

---

CIÊNCIAS BIOLÓGICAS NOTURNO

---

**Gabriela Mendonça Paula**

**Análise neuroproteômica do comportamento  
agressivo de *Apis mellifera***



Rio Claro  
2020

GABRIELA MENDONÇA PAULA

ANÁLISE NEUROPROTEÔMICA DO COMPORTAMENTO  
AGRESSIVO DE *APIS MELLIFERA*

Orientador: Prof. Dr. Mário Sergio Palma

Coorientadora: Dra. Anally Ribeiro da Silva Menegasso

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

Rio Claro  
2020

P324a	<p>Paula, Gabriela</p> <p>Análise neuroproteômica do comportamento agressivo de <i>Apis mellifera</i> / Gabriela Paula. -- Rio Claro, 2020</p> <p>125 p. : tabs., fotos + 1 CD-ROM</p> <p>Trabalho de conclusão de curso (Bacharelado e licenciatura - Ciências Biológicas) - Universidade Estadual Paulista (Unesp), Instituto de Biociências, Rio Claro</p> <p>Orientador: Mario Sergio Palma</p> <p>Coorientadora: Anally Ribeiro da Silva Menegasso</p> <p>1. Agressividade. 2. <i>Apis mellifera</i>. 3. Cérebro. 4. Neuropeptídeos. 5. Espectrometria de Massas. I. Título.</p>
-------	---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------

Sistema de geração automática de fichas catalográficas da Unesp. Biblioteca do Instituto de Biociências, Rio Claro. Dados fornecidos pelo autor(a).

Essa ficha não pode ser modificada.

*Dedico este trabalho as pessoas mais importantes da minha vida, aqueles por quem tenho um amor incondicional e que sempre me apoiaram na realização dos meus sonhos, aos meus pais,*

*Tania e Carmelo*

## AGRADECIMENTOS

Primeiramente meu agradecimento vai àqueles que me ensinaram tudo na vida, que nunca desistiram de mim e sempre me apoiaram em todas as minhas lutas e sonhos, aos meus pais.

Agradeço aos meus familiares: irmãos, tios, tias, madrinhas, primas (os), por sempre me apoiarem em minhas decisões e torcerem por mim em todos os momentos. Cada palavra, cada abraço, cada oração foram essenciais para mim, obrigada.

Agradeço ao professor Mário Palma por toda paciência e competência ao me guiar e orientar durante este trabalho, nas aulas e em toda minha trajetória acadêmica.

A minha co-orientadora Anally, agradeço por ter me ensinado a me aprofundar no mundo das pesquisas, da vida acadêmica e por fazer crescer meu amor pelo universo das abelhas e pela ciência molecular.

Aos meus companheiros de laboratório (Carol, Beto, Gabriel, Franciele e Amílcar) por todas as conversas, ajudas, conselhos e risadas. Obrigada por fazerem tudo ficar mais leve quando não parecia estar.

As minhas melhores amigas, minhas companheiras, Marília e Giovana, que sempre estiveram comigo em todos os momentos. Em cada prova, festa, almoço, jantar, aniversário. Obrigada por todas as risadas, pelos choros, broncas, conselhos... por exatamente tudo. Vocês foram o meu porto seguro durante essa jornada maluca que é a universidade, eu amo vocês.

Aos meus amigos, que se tornaram minha família. Vocês não fazem ideia de como me ensinaram, de como mostraram o quão importante é amizade e, que são nas pequenas coisas que a alegria se encontra. Como é bom ter cada um de vocês na minha vida! Quero levá-los comigo para sempre. República Fossa (agregada fiel e até o fim), República Taco (BOM DIA, FAMÍLIA!) e agregados. Obrigada por todos os momentos. EU AMO VOCÊS.

A turma CBN016, obrigada por todas as aulas e momentos que compartilhamos juntos, não poderia ter entrado em uma turma melhor. Sei que cada um de vocês se tornará um biólogo maravilhoso e torço pela felicidade de todos.

A sangue rosa por ter entrado na minha vida no finalzinho da graduação. Obrigada pela experiência incrível de ter feito parte dessa torcida maravilhosa.

A Bateria Porcaria, minha paixão! tantas coisas lindas eu vivi com todos. Meu lugar! Ambiente onde conheci aqueles amigos que, hoje, chamo de família. Foram tantos eventos, ensaios, shows, interese, e, acima de tudo, tanta alegria .... e quanta alegria pude viver ao lado de

todos que compõe esse time incrível. Lugar que aprendi, briguei, e sorri... sorri muito! Vocês têm um pedaço do meu coração. As memórias do que vivemos eu levarei sempre com um sorriso no rosto, porque, sem dúvida nenhuma, os melhores momentos da Universidade foram vividos com vocês, nosso bonde rosa. Obrigada, meus porquinhos.

