Este trabalho consiste num estudo abrangente do sistema digestivo de espécies representativas da ordem Hemiptera, no qual dados de caráter morfológico foram integrados a informações bioquímicas e moleculares acerca das principais proteínas atuantes no processo digestivo destes animais. Para tanto, este projeto utilizou, como referência básica, um estudo prévio realizado com a espécie *Bucephalogonia xanthophis* (Hemiptera: Cicadellidae).

As análises morfológicas desenvolvidas neste trabalho consistiram em um estudo comparativo ultraestrutural das espécies sugadoras de seiva *Macugonalia leucomelas* (subordem Auchenorrhyncha, Cicadellidae), *Dalbulus maidis* (subordem Auchenorrhyncha, Cicadellidae), *Mahanarva fimbriolata* (subordem Auchenorrhyncha, Cercopidae), *Quesada gigas* (subfamília Auchenorrhyncha, Cicadidae) e *Diaphorina citri* (subordem Sternorrhyncha, Psyllidae). Já a vertente molecular deste estudo buscou identificar, caracterizar e determinar a distribuição de transportadores de membrana, enzimas digestivas e outras proteínas atuantes no processo digestivo da espécie *B. xanthophis*.

De um modo geral, as espécies da infraordem Cicadomorpha *M. leucomelas*, *D. maidis*, *M. fimbriolata* e *Q. gigas* apresentam uma organização anatômica do sistema digestivo muito semelhante ao descrito previamente para a cigarrinha *B. xanthophis*. Um esôfago conecta a boca ao intestino médio, que tem início na câmara de filtração (CF), que é composta pela aposição das porções anterior e posterior do intestino médio com as regiões proximais dos túbulos de Malpighi. Este órgão permite a excreção do excesso de água presente na seiva, permitindo a concentração dos nutrientes na porção mediana do intestino médio. O sistema digestivo segue por duas regiões anatomicamente distintas: o domínio cônico (DC) e o tubular (DT) do intestino médio. O intestino posterior é obervado como um longo tubo livre pela hemocela a apresenta um reto dilatado, terminando em um ânus. De um modo geral, as espécies da família Cicadellidae (*M. leucomelas* e *D. maidis*) apresentam uma CF anatomicamente menos complexa do que se observa em *M. fimbriolata* e *Q. gigas*. Diferentemente das espécies da infraordem Cicadomorpha, o psilídeo *D. citri* exibe um sistema digestivo com uma CF relativamente ainda mais simples, sem a presença de túbulos de Malpighi. O intestino médio desta espécie também possui dois domínios distintos, mas apresentam caracteristicamente quatro apêndices de fundo cego que se projetam a partir do DT, cuja função ainda é desconhecida.

Do ponto de vista ultraestrutural, as células da CF das espécies analisadas exibem adaptações relacionadas ao transporte de água e íons através da membrana, como microvilosidades apicais e invaginações da membrana plasmática basal associadas à mitocôndrias. As células da CF de *D. citri* possuem uma maior quantidade de organelas citoplasmáticas quando comparadas às espécies da infraordem Cicadomorpha., sugerindo uma menor atividade no processo digestivo

Os enterócitos, principal tipo celular encontrado no DC e DT, exibem, em todas as espécies analisadas, microvilosidades apicais, invaginações da membrana plasmática basal associada a mitocôndrias e organelas associadas à rota intracelular de secreção. No caso particular de *D. citri*, as microvilosidades se mostram modificadas na forma de uma rede de lamelas, reforçadas entre si por trabéculas.

Um complexo luminal de membranas pode ser observado associado às microvilosidades dos enterócitos de todas as espécies estudadas neste trabalho. Nas espécies da subordem Auchenorrhyncha, este complexo de membranas apresenta uma organização semelhante às membranas luminais em forma de chama (MLC). Este complexo se origina a partir de constrições do ápice das microvilosidades, que formam membranas que se projetam ao lúmen do intestino médio, delimitando compartimentos de acesso restrito. Por outro lado, na espécie *D. citri*, o complexo luminal de membranas observado é semelhante às membranas perimicrovilares modificadas (MPMm), descritos previamente em afídeos, que não forma compartimentos fechados.

Os resultados apresentados neste trabalho, aliados às informações disponíveis na literatura, indicam que a organização do complexo luminal de membranas nos insetos da ordem Hemiptera é bem mais diversificada do que se presumia anteriormente, o que coloca em dúvida a visão tradicional sobre a origem evolutiva desse complexo.

A compartimentalização do processo digestivo aparentemente deixou de existir no ancestral do grupo Paraneoptera, com a perda da membrana peritrófica. No entanto, o complexo luminal de membranas presente no lúmen do intestino médio de Hemiptera e Thysanoptera pode ter surgido ao longo da evolução desses grupos como um mecanismo alternativo que promova algum nível de compartimentalização da digestão.

A análise do transcriptoma do intestino médio de *B. xanthophis* possibilitou a identificação de uma série de transportadores de nutrientes orgânicos, inorgânicos e

água. A partir destes dados, foi criado um modelo para a absorção de aminoácidos baseado num cotransporte de H^+ e aminoácidos através de toda a extensão do epitélio intestinal, que utiliza a energia de um gradiente eletroquímico de prótons, bombeados para o meio extracelular por V-ATPases. Tal modelo contrasta com o preconizado na literatura, que tem por base um cotransporte de aminoácidos com potássio.

Os dados obtidos pelo transcriptoma também permitiram a identificação de transportadores de açúcar ao longo do intestino médio de *B. xanthophis*. Os açúcares absorvidos, provavelmente na forma de glicose, devem ser convertidos em trealose no citossol dos enterócitos antes de serem transportados para a hemolinfa.

Os resutados apresentados neste trabalho também indicam a ocorrência de α-glicosidase no intestino médio de *B. xanthophis*, além de indícios de sua associação com as MLC. No entanto, sua função no processo digestivo desta espécie ainda não é conhecida.

A identificação de proteinases digestivas ao longo de todo o intestino médio de *B. xanthophis*, principalmente catepsinas e quimotripsinas, foi surpreendente, considerando-se que sua dieta não apresenta proteínas em sua composição. Assim, estudos complementares são necessários para se averiguar a real função destas enzimas no processo digestivo desta cigarrinha.

A análise molecular realizada neste trabalho permitiu uma melhor compreensão acerca do processo digestivo da espécie sugadora de xilema *B. xanthophis*. Os resultados obtidos sugerem a presença de diferenças funcionais significativas entre as diversas regiões do intestino médio que não se refletem na ultraestrutura dos enterócitos. A identificação de proteinases e transportadores de aminoácidos e açúcares na CF sugere que este órgão possua uma função bem mais abrangente no processo digestivo, indo além do transporte de água e concentração de nutrientes.

ABSTRACT

This work presents a comprehensive study of the digestive system of representative species of the order Hemiptera, where morphological, biochemical, and molecular data are integrated for a better understanding of the digestive process occurring in these insects. This project is based on a previous study about the digestive system of the leafhopper *Bucephalogonia xanthophis* (Hemiptera: Cicadellidae).

A comparative ultrastructural study is presented with the sap-sucking species *Macugonalia leucomelas* (suborder Auchenorrhyncha, Cicadellidae), *Dalbulus maidis* (suborder Auchenorrhyncha, Cicadellidae), *Mahanarva fimbriolata* (suborder Auchenorrhyncha, Cercopidae), *Quesada gigas* (suborder Auchenorrhyncha, Cicadidae), and *Diaphorina citri* (suborder Sternorrhyncha, Psyllidae). Moreover, a molecular analysis was performed regarding the identification, characterization, and distribution of significant proteins associated with the digestive process in *B. xanthophis*.

The digestive system of the cicadomorphan species *M. leucomelas*, *D. maidis*, *M fimbriolata*, and *Q. gigas* is very similar to the one previosly described for the leafhopper *B. xanthophis*. The foregut is made up of a simple tube, the esophagus. The midgut starts at the filter chamber (FC) and progresses to a more posterior conical (CDM) and tubular regions (TDM). The FC is formed by the apposition between the anterior and posterior midgut, along withe the proximal segmentos of the Malpighian tubules, allowing the concentration of the nutrients in the middle midgut. The hindgut is formed by a long tube which presents a dilated rectum before ending in the anus. The FC of *M. leucomelas* and *D. maidis* are anatomically less complex than the observed in *M. fimbriolata* and *Q. gigas*. Unlike the cicadomorphan species, the CF of *D. citri* shows an even more simplified organization, lacking the Malpighian tubules. Although two domains of the midgut can be observed in the psyllid, four appendages with unknown function are identified projecting from the TDM.

The FC cells of all studied species present ultrastructural adaptations related to the transport of ions and water, such as apical surfaces modified into microvilli, basal plasma membrane presenting several invaginations with associated mitochondria. However, the FC cells from *D. citri* exhibit more organelles compared to the cicadomorphan species, suggesting that its role in the digestive process is less relevant.

The CDM and TDM regions are mainly formed by enterocytes, which shows, in all species, apical microvilli, basal plasma membrane infoldings with associated mitochondria and other organelles related to the secretory pathway. The microvilli of *D. citri* enterocytes form a complex network of lamellae, which are associated with one another through trabecullae.

A luminal membrane complex can be observed associated with the microvillar tips of the enterocytes in all analysed species. The ones from the Auchenorrhyncha infraorder exhibit a membrane complex organization similar to the flame-like membrane complex. Such complex originates from constrictions of the microvillar apex which form membranes that project into the midgut lumen, delimitating restricted access compartments. Alternatively, the luminal membrane complex observed in *D. citri* is similar to the modified perimicrovillar membranes, previously described in aphids, which does not form closed compartments.

The results presented in this work, along with available data in the literature, indicate that the organization of the digestive system in Hemipteran insects is more diverse than previously presumed, what makes the traditional view on the evolutionary origin of this complex questionable.

The compartmentalization of the digestive process was apparently lost in the Paraneoptera ancestor, allied to the loss of the peritrophic membrane. However, the luminal membrane complex in the midgut lumen of Hemiptera and Thysanoptera would have evolved as an alternate mechanism promoting some degree of compartmentalization of the digestive process.

The analysis of the transcriptome of *B. xanthophis* midgut allowed the identification of a series of organic, inorganic, and water transporters, leading to the proposal of an amino acid absorption model, based on a cotransport of H^+ and amino acid. In this model, the active transport of amino acids occurs throughout the midgut and it is powered by an electrochemical gradient of protons, formed by a V-ATPase. This model is based on a different mechanism as the one proposed in the literature, which consists on a cotransport of potassium ions and amino acids.

The transcriptome analysis also allowed the identification of sugar transporters along the midgut of *B. xanthophis*. Glucose is probably the main monosaccharide absorbed by the enterocytes, which are then converted into trehalose before being transported to the hemolymph.

The results presented in this work still indicate the occurrence of α-glucosidase in the *B. xanthophis* midgut and show evidences of its association with the flame-like luminal membranes. However, the function of this enzyme in the digestive process of this species has yet to be discovered.

The identification of digestive proteinases along the midgut of *B. xanthophis*, specially cathepsins and chymotrypsins, was surprising, considering that there are no proteins in xylem composition. Therefore, more studies are needed to verify the real function of those enzymes in the digestive process of this leafhopper.

The molecular analysis performed in this work led to a better understanding of the digestive process in the xylem-sucker leafhopper *B. xanthophis*. Apparently, the detected functional differences among the midgut regions do not reflect on the enterocytes ultrastructure. The identification of proteinases and amino acid and sugar transporters in the FC suggests that this organ has a more general role in the digestive process besides the water transport and nutrient concentration.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ADANG, M. J. Insect aminopeptidase N. In: BARRETT, A. J.; RAWLINGS, N. D.; WOESSNER, J. F. Handbook of Proteolytic Enzymes. 2nd Ed. Elsevier Academic Press, v. 1. 2004. p. 296-299.

AGRE, P. the aquaporin water channels. Proceedings Am Thoracic Soc, v. 3. 2006. p. 5-13.

AHARONOVITZ, O. ZAUN, H. C.; BALLA, T.; YORK, J. D.; ORLOWSKI, J.; GRINSTEIN, S. Intracellular pH regulation by Na(+)/H(+) exchange requires phosphatidylinositol 4,5-bisphosphate. J Cell Biol, v. 150. 2000. p. 213-224.

ALBERTS, B.; JOHNSON, A.; LEWIS, J.; MORGAN, D.; RAFF, M.; ROBERTS, K.; WALTER, P. Molecular biology of the cell. 6th ed. Garland Science. 2015.

ALLAN, A. K.; DU, J.; DAVIES, S. A.; DOW, J. A. T. Genome-wide survey of V-ATPase genes in *Drosophila* reveals a conserved renal phenotype for lethal alleles. Physiol Genomics, v. 22. 2005. p. 128-138.

ALTSCHUL, S. F.; LIPMAN, D. J. Protein database searches for multiple alignments. Proc Natl Acad Sci USA, v. 87. 1990. p. 5509-5513.

ANDERSEN, P. C., BRODBECK, B. V.; MIZELL, R. F. Metabolism of amino acids, organic acids and sugars extracted from the xylem fluid of four host plants by adult *Homalodisca coagulata*. Entomol Exp Applicata, v. 503. 1989. p. 149–159.

ANDERSEN, J. F. et al. An insight into the sialome of the oriental rat flea, *Xenopsylla cheopis* (Rots). BMC Genomics, v. 8. 2007. p. 102.

ANDRADE, S. L. A.; EINSLE, O. The Amt/Mep/Rh family of ammonium transport proteins (Review). Mol Membrane Biol, v. 24. 2007. p. 357-365.

ANDRIES, J. C.; TORPIER, G. An extracellular brush border coat of lipid membranes in the midgut of *Nepa cinerea* (Insecta, Heteroptera): ultrastructure and genesis. Biol Cell, v. 46, 1982. p. 195-202.

ARCÀ, B.; LOMBARDO, F.; FRANCISCHETTI, I. M. B.; PHAM, V. M.; SIMON, M. M.; ANDERSEN, J. F.; RIBEIRO, J. M. C. An insight into the sialome of the adult female mosquito *Aedes albopictus*. Insect biochemistry and molecular biology, v. 37, 2. 2007. p. 107-127.

ASHFORD, D. A.; SMITH, W. A.; DOUGLAS, A. E. Living on a high sugar diet: the fate of sucrose ingested by a phloem-feeding insect, the pea aphid *Acyrthosiphon pisum*. J Insect Physiol, 46. 2000. p. 335-341.

ASSUMPÇÃO, T. C.; FRANCISCHETTI, I. M. B.; ANDERSEN, J. F.; SCHWARZ, A.; SANTANA, J. M.; RIBEIRO, J. M.C. An insight into the sialome of the blood-sucking bug *Triatoma infestans*, a vector of Chagas' disease. Insect biochemistry and molecular biology, v. 38, 2. 2008. p. 213-232.

AUSBEL, F. M.; BRENT, R.; KINGSTON, R. E.; MOORE, D. D.; SEIDMAN, J. G.; SMITH, J. A.; STRUHL, K. Short protocols in molecular biology. John Wiley & Sons Inc., New York. 1997.

BAHRUN A.; JENSEN C. R.; ASCH F.; MOGENSEN V. O. Drought-induced changes in xylem pH, ionic composition, and ABA concentration act as early signals in field-grown maize (*Zea mays* L.). J Exp Bot, v. 53. 2002. p. 251-263.

BALCZUN, C.; SIEMANOWSKI, J.; PAUSCH, J. K.; HELLING, S.; MARCUS, K.; STEPHAN, C.; MEYER, H. E.; SCHNEIDER, T.; CIZMOWSKI, C.; OLDENBURG, M.; HÖHN, S.; MEISER, C. K.; SCHUHMANN, W.; SHAUB, G. A. Instestinal aspartate proteinases TiCatD and TiCatD2 of the haematophagous bug *Triatoma infestans* (Reduviidae): Sequence characterization, expression pattern and characterization of proteolytic activity. Insect Biochem Mol Biol, v. 42. 2012. p. 240-250.

BARRETT, A. J.; RAWLINGS, N. D.; WASNER, J. F. Handbook of Proteolytic Enzymes. London, Academic Press. 1998.

BAUER, C.; GROS, G.; BARTELS, H. Biophysics and physiology of carbon dioxide. New York, Springer-Verlag. 1980. p. 453.

BAUMANN, P. Biology of bacteriocyte-associated endosymbionts of plant sap-sucking insects. Annu Rev Microbiol, v. 59. 2005. p. 155–189.

BECKER, A.; SCHLÖDER, P.; STEELE, J. E.; WEGENER, G. The regulation of trehalose metabolism in insects. Experientia, v. 52. 1996. p. 433-439.

BERETTA, M. J. G.; GARCIA, JR. A.; LEE, R. F.; DERRICK, K. S.; BARTLE, G.; TOMÉ NETO, J. Observation on citrus variegated chlorosis in Brazil. Proc of the 12th In: Conference of the international. IOCV. 12, India, 1993. p. 291-293.

BEURON, F.; LE CAHEREC, F.; GUILLAM, M. -T.; CAVALIER, A.; GARRET, A.; TASSAN, J. -P.; DELAMARCHE, C.; SCHULTZ, P.; MALLOUH, V.; ROLLAND, J. -P.; HUBERT, J.-F.; GOURANTON, J.; THOMAS, D. Structural analysis of a MIP family protein from the digestive tract of *Cicadella viridis*. J Biol Chem, v. 270. 1995. p. 17414-17422.

BEYENBACH, K. W. Transport mechanisms of diuresis in Malpighian tubules of insects. J Exp Biol, v. 206. 2003. p. 3845-3856.

BEYENBACH, K. W.; WIECZOREC, H. The V-type H^+ ATPase: molecular structure and function, physiological roles and regulation. J Exp Biol, v. 209. 2006. p. 577-589.

BIAGIO, F. P.; TAMAKI, F. K.; TERRA, W. R.; RIBEIRO, A. F. Digestive morphophysiology of *Gryllodes sigillatus* (Orthoptera: Gryllidae). J Insect Physiol, v. 55, n. 12, 2009. p. 1125-1133.

BIFANO, T. D.; ALEGRIA, T. G. P.; TERRA, W. R. Transporters involved in glucose and water absorption in the *Dysdercus peruvianus* (Hemiptera: Pyrrhocoridae) anterior midgut. Comp Biochem Physiol, v. 157. 2010. p. 1-9.

BLAIR, H. C.; TEITELBAUM, S. L.; GHISELLI, R.; GLUCK, S. Osteoclastic bone resorption by a polarized vacuolar proton pump. Science, v. 245. 1989. p. 855-857.

BLUMENTHAL, R.; CLAGUE, M. J.; DURELL, S. R.; EPAND, R. M. Membrane fusion. Chem. Rev., 103, 2003. p. 53-69.

BOLGER, M. B.; HAWORTH, I. S.; YEUNG, A. K.; ANN, D.; VON GRAFESTEIN, H.; HAMM-ALVAREZ, S.; OKAMOTO, C. T.; KIM, K. –J.; BASU, S. K.; WU, S.; LEE, V. H. L. Structure, function, and molecular modeling approaches to the study of the intestinal dipeptide transporter PepT1. J Pharm Sci, v. 87. 1998. p. 1286-1291.

BORON, W. F.; BOULPAEP, E. L. Medical Physiology. 2nd Ed., Updated Ed. Elsevier Sounders. 2005.

BOTTGER, P.; PEDERSEN, L. Mapping of the minimal inorganic phosphate transporting unit of human PiT2 suggests a structure universal to PiT-related proteins from all kingdoms of life. BMC Biochem, v. 12. 2011. p. 21.

BRETT, C. L.; TUKAYE, D. N.; MUKHERJEE, S., RAO, R. The yeast endosomal Na^+K^+/H^+ exchanger Nhx1 regulates cellular pH to control vesicle trafficking. Mol Biol Cell, v. 16. 2005. p. 1396–1405.

BRITTAIN, W. H. The morphology and synonymy of *Psyllia mali* Schmidberger. Proc Acadian Entomol Soc, 8. 1923. p. 23-42.

BUCHNER, P. Endosymbiosis of animals with plant microorganisms. Interscience Publishers/John Wiley, New York, NY. 1965.

BURG, I. C., & MAYER, P. H. Manual de alternativas ecológicas para prevenção e controle de pragas e doenças:(caldas, biofertilizantes, fitoterapia animal, formicidas e defensivos naturais). Manual de alternativas ecológicas para prevenção e controle de pragas e doenças:(caldas, biofertilizantes, fitoterapia animal, formicidas e defensivos naturais). 1999.

CACCIA, S.; CASARTELLI, M.; GRIMALDI, A.; LOSA, E.; DE EGUILEOR, M.; PENNACHIO, F.; GIORDANA, B. Unexpected similarity of the intestinal sugar absorption by SGLT1 and apical GLUT2 in an insect (*Aphidus ervi*, Hymenoptera) and mammals. Am J Physiol Regulatory Integrative Comp Physiol, v. 292. 2007. p.2284-2291.

CALDEIRA, W.; DIAS, A. B.; TERRA, W. R.; RIBEIRO, A. R. Digestive enzyme compartimentalization and recycling and sites of absorption and secretion along the midgut of *Dermestes maculatus* (Coleoptera) larvae. Arch Insect Biochem Physiol, v. 64, n. 1, 2007. p. 1-18.

CARVALHO, M. C. C. G.; SILVA, D. C. G. Sequenciamento de DNA de nova geração e suas aplicações na genômica de plantas. Ciência Rural, Santa Maria, v. 40. 2010. p. 735-744.

CHAPMAN, R. F. The insects. 4th ed. Cambridge University Press, 1998.

CHEN, M. E.; HOLMES, S. P.; PIENTRATONIO, P. V. Glucose transporter 8 (GLUT8) from the red imported fire ant, *Solenopsis invicta* Buren (Hymenoptera: Formicidae). Arch Insect Biochem Physiol, v. 62. 2006. p. 55-72.

CHEUNG, W. W. K.; MARSHALL, A. T. Water and ion regulation in cicadas in relation to xylem feeding. J Insect Physiol, v. 19, 1973a. p. 1801-1816.

CHEUNG, W. W. K.; MARSHALL, A. T. Studies on water and ion transport in homopteran insects: ultrastructure and cytochemistry of the cicadoid and cercopid midgut. Tissue and Cell, v. 5, 1973b. p. 651-669.

CHEUNG, W. W. K.; PURCELL, A. H. Ultrastructure of the digestive system of the leafhopper *Euscelidius variegatus* (Homoptera: Cicadellidae), with and without congenital bacterial infections**.** Int J Insect Morphol Embryol, v. 22, n. 1, 1993. p. 49-61.

CHMURZYNSKA, A. The multigene family of fatty acid-binding proteins (FABPs): Function, structure and polymorphism. J Appl Genet, v. 47, n. 1. 2006. p. 39-48.

CICERO, J. M.; BROWN, J. K.; ROBERTS, P. D.; STANSLY, P. A. The digestive system of *Diaphorina citri* and *Bactericera cockerelli* (Hemiptera: Psyllidae). Ann Entomol Soc Am, 102. 2009. p. 650-665.

COLEBATCH, G.; COOPER, P.; EAST, P. cDNA cloning of a salivary chymotrypsin-like proteinase and the identification of a six additional cDNAs encoding putative digestive proteinases from the green mirid, *Creontiades dilutus* (Hemiptera: Miridae). Insect Biochem Mol Biol, v. 32. 2002. p. 1065 – 1075.

COLLINS, F. S.; PATRINOS, A.; JORDAN, E.; CHAKRAVARTI, A.; GASTELAND, R.; WALTERS, L. New goals for the U.S. Human Genome Project: 1998-2003. Science, v. 282, 5389. 1998. p. 682-689.

CRAILSHEIM, K. Internal transport of sugars in the honeybee (*Apis melifera*). J Insect Physiol, v. 34. 1988. p. 839-845.

CREEK, K. E.; SLY, W. S. The role of phosphamannosyl receptor in the transport of acid hydrolases to lysosomes. In: Lysosomes in biology and pathology. J Dingle, New York, Elsevier. 1984. p. 63-82.

CRISTOFOLETTI, P. T.; TERRA, W. R. Specificity, anchoring, and subsites in the active center of a microvillar aminopeptidase purified from *Tenebrio molitor* (Coleoptera) midgut cells. Insect Biochem Mol Biol, v. 29. 1999. p. 807-819.

CRISTOFOLETTI, P. T.; RIBEIRO, A. F.; DERAISON, C.; RAHBÉ, Y.; TERRA, W. R. Midgut adaptation and digestive enzyme distribution in a phloem feeding insect, the pea aphid *Acyrthosiphon pisum*. J Insect Physiol, v. 49, 2003. p. 11-24.

CRISTOFOLETTI, P. T.; RIBEIRO, A. F.; TERRA, W. R. The cathepsin L-like proteinases from the midgut of *Tenebrio molitor* larvae: sequence, properties, immunocytochemical localization and function . Insect Biochem Mol Biol, v. 35. 2005. p. 883 – 901.

CRISTOFOLETTI, P. T.; SOUSA, F. A. M.; RAHBÉ, Y.; TERRA, W. R. Characterization of a membrane-bound aminopeptidase purified from *Acyrthosiphon pisum* midgut cells. FEBS Journal, v. 273. 2006. p. 5574-5588.

CRUZ-LANDIM, C.; COSTA-LEONARDO, A. M. Ultrastructure of cell renewal in the midgut of termites. Mem Inst Oswaldo Cruz, v. 91, 1996. p. 129-130.

CRYAN, J. R.; URBAN, J. M. Higher-level phylogeny of the insect order Hemiptera: is Auchenorrhyncha really paraphyletic?. Systematic Entomol. 2011. p. 1-15.

