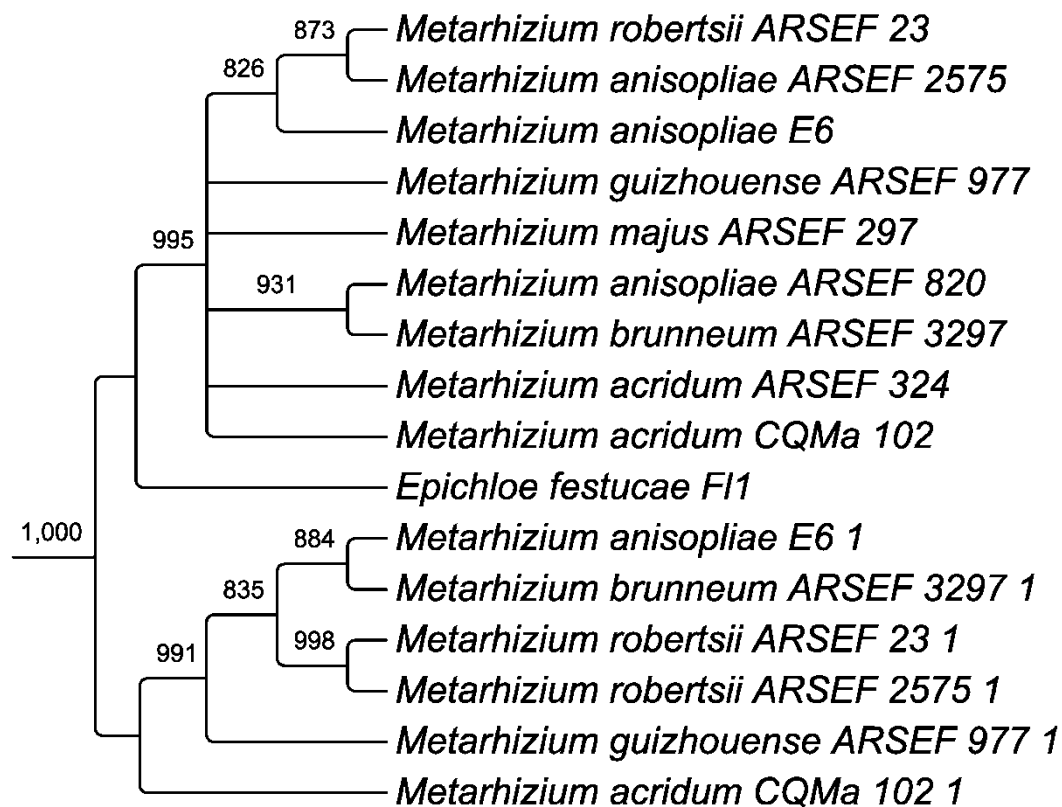
APÊNDICE 48: PR1J-NT-BI

Árvore obtida utilizando o conjunto de nucleotídeos pelo método de Inferência Bayesiana, modelo GTR+I+G, com amostragem de 17.000 gerações.