A todos aqueles que fizeram parte da minha trajetória, que me ensinaram e contribuíram pela minha formação, muito obrigada!

## RESUMO

Sendo um modelo neurobiológico importante devido a sua complexidade neural e uma arquitetura cerebral tanto quanto simples, as abelhas apresentam um cérebro bem dividido e estruturado com funções complexas, que despertam enormes interesses no mundo científico. Estudos envolvendo temas como memória, aprendizagem, comportamento e agressividade são incógnitas que aos poucos vão obtendo respostas através de diferentes ferramentas tecnológicas e conhecimentos de áreas como a genômica, proteômica, peptidômica entre outras necessárias para tentar entender o quão complexo pode ser a atividade neural das abelhas. A defesa da colmeia é um dos principais e mais importantes afazeres de uma abelha-guarda. São elas os membros especializados que defendem a colônia podendo até sacrificar suas vidas para o bem maior que é a sobrevivência da colmeia. O cérebro da abelha está totalmente envolvido neste processo da comunicação, sendo que a neuroquímica deste órgão induz as mudanças fisiológicas no cérebro das abelhas, preparando os insetos para exercer o comportamento agressivo. Para se conhecer mais detalhes das transformações bioquímicas e fisiológicas induzidas por tais neurohormônios nos cérebros das abelhas, durante o comportamento agressivo, grupos de abelhas operárias com sete dias de idades foram tratadas individualmente com solução fisiológicas (grupo controle), e com os neuropeptídios AmTRP (254 - 262) e AmAST A (59–76) injetados na hemocele dos insetos, tornando-se agressivos. Desta maneira formou-se três grupos experimentais, sendo o grupo controle – não agressivo, e os grupos tratados com AmTRP (254 - 262) e AmAST A (59–76), separadamente, que constituíram-se em dois diferentes grupos agressivos. Os indivíduos que de fato apresentaram comportamento agressivo (ferroando um alvo experimental), foram congelados, sendo seus cérebros removidos por dissecação e submetidos a estudos proteômicos. Detectou-se 2765 diferentes proteínas, sendo que 795 delas foram únicas do grupo controle, 438 foram únicas do grupo tratado com AmTRP (254 - 262), e 502 proteínas foram únicas do grupo tratado com AmAST A (59–76); as demais proteínas foram comuns aos três grupos experimentais, ou a combinações de dois desses grupos. Dentre o complemento de proteínas únicas a cada grupo experimental as análises evidenciaram que os dois grupos agressivos apresentaram uma expressão muito pronunciada de proteínas relacionadas aos processos biológicos de metabolismo energético e citoesqueleto, evidenciando a grande importância da produção de energia (principalmente pelas mitocôndrias), e da plasticidade celular (pelas proteínas típicas de citoesqueleto) dos neurônios, preparando os insetos fisiologicamente, na transição do comportamento não agressivo, para o comportamento agressivo.

**PALAVRAS CHAVE:** Agressividade; *A. mellifera*; Cérebro; Neuropeptídeos; Espectrometria de Massas; Proteínas.

## ABSTRACT

Being an important neurobiological model due to its neural complexity and brain architecture as much as simple, bees have a well-divided and structured brain with complex functions that arouse huge interests in the scientific world. Studies involving topics such as memory, learning, behavior and aggression are unknowns that are gradually getting answers through different technological tools and knowledge of areas such as genomics, proteomics, peptidomics and others necessary to try to understand how complex the neural activity of people can be. bees. The defense of the hive is one of the main and most important tasks of a guard bee. They are the specialized members who defend the colony and may even sacrifice their lives for the greater good that is the survival of the hive. The bee's brain is totally involved in this communication process, and the neurochemistry of this organ induces physiological changes in the bee's brain, preparing the insects to exercise aggressive behavior. In order to know more details of the biochemical and physiological transformations induced by such neurohormones in the bees' brains, during aggressive behavior, groups of worker bees with seven days of age were treated individually with physiological solution (control group), and with the neuropeptides AmTRP ( 254 - 262) and AmAST A (59–76) injected into the hemocele of the insects, becoming aggressive; In this way, three experimental groups were formed, the control group - non-aggressive, and the groups treated with AmTRP (254 - 262) and AmAST A (59–76), separately, which formed two different aggressive groups. Individuals who in fact exhibited aggressive behavior (stinging an experimental target) were frozen, and their brains were removed by dissection and subjected to proteomic studies. 2765 different proteins were detected, from which 795 were unique in the control group, 438 were unique in the group treated with AmTRP (254 - 262), and 502 proteins were unique in the group treated with AmAST A (59–76); the other proteins were common to different comparisons of two or three experimental groups. Among the complement of proteins unique to each experimental group, the analyzes showed that the two aggressive groups showed a very pronounced expression of proteins related to the biological processes of energy metabolism and cytoskeleton, which present great importance in energy production (mainly by mitochondria), and of the cellular plasticity (by the typical cytoskeletal proteins) of neurons, preparing the insects physiologically, for the transition from non-aggressive behavior, to aggressive behavior