CUSTER, M.; BIBER, L. M.; MURER, J.; KAISSLLING, H. Expression of Na/Pi cotransport in rat kidney: Localization by RT–PCR and immunohistochemistry. Am J Physiol Renal Physiol, v. 266. 1994. p. 767–F774.

DE DUVE, C. The lysosome turns fifty. Nature Cell Biol, v. 7. 2005. p. 847-849.

DE LIMA, H. Estudo morfofuncional do sistema digestivo de *Periplaneta americana* L. (Dictyoptera: Blattidae). Dissertação (Mestrado em Genética/Biologia), Universidade de São Paulo, São Paulo, 2004.

DE NIGRI, J. D. Clorose variegada dos citros: nova anomalia afetando pomares em São Paulo e Minas Gerais. Com Tec, n. 82, Ect. Rural, CATI, Campinas. 1990.

DEFFERRARI, M. S.; DEMARTINI, D. R.; MARCELINO, T. B.; PINTO, P. M.; CARLINI, C. R. Insecticidal effect of *Canavalia ensiformes* major urease on nymphs of the milkweed bug *Oncopeltus fasciatus* and characterization of digestive peptidases. Insect Biochem Mol Biol, v. 41. 2011. p. 388-399.

DIXON, A. F. G. Aphid ecology. Chapman & Hall, London, 1998.

DODGSON, S. J.; TASHIAN, R. E.; GROS, G.; CARTER, N. D.; Carbonic anhydrases. Cell Physiol Mol Gen. New York, Plenum. 1991. p. 379.

DONADIO, L. C.; MOREIRA, C. S. Clorose Variegada dos Citros. Edição Comemorativa do 15º Aniversário da Estação Experimental de Citricultura de Bebedouro. 1997.

DONOWITZ, M.; MOHAN, S., ZHU, C. X.; CHEN, T. E.; LIN, R.; CHA, B.; ZACHOS, N.C.; MURTAZINA, R.; SARKER, R.; LI, X.. NHE3 regulatory complexes. J Exp Biol, v. 212. 2009. p. 1638–1646.

DONOWITZ, M.; TSE, C. M.; FUSTER, D. SLC9/NHE gene family, a plasma membrane and organellar family of Na^+/H^+ exchangers. Mol Aspects Med, v.34. 2013. p. 236-251.

DOUGLAS, A. E. Sulphate utilization in an aphid symbiosis. Insect Biochem, v. 18. 1988. p. 599–605.

DOUGLAS, A. E. Nutritional interactions in insect-microbial symbioses: aphids and their symbiotic bacteria *Buchnera*. Annu Rev Entomol, v. 43. 1998. p. 17–37.

DOUGLAS, A. E. The nutritional physiology of aphids. Adv Insect Physiol, 31. 2003. p. 73-140.

DOUGLAS, A. E. Phloem-sap feeding by animals: problems and solutions. J Exp Bot, 57. 2006. p. 747-754.

DOUGLAS, A. E.; PROSSER, W. A. Synthesis of the essential amino acid tryptophan in the pea aphid (*Acyrthosiphon pisum*) symbiosis. J Insect Physiol, v. 38. 1992. p. 565–568.

DRAKE, L. L.; BOUDKO, D. Y.; MARINOTTI, O.; CARPENTER, V. K.; DAWE, A. L.; HANSEN, I. A. The aquaporin gene family of the yellow fever mosquito, *Aedes aegypti*. PLoS One, v. 5. 2010. p. 15578.

DUNN, A. R. Studies on the mechanism of autophagy: formation of the autophagic vacuole. J Cell Biol, 110. 1990a. p. 1923-1933.

DUNN, A. R. Studies on the mechanism of autophagy: maturation of the autophagic vacuole. J Cell Biol, 110. 1990b. p. 1935-1945.

DUNN, B. M.; JIMENEZ , M.; PARTEN; B. F.; VALLER; M. J.; ROLPH, C. E.; KAY, J. A systematic series of synthetic chromophoric substrates for aspartic proteinases. Biochem J, v. 237. 1986. p. 899 – 906.

DUTZLER, R. The ClC family of chloride channels and transporters. Current Opinion Struc Biol, v.16. 2006. p. 439-446.

DUTZLER, R. A structural perspective on ClC channel and transporter function. FEBS Letters, v. 581. 2007. p. 2839-2844.

EMANUELSSON, O.; BRUNAK, S.; VON HEIJNE, G.; NIELSEN, H.. Locating proteins in the cell using TargetP, SignalP and related tools. Nature protocols, v. 2, 4. 2007. p. 953-971.

ESCHER, S. A.; RASMUSON-LESTANDER, A. The *Drosophila* glucose transporter gene: cDNA sequence, phylogenetic comparations, analysis of functional sites and secondary structures. Hereditas, v. 130. 1999. p. 95-103.

FARRELL, K.B.; TUSNADY, G. E.; EIDEN, M. V. New structural arrangement of the extracellular regions of the phosphate transporter SLC20A1, the receptor for gibbon ape leukemia virus. J Biol Chem, v. 284, n. 43. 2009. p. 29979–29987.

FAWCETT, D. W. The cell. 2nd ed., Philadelphia: Saunders, 1981.

FEBVAY, G. R.; LIADOUZE, I.; GUILLAUD, J.; BONNOT, G. Analysis of energetic amino acid metabolism in *Acyrthosiphon pisum*: a multidimensional approach to amino acid metabolism in aphids. Arch Insect Biochem Physiol, v. 29. 1995. p. 45–69.

FERREIRA, C.; RIBEIRO, A. F.; TERRA, W. R. Fine structure of the larval midgut of the fly *Rhynchosciara americana* and its physiological implications. J Insect Physiol, v. 27, 1981. p. 559-570.

FERREIRA, C.; RIBEIRO, A. F.; GARCIA, E. S.; TERRA, W. R. Digestive enzymes trapped between and associated with the double plasma membranes of *Rhodnius prolixus* posterior midgut cells. Insect Biochem, v. 18, n. 6, 1988. p. 521-530.

FISHER, D. B. Long distance transport. In: BUCHANAN, B. B.; GRUISSEM, W. (Eds). Biochemistry and molecular biology of plants. Am Soc Plant Physiol, Rockville, MD, USA. 2000. p. 730-784.

FORSTER, I. C.; KOHLER, K.; BIBER, J.; MURER, H. Forging the link between structure and function of electrogenic cotransporters: the renal type IIa Na^+/Pi cotransporter as a case study. Prog Biophys Mol Biol, v. 80, n. 3. 2002. p. 69–108.

FORSTER, I. C.; HERNANDO, N.; BIBER, J.; MURER, H. Proximal tubular handling of phosphate: a molecular perspective. Kidney Int, v. 70, n. 9. 2006. p.1548–1559.

FORSTER, I. C.; HERNANDO, N.; SORRIBAS, V.; WERNER, A. Phosphate transporters in renal, gastrointestinal, and other tissues. Adv Chronic Kidney Dis, v. 18. 2011. p. 63–76.

FORSTER, I. C.; HERNANDO, N.; BIBER, J.; MURER, H. Phosphate transporters of the SLC20 and SLC34 families. Mol Aspects Med, v.34. 2013. p. 386-395.

FURUHASHI, M.; HOTAMISLIGIL, G. S. Fatty acid-bindng proteins: role in metabolic diseases and potential as drug targets. Nature Rev, v. 7. 2008. p. 489-503.

GALLO, D. O.; NAKANO, S. S.; NETO, R. P. L.; CARVALHO, G. C.; BATISTA, E. B.; FILHO, J. R. P.; PARRA, R. A.; ZUCCHI, S. B.; ALVES & J. D. VENDRAMIN. Manual de entomologia agrícola. São Paulo. CERES. 1988. p. 649.

GILBY, A. R.; WYATT, S. S.; WYATT, G. R. Trehalases from the cockroach, *Blaberus discoidalis*: Activation, solubilization and properties of the muscle enzyme and some properties of the intestinal enzyme. Acta Biochim Pol, V. 14 . 1967. P. 83-100.

GILLOT, C. Entomology. 2nd Ed. New York. Plenum Press, 1995. p. 195-232.

GIORDANA, B.; MILANI, A.; GRIMALDI, A.; FARNETI, R.; CASARTELLI, M.; AMBROSECCHIO, M. R.; DIGILIO, M. C.; LEONARDI, M. G.; EGUILEOR, M.; PENNACHIO, F. Absorption of sugars and amino acids by the apidermis of *Aphidius ervi* larvae. J Insect Physiol, v. 49. 2003. p. 1115-1124.

GONÇALVES, E. K. Estudo morfofuncional do sistema digestivo de *Haematopinus suis* (Linnaeus, 1758) (Phthiraptera, Anoplura). Tese (Doutorado em Genética/Biologia), Universidade de São Paulo, São Paulo, 2002.

GOTO, S. G.; PHILLIP, B. N.; TEETS, N. M.; KAWARASAKI, Y.; LEE JR., R. E.; DENLINGER, D. L. Functional characterization of an aquaporin in the antarctic midge *Belgica antarctica*. J Insect Physiol, v. 57. 2011. p. 1106-1114.

GOURANTON, J. Ultrastructures en rapport avec un transit d'eau. Etude de la chambre filtrante de *Cicadella viridis*. J Microsc (Paris), v. 7, 1968. p. 559-574.

GRIMALDI, D.; ENGELS, M. S. Evolution of the insects. Cambridge [U.K.]; New York: Cambridge University Press, 2005. p. 287-312.

GUERINOT, M. L. The ZIP family of metal transporters. Biochim Biophys Acta Biomembranes, v. 1465, 1-2. 2000. p. 190-198.

GUO, Y.; RIBEIRO, J. M. C.; ANDERSON, J. M.; BOUR, S. dCAS: a desktop application for cDNA sequence annotation. Bioinformatics, v. 25, 9. 2009. p. 1195-1196.

HANSEN, A. K.; MORAN, N. A. Aphid genome expression reveals host-symbiont cooperation in the production of amino acids. Proce Nat Acad Sci, USA, v. 108. 2011. p. 2849–2854.

HANSEN, A. K.; MORAN, N. A. The impacto of microbial symbionts on plant host utilization by herbivorous insects. Mol Ecol, v. 23. 2014. p. 1473-1496.

HARVEY, W. R.; CIOFFI, M.; DOWN, J. A. T. Potassium ion transport ATPase in insect epithelia. J Exp Biol, v. 106. 1983. p. 91-117.

HARVEY, W. R.; OKECH, B. A.; LINSER, P. J.; BECNEL, J. J. AHEAM, G. A.; STERLING, K. M. H^+ V-ATPase-energized transporters in brush border membrane vesicles from whole larvae of *Aedes aegypti*. J Insect Physiol, v. 56. 2010. p. 1377-1389.

HAUNERLAND, N. H.; SPENER, F. Fatty acid-binding proteins – insights from genetic manipulations. Prog Lipid Res, v. 43. 2004. p. 328-249.

HEDIGER, M. A.; COADY, M. J.; IKEDA, T. D.; WRIGHT, E. M. Expression, cloning and cDNA sequencing of the Na^+/glucose cotransporter. Nature, v. 330. 1987. p. 379-381.

HENRISSAT, B. A classification of glycosyl hydrolases based on amino acid sequence similarities. Biochem J, v. 280. 1991. p. 309-316.

HENRISSAT, B.; BAIROCH, A. New families in the classification of glycosyl hydrolases amino acid sequence similarities. Biochem J, v. 293. 1993. p. 781-788.

HENRY, R. P. The role of carbonic anhydrase is blood ion and acid-base regulation. Am Zool, v. 24. 1984. p. 241-253.

HENRY, R. P. Multiple functions of crustacean gill carbonic anhydrase. J Exp Zool, v. 248. 1988. p. 19-24.

HENRY, R. P. Multiple roles of carbonic anhydrase in cellular transport and metabolism. Annu Rev Physiol, v. 58. 1996. p. 523-538.

HEWETT-EMMETT, D.; HOPKINS, P. J.; TASHIAN, R. E.; CZELUSNIAK, J. Origins and molecular evolution of the carbonic anhydrase isozymes. Ann NY Acad Sci, v. 429. 1984. p. 338-358.

HEWETT-EMMETT, D.; TASHIAN, R. E. Structure and evolutionary origins of the carbonic anhydrase multigene family. New York, Plenum. 1991. p. 15-32.

HOUSEMAN J. G.; DOWNE, A. E. R. Cathepsin D-like activity in the posterior midgut of hemipteran insects. Comp Biochem Physiol, v. 75B. 1983. p. 509-512.

HUANG, X.; MADAN, A. CAP3: a DNA sequence assembly program. Genome Res, v. 9. 1999. p. 868-877.

HUBERT, J. -F.; GOURANTON, J.; THOMAS, D. Structural analysis of a MIP family protein from the digestive tract of *Cicadella viridis***.** J Biol Chem, v. 270, n. 29, 1995. p. 17414-17422

HUBERT, J. –F.; THOMAS, D.; CAVALIER, A.; GOURANTON, J. Structural and biochemical observations on specialized membranes of the "filter chamber", a water shunting complex in sap-sucking homopteran insects**.** Biol Cell, v. 66, 1989. p. 155-163.

HUSSAIN, A.; FORREST, J. M. S.; DIXON, A. F. G. Sugar, organic acid, phenolic acid and plant growth regulator content of extracts of honeydew of aphid *Myzus persicae* and of its host plant, *Raphanus sativus*. Ann Applied Biol, 78. 1974. p. 65-73.

IWANAGA, T.; FUJITA, T.; NISHIITSUTSUJI-UWO, J.; ENDO, Y. Immunohistochemical demonstration of PP-, somatostin-, enteroglucagon- and VIP-like immunoreactivities in the cockroach midgut. Biomed Res, v. 2, 1981. p 202-207.

JAHN, F.; LANG, T.; SÜDHOF, T. C. Membrane fusion. Cell, v. 112, 4. 2003. p. 519-533.

JUNQUEIRA, L. C. U.; CARNEIRO, J. Basic histology**.** 11th ed. New York: McGraw-Hill, 2005.

KATAOKA, N.; MIYAKE, S.; AZUMA, M. Aquaporin and aquaglyceroporin in silkworms, differently expressed in the hindgut and midgut of *Bombyx mori*. Insect Mol Biol, v. 18. 2009a. p. 303-314.

KATAOKA, N.; MIYAKE, S.; AZUMA, M. Molecular characterization of aquaporin and aquaglyceroporin in the alimentary canal of *Grapholita molesta* (the oriental fruit moth) – comparison with *Bombyx mori* aquaporins. J Insect Biotechnology Sericology, v. 78. 2009b. p. 81-90.

KELLET, G. L. The facilitate component of intestinal glucose absorption. J Physiol, v. 531. 2001. p. 585-595.

KELLETT, G. L.; BROT-LAROCHE, E.; MACE, O. J.; LETURQUE, A. Sugar Absorption in the intestine: the role of GLUT2. Annu Rev Nutr, v. 28. 2008. p. 35-54.

KIKAWADA, T.; SAITO, A.; KANAMORI, Y.; FUJITA, M.; S'NIGORSKA, K.; WATANABE, M.; OKUDA, T. Dehydration-inducible changes in expression of two aquaporins in the sleeping chironomid, *Polypedilum vanderplanki*. Biochimica et Biophysica Acta, v. 1778. 2008. p. 514-520.

KIKUTA, S.; KIKAWADA, T.; HAGIWARA-KOMODA, Y.; NAKASHIMA, N.; NODA, H. Sugar transporter genes of the brown planthopper, *Nilaparvata lugens*: a facilitated glucose/fructose transporter. Insect Biochem Mol Biol, 40(11). 2010. p. 805-813.

KOIWA , H.; SHADE, R. E.; ZHU-SALZMAN, K.; D'URZO, M. P.; MURDOCK, L. L.; BRESSAN, R. A.; HASEGAWA, P. M. A plant defensive cystatin (soyacystatin) targets cathepsin L-like digestive cysteine proteinases (DuCALs) in the larval midgut of the western corn rootworm (*Diabrotica virgifera virgifera*). FEBS Lett., v. 471. 2000. p. 67 – 70.

LAMB, K. P. Composition of the honeydew of the aphid *Brevicoryne brassicae* (L.) feeding on swedes (*Brassica napobrassica* DC.). J Insect Physiol, 3. 1959. p. 1-13.

LANE, N. J.; HARRISON, J. B. Unusual cell-surface modification – double plasma-membrane. J Cell Sci, v. 39, 1979. p. 355-372.

LE CAHEREC, F.; GUILLAM, M. –T.; BEURON, F.; CAVALIER, A.; THOMAS, D.; GOURANTON, J.; HUBERT, J. –F. Aquaporin-related proteins in the filter chamber of homopteran insects**.** Cell Tissue Res, v. 290, 1997. p. 143-151.

LEAL, C. S.; RIBEIRO, A. F.; UTIYAMA, A. H. Comparative study of the organization of the digestive system of species belonging to the superorder Condylognatha. In: XVIII Meeting of Brazilian Society for Cell Biology, São Paulo. 2016. Disponível em http://www.sbbc.org.br/wp-content/uploads/2014/08/Resumos-do-XVIII-Congresso-da-SBBC-São-Paulo-2016.pdf. Acesso em: 16 de novembro de 2016.

LEHANE, M. J. Peritrophic matrix structure and function. Annu Rev Entomol, v. 42, 1997. p.525-550.

LI, B.; PREDEL, R.; NEUPERT, S.; HAUSER, F.; TANAKA, Y.; CAZZAMALI, G.; WILLIAMSON, M.; ARAKANE, Y.; VERLEYEN, P.; SCHOOFS, L.; SCHACHTNER, J.; GRIMMELIKHUIJZEN, C. J. P.; PARK, Y. Genomics, transcriptomics, and peptidomics of

neuropeptides and protein hormones in the red flour beetle *Tribolium castaneum*. Genome Res, v. 18. 2008. p. 113-122.

LINDSAY, K. L.; MARSHALL, A. T. Ultrastructure of the filter chamber complex in the alimentary canal of *Eurymela distincta* Signoret (Homoptera, Eurymelidae). Int J Insect Morphol Embryol, v. 9, 1980. p. 179-198.

LINSER, P. J.; SMITH, K. E.; SERON, T. J.; OVIEDO, M. N. Carbonic anhydrases and anion transport in mosquito midgut pH regulation. J Exp Biol, v. 212. 2009. p. 1662-1671.

LIU, K.; TSUJIMOTO, H.; CHA, S. –J.; AGRE, P.; RASGON, J. L. Aquaporin water channel AgAQP1 in the malaria vector mosquito *Anopheles gambiae* during blood feeding and humidity adaptation. Proc National Acad Soc United States of Am, v. 108. 2011, p. 6062-6066.

MA, W.; TANG, C.; LAI, L. Specificity of trypsin and chymotrypsin: loop-motion-controlled dynamic correlation as a determinant. Biophysical J, v. 89. 2005. p. 1183-1193.

MACLEAN, D.; JONES, J. D. G.; STUDHOLME, D. J. Application of “next-generation” sequencing technologies to microbial genetics. Nature Reviews Microbiology, London, v. 7. 2009. p. 287-296.

MAREN, T. H. Carbonic anhydrase: chemistry, physiology, and inhibition. Physiol Rev, v. 47. 1967. p. 595-781.

MARINI, A.; URRESTARAZU, A.; BEAUWENS, R.; ANDRE, R. The Rh (Rhesus blood group polypeptides are related to $NH4^{+}$ transporter. Trends Biochem Sci, v. 22. 1997. p. 460-461.

MARSHALL, A. T.; CHEUNG, W. W. K. Studies on water and ion transport in homopteran insects: ultrastructure and cytochemistry of the cicadoid and cercopid Malpighian tubules and filter chamber. Tissue and Cell, v. 6, 1974. p. 153-171.

MARUCCI, R. C.; CAVICHIOLI, C. C.; ZUCCHI, R. A. A key to five sharpshooter leafhoppers (Hemiptera: Cicadellidae: Cicadellinae) vectors of citrus variegated chlorosis (CVC). An Soc Entomol Bras, v. 28, 1999. p. 439-446.

MARUCCI, R. C.; GIUSTOLIN, T. A.; MIRANDA, M. P.; FERRAZ, P. C.; LOPES, J. R. S. Sharpshooter transmission of a coffee strain of *Xylella fastidiosa* to coffee seedlings. Fitopatol Bras, v. 26, 2001.

MATTHEW, L. G.; CAMPBELL, E. M.; YOOL, A. J.; FABRICK, J. A. Identification and characterization of functional aquaporin water channel protein from alimentary tract of whitefly, *Bemisia tabaci*. Insect Biochem Mol Biol, v. 41. 2011. p. 178-190.

MEDEIROS, M. A. As pragas também morrem pela boca. Revista Pesquisa Fapesp, v. 54, 2000. p.1-5.

MITTLEIDER, D.; GREEN, L. C.; MANN, V. W.; MICHAEL, S. F.; DIDIER, S. F.; BRINDLEY, P. J. Sequence survey of the genome of the opportunistic microsporidian pathogen, *Vittaforma corneae*. J Eukaryot Microbiol, v. 49, n. 5. 2002. p. 393-401.

MITTLER, T. E. Dietary amino acid requirements of the aphid *Myzus persicae* affected by antibiotic uptake. J Nutr, v. 101. 1971. p. 1023–1028.

MOLLENHAUER, H. H.; MOORE, D. J. Structure of Golgi-apparatus. Protoplasma, v. 180, 1994. p. 14-28.

MORAN, N. A.; MCCUTCHEON, J. P.; NAKABACHI, A. Genomics and evolution of heritable bacterial symbionts. Annu Rev Genetics, v. 42. 2008. p. 165–190.

MOREIRA, N. R. α-manosidases intestinais de *Tenebrio molitor*. Dissertação (Mestrado em Ciências Biológicas). Universidade de São Paulo, São Paulo. 2008.

MURATA, Y.; SUN-WADA, G. H.; YOSHIMIZU, T.; YAMAMOTO, A.; WADA, Y; FUTAI, M. Differential localization of the vacuolar H^+ pump with G subunit isoforms (G1 and G2) in mouse neurons. J Biol Chem, v. 227. 2002. p. 26296-36303.

MUSÉUM NATIONAL D'HISTOIRE NATURELLE. Hem-bases: Hemiptera databases in MNHN-Paris. Disponível em: <http://www.hemiptera-databases.org>. Acesso em: 20 out. 2015.

NATION, J. L. Insect Physiology and Biochemistry. 2nd ed, CRC Press, Boca Raton. 2008.

NISHI, T.; KAWASAKI-NISHI, S.; FORGAC, M. Expression and function of the mouse V-ATPase d subunit isoforms. J Biol Chem, v. 278. 2003. p. 46396-46402.

O'LOUGHLIN, G. T.; CHAMBERS, T. C. Extracellular microtubules in the aphid gut. J Cell Biol, 53. 1972. p. 575-578.

ORLOWSKI, J.; GRINSTEIN, S. Diversity of the mammalian sodium/proton exchanger SLC9 gene family. Pflugers Arch, v. 447. 2004. p. 549-565.

PADILHA, M. H. P.; PIMENTEL, A. C.; RIBEIRO, A. F.; TERRA, W. R. Sequence and function of lysosomal and digestive cathepsin D-like proteinases of *Musca domestica*. Insect Biochem Mol Biol, v. 39. 2009. p. 782-791.

PALACÍN, M.; ESTÉVEZ, R.; BERTRAN, J.; ZORZANO, A. Molecular biology of mammalian plasma membrane amino acid transporter. Physiol Rev, v. 78, n. 4. 1998. p. 969-1053.

PASCUAL, I.; BERRJO'N, A.; LOSTAO, M. P.; BARBER, A. Transport of D-galactose by the gastrointestinal tract of the locust, *Locusta migratoria*. Comp Biochem Physiol, v. 143. 2006. p. 20-26.

PFADT, R. E. Fundamentals of applied entomology. New York, Macmillan. 4th ed. 1978. p. 742.

PHILLIP, B. N.; KISS, A. J.; LEE JR., R. E. The protective role of aquaporins in the freeze-tolerant insect *Eurosta solidaginis*: functional characterization and tissue abundance of EsAQP1. J Exp Biol, v. 214. 2011. p. 848-857.

POMPON, J.; QUIRING, D.; GOYER, C.; GIORDANENGO, P.; PELLETIER, Y. A phloem-sap feeder mixes phloem and xylem sap to regulate osmotic potential. J Insect Physiol, 57. 2011. p. 1317-1322.

PONSEN, M. B. The digestive system of *Subaltusaphis ornata* (Homoptera: Aphididae). Mededelingen Landbouwhogeschool Wageningen Nederland, 79-17. 1979. p. 1-30.

PONSEN, M. B. Alimentary tract. In: MINKS, A. K.; HARREWIJN, P. (Eds.), Aphids: Their biology, natural enemies and control, v. 4. Elsevier, Amsterdam. 1987. p. 79-97.

PONSEN, M. B. Phylogenetic implications of the structure of the alimentary tract of the Aphidoidea I. *Greenidea*, *Israelaphis* and *Neopyllaphis* II. The *Aphis*-group. Agricultural University Wageningen Papers. 1990. p. 52.

PONSEN, M. B. Structure of the digestive system of aphids, in particular *Hyalopterus* and *Coloradoa*, and its bearing on the evolution of filterchambers in Aphidoidea. Wageningen Agricultural University Papers 91-5. 1991. p. 3-61.

PRESS, E. M.; PORTER, R. R.; CEBRA, J. The isolation and the properties of proteolytic enzyme, cathepsin D, from bovine spleen. Biochem J, v. 74. 1960. p. 501-514.

PRICE, D. R. G.; WILKINSON, H. S.; GATEHOUSE, J. A. Functional expression and characterization of a gut facilitative glucose transporter, NIHT1, from the phloem-feeding insect *Nilaparvata lugens* (rice brown planthopper). Insect Biochem Mol Biol, v. 37. 2007a. p. 1138-1148.