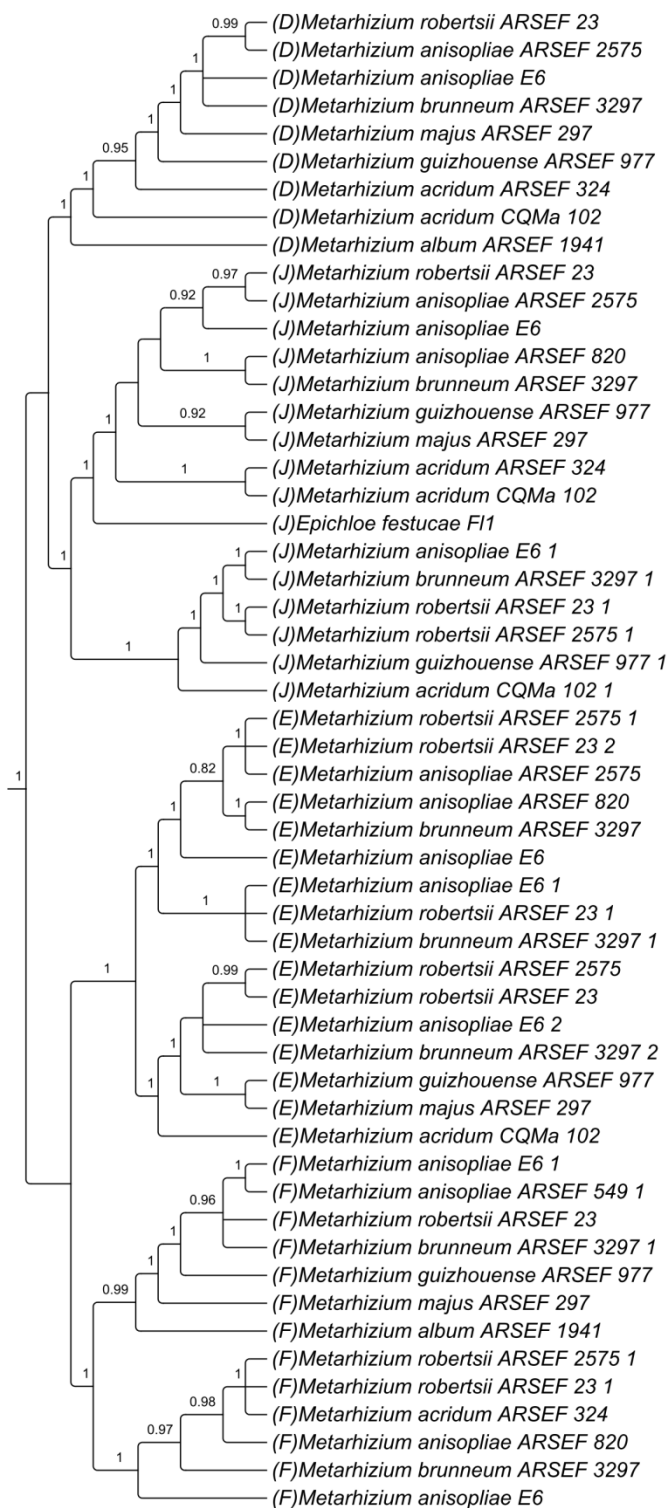
APÊNDICE 49: PR1J-AA-ML

Árvore obtida utilizando o conjunto de aminoácidos pelo método de Máxima Verossimilhança, modelo WAG+G, com 1.000 replicatas de *bootstrap*.