**KEY WORDS:** Aggressivity; *A. mellifera*; Brain; Neuropeptides; Mass Spectrometry; Proteins.

## LISTA DE FIGURAS

- Figura 1-** Diagrama de Venn apresenta a divisão dos grupos controle, taquicinina (AmTRP (254 - 262)) e alostatina (AmAST A (59-76)) e a quantidade de proteínas encontradas em cada grupo e as proteínas compartilhadas por eles..... **32**
- Figura 2-** Processos biológicos e suas porcentagens, observados para as proteínas únicas do grupo controle.....**35**
- Figura 3-** Tipos de processos biológicos, e quantidade total funções proteicas (795 proteínas) encontradas em cada um desses processos, nos cérebros de indivíduos do grupo controle.....**36**
- Figura 4-** Ciclo do ácido tricarboxílico. Em amarelo destacada a enzima aconitase, umas das proteínas mais abundantes registradas dentro do grupo controle.....**38**
- Figura 5-** Exemplificação da localização da proteína citocromo na mitocôndria.....**39**
- Figura 6-** Tipos de processos biológicos, e quantidade total funções proteicas (502 proteínas) encontradas em cada um desses processos, nos cérebros de indivíduos do grupo tratado com AmTRP (254 – 262).....**41**
- Figura 7-** Tipos de processos biológicos, e quantidade total funções proteicas (438 proteínas) encontradas em cada um desses processos, nos cérebros de indivíduos do grupo tratado com AmTRP (254 - 262).....**42**
- Figura 8-** Tipos de processos biológicos, e quantidade total funções proteicas (438 proteínas) encontradas em cada um desses processos, nos cérebros de indivíduos do grupo tratado com AmAST (59- 76).....**43**
- Figura 9-** Tipos de processos biológicos, e quantidade total funções proteicas (438 proteínas) encontradas em cada um desses processos, nos cérebros de indivíduos do grupo tratado com AmAST (59- 76).....**44**
- Figura 10-** Localização e representação de algumas proteínas envolvidas e destacadas no metabolismo energético para o grupo das taquicininas (AmTRP (254 - 262)).....**47**
- .
- Figura11-**Localização da proteína Succinato Desidrogenase dentro de uma célula.....**48**
- Figura 12-** Interações das moléculas de **proteínas ATPase de V-TYPE (A)** – LOC552410- V-type proton ATPase subunit; LOC412651- V-type proton ATPase subunit a; LOC409074 – Uncharacterized protein; LOC412810 - V-type proton ATPase subunit a; LOC727630 - V-type proton ATPase subunit a; Vha44 - V-type proton ATPase subunit C ; VhA13 - V-type proton ATPase subunit G ; vhaAC39- V-type proton ATPase subunit; Vha26- Uncharacterized protein; vhaSFD - Uncharacterized protein ; GB41385-PA - V-type proton ATPase subunit a, e **Succinato (B)** – LOC727212 - Uncharacterized protein; LOC551169 - Succinate dehydrogenase (ubiquinone) iron-sulfur subunit; LOC725566 - Succinate dehydrogenase (ubiquinone) cytochrome b small subunit ; LOC724321- annotation not available ; LOC408734 – Succinate dehydrogenase (ubiquinone) flavoprotein subunit; SdhC - Uncharacterized protein; Atp5a1 – ATP synthase subunit alpha; Ndufs2 - Uncharacterized protein; GB43795-PA - - annotation not available; Scsalpha – Succinate-CoA ligase (ADP/GDP-forming) subunit alpha, mitochondrial; Got2 – Aspartate aminotransferase.....**49**