PRICE, D. R. G.; KARLEY, A. J.; ASHFORD, D. A.; ISAACS, H. V.; POWNALL, M. E.; WILKINSON, H. S.; GATEHOUSE, J. A.; DOUGLAS, A. E. Molecular characterisation of a candidate gut sucrase in the pea aphid, *Acyrthosiphon pisum*. Insect Biochem Mol Biol, v. 37. 2007b. p. 307-317.

STEVENS, T. H.; FORGAC, M. Structure, function and regulation of the vacuolar (H^+)-ATPase. Annu Rev Cell Dev Biol, v. 13. 1997. p. 779-808.

RADANOVIC, T.; WAGNER, C.A.; MURER, H.; BIBER, J. Regulation of intestinal phosphate transport. I. Segmental expression and adaptation to low-Pi diet of the type IIb Na^+-Pi cotransporter in mouse small intestine. Am J Physiol Gastrointest Liver Physiol, v. 288, n. 3. 2005. p. 496–500.

RAIKITOV, R. A. The covering formed by brochosomes on the cuticle of leafhoppers (Homoptera, Cicadellidae). Entomol Rev, v. 74, 1995. p. 90-103.

RAIKITOV, R. A. Secretory products of the Malpighian tubules of Cicadellidae (Hemiptera, Membracoidea): an ultrastructural study. Int J Insect Morphol Embryol, v. 28, 1999. p. 179-193.

REGER, J. F. Fine structure of the surface coat of midgut epithelial cells in the homopteran *Phyloscellis atra* (Fulgorid). J Submicr Cytol, 3. 1971. p. 353-358.

RESH, V. H.; CARDÉ, R. T. Encyclopedia of insects. Amsterdam, Boston: Academic Press, 2003. p. 66-74.

REYNOLDS, E. S. The use of lead citrate at high pH as an electron-opaque stain in electron microscopy. J Cell Biol, v. 17, 1963. p. 208-212.

RHODES, J. D.; CROGHAN, P. C.; DIXON, F. G. Dietary sucrose and oligosaccharide synthesis in relation to osmoregulation in the pea aphid, *Acyrthosiphon pisum*. Physiol Entomol, 22. 1997. p. 373-379.

RIBEIRO, A. F.; FERREIRA, C.; TERRA, W. R. Morphological basis of insect digestion. In: MELLINGER, J. (ed.) – Animal nutrition and transport processes. 1. Nutrition in wild and domestic animals. Basel: Karger, v.5, 1990. p.96-105.

ROSSETI, V.; GARNIER, M. B.; GARNIER, J. M.; BERETTA, M. J. G.; TEIXEIRA, A. R. R.; QUAGGIO, J. A.; DE NIGRI, D. Présence de bactéries dans le xylème d'orangers atteints de chlorose variegée, une nouvelle maladie des agrumes au Brésil. Paris: C.R.S. Acad Sci, Séries, v. 3. 1990. p. 345-349.

ROTHMAN, J. E. ; ORCI, L. Molecular dissection of the secretory pathway. Nature, v. 335. 1992. p. 409-415.

RUPERT, E. E. ; BARNES, D. R. Zoologia dos invertebrados. São Paulo. Rocca, 6ª ed. 1996. p. 1029.

SALAUN, C.; RODRIGUES, P.; HEARD, J. M. Transmembrane topology of PiT-2, a phosphate transporter-retrovirus receptor. J Virol, v. 75, n. 12. 2001. p. 5584–5592.

SALVUCCI, M. E.; ROSELL, R. C.; BROWN, J. K. Uptake and metabolism of leaf proteins by the silverleaf whitefly. Arch Insect Biochem Physiol, v. 39. 1998. p. 155–165.

SANDSTRÖM, J. P.; MORAN, N. A. Amino acid budgets in three aphid species using the same host plant. Physiol EntomoL, v. 26. 2001. p. 202–211.

SANDSTRÖM, J.; PETTERSSON, J. Amino acid composition of phloem sap and the relation to intraspecific variation in pea aphid (*Acyrthosiphon pisum*) performance. J Insect Physiol, v. 40. 1994. p. 947–955.

SANGADALA, S.; WALTERS, F. S.; ENGLISH, L. H.; ADANG, M. J. A mixture of *Manduca sexta* aminopeptidase and phosphatase enhances *Bacillus thuringiensis* insecticidal CryIA(c) toxin binding and 86Rb+-K^+ efflux *in vitro*. J Biol Chem, v. 269. 1994. p. 10088-10092, 1994.

SANTOS, C. D. ; RIBEIRO, A. F. ; TERRA, W. R. Differential centrifugation, calcium precipitation and ultrasonic disruption of midgut cells of *Erinnyis ello* caterpillars. Purification of cell microvilli and inferences concerning secretory mechanisms. Can J Zool, v. 64. 1986. p. 490-500.

SASAKI, T. ; ISHIKAWA, H. Nitrogen recycling in the endosymbiotic system of the pea aphid, *Acyrthosiphon pisum*. Zool Sci, 10. 1993. p. 779-785.

SASAKI, T.; FUKUCHI, N. ; ISHIKAWA, H. Amino acid flow through aphid and its symbiont : study with ^{15}N-labeled glutamine. Zool Sci, 10. 1993. p. 787-791.

SCHEEPERS, A.; JOOST, H. G.; SCHURMANN, A. The glucose transporter families SGLT and GLUT : molecular basis of normal and aberrant function. J Parenter Enteral Nutr, v. 28. 2004. p. 364-371.

SCHUMAKER, T. T. S.; CRISTOFOLETTI, P. T.; TERRA, W. R. Properties and compartmentalization of digestive carbohydrates and proteinases in *Scaptotrigona bipunctata* (Apidae : Meliponinae) larvae [Cellobiase, Maltase]. Animal Physiol Nutr, v. 24. 1993. p. 3-17.

SEGAWA, H.; KANEKO, I.; TAKAHASHI, A.; KUWAHATA, M.; ITO, M.; OHKIDO, I.; TATSUMI, S.; MIYAMOTO, K. Growth-related renal type II Na/Pi cotransporter. J Biol Chem, v. 277, n. 22. 2002. p. 19665–19672.

SESHASAYEE, A. S.; BERTONE, P.; FRASER, G. M.; LUSCOMBE, F. M. Transcriptional regulatory networks in bacteria: from input signals to output responses. Curr Opin Microbiol, v. 9. 2006. p. 511-519.

SHAKESBY, A. J.; WALLACE, I. S.; ISAACS, H. V.; PRITCHARD, J.; ROBERTS, D. M.; DOUGLAS, A. E. A water-specific aquaporin involved in aphid osmoregulation. Insect Biochem Mol Biol, 39. 2009.

SHIGENOBU, S.; WATANABE, H.; HATTORI, M.; SAKAKI, Y.; ISHIKAWA, H. Genome sequence of the endocellular bacterial symbiont of aphids *Buchnera* sp. APS. Nature, v. 407. 2000. p. 81–86.

SIEGFRIED, B. D.; WATERFIELD, N.; FRENCH-CONSTANT, R. H. Expressed sequence tags from *Diabrotica virgifera* midgut identify a coleopteran cadherin and a diversity of cathepsins. Insect Mol Biol, v. 14. 2005. p. 137-143.

SILVA, C. P.; RIBEIRO, A. F.; GULBENKIAN, S.; TERRA, W. R. Organization, origin and function of the outer microvillar (perimicrovillar) membranes of *Dysdercus peruvianus* (Hemiptera) midgut cells. J Insect Physiol, v. 41, i. 12, 1995. p. 1093-1103.

SILVA, C. P.; RIBEIRO, A. F.; TERRA, W. F. Enzyme markers and isolation of the microvillar and perimicrovillar membranes of *Dysdercus peruvianus* (Hemiptera: Pyrrhocoridae) midgut cells. Insect Biochem Mol Biol, v. 26, n. 10, 1996. p. 1001-1018.

SILVA, C. P.; SILVA, J. R.; VASCONCELOS, F. F.; PETRESKI, M. D. A.; DAMATTA, R. A.; RIBEIRO, A. F.; TERRA, W. R. Occurrence of midgut perimicrovillar membranes in paraneopteran insect orders with comments on their function and evolutionary significance. Arthropod Struct Dev, v. 33, 2004. p. 139-148.

SILVA, C. P.; TERRA, W. R. An alpha-glucosidase from perimicrovillar membranes of *Dysdercus peruvianus* (Hemiptera, Pyrrhocoridae) midgut cells – purification and properties. Insect Biochem Mol Biol, v. 25. 1995. p. 487-494.

SLANSKY, F.; SCRIBER, J. M. Food consumption and utilization. In: KERKUT, G. A.; GILBERT, L. I. Comprehensive insect physiology, biochemistry and pharmacology (eds Kerkut GA, Gilbert LI), v. 4. Pergamon Press, Oxford, UK. 1985. p. 87–163.

SPURR, A. R. A low-viscosity epoxy resin embedding medium for electron microscopy. J Ultrastruct Res, v. 26, 1969. p.31-43.

STEVENS, T. H.; FORGAC, M. Structure, function and regulation of the vacuolar (H^+)-ATPase. Annu Rev Cell Dev Biol, v. 13. 1997. p. 779-808.

TAKATA, K. Glucose transporters in the transepithelial transport of glucose. J Electron Microsc, v. 45. 1996. p. 275-284.

TASHIAN, R. E.; HEWETT-EMMET, D. Biology and chemistry of the carbonic anhydrases. Ann NY Acad Sci, v. 429. 1984. p. 640.

TERRA, W. R. Physiology and biochemistry of insect digestion: an evolutionary perspective. Brazilian J Med Res, v. 21, 1988. p. 675-734.

TERRA, W. R. Evolution of digestive system of insects. Annu Rev Entomol, v. 35, 1990. p. 181-200.

TERRA, W. R. The origin and function of the insect peritrophic membrane and peritrophic gel. Arch Insect Biochem Physiol, v. 47, 2001. p. 47-61.

TERRA, W. R.; FERREIRA, C. Insect digestive enzymes: properties, compartmentalization and function. Comp Biochem Physiol, v. 109(B), 1994. p.1-62.

TERRA, W. R.; FERREIRA, C. Biochemistry and molecular biology of digestion. In: GILBERT, L. I. Insect molecular biology and biochemistry. Elsevier. 2012. p. 365-418.

TERRA, W. R.; FERREIRA, C.; BAKER, J. E. Compartmentalization of digestion. In: LEHANE, M. J.; BILLINGSLEY, P. F. Biology of the insect midgut. London: Chapman and Hall, 1996a. p.206-235.

TERRA, W. R.; FERREIRA, C.; JORDÃO, B. P.; DILLON, R. J. Digestive enzymes. In: LEHANE, M. J., BILLINGSLEY, P. F. Biology of the insect midgut. London: Chapman and Hall, 1996b. p.154-194.

TREHERNE, J. E. Glucose absorption in cockroach. J Exp Biol, v. 34. 1957. p. 478-485.

TRIPLEHORN, C. A.; JOHNSON, N. F. Borror and Delong's introduction to the study of insects. 7th ed. Thomson Brooks/Cole, 2005. p.1-4, 672-673, 737-774.

TSAI, J. H.; PERRIER, J. L. Morphology of the digestive and reproductive systems of *Dalbulus maidis* and *Graminella nigrifrons* (Homoptera: Cicadellidae). Florida Entomologist, v. 79, n. 4, 1996. p. 563-78.

TRIBOLIUM GENOME SEQUENCING CONSORTIUM. The genome of the model beetle and pest *Tribolium castaneum*. Nature, v. 452. 2008. p. 949-955.

TURUNEN, S.; CRAILSHEIM, K. Lipid and sugar absorption. In: LEHANE, M. J.; BILLINGSLEY, P. F. Biology of the insect midgut. London: Chapman and Hall. 1996. p. 293-320.

URBAN, J. M.; CRYAN, J. R. Two ancient bacterial endosymbionts have coevolved with the planthoppers (Insecta: Hemiptera: Fulgoroidea). BMC Evol Biol, v. 12. 2012. p. 87.

UTIYAMA, A. H. Estudo morfofuncional do sistema digestivo da cigarrinha *Bucephalogonia xanthophis* (Hemiptera: Cicadellidae). Dissertação (Mestrado em Genética/Biologia), Universidade de São Paulo, São Paulo, 2011.

UTIYAMA, A. H.; TERRA, W. R.; RIBEIRO, A. F. The digestive system of the leafhopper *Bucephalogonia xanthophis* (Hemiptera, Cicadellidae): the organization of the luminal membrane complex. J Entomol Res. 2016. In press.

VAN VILLET, A. H. Next generation sequencing of microbial transcriptomes: challenges and opportunities . FEMS Microbiol Lett, n. 302. 2010. p. 1-7.

VENTER, J. C. et al. The sequence of the human genome. Science, v. 291, 5507. 2001. p. 1304-1351.

VERKMAN, A. S. More than just water channels: unexpected cellular roles of aquaporins. J Cell Sci, v. 118. 2005. p. 3225-3232.

VERKMAN, A. S. Aquaporins: translating bench research to human disease. J Exp Biol, v. 212. 2009. p. 1707-1715.

VIRKKI, L. V.; BIBER, J.; MURER, H.; FORSTER, I.C. Phosphate transporters: a tale of two solute carrier families. Am J Physiol Renal Physiol, v. 293, n. 3. 2007. p. 643–654.

WALSH, P. J.; HENRY, R. P. Carbon dioxide and ammonia metabolism and exchange. In: HOACHACHKA, P. W.; MOMMSENS, T. P. Biochemistry and molecular biology of the fishes. New York, Elsevier, v. 1. 1991. p. 181-207.

WANG, Z.; GERSTEIN, M.; SNYDER, M. RNA-Seq: a revolutionary tool for transcriptomics. Nature Reviews Genetics, v. 10, 1. 2009. p. 57-63.

WATERHOUSE, D. F. Digestion in insects: review. Ann Rev Entomol, v. 2, 1957. p. 1-18.

WATSON R.; PRITCHARD J.; MALONE M. Direct measurement of sodium and potassium in the transpiration stream of salt-excluding and non-excluding varieties of wheat. J Exp Bot, v. 52. 2001. p. 1873-1881.

WERNER, K.; MOUTAIROU, K.; WERNER, G. Formation and structure of the surface coat in the midgut of a waterstrider, *Gerris najas* Deg. (Heteroptera: Gerridae). Int J Insect Morphol Embriol, v. 20, 1991. p. 69-77.

WIECZOREK, H.; BEYENBACH, K. W.; HUSS, M.; VITAVSKA, O. Vacuolar-type proton pumps in insect epithelia. J Exp Biol, v. 212. 2009. p. 1611-1619.

WIESENBORN, W. D. Mouth parts and alimentary canal of *Opsius stactogalus* Fieber (Homoptera: Cicadellidae). J Kans Entomol Soc, v. 77, n. 2, 2004. p. 152-155.

WIGGLESWORTH, V. B. The principles of insect physiology. 7th ed. London: Chapman and Hall, 1972. p.476-552.

WHITEHEAD, L. F.; WILKINSON, T. L.; DOUGLAS, A. E. Nitrogen recycling in the pea aphid (*Acyrthosiphon pisum*) symbiosis. Proc R Soc London, B250. 1992. p. 115-117.

WRIGHT, E.M. Renal Na^+-glucose cotransporters. Am J Physiol, v. 280. 2001. p. F10-F18.

WRIGHT, E. M.; TURK, E. The sodium/glucose cotransport family SLC5. Pflugers Arch, v. 447. 2004. p. 510-518.

WU, D.; DAUGHERTY, S. C.; VAN AKEN, S. E.; PAI, G. H.; WATKINS, K. L; KHOURI, H.; TALLON, L. J.; ZABORSKY, J. M.; DUNBAR, H. E.; TRAN, P. L.; MORAN, N. A.;

EISEN, J. A. Metabolic complementarity and genomics of the dual bacterial symbiosis of sharpshooters. PLoS Biology, v. 4. 2006. e188.

WU, Y.; ZHENG, X.; ZHANG, M.; HE, A.; LI, Z.; ZHAN, X. Cloning and functional expression of Rh50-like glycoprotein, a putative ammonia channel in *Aedes albopictus* mosquitoes. J Insect Physiol, v. 56. 2010. p. 1599-1610.

WYATT, G. R. The biochemistry of sugars and polysaccharides in insects. Adv Insect Physiol, v. 4. 1967. p. 287-360.

ZEBE, E. C.; MCSHAN, W. H. Trehalase in the thoracic muscles of the woodroach, *Leucophaea maderae*. J Cell. Comp Physiol, v. 53. 1959. p. 21-29.

ZHONG, H., ZHANG, Y., WEI, C. Anatomy and fine structure of the alimentary canal of the spittlebug *Lepyronia coleopterata* (L.) (Hemiptera: Cercopoidea). Arthropod Struct. Dev, v. 42. 2013. p. 521-530.

ZIDI-YAHIAOUI, N.; MOURO-CHANTELOUP, I.; D'AMBROSIO, A.; LOPEZ, C.; GANE, P.; LE VAN KIM, C.; CARTRON, J.; COLIN, Y.; RIPOCHE, P. Human Rhesus B and Rhesus C glycoproteins: properties of facilitated ammonium transport in recombinant kidney cells. Biochem J, v. 391. 2005. p. 33-40.

ZIMMERMAN, A. W.; VEERKAMP, J. H. New insights into the structure and function of fatty acid-binding proteins. Cell Mol Life Sci, v. 59. 2002. p. 1096-1116.

FIGURAS

Figura 1 – Representação esquemática do sistema digestivo das espécies *Macugonalia leucomelas* e *Dalbulus maidis*, essencialmente similares ao descrito para *Bucephalogonia xanthophis* (Utiyama, 2011; Utiyama et al., 2016).

E – Esôfago; *CF* – Câmara de filtração; *DC* – Domínio cônico; *DTA* – Região anterior do domínio tubular; *DTM* – Região média do domínio tubular; *DTP* – Região posterior do domínio tubular; *IP* – Intestino posterior; *TM* – Túbulos de Malpighi.

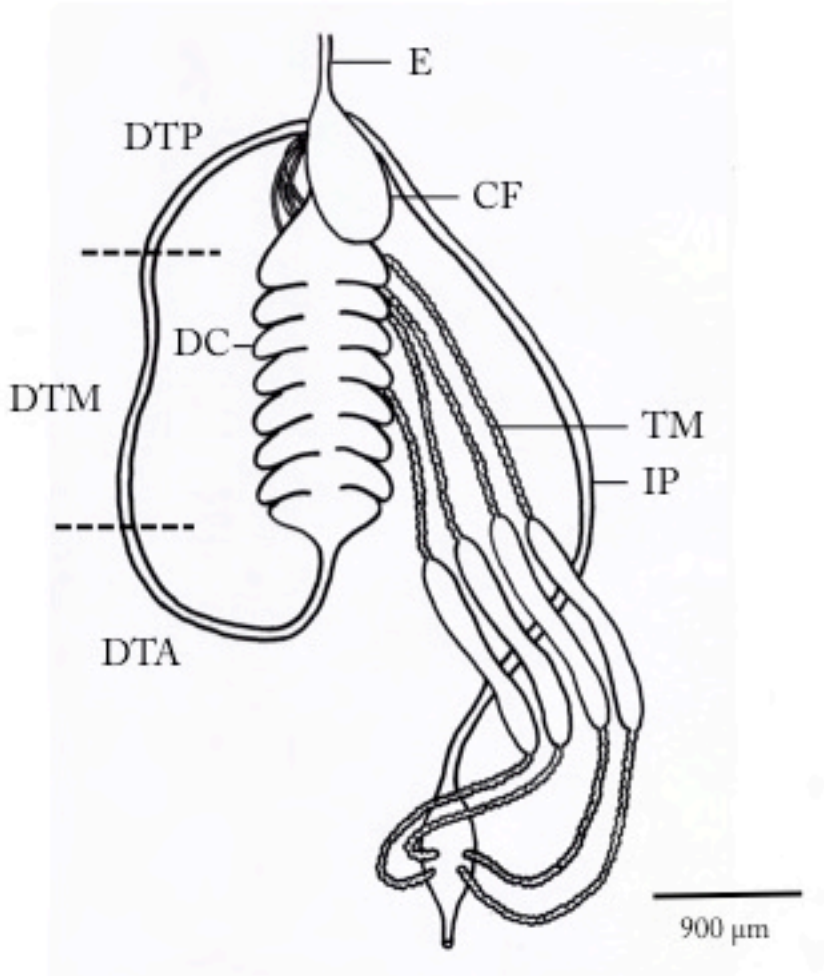

E
DTP
CF
DC
DTM
TM
IP
DTA
900 µm

Figura 2 – Ultraestrutura da câmara de filtração de *Macugonalia leucomelas*.

A – Células do intestino médio no interior da câmara de filtração, com desenvolvidas invaginações tubulares da membrana plasmática basal (IT) e mitocôndrias associadas (Mi), com aberturas para a lâmina basal (setas).

B – Células de túbulo de Malpighi no interior da câmara de filtração, com características semelhantes às observadas em "**A**", mas com invaginações da membrana plasmática basal (IT) de aspecto tubular.

Mv – Microvilosidades; *Mi* – Mitocôndrias; *IT* – Invaginações tubulares da membrana plasmática basal; *IL* – Invaginações lamelares da membrana plasmática basal; *L* – Lúmen; *Setas* – Aberturas para a lâmina basal.

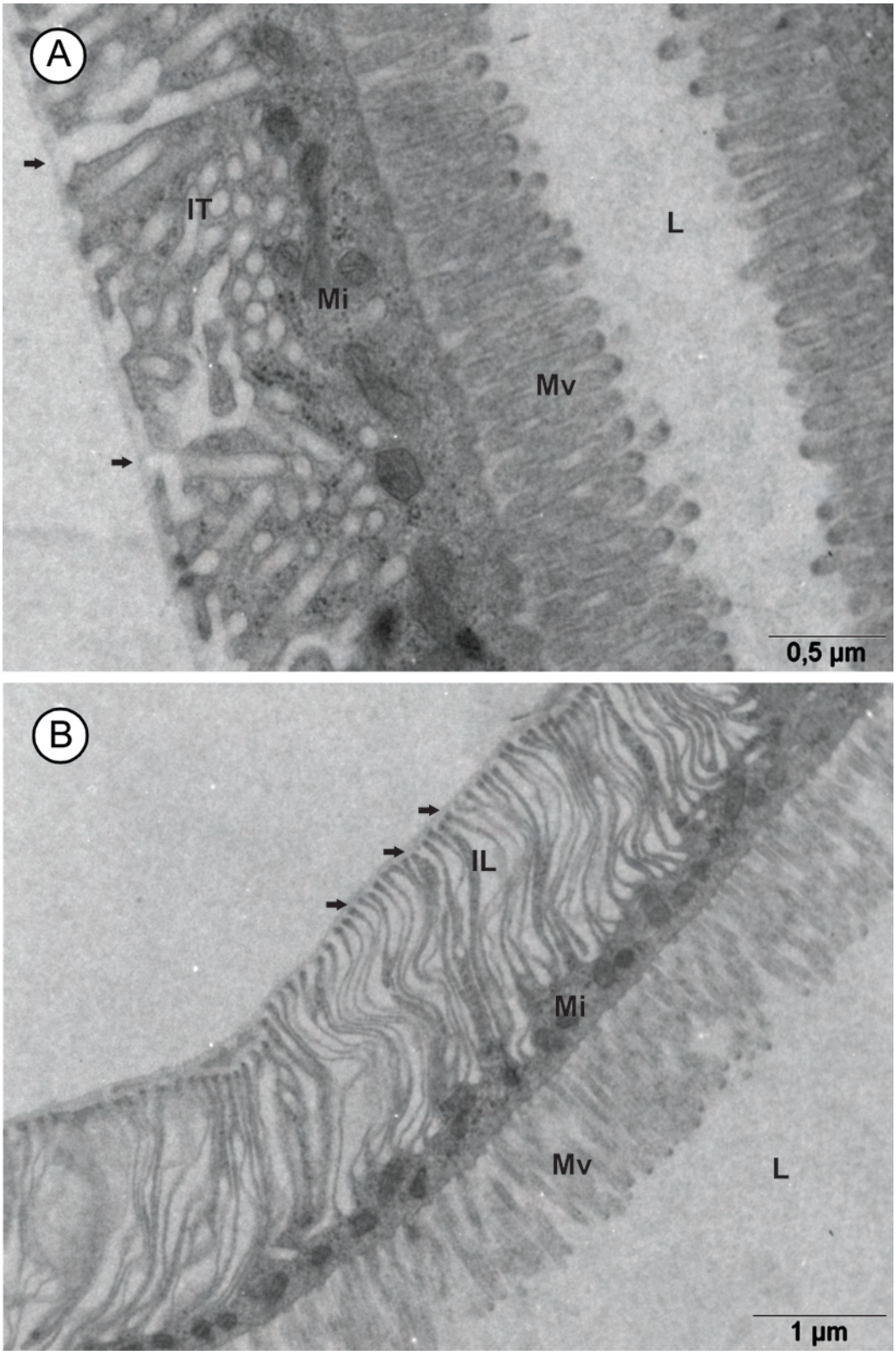

A
IT
Mi
L
Mv
0,5 µm
B
IL
Mi
Mv
L
1 µm

Figura 3 – Aspecto geral dos enterócitos dos domínios cônico e tubular do intestino médio de *M. leucomelas*.

A – Região apical do enterócito. Microvilosidades abundantes (Mv), com mitocôndrias em suas bases (Mi). Nota-se a presença de algumas bactérias presentes entre as membranas luminais em forma de chama (MLC).

B – Região basal do enterócito. Observam-se invaginações da membrana plasmática basal (IMB) associadas à mitocôndrias (Mi). Estas invaginações formam aberturas para a lâmina basal (Setas).