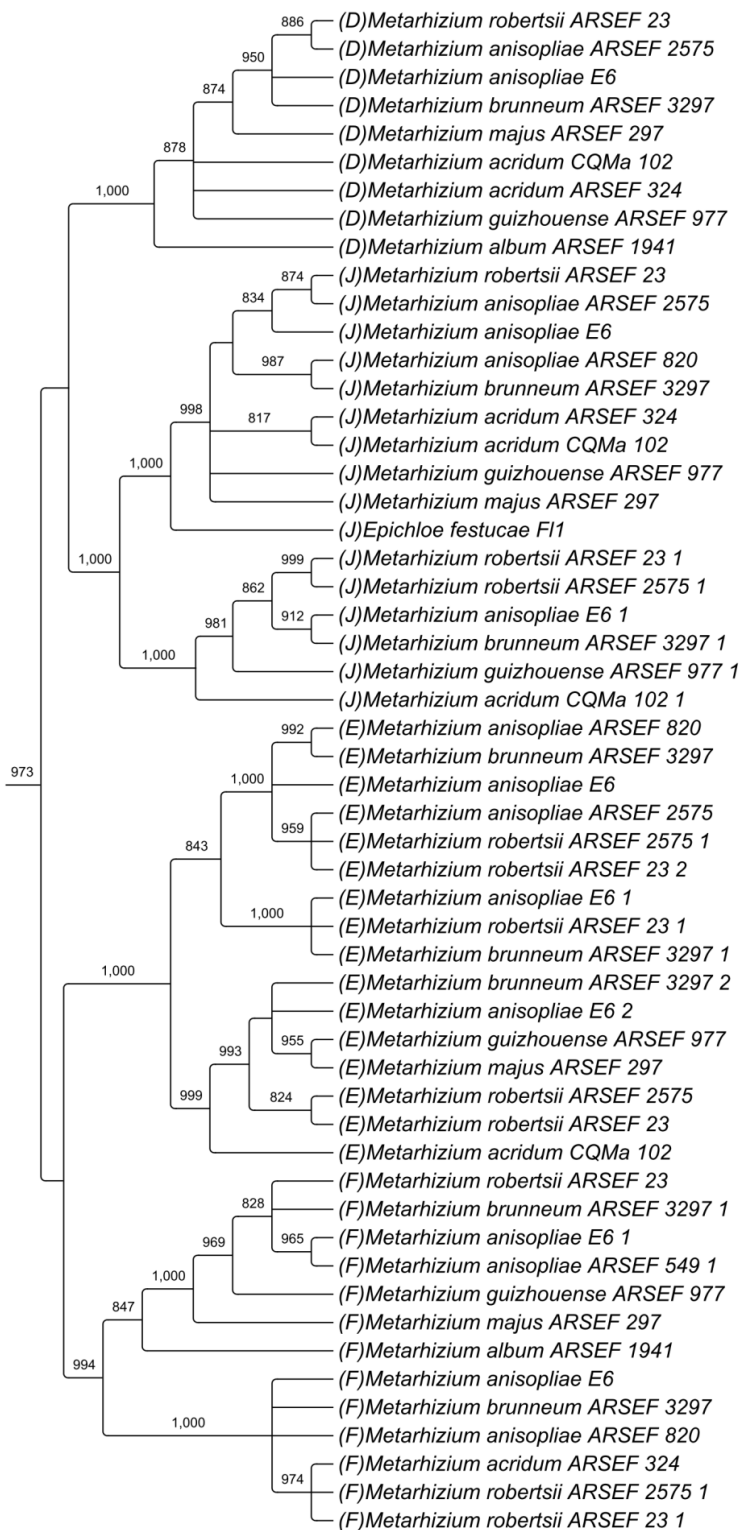
APÊNDICE 50: Sf2-AA-BI

Árvore obtida utilizando o conjunto de aminoácidos pelo método de Inferência Bayesiana, modelo WAG+I+G, com amostragem de 100.000 gerações.