**Figura 13-** Interações para composição das proteínas **Dineínas (A)**. Dmn – Dynactin subunit ; dyn-p25 - Dynactin 5, p25 subunit; Sdic1 – Sperm-specific dynein intermediate chain ; CG12042 - Dynactin 4, p62 subunit ; Arp10 – Actin-related protein 10, isoform A; Arp1 – Actin-related protein 1; I(2)37Ce - Dynactin 6, p27 subunit ; Lis-1-Lissencephaly-1 homolog; CG9279 – Isoform B, Dynein binding ; sw – Cytoplasmic dynein intermediate chain ; Dhc64C – Dynein heavy chain 64C ; e **Tubulina (B)** – LOC550827 – Tubulin alpha chain; LOC724291 - Tubulin alpha chain; LOC411519 - Tubulin alpha chain; LOC552766 - Tubulin alpha chain; LOC727524 – annotation not available; LOC410614 - Tubulin alpha chain ; LOC412886 - Tubulin alpha chain ; LOC408388 - Tubulin alpha chain; LOC410559 - Tubulin alpha chain; GB42786-PA - annotation not available .....**52**

**Figura 14-** Grupos de processos biológicos, e as quantidades de funções proteicas observadas em cada processo biológico comuns aos três grupos de estudo (controle, tratado com AmTRP (254 - 262) e AmAST A (59–76)).....**54**

**Figura 15-** Gráfico de barras mostrando a comparação das quantidades de proteínas dos processos biológicos de cada grupo de estudo: controle (azul), AmTRP (254 - 262)(laranja), AmAST A (59–76) cinza).....**55**

## LISTA DE ABREVIATURAS

<b>ADP</b>	Adenosina difosfato
<b>AIA</b>	Acetato de isoamilo
<b>AmAST A (59–76)</b>	alatostatina
<b>ATP</b>	Adenosina trifosfato
<b>CDL</b>	<i>curved dessolvation line</i>
<b>CID</b>	Dissociação induzida por colisão
<b>cm</b>	Centímetro
<b>Da</b>	Daltons
<b>DNA</b>	Ácido desoxirribonucleico
<b>DTT</b>	Ditiotreitol
<b>ESI</b>	Ionização Eletrospray
<b>FADH2</b>	Flavina adenina dinucleotídeo
<b>GO</b>	<i>Gene Ontology</i>
<b>GTP</b>	Guanina trifosfato
<b>IAA</b>	Iodoacetoamida
<b>kDa</b>	kilodaltons
<b>kHz</b>	kiloheartz
<b>kV</b>	kilovolts
<b>K+</b>	Íon potássio
<b>LC-MS</b>	Cromatografia líquida acoplada a espectrometria de massas
<b>M</b>	Molar
<b>mm<sup>3</sup></b>	Milímetro cúbico
<b>m/v</b>	Relação massa/volume

<b>m/z</b>	Relação massa/carga
<b>MALDI</b>	Ionização a laser assistida por Matriz
<b>MeCN</b>	Acetonitrila
<b>Min</b>	Minuto
<b>mL</b>	Mililitro
<b>mM</b>	Milimolar
<b>MS</b>	Espectrometria de massas
<b>MS/MS ou MS2</b>	Espectrometria de massa ( <i>in tandem</i> )
<b>Na+</b>	Íon sódio
<b>NaCl</b>	Cloreto de sódio
<b>NADH</b>	Nicotinamida adenina dinucleótido hidreto
<b>ng</b>	Nanograma
<b>nm</b>	Nanômetro
<b>Nps</b>	Neuropeptídeos
<b>PTM</b>	Modificações pós-traducional
<b>QTOF</b>	Quadrupolo/ tempo de voo
<b>QTL</b>	<i>Quantitative Trait Loci</i>
<b>SERCA</b>	Cálcio ATPase sarcoplasmática do retículo
<b>SNC</b>	Sistema Nervoso Central
<b>STRING</b>	<i>Search Tool for the Retrieval of Interacting Genes/Proteins</i>
<b>TFA</b>	Ácido trifluoroacético
<b>TOF</b>	<i>“time of flight”</i> ou tempo de voo
<b>Triton X-100</b>	T-octilfenoxipolietanol
<b>AmTRP (254 - 262)</b>	Taquicinina

<b>TTC</b>	trifeniltetrazolium
<b>UFLC</b>	Cromatografia líquida de alto desempenho
<b>V</b>	Volts
<b>v/v</b>	volume/volume
<b>XIC</b>	<i>extracted ion chromatogram</i> – cromatograma de íons extraídos
<b>µg</b>	Micrograma
<b>µm</b>	Micrometro
<b>µL</b>	Microlitro
<b>%</b>	Porcento
<b>°C</b>	Graus Celsius