Mv – Microvilosidades; *Mi* – Mitocôndrias; *N* – Núcleo; *IMB* – Invaginações da membrana plasmática basal; *L* – Lúmen; *Setas* – Aberturas para a lâmina basal.

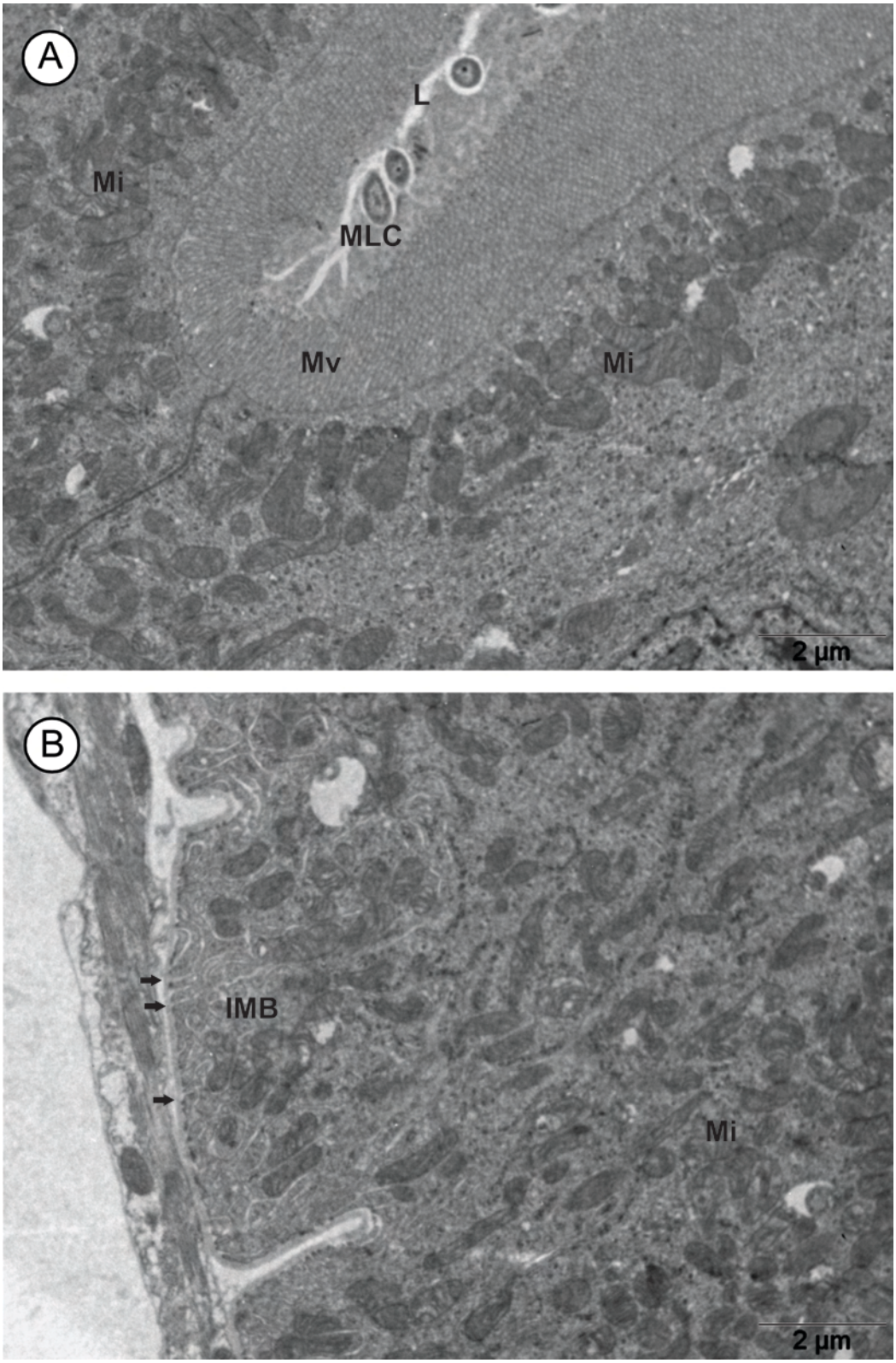

A
L
Mi
MLC
Mv
Mi
2 µm
B
IMB
Mi
2 µm

Figura 4 – Membranas luminais em forma de chama associadas às microvilosidades dos enterócitos de *M. leucomelas*.

A – Visão geral, evidenciando as membranas luminais em forma de chama (MLC) associadas às extremidades das microvilosidades (Mv) e se projetando ao lúmen (L), formando compartimentos fechados.

B – Detalhe das membranas luminais em forma de chama (MLC). Notam-se pequenas constrições nas extremidades das microvilosidades (pontas de setas) que originam as vesículas associadas

Mv – Microvilosidades; *Mi* – Mitocôndrias; *MLC* – Membranas luminais em forma de chama; *L* – Lúmen; *Pontas de setas* – Constrições de microvilosidades.

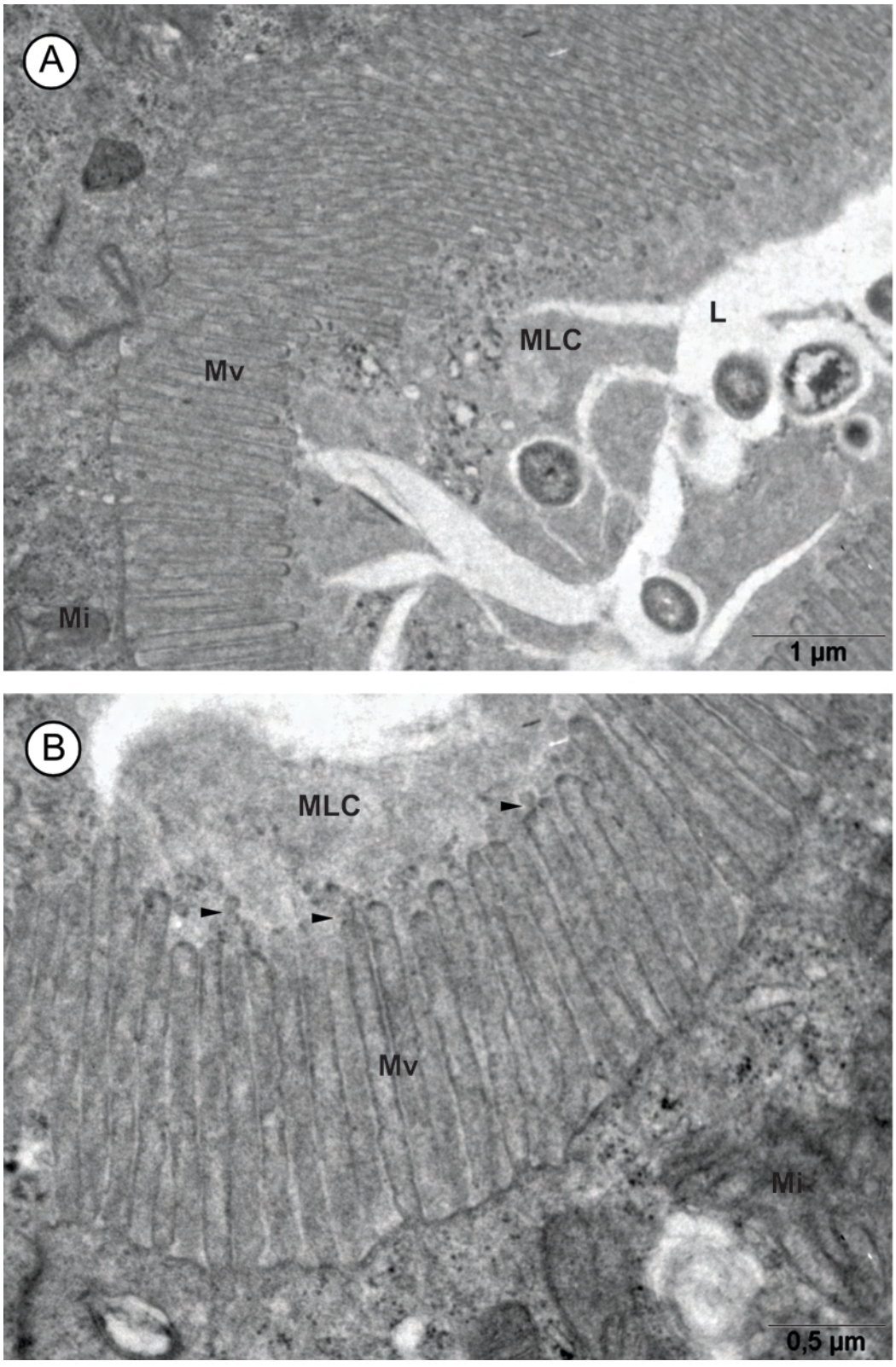

A
Mv
MLC
L
Mi
1 µm
B
MLC
Mv
Mi
0,5 µm

Figura 5 – Ultraestrutura da câmara de filtração de *D. maidis*.

A – Visão geral das células epiteliais da câmara de filtração, evidenciando células com a membrana plasmática apical modificada em microvilosidades (Mv), citoplasma reduzido com poucas organelas, membrana plasmática basal com desenvolvidas invaginações. Note a presença de alguns brocossomos (B) no lúmen (L) do túbulo de Malpighi.

B – Brocossomos; *IL* – Invaginações lamelares; *L* – Lúmen; *Mi* – Mitocôndrias; *Mv* – Microvilosidades.

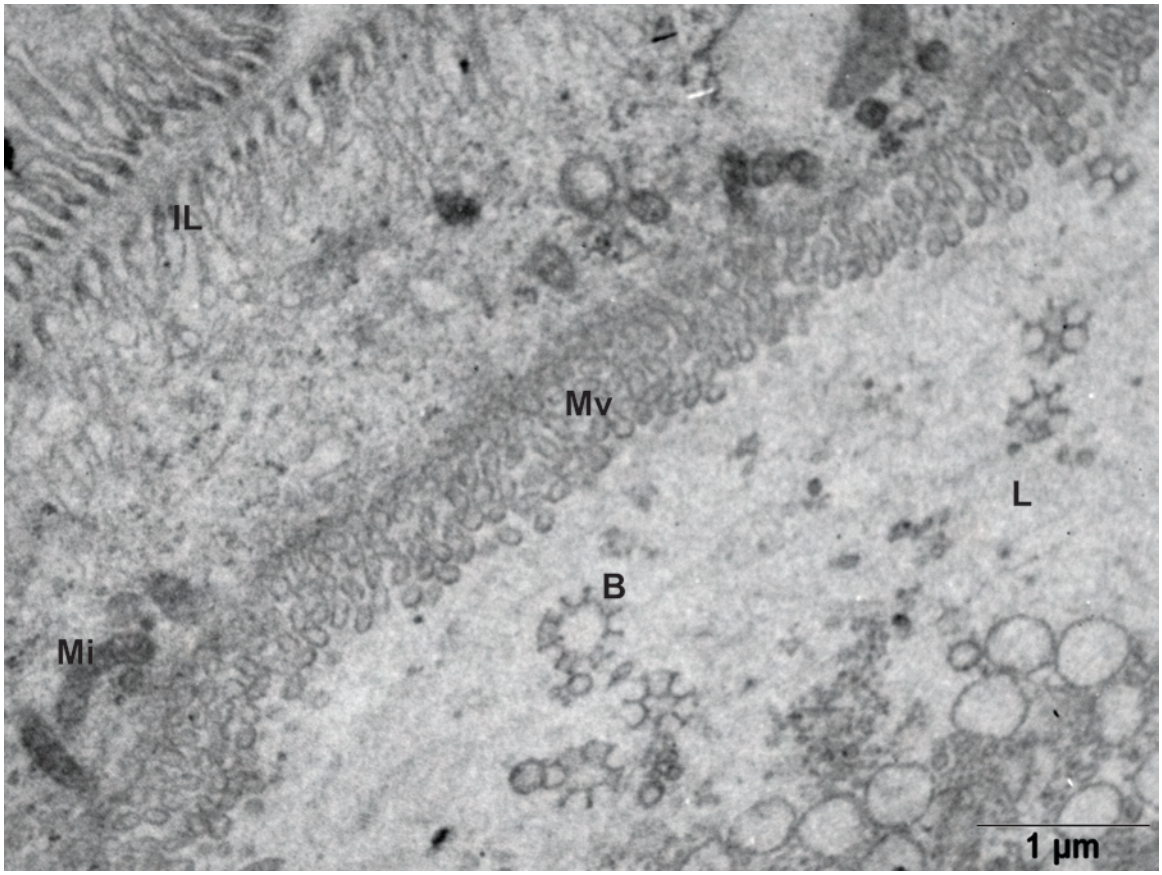

IL
Mv
L
B
Mi
1 µm

Figura 6 – Membranas luminais em forma de chama associadas às microvilosidades dos enterócitos de *Dalbulus maidis*.

A – Visão geral, evidenciando as membranas luminais em forma de chama (MLC) associadas às extremidades das microvilosidades (Mv) e se projetando ao lúmen, formando compartimentos fechados.

B – Detalhe das membranas luminais em forma de chama (MLC). Observam-se uma grande quantidade de vesículas e membranas associadas às extremidades das microvilosidades.

L – Lúmen; *Mv* – Microvilosidades; *Mi* – Mitocôndrias; *MLC* – Membranas luminais em forma de chama.

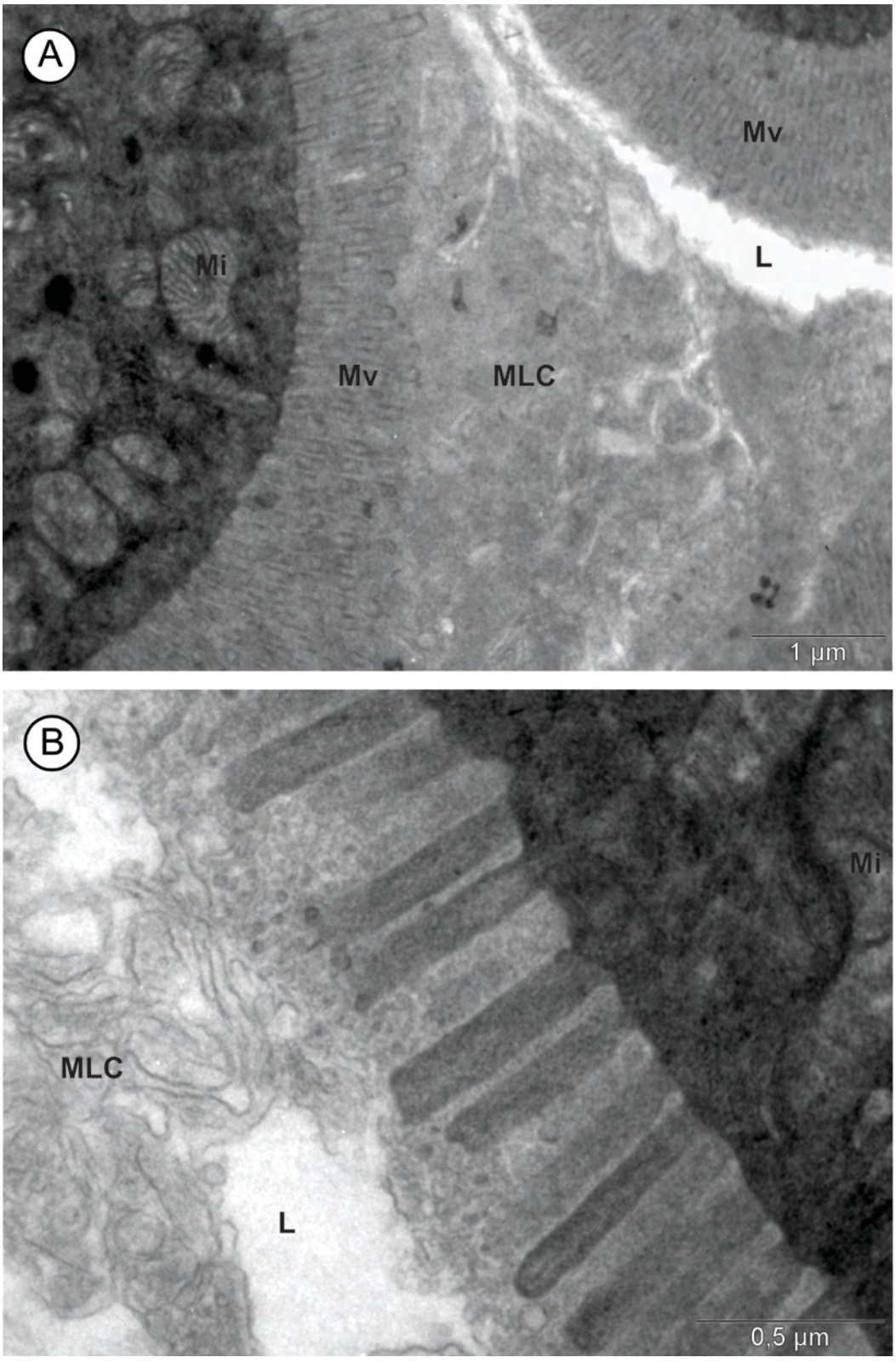

A
Mv
L
Mi
Mv
MLC
1 µm
B
Mi
MLC
L
0,5 µm

Figura 7 – Detalhes das microvilosidades dos enterócitos de *D. maidis*.

A – As microvilosidades apresentam constrições em suas extremidades, originando numerosas vesículas no lúmen do intestino médio (ponta de seta).

B – As vesículas recém-formadas se mantém conectadas com as microvilosidades através de segmentos de membrana (setas).

Mv – Microvilosidades; *Ponta de seta* – Formação de vesículas a partir das microvilosidades; *Setas* – Membranas de ligação entre vesículas e microvilosidades.

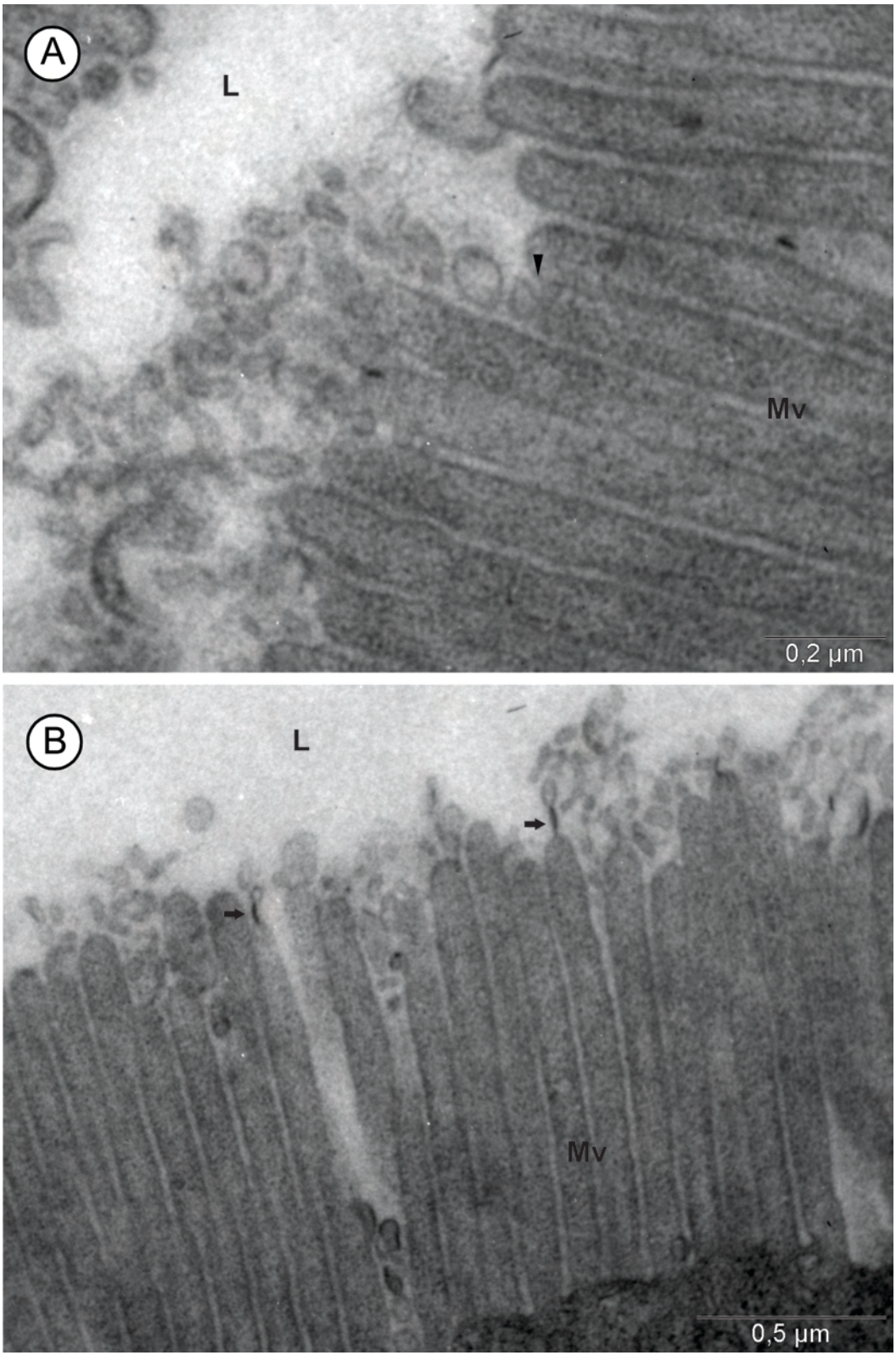

A
L
Mv
0,2 µm
B
L
Mv
0,5 µm

Figura 8 – Esquema anatômico do sistema digestivo de *Mahanarva fimbriolata*.

CF – Câmara de filtração; *DC* – Domínio cônico; *DTA* – Domínio tubular anterior; *DTM* – Domínio tubular médio; *DTP* – Domínio tubular posterior; *E* – Esôfago; *IP* – Intestino posterior; *TM* – Túbulos de Malpighi; *R* – Reto.

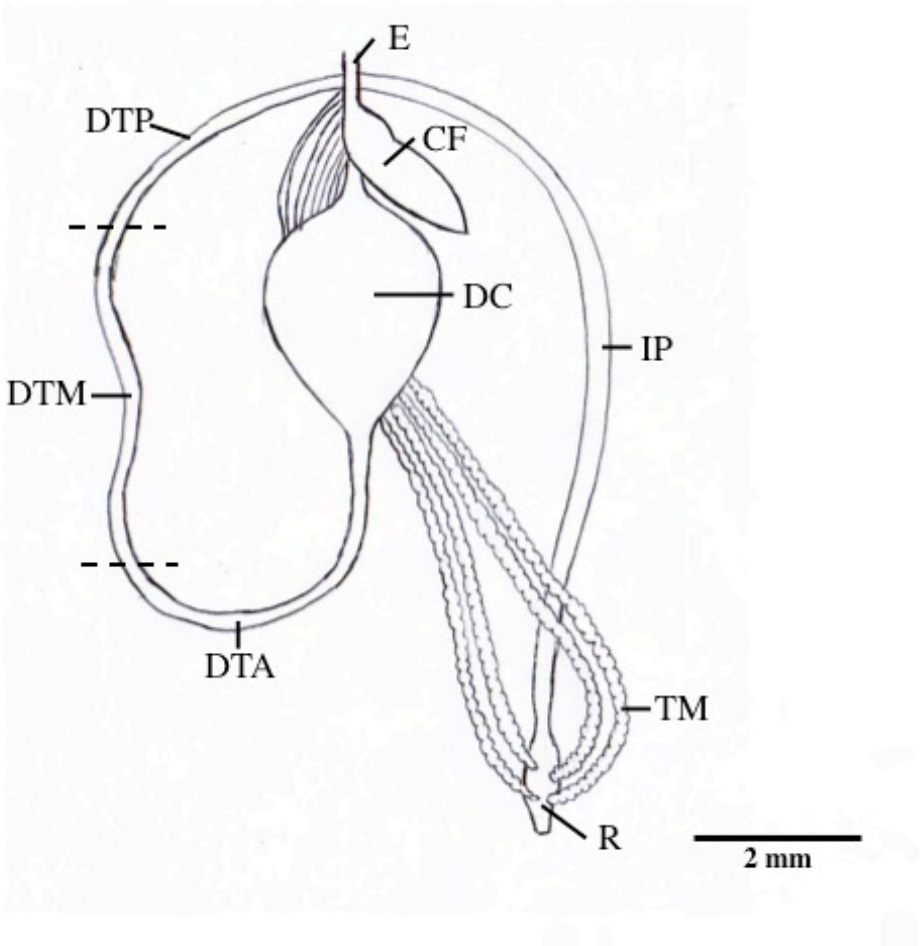

E
DTP
CF
DC
IP
DTM
DTA
TM
R
2 mm

Figura 9 – Membranas luminais em forma de chama associadas às microvilosidades dos enterócitos de *Mahanarva fimbriolata*.

A – Visão geral, evidenciando as membranas luminais em forma de chama (MLC) associadas às extremidades das microvilosidades (Mv) e se projetando ao lúmen.

B – Detalhe das microvilosidades dos enterócitos. Observam-se vesículas que se originam a partir de constrições do ápice das microvilosidades (setas).

L – Lúmen; *Mv* – Microvilosidades; *MLC* – Membranas luminais em forma de chama; *Setas* – Constrições das microvilosidades.