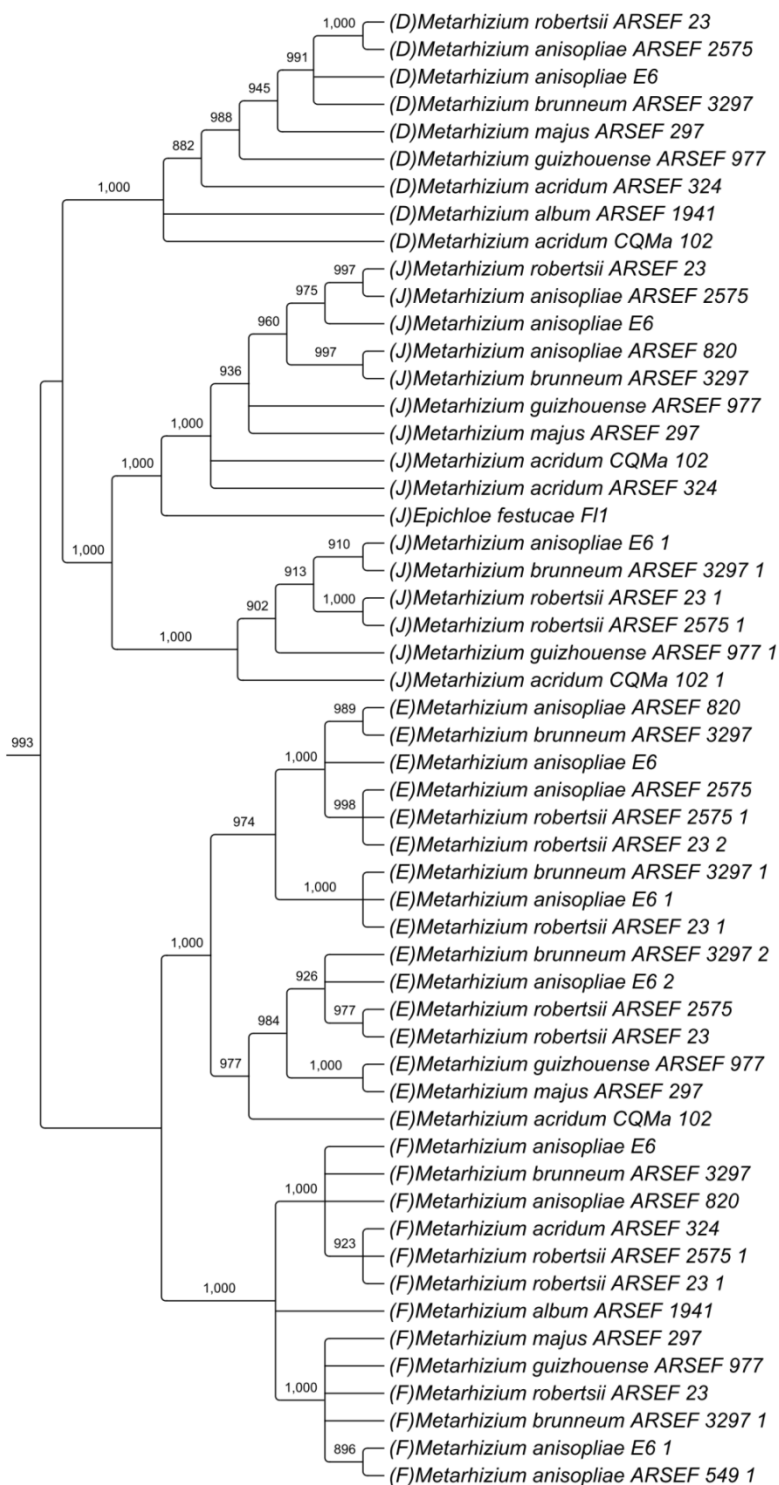
APÊNDICE 51: Sf2-AA-ML

Árvore obtida utilizando o conjunto de aminoácidos pelo método de Máxima Verossimilhança, modelo WAG+I+G, com 1.000 replicatas de *bootstrap*.



APÊNDICE 52: SF2-NT-ML

Árvore obtida utilizando o conjunto de nucleotídeos pelo método de Máxima Verossimilhança, modelo GTR+I+G, com 1.000 replicatas de *bootstrap*.



10. CURRICULUM VITAE RESUMIDO

ANDREIS, FÁBIO CARRER; ANDREIS, F. C.

1. Dados Pessoais

Nome:

Fábio Carrer Andreis

Local e Data de Nascimento:

Caxias do Sul, Rio Grande do Sul, Brasil, 25/01/1992

Endereço Profissional:

Unidade de Biologia Teórica e Funcional - UBTEC

Centro de Biotecnologia - Prédio 43421

Universidade Federal do Rio Grande do Sul - Campus do Vale

Avenida Bento Gonçalves, 9500

91501-970 Porto Alegre, RS, Brasil

E-mail:

fabio.andreis@gmail.com

fabio.andreis@ufrgs.br

2. Formação

2014 - Atual

Mestrado em Biologia Celular e Molecular

Universidade Federal do Rio Grande do Sul, UFRGS, Porto Alegre, Brasil

Orientador: Augusto Schrank

Co-orientadora: Claudia Elizabeth Thompson

Bolsista do: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico

2010 – 2013

Graduação em Biotecnologia (Bioinformática)

Universidade Federal do Rio Grande do Sul, UFRGS, Porto Alegre, Brasil

3. Estágios

2013 – 2013

Estágio Curricular

Enquadramento Funcional: Estagiário

Carga horária: 20h
Regime: Dedicção exclusiva
Unidade de Biologia Teórica e Computacional (Centro de Biotecnologia/
UFRGS)
Supervisor: Dr. Augusto Schrank