## SUMÁRIO

<b>1 INTRODUÇÃO</b> .....	<b>14</b>
<b>1.1 Insetos e o sistema nervoso</b> .....	<b>16</b>
<b>1.2 Defesa da colônia</b> .....	<b>18</b>
<b>1.3 Proteômica e Espectrometria de Massas</b> .....	<b>19</b>
<b>1.4 Neuropeptídeos: Taquicinina [AmTRP (254 - 262)] e Allostatina [AmAST A (59–76)]</b> .....	<b>21</b>
<b>1.5 Comportamento defensivo e os estudos a respeito do mesmo</b> .....	<b>23</b>
<b>2 OBJETIVOS</b> .....	<b>25</b>
<b>3 MATERIAIS E MÉTODOS</b> .....	<b>25</b>
<b>3.1 Material biológico</b> .....	<b>25</b>
<b>3.2 Teste de injeção na hemocele do inseto – Ensaio comportamental</b> .....	<b>26</b>
<b>3.3 Obtenção do cérebro e preparação do extrato de proteínas solúveis</b> .....	<b>27</b>
<b>3.4 Análise de proteínas solúveis por abordagem shotgun em instrumento do tipo QToF</b> .....	<b>28</b>
<b>3.5 Identificação de proteínas</b> .....	<b>29</b>
<b>3.6 Quantificação de proteínas <i>label-free</i></b> .....	<b>29</b>
<b>3.7 Análise de rede de interações proteína-proteína</b> .....	<b>29</b>
<b>3.8 Análise funcional</b> .....	<b>29</b>
<b>KEGG MAPPER</b> .....	<b>30</b>
<b>4 RESULTADOS E DISCUSSÕES</b> .....	<b>30</b>
<b>4.1 Ensaio biológico, agressividade e neuropeptídeos</b> .....	<b>30</b>
<b>4.2 Resultados obtidos para o tratamento dos dados com o algoritmo PEAKS 7, estratégias estabelecidas e análise de espectrometria de massas com instrumento micrOToF-QIII (Bruker Daltonics)</b> .....	<b>31</b>
<b>4.3 Proteínas únicas encontradas no grupo controle</b> .....	<b>35</b>
<b>4.3.1 Processos biológicos: metabolismo mitocondrial e transporte celular</b> .....	<b>36</b>
<b>4.4 Proteínas únicas encontradas no grupo tratado com o neuropeptídeo AmTRP (254 - 262)</b> .....	<b>40</b>
<b>4.5 Proteínas únicas encontradas no grupo tratado com o neuropeptídeo AmAST A (59–76)</b> .....	<b>42</b>
<b>4.6 Processos biológicos que tiveram maiores números de proteínas em AmTRP (254 - 262) e AmAST A (59–76)</b> .....	<b>44</b>

<b>4.6.1 Metabolismo energético .....</b>	<b>45</b>
<b>4.6.2 Citoesqueleto .....</b>	<b>50</b>
<b>4.7 Proteínas comuns aos três grupos tratados .....</b>	<b>53</b>
<b>4.8 Considerações gerais .....</b>	<b>55</b>
<b>5 CONCLUSÃO .....</b>	<b>57</b>
<b>REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....</b>	<b>58</b>
<b>APÊNDICES.....</b>	<b>63</b>

## 1 INTRODUÇÃO

Décadas de estudos com invertebrados têm estabelecido alguns animais como modelos robustos, confiáveis e influentes para o estudo da neurobiologia. Podemos observar um aumento significativo da aceitação desses animais, por diversas razões, como modelos de elevado potencial para o entendimento de questões básicas na biologia, particularmente ao nível comportamental, neural e molecular, o que tem proporcionado a adoção de novas ideias e conceitos no estudo do comportamento e da neurobiologia. Depois de um prolongado ceticismo, pode-se observar que o tipo de contribuição de alguns invertebrados para o desenvolvimento da neurociência está mudando, e ganhando importância (MENZEL 1985; SATTELLE e BUCKINGHAM, 2006).

As abelhas são insetos pertencentes à ordem Hymenoptera, superfamília Apoidea e a família Apidae (ZEWDU, et al. 2018) que se caracterizam por serem holometábolos, em que suas larvas são diferentes das formas adultas com uma fase de transição com enorme significado chamada de metamorfose. É na metamorfose que ocorre a maioria das mudanças morfológicas e fisiológicas do animal. Após o estágio larval as células de uma abelha em desenvolvimento apresentam poucas divisões celulares e as modificações estruturais são mais nítidas do que o aumento de um número total de células (CRUZ-LADIM, 2009).

Estes invertebrados são um grupo monofilético e tiveram sua maior irradiação adaptativa durante a era do Permiano (CRUZ-LADIM, 2009), e hoje *A. mellífera* é considerada um dos melhores e mais usados modelos biológicos de estudos nos estudos comportamentais, sociais e neurais.