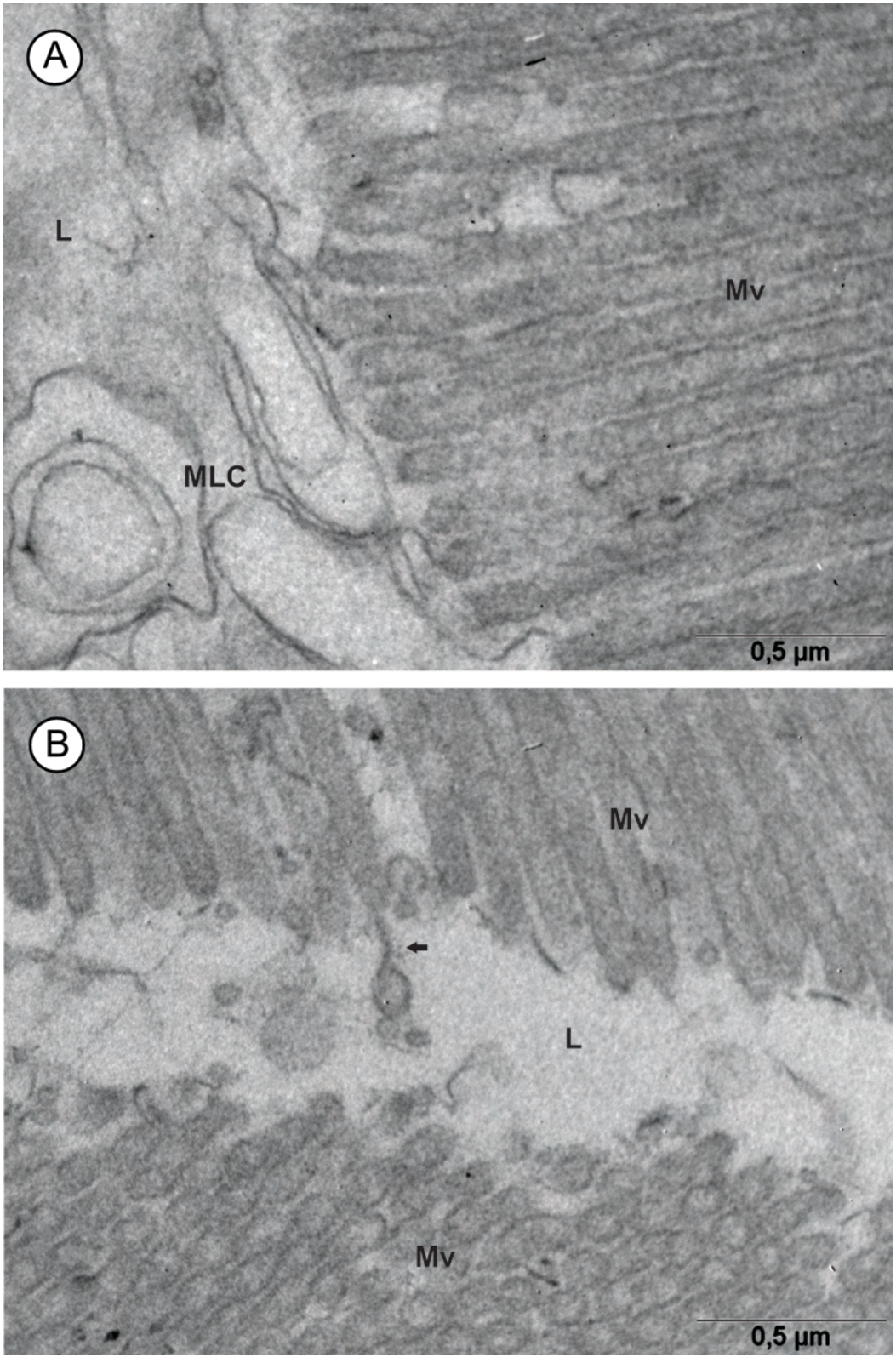

A
L
Mv
MLC
0,5 µm
B
Mv
L
Mv
0,5 µm

Figura 10 – Ultraestrutura da câmara de filtração de *Quesada gigas*.

A – Célula do intestino médio no interior da câmara de filtração, com desenvolvidas invaginações tubulares da membrana plasmática basal (IT) e mitocôndrias associadas (Mi), com aberturas para a lâmina basal (setas).

B – Célula de túbulo de Malpighi no interior da câmara de filtração, com características semelhantes às observadas em "**A**", mas com invaginações da membrana plasmática basal formando cisternas.

Mv – Microvilosidades; *Mi* – Mitocôndrias; *IT* – Invaginações tubulares da membrana plasmática basal; *IL* – Invaginações lamelares da membrana plasmática basal; *L* – Lúmen; *Setas* – Aberturas para a lâmina basal.

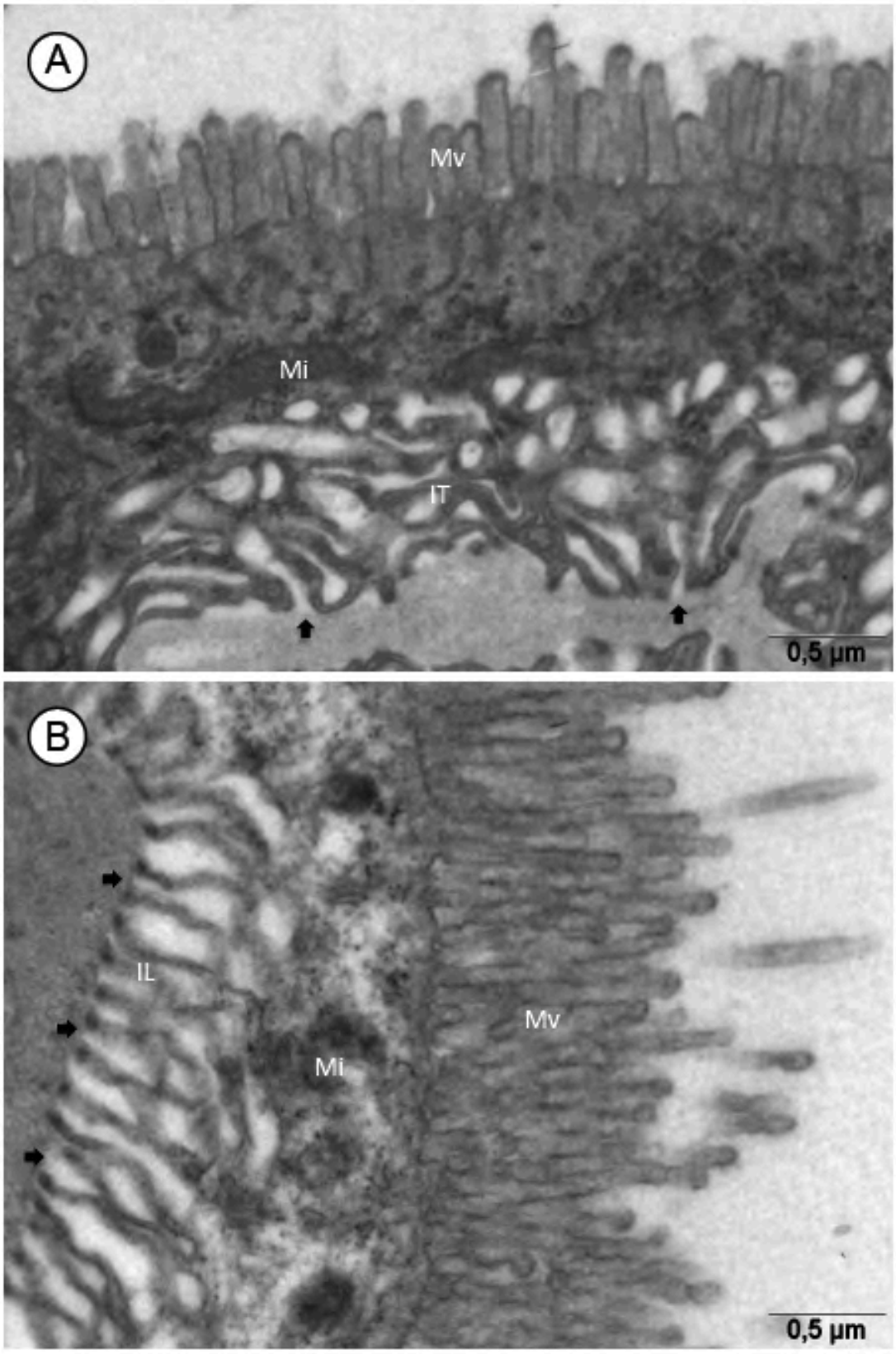
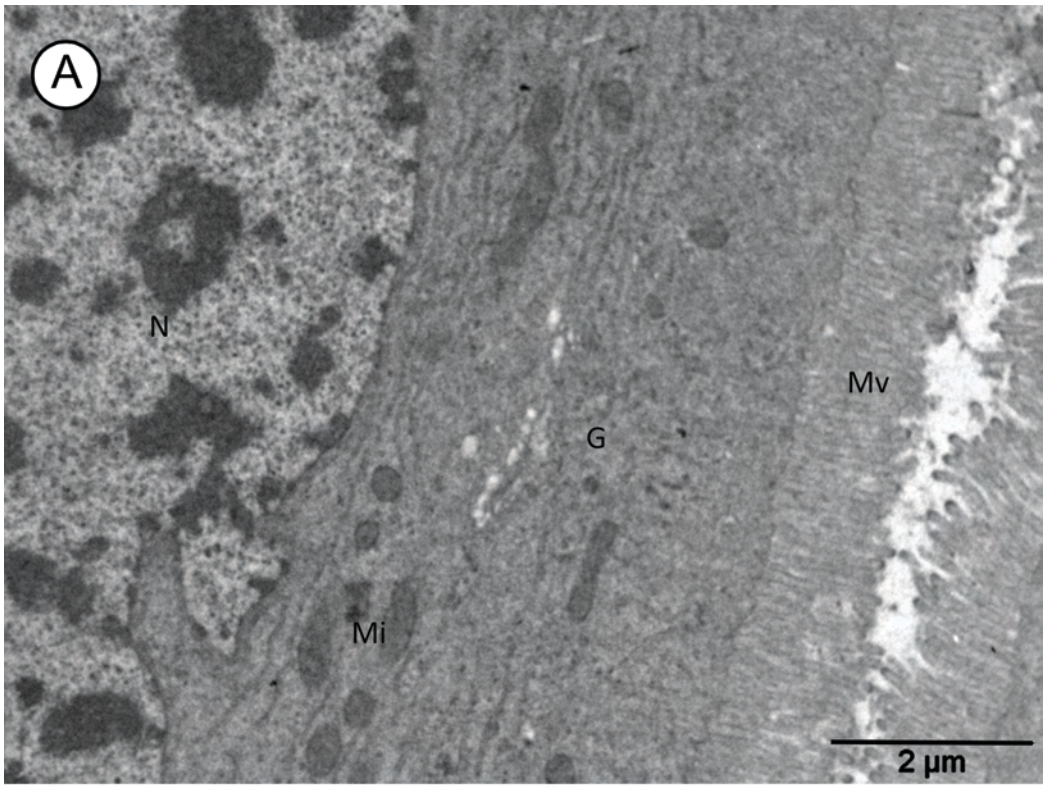

A
Mv
Mi
IT
0,5 µm
B
IL
Mv
Mi
0,5 µm

Figura 11 – Características ultraestruturais gerais dos enterócitos dos domínios cônico e tubular do intestino médio de *Q. gigas*.

A – Região apical do enterócito. Microvilosidades abundantes (Mv) e mitocôndrias distribuídas pelo citossol (Mi). Nota-se um complexo de Golgi (G) próximo ao núcleo (N).

B – Região basal do enterócito. Observam-se invaginações da membrana plasmática basal (IMB) associadas à mitocôndrias (Mi). Estas invaginações formam aberturas para a lâmina basal (Setas).

Mv – Microvilosidades; *Mi* – Mitocôndrias; *G* – complexo de Golgi; *N* – Núcleo; *IMB* – Invaginações da membrana plasmática basal; *L* – Lúmen; *Setas* – Aberturas para a lâmina basal.


A
N
Mv
G
Mi
2 µm

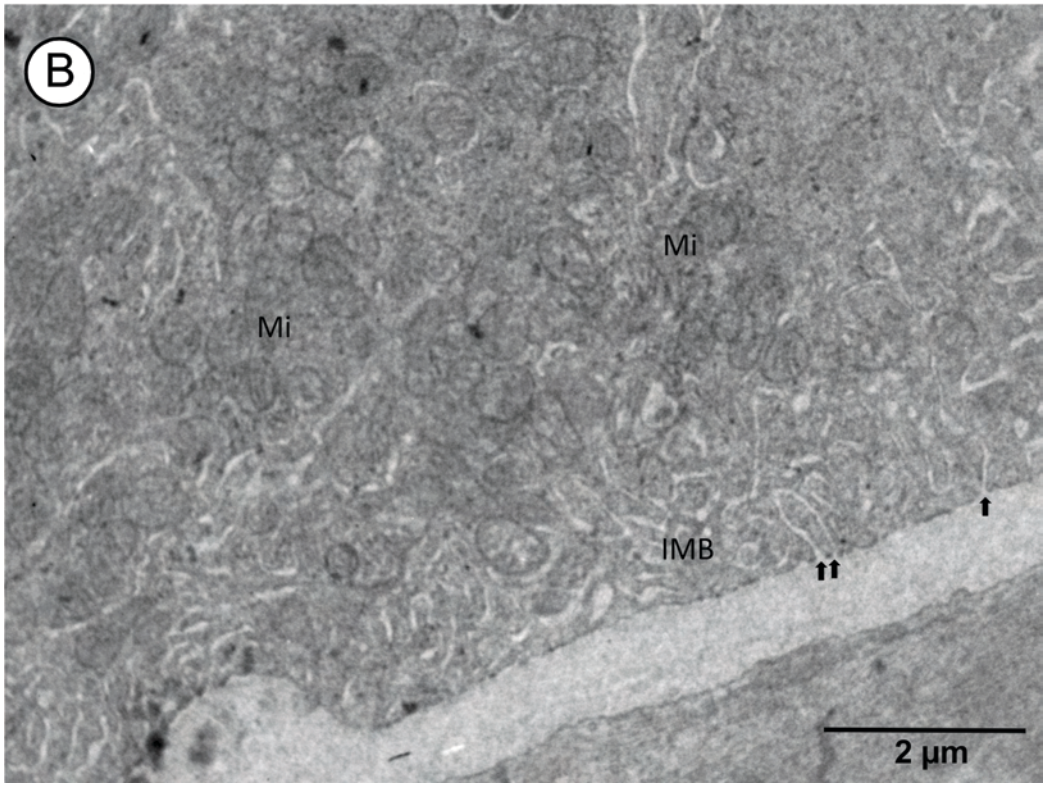
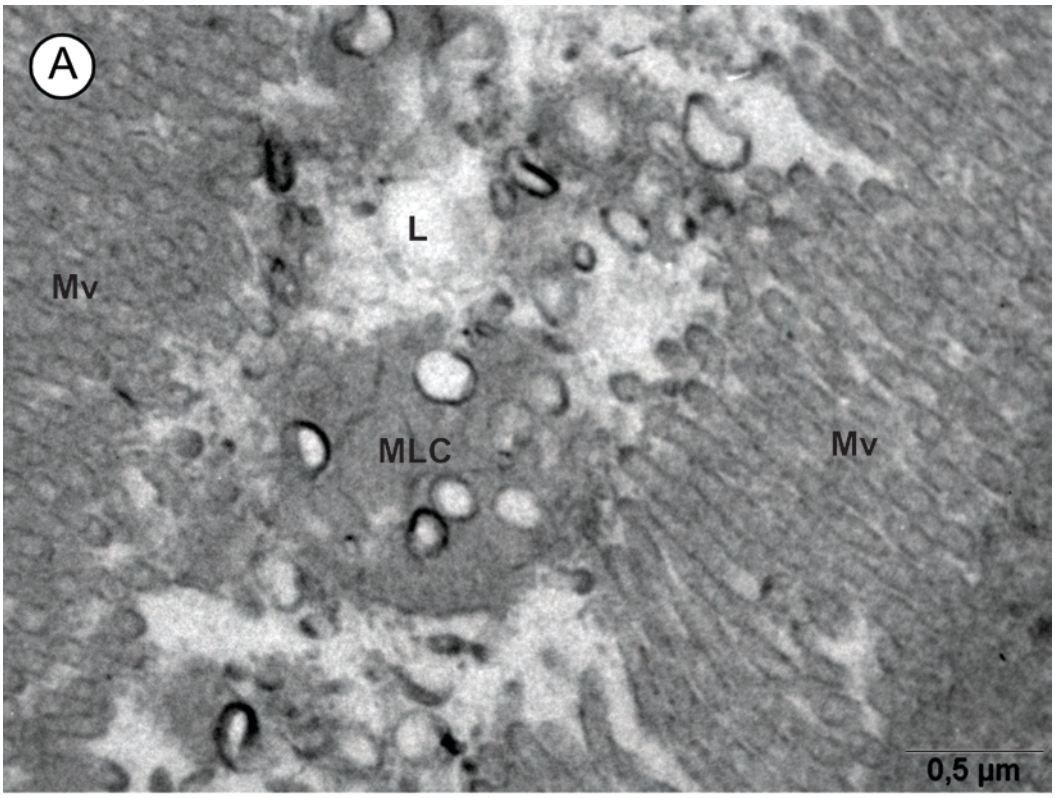

B
Mi
Mi
IMB
2 µm

Figura 12 – Membranas luminais em forma de chama associadas às microvilosidades dos enterócitos de *Q. gigas*.

A – Visão geral, evidenciando as membranas luminais em forma de chama (MLC) associadas às extremidades das microvilosidades (Mv) e se projetando ao lúmen (L), formando compartimentos fechados.

B – Detalhe das microvilosidades (Mv) dos enterócitos. Notam-se pequenas constrições nas extremidades das microvilosidades (setas) que originam as vesículas associadas

L – Lúmen; *Mv* – Microvilosidades; *Mi* – Mitocôndrias; *MLC* – Membranas luminais em forma de chama; *Setas* – Constrições de microvilosidades.


A
L
Mv
MLC
Mv
0,5 µm

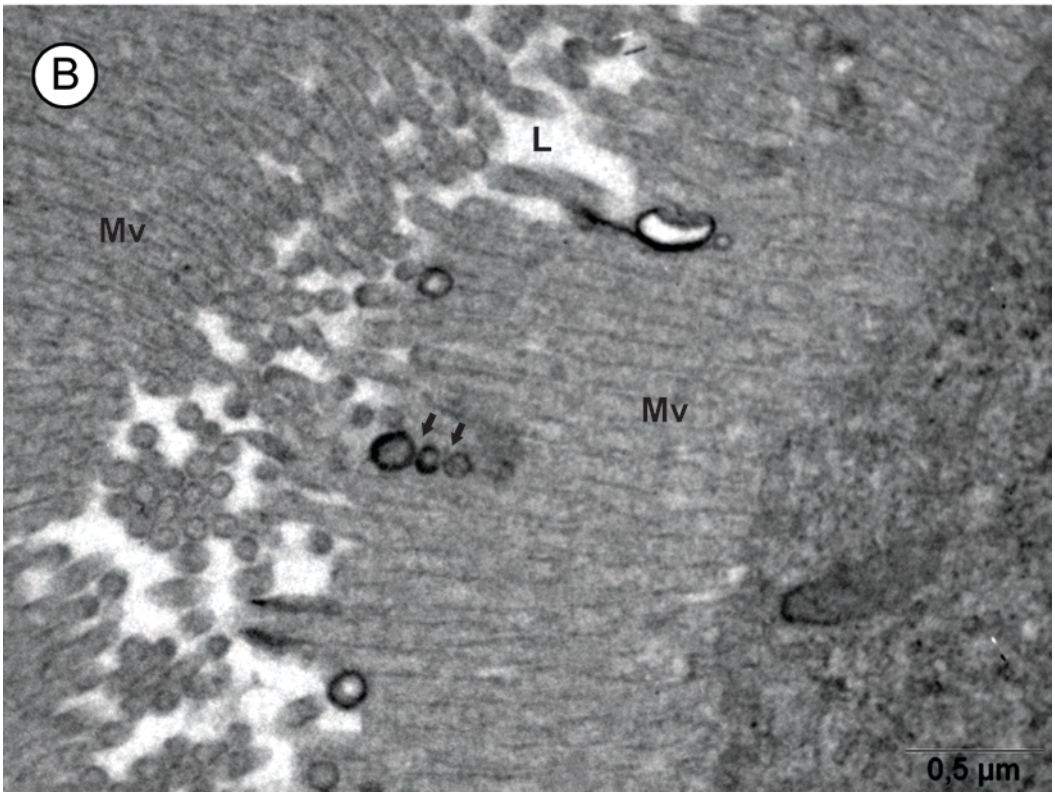

B
L
Mv
Mv
0,5 µm

Figura 13 – Esquema anatômico do sistema digestivo de *Diaphorina citri*.

Ap – apêndices do intestino médio; *E* – esôfago; *CF* – câmara de filtração; *DC* – domínio cônico do intestino médio; *DT* – domínio tubular do intestino médio; *IP* – intestino posterior; *R* - Reto.

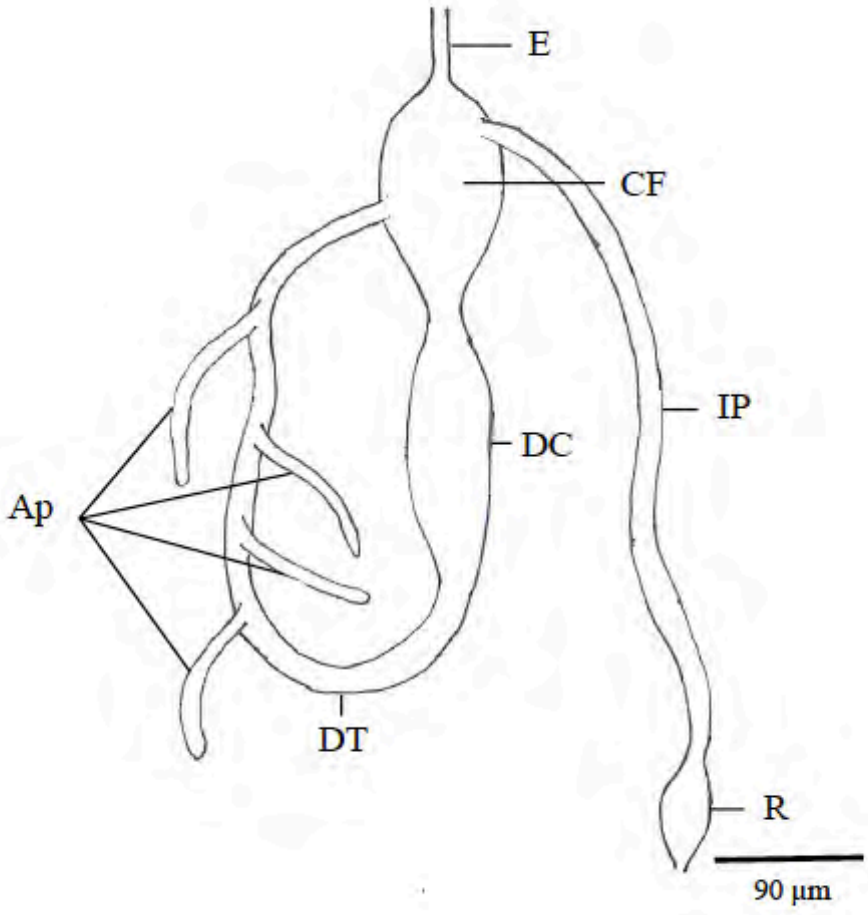

E
CF
IP
DC
Ap
DT
R
90 µm

Figura 14 – Ultraestrutura da câmara de filtração de *D. citri*

A – Visão geral da câmara de filtração.

B – Célula da região anterior do intestino médio no interior da câmara de filtração.

C – Célula da região posterior do intestino médio no interior da câmara de filtração.

GMV – grânulo multivesicular; *IMB* – invaginações da membrana plasmática basal; *L* – lúmen; *Mi* – mitocôndrias; *MPMm* – membranas perimicrovilares modificadas; *Mv* – microvilosidades.

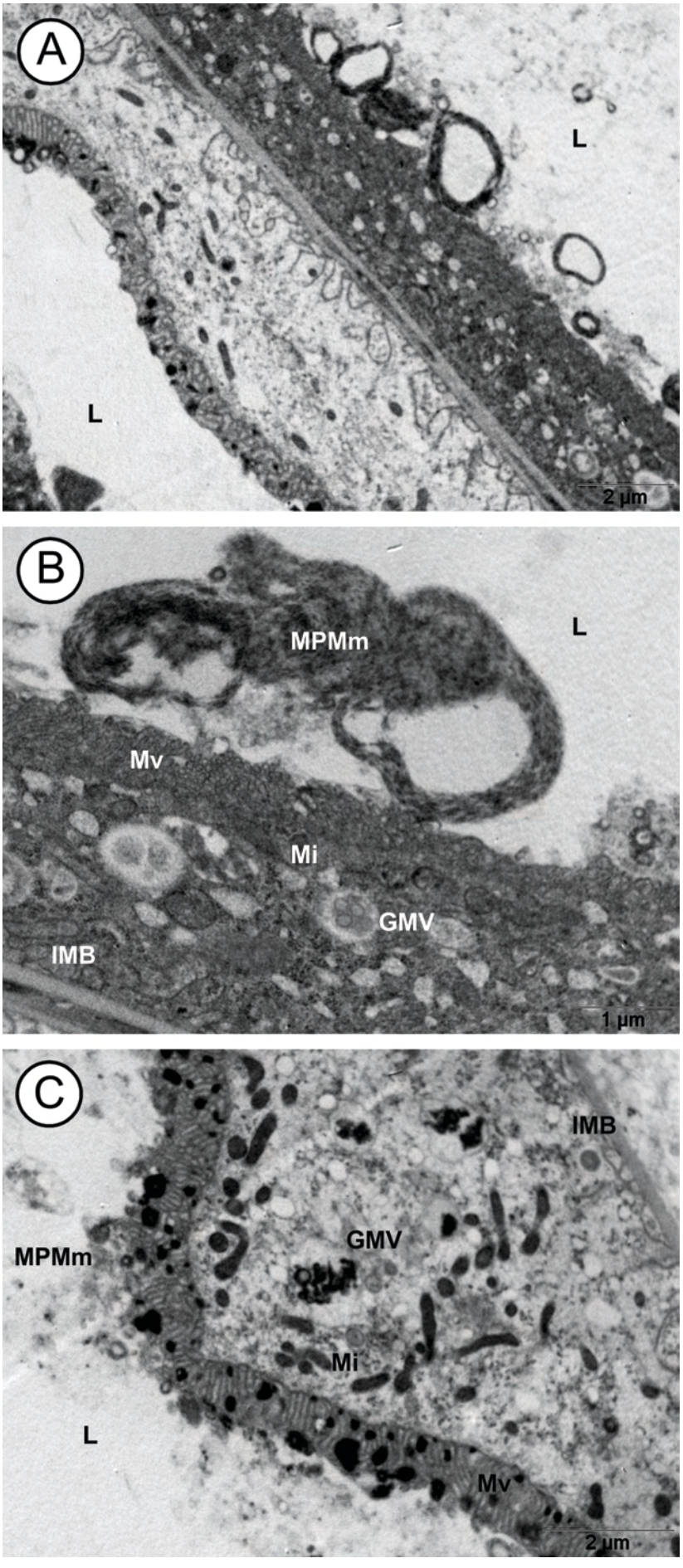

A
L
L
2 µm
B
MPMm
L
Mv
Mi
GMV
IMB
1 µm
C
IMB
GMV
MPMm
Mi
L
Mv
2 µm

Figura 15 – Ultraestrutura das células do domínio cônico e tubular do intestino médio *D. citri*.