2013 – 2013

Bolsista
Enquadramento Funcional: Estagiário – Iniciação Científica
Carga horária: 20h
Regime: Dedicção exclusiva
Grupo de Bioinformática Estrutural (Centro de Biotecnologia/UFRGS)
Orientador: Dr. Hugo Verli

4. Prêmios e Distinções

2012 Destaque – Salão de Iniciação Científica UFRGS

2011 Destaque – Salão de Iniciação Científica UFRGS

5. Artigos Completos Publicados

STAATS, CHARLEY CHRISTIAN ; JUNGES, ÂNGELA ; GUEDES, RAFAEL LUCAS ; THOMPSON, CLAUDIA ELIZABETH ; DE MORAIS, GUILHERME LOSS ; BOLDO, JULIANO TOMAZZONI ; DE ALMEIDA, LUIZ GONZAGA; **ANDREIS, FÁBIO CARRER**; GERBER, ALEXANDRA LEHMKUHL ; SBARAINI, NICOLAU ; DA PAIXÃO, RANA LOUISE ; BROETTO, LEONARDO; LANDELL, MELISSA ; SANTI, LUCÉLIA ; DA SILVA, WALTER ORLANDO ; SILVEIRA, CAROLINA PEREIRA ; SERRANO, THAIANE RISPOLI ; DE OLIVEIRA, EDER SILVA ; KMETZSCH, LÍVIA ; VAINSTEIN, MARILENE HENNING ; DE VASCONCELOS, ANA TEREZA ; SCHRANK, AUGUSTO . Comparative genome analysis of entomopathogenic fungi reveals a complex set of secreted proteins. *BMC Genomics*, v. 15, p. 822, 2014.

LIGABUE-BRAUN, RODRIGO ; **ANDREIS, FÁBIO CARRER**; VERLI, HUGO ; CARLINI, CÉLIA REGINA . 3-to-1: unraveling structural transitions in ureases. *Naturwissenschaften*, v. 100, p. 459-467, 2013.

6. Resumos e Trabalhos Apresentados em Congressos

1. **ANDREIS, FÁBIO CARRER**, SCHRANK, AUGUSTO, THOMPSON, CLAUDIA ELIZABETH. Phylogenetic Analysis of Pr1 Proteases in *Metarhizium anisopliae* (poster). In: X-Meeting 2015 - 11th International Conference of the AB3C + Brazilian Symposium of Bioinformatics, 2015, São Paulo.
2. **ANDREIS, FÁBIO CARRER**, LIGABUE-BRAUN, RODRIGO, CARLINI, CÉLIA REGINA, VERLI, HUGO. Caracterização Filogenética de Ureases In: Salão de Iniciação Científica - UFRGS, 2012, Porto Alegre.
3. **ANDREIS, FÁBIO CARRER**, VERLI, HUGO. Caracterização Filogenética de Ureases In: Salão de Iniciação Científica UFRGS, 2012, Porto Alegre.
4. **ANDREIS, F. C.**, BRAUN, R. L., CARLINI, C. R., VERLI, H. Phylogenetic Characterization of Ureases In: XL Annual Meeting of SBBq - Program and Index, 2012, Foz do Iguaçu.
5. **ANDREIS, F. C.**, BRAUN, R. L., CARLINI, C. R., VERLI, H. Caracterização Filogenética de Ureases In: Salão de Iniciação Científica UFRGS, 2011, Porto Alegre.
6. BRAUN, R. L., **ANDREIS, F. C.**, VERLI, H., CARLINI, C. R. Phylogenetical, Structural and Conformational Characterization of Ureases In: XL Annual meeting of SBBq, 2011, Foz do Iguaçu.

“– But what about the End of the Universe?

We’ll miss the big moment.

– I’ve seen it. It’s rubbish ,

- said Zaphod -

nothing but a gnab gib.

– A what?

– Opposite of a big bang. Come on, let’s get zappy.”

- Douglas Adams, The Restaurant at the End of the Universe