No desenvolvimento inicial destes insetos as larvas apresentam um crescimento rápido, e na espécie *A. mellífera* apresentam diferenças nas taxas de crescimento entre as abelhas de uma mesma colmeia. As condições de temperatura e umidade são bem controladas dentro de uma colônia, porém as condições ambientais influenciam bastante no peso inicial das abelhas (CRUZ-LADIM, 2009). O crescimento delas depende diretamente da quantidade e qualidade dos alimentos disponibilizados às larvas e também da disponibilidade de recursos para a produção de alimentos que é estocado (CRUZ-LADIM, 2009). Por isso a divisão de tarefas nestes animais é tão significativa.

Nas abelhas animais sociais, a separação de funções entre os componentes de uma mesma colônia é essencial para a sobrevivência da mesma. É durante o desenvolvimento larval que se designam as abelhas para suas devidas funções. A distinção é iniciada através da alimentação das larvas; o poder nutricional como fator de determinação de castas já é estudado

através de perfis proteômicos envolvidos no terceiro estágio larval, em que o tempo de nutrição é um influenciador no destino das castas (ZEWDU, et al. 2018).

A diferenciação das castas também pode ser determinada por condições ambientais influenciando diretamente na vida da colmeia, esse fato muitas vezes é decorrente do reflexo do fenômeno denominado polietismo, condição que indica troca de tarefas em uma colônia. A diferenciação pode se dar, também, através da expressão do hormônio juvenil.

Os indivíduos de uma colônia podem apresentar características morfológicas corporais distintas, e sendo do mesmo sexo podem desempenhar funções de acordo com seu papel dentro da colmeia (CRUZ-LADIM, 2009). A espécie *A. mellifera* apresenta uma divisão trófica bem definida, e o sucesso da existência da colônia é decorrente do bom desempenho das abelhas. As tarefas, de acordo com a idade das abelhas operárias, são vistas no quadro abaixo (Tabela 1):

**Tabela 1.** Idade das abelhas operárias dentro de uma colmeia e suas determinadas funções.

Idade	Função
1º ao 5º dia	Realizam a limpeza dos alvéolos e de abelhas recém-nascidas
5º ao 10º dia	São chamadas abelhas nutrizes porque cuidam da alimentação das larvas em desenvolvimento. Nesse estágio, elas apresentam grande desenvolvimento das glândulas hipofaríngeas e mandibulares, produtoras de geléia real.
11º ao 20º dia	Produzem cera para construção de favos, quando há necessidade, pois nessa idade as operárias apresentam grande desenvolvimento das glândulas ceríferas. Além disso, recebem e desidratam o néctar trazido pelas campeiras, elaborando o mel, e estocam o pólen nos favos.
18º ao 21º dia	Realizam a defesa da colmeia. Nessa fase, as operárias apresentam os órgãos de defesa bem desenvolvidos, com grande acúmulo de veneno. Podem também participar do controle da temperatura na colmeia.
22º dia até a morte	Realizam a coleta de néctar, pólen, resinas e água, quando são denominadas campeiras.

**Fonte:** série Produtor Rural nº 53 – Manejo da agressividade das abelhas africanizadas (2012).

## 1.1 Insetos e o sistema nervoso

O sistema nervoso opera esta transformação/associação de estímulos, detectando moléculas químicas, por meio do processamento das representações neurais e formando a percepção; esses aspectos têm sido objetos de intensa investigação, tanto em vertebrados como em insetos (GIURFA, 2007). O sistema nervoso é responsável pelo controle de diversas atividades biológicas, tais como controle da percepção, do comportamento, da cognição, da memória, dentre outras atividades. Apesar dos grandes avanços científicos, os conhecimentos atuais sobre essa complexa estrutura biológica estão longe de explicarem suas funções. Nesse contexto, existe uma abordagem emergente nos últimos anos, que visa à compreensão ao nível molecular, dos mecanismos envolvidos na função cerebral, sob o ponto de vista da regulação da expressão de proteínas – a neuroproteômica (BECKER et al., 2007). O termo neuroproteômica começou a ser utilizado em 2004 por Kim e colaboradores (2004) e continuou ganhando enorme aceitação como uma subárea da proteômica (BUTCHER, 2007).

A necessidade de conhecer o sistema nervoso de invertebrados apareceu a partir de pesquisas comprovando a incrível flexibilidade do sistema nervoso e sensorial de inúmeros outros insetos, como o modelo mais utilizado para estudos de neurobiologia, a *Drosophila melanogaster* (JEIBMANN e PAULUS, 2009; BELLEN et al., 2010). As abelhas africanizadas *A. mellifera*, são objeto de estudo de extrema importância na biologia da neurociência devido sua grande capacidade de realizar diversas funções em nível de escala social. Como já mencionado, as castas são interações de genes específicos agindo de modo a determinar as diferentes tarefas designadas para cada abelha, além do envolvimento proteico desde a alimentação diferenciada entre as abelhas, até o envolvimento de certas proteínas no cérebro desses animais atuando na parte comportamental, defensiva, na comunicação social, na aprendizagem e até na formação da memória (GIURFA e SANDOZ, 2012; MULLER et al., 2012).