A – Região apical de um enterócito típico do intestino médio. As microvilosidades (Mv) são modificadas em um sistema de lamelas com mitocôndrias (Mi) em suas bases. Note a presença de membranas perimicrovilares modificadas (MPMm) associadas às lamelas.

B – Região basal do enterócito, apresentando invaginações da membrana plasmática (IMB).

C – Citoplasma perinuclear do enterócito. Organelas da rota secretora como retículo endoplasmático granular (REG), áreas de Golgi (G) e vesículas de secreção (VS) podem ser observadas.

G – áreas de Golgi; *IMB* – invaginações da membrana plasmática basal; *L* – lúmen; *Mi* – mitocôndrias; *Mv* – microvilosidades; *N* – núcleo; *VS* – vesículas de secreção.

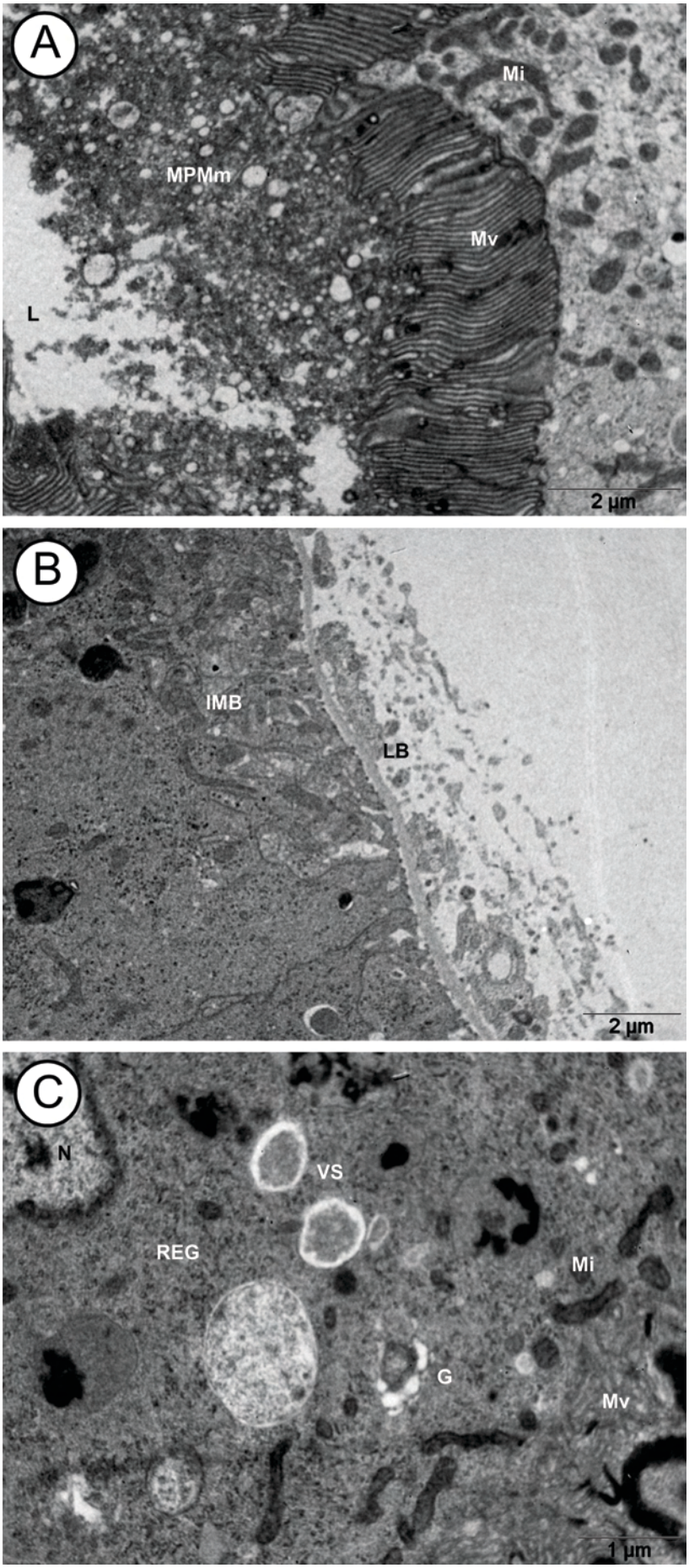

A
Mi
MPMm
Mv
L
2 µm
B
IMB
LB
2 µm
C
N
VS
REG
Mi
G
Mv
1 µm

Figura 16 – Membranas perimicrovilares modificadas associadas às lamelas dos enterócitos.

A – Vesículas (V) são originadas a partir do complexo de Golgi (G) no citoplasma.

B – Estas vesículas se agrupam no citoplasma, formando agregados.

C – Regiões do retículo endoplasmático granular (REG) envolvem estas vesículas, formando grânulos multivesiculares (GMV).

D – Os grânulos multivesiculares se fundem às bases das lamelas (Mv) e seguem em direção ao lúmen, se associando ao ápice das lamelas e originando as membranas perimicrovilares modificadas (MPMm).

E – Os grânulos multivesiculares se fundem às bases das lamelas (Mv) e liberam seus conteúdos no espaço criado entre as lamelas. Este conteúdo (setas) segue em direção ao lúmen (L) do intestino médio e se associam ao ápice das lamelas, originando as membranas perimicrovilares modificadas (MPMm).

G – complexo de Golgi; GMV – grânulos multivesiculares; L – lúmen; MPMm – membranas perimicrovilares modificadas; Mv – microvilosidades modificadas em lamelas; REG – retículo endoplasmático granular; V – vesículas do complexo de Golgi; setas – conteúdo dos grânulos multivesiculares entre as lamelas.

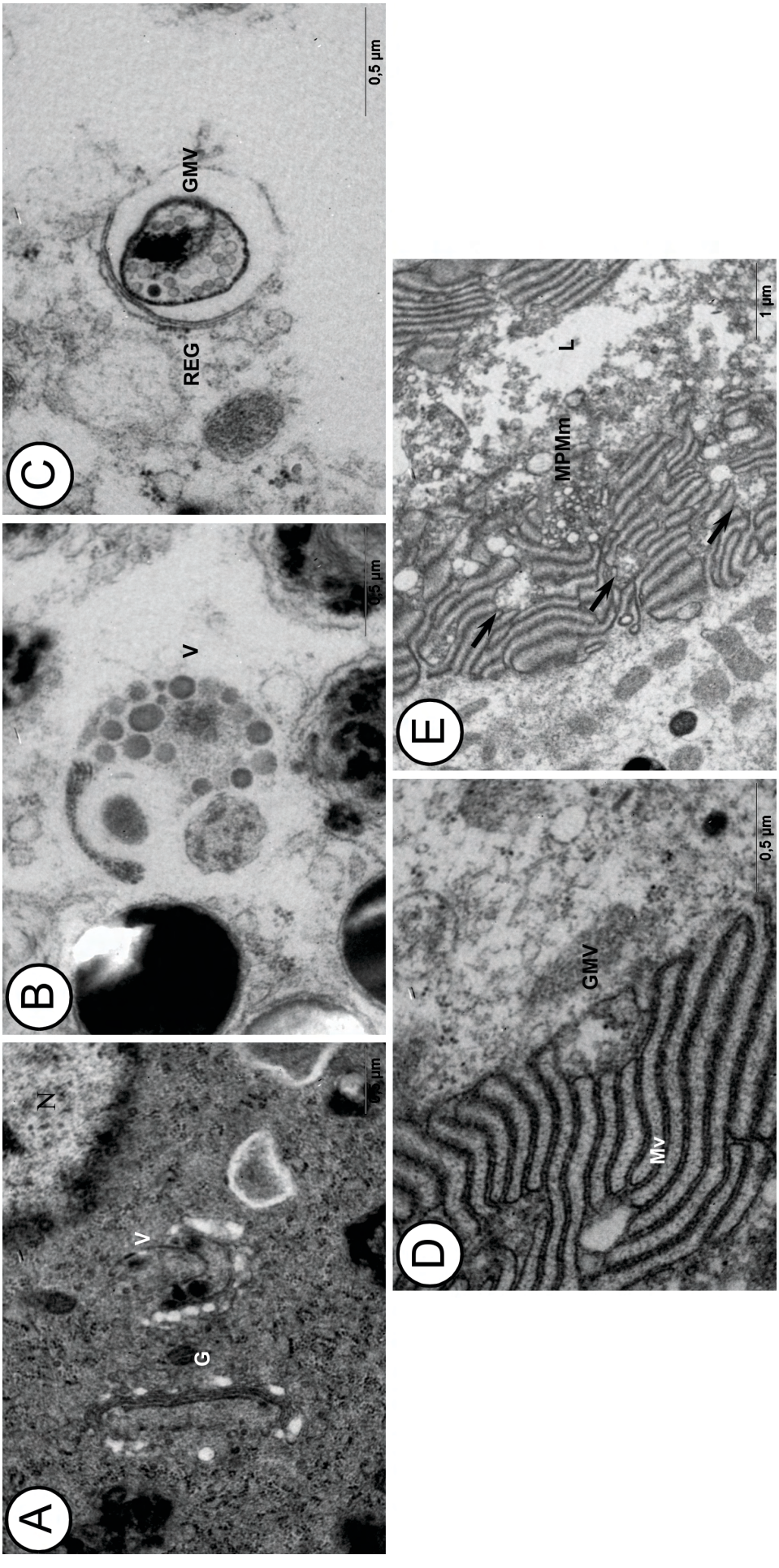
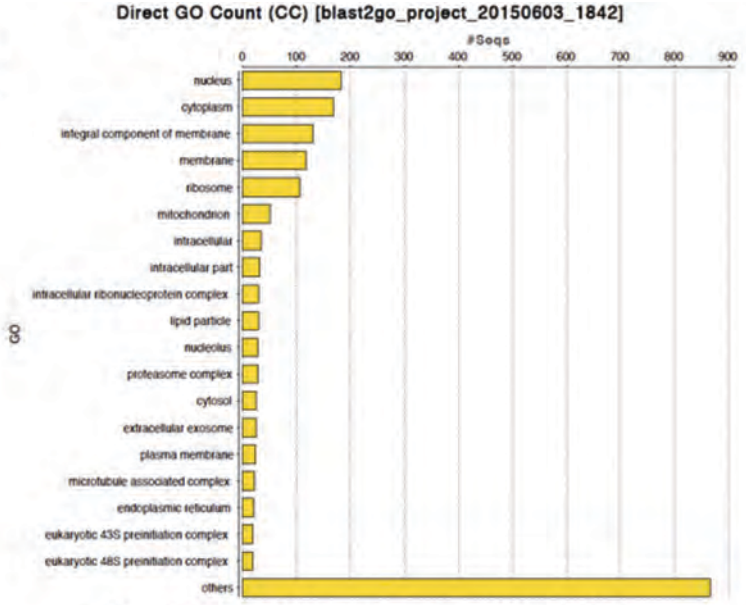
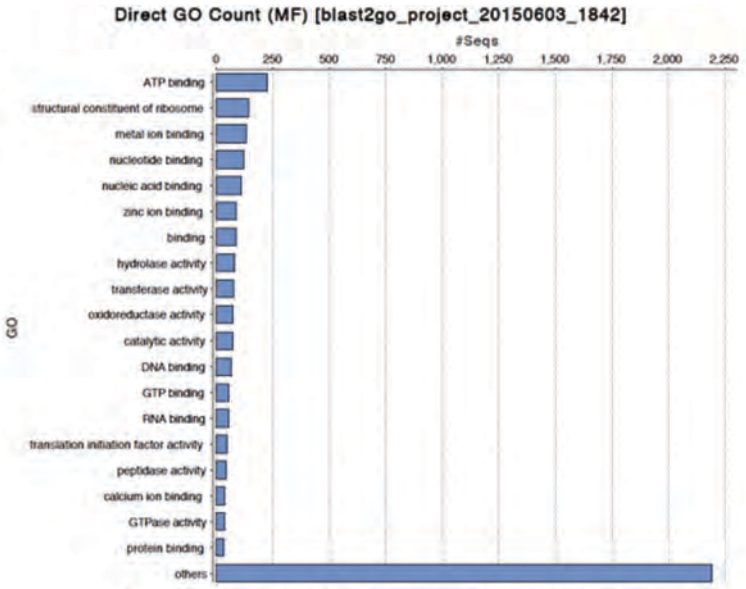

A
N
V
G
B
V
C
GMV
REG
0,5 µm
D
GMV
MV
0,5 µm
E
MPMm
L
1 µm

Figura 17 – Distribuição de *contigs* nas categorias de (A) componente celular, (B) função molecular e (C) proceso biológico do banco de dados GO.

A


Direct GO Count (CC) [blast2go_project_20150603_1842]
#Seqs
0 100 200 300 400 500 600 700 800 900
GO
nucleus
cytoplasm
integral component of membrane
membrane
ribosome
mitochondrion
intracellular
intracellular part
intracellular ribonucleoprotein complex
lipid particle
nucleolus
proteasome complex
cytosol
extracellular exosome
plasma membrane
microtubule associated complex
endoplasmic reticulum
eukaryotic 43S preinitiation complex
eukaryotic 48S preinitiation complex
others

B


Direct GO Count (MF) [blast2go_project_20150603_1842]
#Seqs
0 250 500 750 1,000 1,250 1,500 1,750 2,000 2,250
GO
ATP binding
structural constituent of ribosome
metal ion binding
nucleotide binding
nucleic acid binding
zinc ion binding
binding
hydrolase activity
transferase activity
oxidoreductase activity
catalytic activity
DNA binding
GTP binding
RNA binding
translation initiation factor activity
peptidase activity
calcium ion binding
GTPase activity
protein binding
others

C

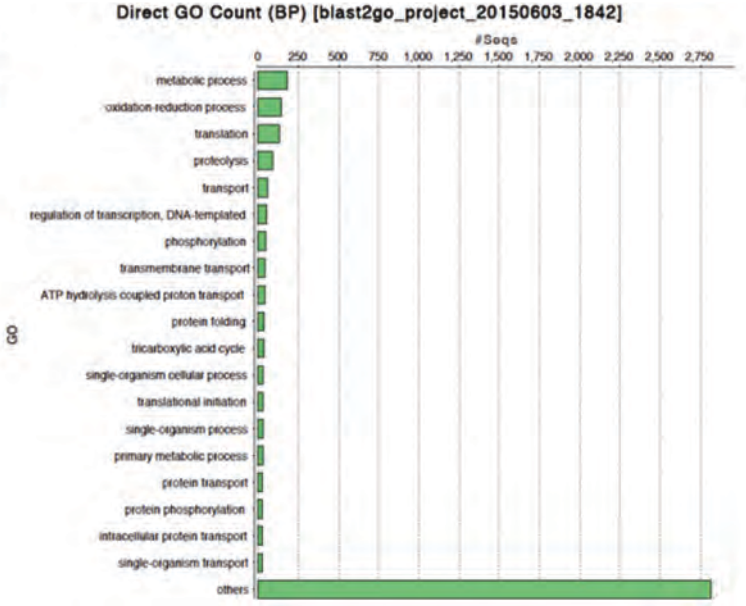

Direct GO Count (BP) [blast2go_project_20150603_1842]
#Seqs
0 250 500 750 1,000 1,250 1,500 1,750 2,000 2,250 2,500 2,750
GO
metabolic process
oxidation-reduction process
translation
proteolysis
transport
regulation of transcription, DNA-templated
phosphorylation
transmembrane transport
ATP hydrolysis coupled proton transport
protein folding
tricarboxylic acid cycle
single-organism cellular process
translational initiation
single-organism process
primary metabolic process
protein transport
protein phosphorylation
intracellular protein transport
single-organism transport
others

Figura 18 – Distribuição dos principais transportadores de membrana encontrados no transcriptoma de *B. xanthophis*. Em azul, a quantidade de *contigs* identificados e, em vermelho, a quantidade de sequências obtidas após o processo de curagem.

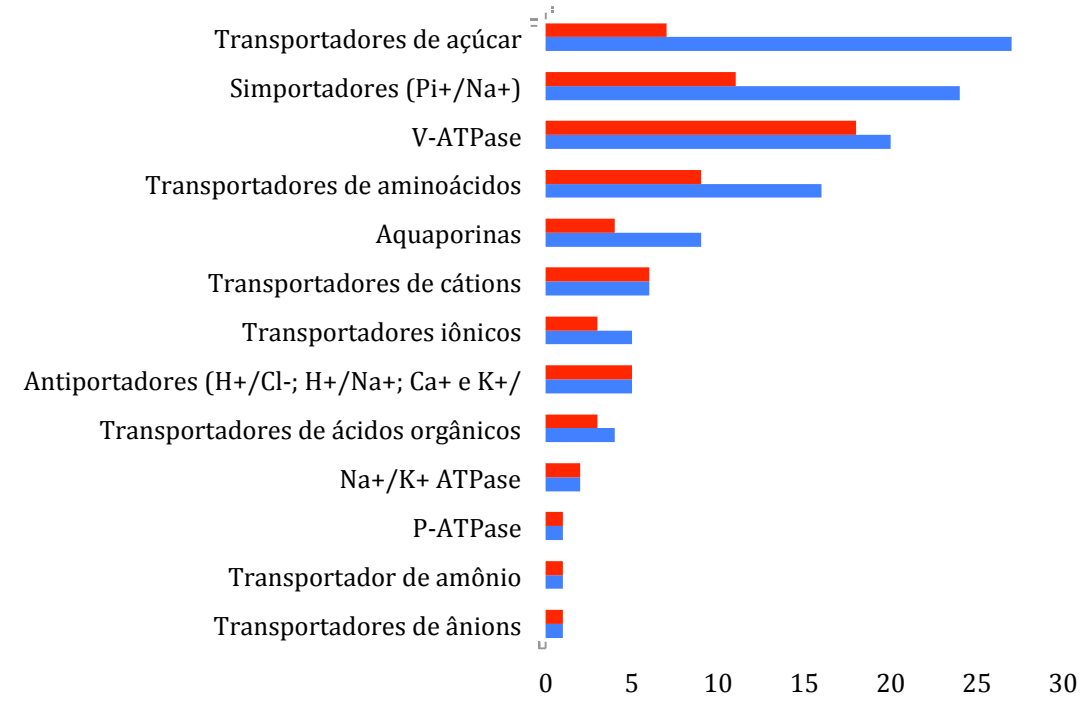

Transportadores de açúcar
Simportadores (Pi+/Na+)
V-ATPase
Transportadores de aminoácidos
Aquaporinas
Transportadores de cátions
Transportadores iônicos
Antiportadores (H+/Cl-; H+/Na+; Ca+ e K+/
Transportadores de ácidos orgânicos
Na+/K+ ATPase
P-ATPase
Transportador de amônio
Transportadores de ânions
0
5
10
15
20
25
30

Figura 19 - Sítios de expressão nos diferentes tecidos dos principais transportadores de (A) aminoácidos, (B) açúcares e de (C) V-ATPases identificadas no transcriptoma do intestino médio de *B. xanthophis*.

CC – Carcaça; *CF* – Câmara de filtração; *DC* – Domínio cônico; *DTA* – Domínio tubular anterior; *DTM* – Domínio tubular médio; *DTP* – Domínio tubular posterior; *TM* – Túbulos de Malpighi.

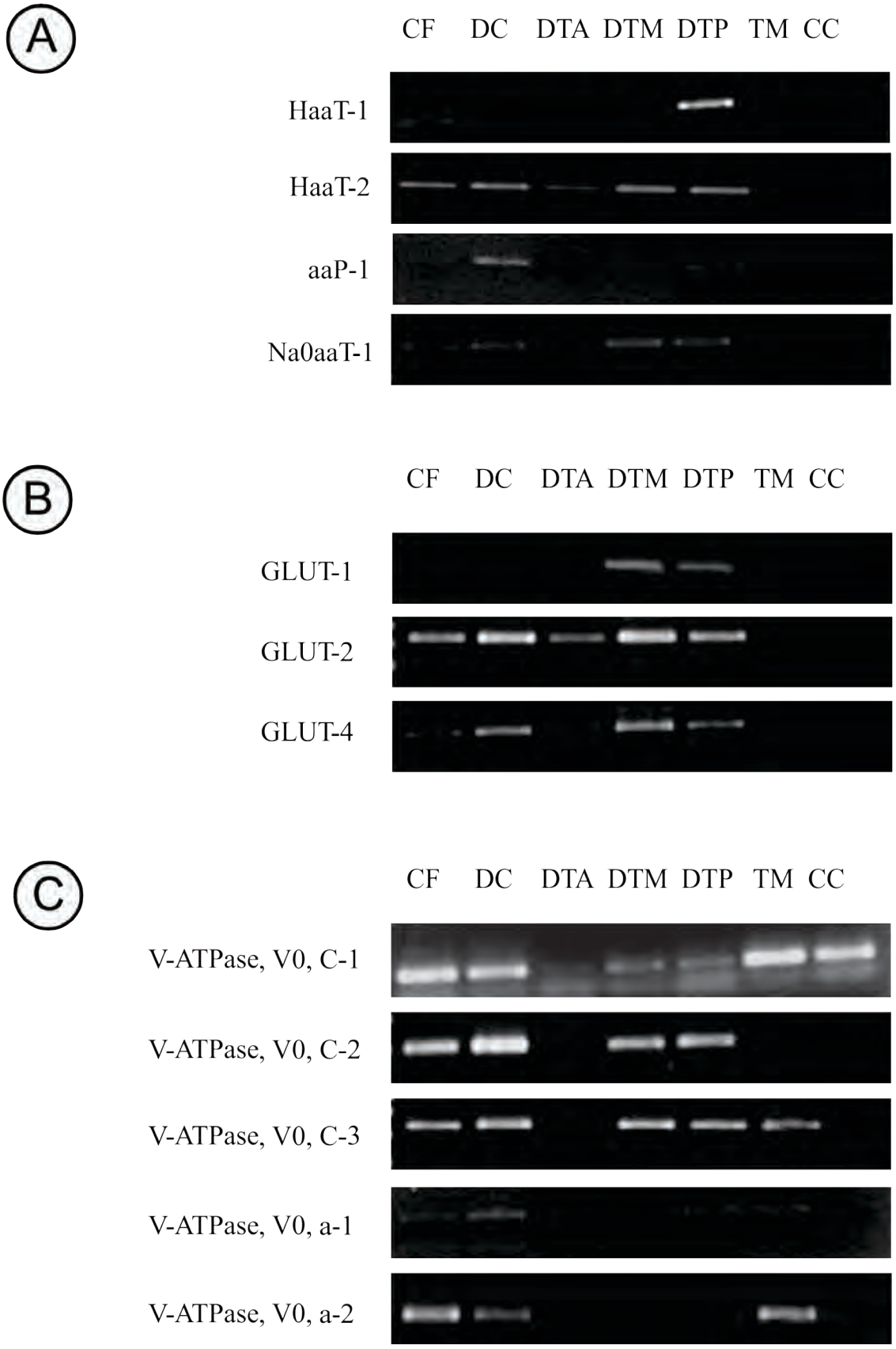

A
CF DC DTA DTM DTP TM CC
HaaT-1
HaaT-2
aaP-1
Na0aaT-1
B
CF DC DTA DTM DTP TM CC
GLUT-1
GLUT-2
GLUT-4
C
CF DC DTA DTM DTP TM CC
V-ATPase, V0, C-1
V-ATPase, V0, C-2
V-ATPase, V0, C-3
V-ATPase, V0, a-1
V-ATPase, V0, a-2

Figura 20 – Sítios de expressão nos diferentes tecidos das principais (A) aquaporinas, (B) transportadores de amônio/amônia, (C) transportadores de fosfato inorgânico e sódio, (D) antiporte de sódio/H^+ e (E) antiporte de cloreto/H^+ identificados no transcriptoma do intestino médio de *B. xanthophis*.

CC – Carcaça; *CF* – Câmara de filtração; *DC* – Domínio cônico; *DT* – Domínio tubular; *DTA* – Domínio tubular anterior; *DTM* – Domínio tubular médio; *DTP* – Domínio tubular posterior; *TM* – Túbulos de Malpighi.

