



Anopheles quadrimaculatus mosquito rRNA gene internal transcribed spacer 2 (ITS2) unanimity alignment & molecular taxonomy primer map

Laboratorio de Genómica Viral y Humana, Facultad de Medicina, Universidad Autónoma de San Luis Potosí, México (08/Apr/2022, v4.0)

```

1
|
Mosq-F
|
Consensus TGTGAACTGCAGGACACAT
U32506 TGTGAACTGCAGGACACATGAACACCGATAAGTTGAACGCATATTGCGCATCGTGCGACACAGCTCGATGTACACATTTTGTAGTGCCCATATTTGACATCAAGTCAAACACTACGTCGGCTGGGCCCCAGC
U32504 -----T-----T-----A--T-
U32505 -----T-----•-----•-----
U32503 -----•-----G-----•-----
U32550 -----•-----G-----•-----

```

```

131
|
Consensus CCCACGCCGTGCGTGCATCATGATGAAAGAGTGTGGGACGCGAACGCACAACACCACCTCTTGCATTGAAAAGCGTAGCGTGCTTCCCTAGGGCTCAACTTGCAAAGTGGCCTGCATGGGGCCGACACCT
U32506 -----A-----A-----T-----C-----C-----
U32504 -----T-----•••••-----A-----••-----
U32505 -----T-----•••••-----A-----••-----
U32503 -----•-----G•••-----G-----••-----
U32550 -----T-----•••••-----••-----

```

```

261
|
Consensus CACCACCATCTGCAGTGTGTAAGTTTAGTGTGTTTCGGCCCGTTTCGGTCATCGTGAGGCGAGCCCAACGTGGGACAACACTCTTTTGTACAAAGGCCGGGTATCTCAGCAGCAGCAGCAGCACACCAGC
U32506 -----G--•---••T-G-----C-T-----T---C-AACAC-GGGGTTGGACAGCAG•••••-----
U32504 -----•-----GTG•-----•••••-----GCAG
U32505 -----•-----GTG•-----•••••-----
U32503 -----AA-C---TGTG•-----•-GAC-GCACT•C-G-----T---C-----GTGGTGCTT-C--CAC--ACAG
U32550 -----•C-C---CTGTG•-----CGT--GAC-GCACT•C-G-----TA-A-CAGTA-•••••-----

```



***Anopheles quadrimaculatus* mosquito rRNA gene internal transcribed spacer 2 (ITS2) unanimity alignment & molecular taxonomy primer map**
Laboratorio de Genómica Viral y Humana, Facultad de Medicina, Universidad Autónoma de San Luis Potosí, México (08/Apr/2022, v4.0)

```
          391                               Mosq-R2                               466
          |                               |                               |
Consensus AGCAGAAATACAAAACATACAAAGCAGCCTCCTACGGAGTACATGGGCCTCAAATAATGTGTGACTACCCCCTAAA
U32506    -----GCA--GCGCT--A-----
U32504    CAGC.....GC-G-G-----
U32505    ..GC.....GC-G-G-----
U32503    CAGCAGC-G-G-T-C-TA-TGC---CT--A-----
U32550    .....-T---A--T-----C-----
```

Alignments prepared using ElimDupes (www.hiv.lanl.gov/content/sequence/elimdupesv2/elimdupes.html), CLUSTAL O (www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalo/), EMBOSS Seqret (www.ebi.ac.uk/Tools/sfc/emboss_seqret/) and SURE v1.0 Sequence Unanimity Reformatting tool (<http://midasmap.uaslp.mx/suretool/>).