Sendo um modelo neurobiológico importante devido a sua complexidade neural e uma arquitetura cerebral tanto quanto simples, as abelhas apresentam um cérebro bem dividido e estruturado com funções complexas e que despertam enormes interesses no mundo científico (MENZEL et al., 2006).

A maior parte dos estudos realizados com este grupo animal são realizados a partir de ensaios comportamentais em que a capacidade de cognição é analisada. Abelhas são capazes de aprender uma série de tarefas, se treinadas para tal. Além disso, observa-se que atualmente as abelhas têm sido utilizadas como modelos de aprendizagem e memória, destacando a sua

utilidade para a neurociência, em particular para o melhor entendimento das bases da cognição (MENZEL e GIURFA, 2001; GIURFA, 2003; MENZEL et al., 2006; MENZEL, 2012).

É de fundamental importância entender como um cérebro tão pequeno, se comparado com o dos vertebrados, possui capacidade de extrair e armazenar tantas informações de uma maneira tão impressionante. Tais cérebros possuem redes modulares de neurônios interconectados, que permitem respostas estereotipadas e flexíveis. (MENZEL e GIURFA, 2001).

O cérebro se apresenta subdividido em várias regiões onde cada uma desempenhará uma função específica de forma individual ou em conjunto para que ocorram respostas aos estímulos externos e internos (GALIZIA et al., 2012).

A capacidade cerebral das abelhas vem sendo desvendada ao longo das últimas décadas (VON FRISH, 1909; MENZEL 1985; GIURFA, 2007; MENZEL, 2012). Estudos envolvendo temas como memória, aprendizagem, comportamento e agressividade são incógnitas que aos poucos vão obtendo respostas através de diferentes ferramentas tecnológicas e conhecimentos de áreas como a genômica, proteômica, peptidômica entre outras necessárias para tentar entender o quanto complexo pode ser a atividade neural das abelhas (MENEGASSO et al., 2017; PRATAVIEIRA et al., 2014; RONGLI et al., 2013; GARCIA et al., 2009; TAKEUCHI et al., 2004 e UNO et al., 2007).

Projetos sobre o comportamento das abelhas permitem que os pesquisadores evoluam ao abordar os mecanismos neurais dentro e entre ação modular. Nesse sentido, as abelhas podem servir como modelo útil para o estudo de níveis intermediários de complexidade e das funções cognitivas e para a busca de seus substratos neurais (MENZEL e GIURFA, 2001).

Como citado anteriormente, o sistema nervoso das *A. mellifera* é estudado frequentemente por ser um sistema nervoso simples, mas com funções bem complexas. Apesar de um cérebro de menos de 1 mm<sup>3</sup> e composto por cerca de 950.000 neurônios esses insetos apresentam uma riqueza enorme em relação ao desempenho comportamental e sua plasticidade neuronal (MENZEL, 2012). Seu sistema sensorial é apresentado de maneira sofisticada em que questões como aprendizagem e memorização são bem identificados. Com um sistema nervoso bem estruturado e apresentando mecanismos essenciais para seu funcionamento é possível a percepção de que esse sistema não se diferencia tanto daquele encontrado nos vertebrados (MENZEL, LEBoulLE e EISENHARDT, 2006; PRATAVIEIRA, 2013).

Um estudo caracterizado por desenvolver-se com abordagens desse tema é o da pesquisadora Thaisa Roat e colaboradores (2008) em que a diferenciação do cérebro de *A. mellifera* durante a metamorfose diferenciando-as em castas e sexo é estudada. Neste estudo

utilizou-se procedimentos de eletroforese uni- e bidimensional, em que a eletroforese bidimensional lhe proporcionou uma melhor tecnologia na separação das proteínas. Nesta linha de estudos, outra pesquisa envolvendo o assunto e trazendo métodos tecnológicos mais sofisticados do que a eletroforese foi desenvolvido por Catae e colaboradores (2016), que utilizaram espectrometria de massas e a técnica de MALDI imaging; foi verificada a toxicidade ao inseticida imidacloprido, ao cérebro da abelha *A. mellifera*. Nesse estudo, foi demonstrado através da técnica MALDI imaging alterações na “distribuição espacial das proteínas presentes no sistema nervoso”, evidenciando as regiões cerebrais que foram seriamente afetadas pelo inseticida. Os resultados bioquímicos e morfológicos decorrentes dessas alterações, atingem assim o comportamento das *A. mellifera* e suas relações na colônia (CATAE, 2016).