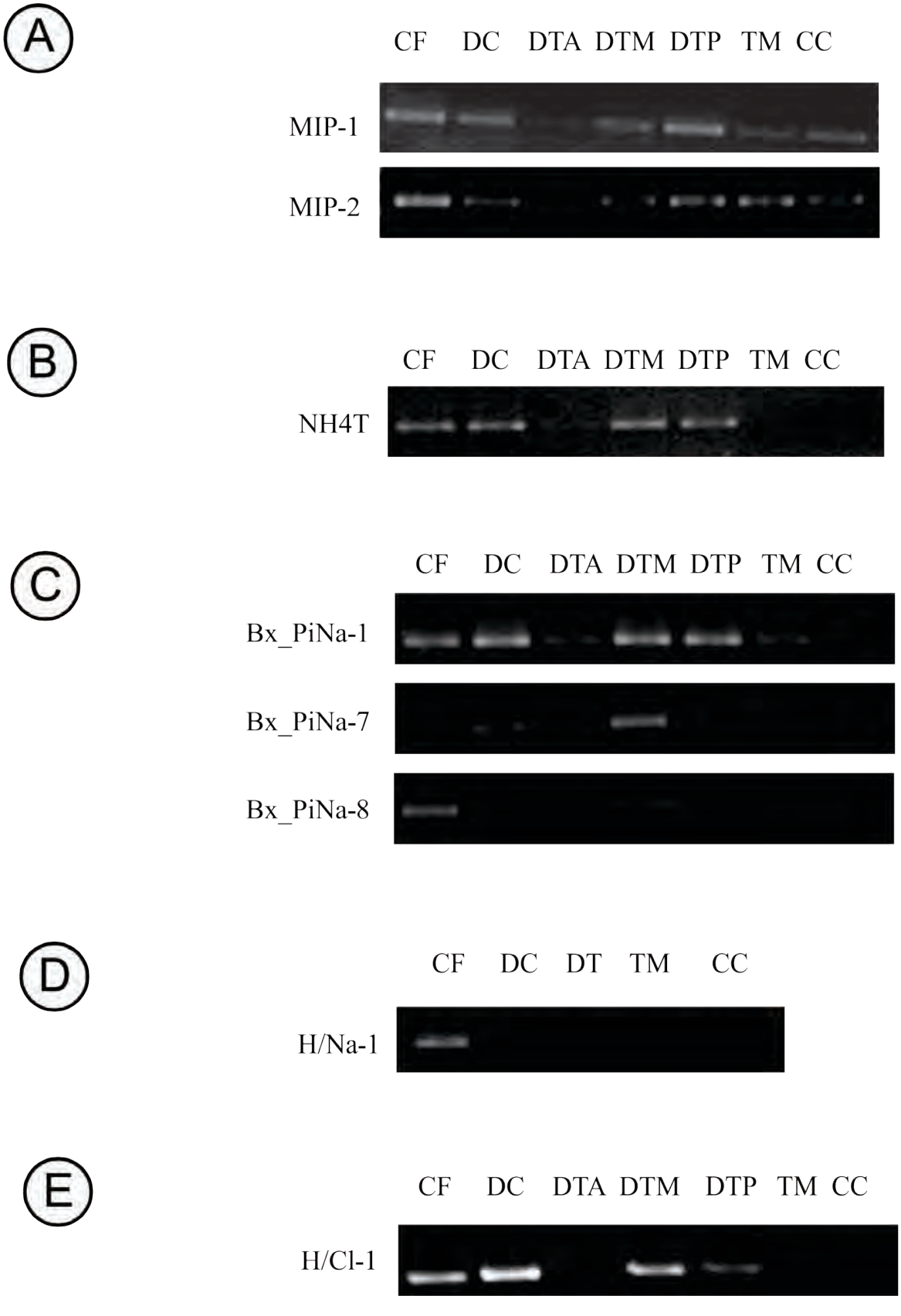

A
CF DC DTA DTM DTP TM CC
MIP-1
MIP-2
B
CF DC DTA DTM DTP TM CC
NH4T
C
CF DC DTA DTM DTP TM CC
Bx_PiNa-1
Bx_PiNa-7
Bx_PiNa-8
D
CF DC DT TM CC
H/Na-1
E
CF DC DTA DTM DTP TM CC
H/Cl-1

Figura 21 – Distribuição das principais enzimas digestivas relevantes encontradas no transcriptoma de *B. xanthophis*. Em azul, a quantidade de *contigs* identificados e, em vermelho, a quantidade de sequências obtidas após o processo de curagem.

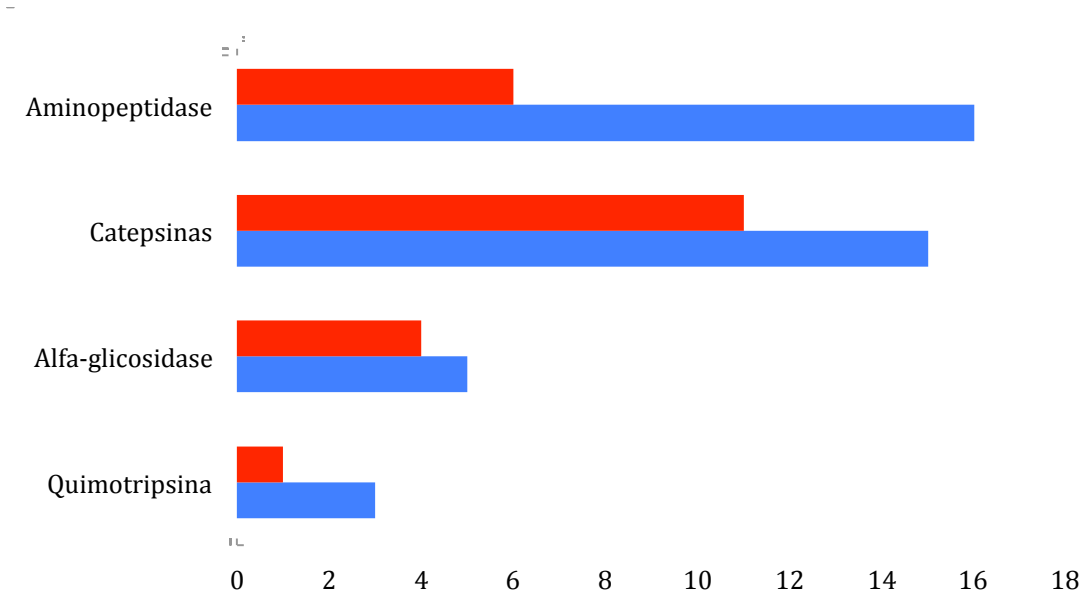

Aminopeptidase
Catepsinas
Alfa-glicosidase
Quimotripsina
0
2
4
6
8
10
12
14
16
18

Figura 22 – Sítios de expressão nos diferentes tecidos das principais (A) α-glicosidases, (B) catepsinas, (C) aminopeptidases e (D) quimotripsinas identificadas no transcriptoma do intestino médio de *B. xanthophis*.

CC – Carcaça; *CF* – Câmara de filtração; *DC* – Domínio cônico; *DT* – Domínio tubular; *DTA* – Domínio tubular anterior; *DTM* – Domínio tubular médio; *DTP* – Domínio tubular posterior; *TM* – Túbulos de Malpighi.

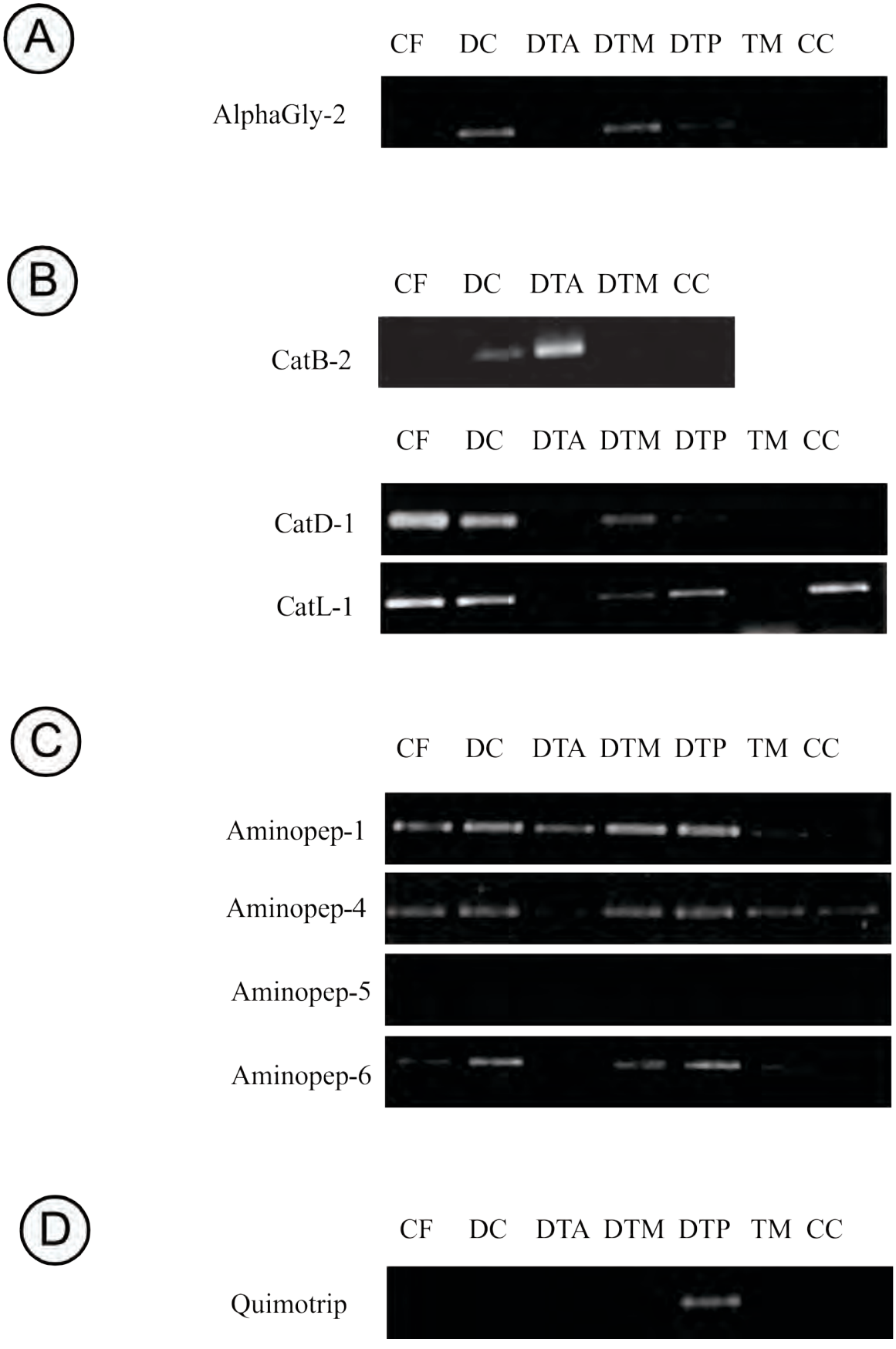
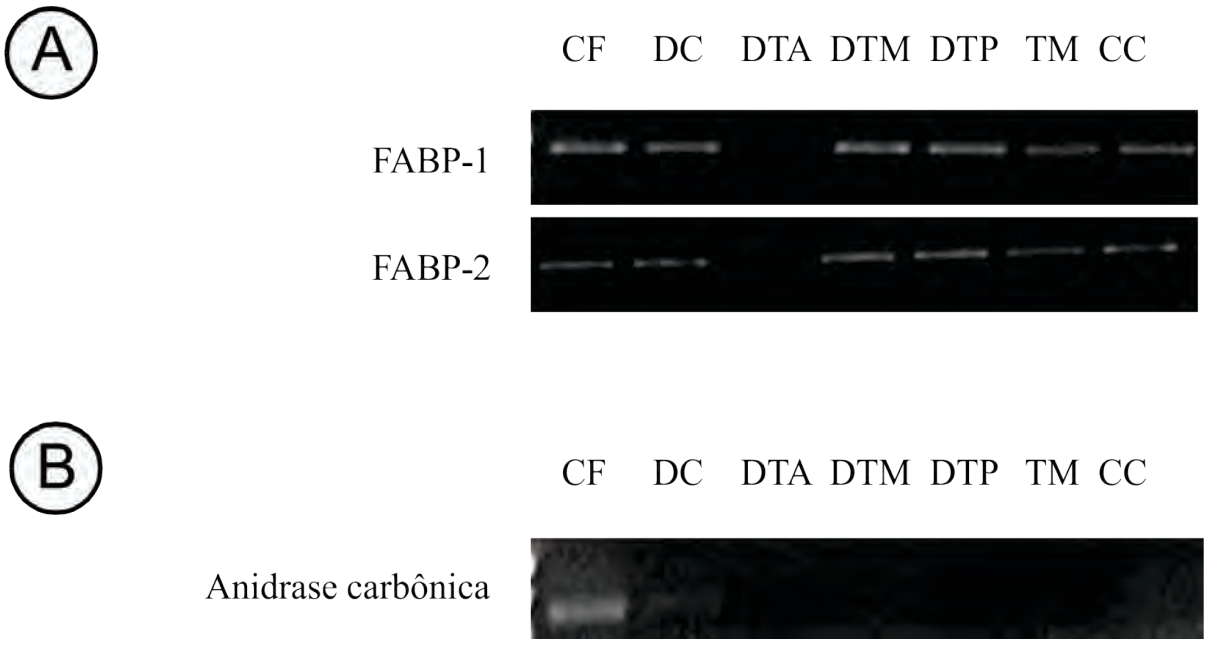

A
CF DC DTA DTM DTP TM CC
AlphaGly-2
B
CF DC DTA DTM CC
CatB-2
CF DC DTA DTM DTP TM CC
CatD-1
CatL-1
C
CF DC DTA DTM DTP TM CC
Aminopep-1
Aminopep-4
Aminopep-5
Aminopep-6
D
CF DC DTA DTM DTP TM CC
Quimotrip

Figura 23 - Sítios de expressão nos diferentes tecidos das principais (A) proteínas ligantes de ácidos graxos e (B) anidrases carbônicas identificadas no transcriptoma do intestino médio de *B. xanthophis*.

CC – Carcaça; *CF* – Câmara de filtração; *DC* – Domínio cônico; *DTA* – Domínio tubular anterior; *DTM* – Domínio tubular médio; *DTP* – Domínio tubular posterior; *TM* – Túbulos de Malpighi.


A
CF DC DTA DTM DTP TM CC
FABP-1
FABP-2
B
CF DC DTA DTM DTP TM CC
Anidrase carbônica

TABELAS

Tabela 1 – Sequências referentes a proteínas importantes no processo digestivo de *B. xanthophis*.

Contig	Tamanho (pb)	Reads	Proteína prevista	Número de acesso	Espécie	e-Value	Similaridade
BX-contig_166	707	24	inorganic phosphate:sodium symporter	JAS59977.1	Cuerna arida	1E-154	91%
BX-contig_167	859	207	inorganic phosphate:sodium symporter	JAS78333.1	Homalodisca liturata	8E-171	91%
BX-contig_288	495	11	inorganic phosphate:sodium symporter	JAS90949.1	Homalodisca liturata	8E-69	95%
BX-contig_289	599	12	inorganic phosphate:sodium symporter	JAT06155.1	Homalodisca liturata	7E-83	93%
BX-contig_1035	505	7	inorganic phosphate:sodium symporter	JAS83293.1	Homalodisca liturata	5E-82	77%
BX-contig_1037	986	13	inorganic phosphate:sodium symporter	JAS94146.1	Homalodisca liturata	1E-106	59%
BX-contig_1038	1113	11	inorganic phosphate:sodium symporter	JAS58657.1	Cuerna arida	3E-131	65%
BX-contig_1040	213	5	inorganic phosphate:sodium symporter	JAT09402.1	Graphocephala atropunctata	6E-14	69%
BX-contig_1041	420	6	inorganic phosphate:sodium symporter	JAS41767.1	Cuerna arida	9E-76	84%
BX-contig_1042	236	5	inorganic phosphate:sodium symporter	JAS78408.1	Homalodisca liturata	5E-40	85%
BX-contig_1072	161	5	inorganic phosphate:sodium symporter	JAS88415.1	Homalodisca liturata	0.0000002	58%
BX-contig_1417	2126	104	inorganic phosphate:sodium symporter	JAS42384.1	Cuerna arida	0	92%
BX-contig_1443	2057	108	inorganic phosphate:sodium symporter	JAT16199.1	Graphocephala atropunctata	0	91%
BX-contig_2940	964	10	inorganic phosphate:sodium symporter	JAS56713.1	Cuerna arida	0	94%
BX-contig_2951	953	9	inorganic phosphate:sodium symporter	JAT23922.1	Graphocephala atropunctata	1E-113	69%
BX-contig_3930	699	18	inorganic phosphate:sodium symporter	JAT00790.1	Homalodisca liturata	8E-91	96%
BX-contig_3980	691	8	inorganic phosphate:sodium symporter	JAS87018.1	Homalodisca liturata	1E-98	97%
BX-contig_4609	521	6	inorganic phosphate:sodium symporter	JAT27077.1	Graphocephala atropunctata	1E-48	67%
BX-contig_4674	494	8	inorganic phosphate:sodium symporter	JAS53185.1	Cuerna arida	9E-65	71%
BX-contig_1616	1742	32	solute(L-ascorbate):sodium symporter	JAT23188.1	Graphocephala atropunctata	0	96%
BX-contig_1187	405	4	sodium:inorganic phosphate symporter	JAS46644.1	Cuerna arida	7E-56	78%
BX-contig_1927	462	6	sodium:inorganic phosphate symporter	JAT05127.1	Homalodisca liturata	0	90%

BX-contig_2411	1174	27	inorganic phosphate:sodium symporter	JAS94146.1	Homalodisca liturata	2E-174	89%
BX-contig_1039	1213	17	inorganic phosphate:sodium symporter	JAT38209.1	Graphocephala atropunctata	1E-82	82%
BX-contig_1541	1853	60	sodium/hydrogen exchanger	JAS56979.1	Cuerna arida	0	97%
BX-contig_1949	1431	27	sodium/hydrogen exchanger	JAT38485.1	Graphocephala atropunctata	7E-176	90%
BX-contig_1859	1490	16	sodium/hydrogen exchanger	JAS80292.1	Homalodisca liturata	2E-149	98%
BX-contig_4039	671	6	calcium+potassium/sodium exchanger	JAT30854.1	Graphocephala atropunctata	1E-89	80%
BX-contig_1308	3187	168	Voltage gated H+/Cl- exchanger transporter	JAS78834.1	Homalodisca liturata	0	92%
BX-contig_999	185	7	Mn2+ and Fe2+ transporter	JAT18095.1	Graphocephala atropunctata	3E-32	98%
BX-contig_1000	1200	29	Mn2+ and Fe2+ transporter	JAS69419.1	Cuerna arida	0	81%
BX-contig_1001	240	7	Mn2+ and Fe2+ transporter	JAS47078.1	Cuerna arida	7E-43	94%
BX-contig_1021	388	39	Zn2+ transporter	JAS78126.1	Homalodisca liturata	9E-46	91%
BX-contig_1023	395	29	Zn2+ transporter	JAS79676.1	Homalodisca liturata	4E-43	84%
BX-contig_85	1802	62	ATPase V0, subunit C	JAT39065.1	Graphocephala atropunctata	6E-80	99%
BX-contig-86	1208	4084	ATPase V0, subunit C	JAS43288.1	Cuerna arida	9E-87	99%
BX-contig_568	495	169	ATPase V1, subunit H	JAS91697.1	Homalodisca liturata	1E-62	100%
BX-contig_569	1203	111	ATPase V1, subunit H	JAS55739.1	Cuerna arida	0	98%
BX-contig_713	1155	107	ATPase V1, subunit D	AAT01084.1	Homalodisca vitripennis	7E-140	97%
BX-contig_1576	1784	64	ATPase V1, subunit D	JAS83428.1	Homalodisca liturata	3E-96	100%
BX-contig_730	525	30	ATPase V1, subunit A	JAS50421.1	Cuerna arida	1E-77	100%
BX-contig_731	2522	332	ATPase V1, subunit A	JAS92203.1	Homalodisca liturata	0	99%
BX-contig_3029	938	12	ATPase V1, subunit A	EOB13704.1	Nosema bombycis CQ1	7E-147	67%

BX-contig_1335	2592	336	ATPase V0, isoform 1	JAS45776.1	Cuerna arida	0	92%
BX-contig_1365	2332	51	ATPase V1, subunit E	JAS75606.1	Homalodisca liturata	3E-71	100%
BX-contig_1981	1403	192	ATPase V1, subunit E	AAT01085.1	Homalodisca vitripennis	6E-129	90%
BX-contig_1421	2112	431	ATPase V1, subunit B	JAS75165.1	Homalodisca liturata	0	99%
BX-contig_1422	586	6	ATPase V1, subunit B	ELQ75305.1	Trachipleistophora hominis	3E-119	85%
BX-contig_1435	2072	76	ATPase V0, subunit d	JAS19137.1	Clastoptera arizoana	0	96%
BX-contig_2387	1191	23	ATPase proteolipid subunit	XP_007605315.1	Vittaforma corneae	7E-25	70%
BX-contig_3196	884	269	ATPase proteolipid subunit	JAT32630.1	Graphocephala atropunctata	2E-85	86%
BX-contig_2455	1149	39	ATPase V1, subunit F	JAS46645.1	Cuerna arida	2E-81	100%
BX-contig_2783	1027	16	ATPase V0, subunit a	XP_001827782.1	Enterocytozoon bieneusi	3E-149	65%
BX-contig_3377	836	22	ATPase V0, subunit a	JAT15968.1	Graphocephala atropunctata	2E-91	98%
BX-contig_1323	2762	45	ATPase V1, subunit C	JAS43152.1	Cuerna arida	0	99%
BX-contig_62	608	6	GLUT	JAS56784.1	Cuerna arida	6E-42	84%
BX-contig_63	1559	1731	GLUT	JAS53843.1	Cuerna arida	0	91%
BX-contig_282	533	17	GLUT	JAS70617.1	Homalodisca liturata	1E-77	85%
BX-contig_283	1296	51	GLUT	JAS90664.1	Homalodisca liturata	0	71%
BX-contig_551	1511	44	GLUT	JAS98717.1	Homalodisca liturata	2E-132	82%
BX-contig_816	1304	38	GLUT	JAT30585.1	Graphocephala atropunctata	0	88%
BX-contig_1121	214	4	GLUT	JAS78126.1	Homalodisca liturata	9E-46	91%
BX-contig_1122	286	6	GLUT	JAS79676.1	Homalodisca liturata	3E-19	82%
BX-contig_1255	1619	380	GLUT	JAS46121.1	Cuerna arida	0	90%
BX-contig_1256	1887	44	GLUT	JAS77221.1	Homalodisca liturata	0	85%

BX-contig_1523	1858	31	GLUT	JAT09492.1	Graphocephala atropunctata	2E-174	85%
BX-contig_1617	1745	22	GLUT	JAT24629.1	Graphocephala atropunctata	0	93%
BX-contig_1635	1706	24	GLUT	JAT29566.1	Graphocephala atropunctata	0	82%
BX-contig_1666	1697	120	GLUT	JAT14637.1	Graphocephala atropunctata	0	92%
BX-contig_1667	741	6	GLUT	JAS88499.1	Homalodisca liturata	9E-77	85%
BX-contig_1721	1200	18	GLUT	JAS75906.1	Homalodisca liturata	0.93	79%
BX-contig_1875	1478	16	GLUT	JAS89394.1	Homalodisca liturata	0	91%
BX-contig_1881	1477	63	GLUT	JAS74124.1	Homalodisca liturata	0	85%
BX-contig_1928	1446	46	GLUT	JAT38548.1	Graphocephala atropunctata	0	87%
BX-contig_1929	1158	9	GLUT	JAT38548.1	Graphocephala atropunctata	3E-165	78%
BX-contig_1930	1444	24	GLUT	JAS75974.1	Homalodisca liturata	0	87%
BX-contig_2063	1347	22	GLUT	JAS71230.1	Homalodisca liturata	2E-152	68%
BX-contig_2654	1075	15	GLUT	JAT17154.1	Graphocephala atropunctata	2E-108	85%
BX-contig_2711	1041	10	GLUT	JAT12919.1	Graphocephala atropunctata	0	82%
BX-contig_2740	1043	11	GLUT	XP_007605362.1	Vittaforma corneae	1E-36	33%
BX-contig_4082	667	8	GLUT	JAT13656.1	Graphocephala atropunctata	2E-80	67%
BX-contig_4664	500	6	GLUT	JAS67095.1	Cuerna arida	8E-66	87%
BX-contig_1227	2584	70	Proton coupled aminoacid transporter	JAT18096.1	Graphocephala atropunctata	3E-150	88%
BX-contig_1425	2098	87	Proton coupled aminoacid transporter	JAS71874.1	Homalodisca liturata	0	89%
BX-contig_1615	1744	24	Cationic aminoacid transporter, permease	JAT32274.1	Graphocephala atropunctata	0	89%
BX-contig_1675	1682	82	Na ind. cistein, neutral or dibasic aa transporter	JAS52560.1	Cuerna arida	0	91%
BX-contig_2553	1110	48	Aminoacid transporter, permease	EQB60428.1	Nosema apis BRL 01	3E-19	31%

BX-contig_3025	938	7	proton depedent oligopeptide transporter	KKO76654.1	Nosema ceranae	2E-23	29%
BX-contig_4159	645	6	proton depedent oligopeptide transporter	JAS56600.1	Cuerna arida	7E-102	85%
BX-contig_474	1568	126	Proton coupled aminoacid transporter	JAS89614.1	Homalodisca liturata	0	92%
BX-contig_475	719	10	Proton coupled aminoacid transporter	JAT26174.1	Graphocephala atropunctata	1E-136	89%
BX-contig_476	282	24	Proton coupled aminoacid transporter	JAS95468.1	Homalodisca liturata	2E-43	76%
BX-contig_477	950	135	Proton coupled aminoacid transporter	JAS47293.1	Cuerna arida	0	86%
BX-contig_478	272	23	Proton coupled aminoacid transporter	JAT23049.1	Graphocephala atropunctata	1E-42	82%
BX-contig_2019	1376	9	Proton coupled aminoacid transporter	JAS73538.1	Homalodisca liturata	1E-151	93%
BX-contig_3442	820	16	Proton coupled aminoacid transporter	JAT13420.1	Graphocephala atropunctata	9E-108	91%
BX-contig_4070	670	8	Proton coupled aminoacid transporter	JAT13420.1	Graphocephala atropunctata	1E-142	91%
BX-contig_4660	502	6	Na coupled neutral aa transporter	JAS53944.1	Cuerna arida	2E-65	81%
BX-contig_192	848	360	MIP aquaporin	JAS53329.1	Cuerna arida	7E-146	97%
BX-contig_276	1056	619	MIP aquaporin	JAS45370.1	Cuerna arida	7E-57	95%
BX-contig_277	509	163	MIP aquaporin	JAT32895.1	Graphocephala atropunctata	3E-57	88%
BX-contig_1400	2178	45	MIP aquaporin	JAT03439.1	Homalodisca liturata	4E-151	99%
BX-contig_2370	1201	10	MIP aquaporin	JAS98701.1	Homalodisca liturata	1E-106	83%
BX-contig_2786	1024	13	MIP aquaporin	JAS93037.1	Homalodisca liturata	0	89%
BX-contig_3065	923	20	MIP aquaporin	JAS96050.1	Homalodisca liturata	6E-150	83%
BX-contig_3110	905	34	MIP aquaporin	JAT15728.1	Graphocephala atropunctata	7E-128	81%
BX-contig_3111	817	14	MIP aquaporin	JAT16299.1	Graphocephala atropunctata	4E-96	71%
BX-contig_2946	954	6	MIP aquaporin	JAS99538.1	Homalodisca liturata	1E-110	80%

BX-contig_1725	1612	17	Organic cation transporter	JAS44382.1	Cuerna arida	0	90%
BX-contig_1800	1563	58	Zn2+ transporter	JAS90864.1	Homalodisca liturata	0	89%
BX-contig_2144	1312	51	ZIP zinc transporter	JAS78050.1	Homalodisca liturata	0	85%
BX-contig_2574	1096	10	Na ind sulfate transporter	JAT37695.1	Graphocephala atropunctata	4E-51	86%
BX-contig_3727	746	6	Na dependent multivitamin transporter	JAS62049.1	Cuerna arida	5E-111	78%
BX-contig_3771	737	23	Na dependent multivitamin transporter	XP_007604534.1	Vittaforma corneae	8E-38	38%
BX-contig_1361	2352	50	Na ind organic anion transporter	JAT15466.1	Graphocephala atropunctata	0	91%
BX-contig_530	1313	126	Ammonium transporter	JAT28792.1	Graphocephala atropunctata	0	94%
BX-contig_2308	1229	26	Reduced folate carrier	JAS59390.1	Cuerna arida	7E-170	78%
BX-contig_2316	1231	23	PFAM: malate transporter activity	JAT17097.1	Graphocephala atropunctata	0	98%
BX-contig_2725	1044	11	Mitochondrial oxodicarboxylate transporter	JAS27378.1	Clastoptera arizonana	0	84%
BX-contig_4266	622	8	Folate or Thiamine transporter	JAS92979.1	Homalodisca liturata	3E-71	87%
BX-contig_1843	1519	46	P-type ATPase V - Cation transport in th ER	XP_007604166.1	Vittaforma corneae	8E-159	51%
BX-contig_1332	2625	57	Na+/K+ ATPase	JAT38157.1	Graphocephala atropunctata	0	99%
BX-contig_1333	959	9	Na+/K+ ATPase	JAS55581.1	Cuerna arida	4E-98	96%
BX-contig_4	503	1174	alpha-glucosidase	JAT19433.1	Graphocephala atropunctata	3E-91	79%
BX-contig_5	1644	13894	alpha-glucosidase	JAT19433.1	Graphocephala atropunctata	0	73%
BX-contig_7	462	415	alpha-glucosidase	JAS55903.1	Cuerna arida	7E-67	79%

BX-contig_3844	720	6	alpha-glucosidase	JAS48518.1	Cuerna arida	2E-106	82%
BX-contig_4100	661	11	alpha-glucosidase	JAS55975.1	Cuerna arida	1E-93	82%
BX-contig_205	262	163	cathepsin D	JAS45109.1	Cuerna arida	1E-38	71%
BX-contig_206	289	222	cathepsin D	JAT12335.1	Graphocephala atropunctata	1E-52	86%
BX-contig_207	553	244	cathepsin D	JAT28171.1	Graphocephala atropunctata	8E-68	81%
BX-contig_208	361	4	cathepsin D	JAT12335.1	Graphocephala atropunctata	1E-14	79%
BX-contig_564	1285	1941	cathepsin D	JAS47958.1	Cuerna arida	0	70%
BX-contig_763	1037	60	cathepsin D	JAS89187.1	Homalodisca liturata	2E-52	97%
BX-contig_764	830	31	cathepsin D	JAS89187.1	Homalodisca liturata	2E-53	97%
BX-contig_765	851	57	cathepsin D	JAT34113.1	Graphocephala atropunctata	0	93%
BX-contig_2329	1225	78	cathepsin D	JAS88721.1	Homalodisca liturata	0	78%
BX-contig_32	131	376	cathepsin L	JAS96491.1	Homalodisca liturata	1E-18	86%
BX-contig_1569	1792	36	cathepsin L	JAS15527.1	Clastoptera arizonana	1E-180	74%
BX-contig_2062	1353	51	cathepsin B	JAS49446.1	Cuerna arida	0	90%
BX-contig_110	604	1848	cathepsin B	JAS48488.1	Cuerna arida	6E-117	86%
BX-contig_175	519	59	cathepsin B	JAS76452.1	Homalodisca liturata	7E-18	90%
BX-contig_2066	1350	25	cathepsin E	JAS91036.1	Homalodisca liturata	2E-176	65%
BX-contig_1527	1860	36	cathepsin K	JAS50206.1	Cuerna arida	0	88%
BX-contig_37	2776	1816	Aminopeptidase N	JAS92288.1	Homalodisca liturata	0	73%
BX-contig_128	1506	758	Leucyl-cystinyl aminopeptidase	JAS50411.1	Cuerna arida	9E-102	47%
BX-contig_739	2167	434	Aminopeptidase N	JAS83103.1	Homalodisca liturata	0	73%

BX-contig_1345	2473	130	Aminopeptidase N	XP_007604404.1	Vittaforma corneae	0	50%
BX-contig_1695	1652	44	Puromycin-sensitive aminopeptidase	JAT25543.1	Graphocephala atropunctata	4E-72	95%
BX-contig_1741	1610	37	Glutamyl aminopeptidase	JAS54681.1	Cuerna arida	0	86%
BX-contig_1457	2040	59	Leucyl aminopeptidase	JAS42157.1	Cuerna arida	0	85%
BX-contig_1574	1785	76	Leucyl aminopeptidase	JAS75054.1	Homalodisca liturata	1E-174	100%
BX-contig_1752	1603	34	Cytosol aminopeptidase	JAT38017.1	Graphocephala atropunctata	0	91%
BX-contig_1822	1542	39	Aminopeptidase Npepl-like	JAS47994.1	Cuerna arida	0	88%
BX-contig_1607	1750	38	Xaa-Pro Aminopeptidase	JAS47591.1	Cuerna arida	0	85%
BX-contig_2234	1277	47	Xaa-Pro aminopeptidase	JAS91400.1	Homalodisca liturata	8E-145	100%
BX-contig_2545	1112	15	Methionine aminopeptidase 2	JAS40109.1	Cuerna arida	0	94%
BX-contig_2694	1065	25	Methionine aminopeptidase 2	XP_007605006.1	Vittaforma corneae	8E-175	69%
BX-contig_3853	719	11	Methionine aminopeptidase 1	JAS59987.1	Cuerna arida	2E-172	98%
BX-contig_4624	512	7	Dipeptidil peptidase 4	JAT12218.1	Graphocephala atropunctata	2E-117	97%
BX-contig_2995	946	12	Carbonic anhidrase	JAT38702.1	Graphocephala atropunctata	7E-126	71%
BX-contig_3269	859	15	Carbonic anhidrase	JAT23759.1	Graphocephala atropunctata	2E-127	97%
Bx-contig_1520	1873	52	Trehalase-like	JAT25544.1	Graphocephala atropunctata	0	94%
Bx-contig_2251	1271	16	Trehalose-6-phosphate phosphatase	XP_007604660.1	Vittaforma corneae	4E-44	41%
Bx-contig_3241	853	7	alpha,alpha-trehalose-phosphate synthase activity	JAS67862.1	Cuerna arida	3E-49	89%
Bx-contig_3836	723	6	alpha,alpha-trehalose-phosphate synthase activity	XP_007604553.1	Vittaforma corneae	2E-97	64%
Bx-contig_291	929	47	chymotrypsin activity	JAT02740.1	Homalodisca liturata	6E-82	66%

Bx-contig_1397	2188	97	chymotrypsin activity	XP_007604023.1	Vittaforma corneae	1E-104	57%
Bx-contig_2943	968	115	chymotrypsin activity	JAT17659.1	Graphocephala atropunctata	2E-146	69%
BX-contig_2030	1373	21	Fatty-acid binding	JAS70416.1	Homalodisca liturata	7E-80	92%
BX-contig_3283	857	13	Fatty-acid binding	JAT19665.1	Graphocephala atropunctata	1E-64	84%

Tabela 2 – Sequências curadas referentes aos transportadores de (A) aminoácidos e (B) açúcares. *PI/PM* – Ponto isoelétrico/Peso molecular; *PS* – Peptídeo sinal; *ATM* – Alças transmembrana.

A.

Transportadores de aminoácidos										
Nome	Tamanho (pb)	Reads	Proteína prevista	PI/PM	PS	ATM	GPI	N-glicosilação	O-glicosilação	Cobertura
H+aaT-1	1425	328	Proton coupled aminoacid transporter	8.73/51840.2	Não	10	0	2	9	95,7%
H+aaT-2	1284	157	Proton coupled aminoacid transporter	5.90/48325.0	Não	10	0	0	0	78,8%
Cat+aaP-1	1744	24	Cationic aminoacid transporter, permease	8.52/63169.9	Sim	13	0	3	1	72%
Na0aaT-1	1682	82	Na ind. cistein, neutral, dibasic aa transporter	8.97/61322.0	Sim	13	0	2	1	91,6%
aaP-1	1108	48	Aminoacid transporter, permease	9.04/39946.6	Não	10	0	1	2	91,6%
H+depoligoT-1	936	7	proton depedent oligopeptide transporter	9.77/34173.0	Não	6	0	3	1	42,7%
H+aaT-3	1176	24	Proton coupled aminoacid transporter	8.29/43130.8	Não	10	0	1	1	78,5%
H+depoligoT-2	645	6	proton depedent oligopeptide transporter	4.67/23608.2	Não	3	0	3	4	31,6%
Na0aaT-1	500	6	Na coupled neutral aminoacid transporter	6.53/18351.6	Não	4	0	0	0	39,2%

B.

Transportadores de açúcar									
Nome	Tamanho (pb)	Reads	Proteína prevista	PI/PM	PS	ATM	N-glicosilação	O-glicosilação	Cobertura
GLUT-1	1266	1803	GLUT (GO: glucose, NR: trehalose)	8.95/45762.9	Não	10	1	1	79,6%
GLUT-2	1383	338	GLUT (GO: glucose, NR: trehalose)	7.67/50421.2	Não	11	1	2	96,7%
GLUT-3	1254	81	GLUT (GO: glucose, NR: trehalose)	7.66/46107.4	Não	11	2	5	82%
GLUT-4	1974	479	GLUT (GO: glucose, NR: trehalose)	9.46/71533.6	Sim	13	1	5	85,2%
GLUT-5	2094	52	GLUT (GO: fructose/glucose, NR: trehalose)	8.85/77185.1	Não	14	0	1	87,9%
GLUT-6	1042	11	GLUT (GO: -, NR: glucose)	9.29/36713.4	Não	7	0	3	77,1%
GLUT-7	667	8	GLUT (GO: fructose/glucose, NR: trehalose)	9.65/24235.5	Não	6	0	2	43,6%

Tabela 3 – Sequências curadas referentes às V-ATPases.

PI/PM – Ponto isoelétrico/Peso molecular; *PS* – Peptídeo sinal; *ATM* – Alças transmembrana.

V-ATPases										
Nome	Tamanho (pb)	Reads	Proteína prevista	PI/PM	PS	ATM	GPI	N-glicosilação	O-glicosilação	Cobertura
VATPaseV0C-1	1802	62	ATPase V0, subunit C	9.47/62468.0	Não	9	0	1	5	100%
VATPaseV0C-2	1208	4084	ATPase V0, subunit C	9.38/42352.6	Não	7	0	0	10	96,2%
VATPaseV0C-3	2762	45	ATPase V1, subunit C	8.88/102601.2	Não	10	0	4	6	94,2%
VATPaseV1H-1	1918	280	ATPase V1, subunit H	5.89/55728.3	Não	0	0	2	3	97,3%
VATPaseV1D-1	702	171	ATPase V1, subunit D	9.63/26431.7	Não	0	0	1	1	91,9%
VATPaseV1A-1	1833	362	ATPase V1, subunit A	6.70/112741.8	Não	5	0	5	6	46,1%
VATPaseV1A-2	938	12	ATPase V1, subunit A	6.07/35049.9	Não	0	0	2	4	68,3%
VATPaseV0I-1	2592	336	ATPase V0, isoform 1	6.20/98934.5	Não	8	0	2	2	99,2%
VATPaseV1E-1	2332	51	ATPase V1, subunit E	10.20/86654.6	Não	0	0	3	22	98,8%
VATPaseV1E-2	1403	192	ATPase V1, subunit E	8.84/51843.9	Não	4	0	3	0	100%
VATPaseV1B-1	2112	431	ATPase V1, subunit B	6.79/78292.6	Não	2	0	3	6	100%
VATPaseV1B-2	586	6	ATPase V1, subunit B	5.04/22333.1	Não	0	0	0	0	57%
VATPaseV0d-1	2072	76	ATPase V0, subunit d	8.30/78520.0	Não	5	0	0	2	100%
VATPaseProt-1	1191	23	ATPase proteolipid subunit	8.46/42454.4	Não	2	0	0	7	41,1%
VATPaseProt-2	884	269	ATPase proteolipid subunit	9.63/30480.3	Não	6	0	2	4	99,5%
VATPaseV1F-1	1149	39	ATPase V1, subunit F	6.73/41139.8	Não	4	0	2	3	100%
VATPaseV0a-1	1027	16	ATPase V0, subunit a	8.43/38566.8	Não	6	0	2	5	45,7%
VATPaseV0a-2	836	22	ATPase V0, subunit a	5.15/31403.4	Sim	3	0	1	0	17,6%

Tabela 4 – Sequências curadas referentes a (A) aquaporinas e (B) transportadores de amônia/amônio. *PI/PM* – Ponto isoelétrico/Peso molecular; *PS* – Peptídeo sinal; *ATM* – Alças transmembrana.

A.

Aquaporinas										
Nome	Tamanho (pb)	Reads	Proteína prevista	PI/PM	PS	ATM	GPI	N-glicosilação	O-glicosilação	Cobertura
MIP-1	848	360	MIP aquaporin, aquaporin 2-like	5.19/29267.6	Não	6	0	1	1	95,1%
MIP-2	771	850	MIP aquaporin	7.51/26950.6	Não	6	0	0	2	69,4%
MIP-3	723	45	MIP aquaporin	10.70/77287.9	Não	6	0	2	1	99,6%
MIP-4	537	16	MIP aquaporin	9.12/19367.8	Não	4	0	0	1	73,1%

B.

Transportador de amônio										
Nome	Tamanho (pb)	Reads	Proteína prevista	PI/PM	PS	ATM	GPI	N-glicosilação	O-glicosilação	Cobertura
NH4T-1	1313	126	Ammonium transporter	8.20/46460.0	Não	10	2	2	3	81,3%

Tabela 5 – Sequências curadas referentes aos transportadores de fosfato inorgânico e sódio. *PI/PM* – Ponto isoelétrico/Peso molecular; *PS* – Peptídeo sinal; *ATM* – Alças transmembrana.

Transportadores de fosfato inorgânico e sódio										
Nome	Tamanho (pb)	Reads	Proteína prevista	PI/PM	PS	ATM	GPI	N-glicosilação	O-glicosilação	Cobertura
PiNa-1	1564	291	Pi:Na symport (sialin-like)	5.71/56794.1	Sim	11	0	3	6	95,2%
PiNa -2	925	7	inorganic phosphate:sodium symporter	8.19/33599.2	Não	7	0	4	1	37,8%
PiNa -3	1128	13	inorganic phosphate:sodium symporter	8.89/41524.5	Não	7	0	3	3	61,7%
PiNa -4	1113	11	inorganic phosphate:sodium symporter	7.11/39221.1	Não	6	0	2	3	80,4%
PiNa -5	1273	61	Inorganic phosphate:sodium symport	8.56/45985.9	Sim	10	0	5	3	92,2%
PiNa -6	522	10	sodium:inorganic phosphate symporter	9.17/18798.0	Não	5	0	0	2	36,9%
PiNa -7	2125	104	Inorganic phosphate:sodium symport	9.20/77338.6	Não	13	0	3	8	99,8%
PiNa -8	2057	108	Inorganic phosphate:sodium symport	9.07/75409.8	Sim	10	0	6	0	74,7%
PiNa -9	1742	32	solute(L-ascorbate):sodium symporter	8.09/63691.1	Não	11	0	5	0	93,2%
PiNa -10	699	18	Inorganic phosphate:sodium symporter	10.52/23930.4	Não	0	0	0	56	32,5%
PiNa -11	689	8	Inorganic phosphate:sodium symporter	9.76/24617.7	Não	6	0	2	0	26,5%

Tabela 6 – Sequências curadas referentes aos transportadores de (A) sódio/H^+ e (B) cloreto/H^+. *PI/PM* – Ponto isoelétrico/Peso molecular; *PS* – Peptídeo sinal; *ATM* – Alças transmembrana.

A.

Transportador de sódio/H⁺										
Nome	Tamanho (pb)	Reads	Proteína prevista	PI/PM	PS	ATM	GPI	N-glicosilação	O-glicosilação	Cobertura
Na+/H+-1	1853	60	sodium/hydrogen exchanger	9.12/69376.2	Não	8	0	7	1	60,5%
Na+/H+-2	1490	16	sodium/hydrogen exchanger	6.53/53588.9	Não	5	0	1	5	70,5%
Na+/H+-3	1431	27	sodium/hydrogen exchanger	9.58/49808.2	Não	7	0	1	8	84,6%

B.

Transportador de cloreto/H⁺										
Nome	Tamanho (pb)	Reads	Proteína prevista	PI/PM	PS	ATM	GPI	N-glicosilação	O-glicosilação	Cobertura
Cl-/H+-1	3185	168	H+/Cl- exchanger transporter	9.30/116064.2	Não	13	0	15	5	93,2%

Tabela 7 – Sequências curadas referente a (A) α-glicosidase e (B) catepsinas.

PI/PM – Ponto isoelétrico/Peso molecular; *PS* – Peptídeo sinal; *ATM* – Alças transmembrana.

A.

Alfa-glicosidases										
Nome	Tamanho (pb)	Reads	Proteína prevista	PI/PM	PS	ATM	GPI	N-glicosilação	O-glicosilação	Cobertura
AlphaGly-1	503	1174	Alpha Glucosidase	4.39/19285.4	Não	0	0	1	0	32%
AlphaGly-2	1644	14309	Alpha Glucosidase	5.33/61591.8	Sim	3	0	8	7	92%
AlphaGly-3	720	6	alpha-glucosidase	4.96/26570.3	Não	1	0	0	1	63,5%
AlphaGly-4	661	11	alpha-glucosidase	5.34/23458.8	Sim	0	0	2	0	27,9%

B.

Catepsinas										
Nome	Tamanho (pb)	Reads	Proteína prevista	PI/PM	PS	ATM	GPI	N-glicosilação	O-glicosilação	Cobertura
CatD-1	1465	1308	cathepsin D1	4.82/43595.7	Sim	0	0	0	8	77,5%
CatD-2	1285	1941	cathepsin D2	4.44/45290.1	Sim	0	0	1	0	98,2%
CatD-3	2718	60	cathepsin D3	5.11/40824.3	Não	4	0	2	2	96,6%
CatD-4	1225	78	cathepsin D4	6.77/39678.1	Não	0	0	1	0	86,5%
CatL-1	131	376	cathepsin L	6.75/4518.0	Não	0	0	0	0	12,2%
CatL-2	1792	36	cathepsin L	8.49/64095.4	Não	4	0	2	2	95,5%
CatB-1	1353	51	cathepsin B	6.45/49385.7	Sim	1	0	1	2	89%
CatB-2	604	1848	cathepsin B	7.97/22464.1	Não	0	0	0	0	57%
CatB-3	519	59	cathepsin B	8.88/18893.7	Não	1	0	3	0	11,3%
CatE-1	1350	25	cathepsin E	6.41/49205.1	Sim	2	0	3	7	97,7%
CatK-1	1861	36	cathepsin K	6.19/69248.6	Não	1	0	2	1	92,9%

Tabela 8 - Sequências curadas referentes a aminopeptidases.

PI/PM – Ponto isoelétrico/Peso molecular; *PS* – Peptídeo sinal; *ATM* – Alças transmembrana.

Aminopeptidase										
Nome	Tamanho (pb)	Reads	Proteína prevista	PI/PM	PS	ATM	GPI	N-glicosilação	O-glicosilação	Cobertura
Aminopep-1	2776	1816	Aminopeptidase N	4.92/102685.4	Não	1	0	8	30	94,4%
Aminopep-2	1506	758	Leucyl-cystinyl aminopeptidase	5.02/54046.0	Não	0	0	0	72	20,9%
Aminopep-3	2167	434	Aminopeptidase N	5.74/79064.4	Não	0	0	5	9	53,4%
Aminopep-4	2473	130	Aminopeptidase N	5.25/93278.4	Não	0	0	2	9	97%
Aminopep-8	1652	44	Puromycin-sensitive aminopeptidase	9.58/60972.8	Não	4	0	1	0	16,4%
Aminopep-9	1610	37	Glutamyl aminopeptidase	7.80/59075.0	Não	0	0	1	6	53,3%
Aminopep-5	2040	59	Leucyl aminopeptidase	8.48/73602.0	Não	4	0	1	4	99%
Aminopep-6	1785	76	Leucyl aminopeptidase	7.92/65349.2	Não	0	0	2	5	99%
Aminopep-10	1603	34	Cytosol aminopeptidase	7.99/56735.9	Não	0	0	1	4	100%
Aminopep-11	1542	39	Aminopeptidase Npepl-like	6.02/54793.5	Não	0	0	3	10	96,3%
Aminopep-7	1750	38	Xaa-Pro Aminopeptidase	5.76/65400.7	Não	0	0	3	5	89,2%
Aminopep-12	1277	47	Xaa-Pro aminopeptidase	5.86/46941.9	Não	0	0	1	9	67,7%
Aminopep-13	1112	15	Methionine aminopeptidase 2	5.68/40873.6	Não	0	0	0	0	75,4%
Aminopep-14	1065	25	Methionine aminopeptidase 2	5.65/39168.7	Não	0	0	0	1	97%
Aminopep-15	719	11	Methionine aminopeptidase 1	6.17/26940.2	Não	0	0	1	3	52,1%
Aminopep-16	512	7	Dipeptidil peptidase 4	6.18/19587.1	Não	0	0	1	0	24,8%

Tabela 9 - Sequências curadas referentes a (A) quimotripsinas, (B) proteínas ligantes de ácidos graxos e (C) anidrases carbônicas. *PI/PM* – Ponto isoelétrico/Peso molecular; *PS* – Peptídeo sinal; *ATM* – Alças transmembrana.

A.

Quimotripsinas										
Nome	Tamanho (pb)	Reads	Proteína prevista	PI/PM	PS	ATM	GPI	N-glicosilação	O-glicosilação	Cobertura
Chymotry-1	929	47	chymotrypsin activity (trypsin-2-like)	9.34/33357.4	Sim	0	0	2	9	80,2%
Chymotry-2	2188	97	chymotrypsin activity (proteasome)	8.71/80133.0	Não	0	0	1	4	98,2%
Chymotry-3	968	115	chymotrypsin activity (serine proteinase, trypsin, chymotrypsin)	8.48/34838.6	Sim	0	0	0	5	76,5%

B.

Proteína ligante de ácido-graxo										
Nome	Tamanho (pb)	Reads	Proteína prevista	PI/PM	PS	ATM	GPI	N-glicosilação	O-glicosilação	Cobertura
FatAcBind-1	1373	21	Fatty-acid binding	9.15/49838.8	Não	0	0	4	5	94%
FatAcBind-2	857	13	Fatty-acid binding	8.72/31122.9	Sim	0	0	0	6	96,3%

C.

Anidrase carbônica										
Nome	Tamanho (pb)	Reads	Proteína prevista	PI/PM	PS	ATM	GPI	N-glicosilação	O-glicosilação	Cobertura
CarbAn-1	946	12	Carbonic anhidrase	6.75/35396.9	Não	0	0	3	8	84,1%
CarbAn-2	859	15	Carbonic anhidrase	9.10/31501.2	Não	0	0	1	2	60,4%