## 1.2 Defesa da colônia

A defesa da colmeia é uma das principais e mais importantes tarefas de uma abelha operária, após o seu décimo oitavo dia algumas abelhas operárias tornam-se abelhas-guarda, ou seja, são aquelas que irão proteger a colônia contra qualquer ameaça. São elas os membros especializados que defendem a colônia podendo até sacrificar suas vidas para o bem maior que é a sobrevivência da colmeia.

Quando uma colônia está sob riscos de ameaças, as abelhas-guarda usam um meio de comunicação importante, os feromônios de alarme, e são através deles que as abelhas avisam umas às outras sobre o momento de tensão e alerta na colmeia. O feromônio de alarme tem como componente principal o acetato de isoamilo (AIA), uma substância que estimula as respostas defensivas das abelhas. Através de pesquisas foi possível identificar que esse composto aumenta os níveis cerebrais de serotonina e dopamina nestes animais o que tem como consequência principal a reação da abelha em atacar e ferocar (NOUVIAN, et al. 2018).

O cérebro da abelha está totalmente envolvido neste processo da comunicação, estimulado pelos feromônios de defesa. A neuroquímica do cérebro é o que traz a resposta da ameaça presente no comportamento das abelhas; relacionadas a isso aparecem as aminas biogênicas, moléculas sintetizadas pelo sistema nervoso, sendo que as mais importantes delas são a serotonina e a dopamina (MENZEL, 2012). Estas moléculas apresentam funções diferenciadas que vão de neuromoduladores a neurotransmissores ou até mesmo neurohormônios, eles circulam tanto na região da periferia cerebral quanto na região central. Essas moléculas apresentam-se como reguladores de comportamento e são bons candidatos a modular respostas defensivas em abelhas (NOUVIAN, et al. 2018).

Como já dito, a defesa de uma colônia é vital para as abelhas em decorrência da autotomia do ferrão após a ferroadada; com isto, o indivíduo perde também seu intestino, tendo como consequência a morte da abelha. O ferrão encontrado em muitas abelhas, como na *A. mellifera*, é uma estrutura característica dos himenópteros, ele é homólogo ao ovopositor de insetos que apresentam estruturas aculeadas (LENSKY e CASSIER, 1995; CRUZ-LADIM, 2008).

A evolução do desenvolvimento do ferrão tem sido bastante relevante, isso porque tal evolução tem acontecido devido ao crescente ataque predatório de vertebrados e até mesmo à predação por invertebrados como algumas espécies de formigas (CRUZ-LADIM, 2008) às colmeias de muitas abelhas. A parte de defesa através do ferrão pode ser feita tanto individual quanto coletivamente, como é no caso das abelhas sociais, onde um enxame de abelhas-guarda sai em defesa da colmeia.

*A. mellifera* apresenta autotomia do ferrão, que nada mais é que o “desprendimento” do ferrão de sua estrutura de fixação ao abdômen. Apesar de ser letal às abelhas, a autotomia que injetam o ferrão nos saqueadores ou predadores é vantajosa para as colônias com muitos indivíduos, pois acabam assim não afetando a sobrevivência da mesma. Nessa espécie de abelhas os ferrões apresentam diferenças morfológicas na rainha e nas operárias, sendo que as primeiras apresentam um ferrão maior (CRUZ-LADIM, 2009).

### **1.3 Proteômica e Espectrometria de Massas**

As proteínas são macromoléculas que desempenham funções importantes dentro dos seres vivos, podendo apresentar funções catalíticas, transportadoras, reguladoras, contráteis, enzimáticas, entre outras (LEHNINGER, 2014). Elas apresentam as mais variadas formas e são fundamentais para desencadear diversos processos dentro das células. Sua capacidade plástica de mudar sua conformação, conseqüentemente sua formulação química e sua funcionalidade dentro das células fizeram com que diversos pesquisadores tivessem motivos para ir além do que já se era conhecido sobre elas.

A proteômica surgiu como forma de estudo das proteínas através dos genomas, isto é, é um campo das “ômicas”, que estuda a estrutura, a funcionalidade e as interações que as proteínas (> 10kDa) exercem dentro das células (PRATAVIEIRA, 2013). Além disso, essa nova maneira de conceituar as mudanças dos perfis proteicos dentro das células, é também um mecanismo para entendermos as atividades metabólicas, bioquímicas e fisiológicas dos diferentes organismos (TEIXEIRA, R., CALÁBRIA, R. ESPINDOLA, F., 2007).

Com os avanços proteômicos a tecnologia não podia ficar para trás em relação a questões que envolvem a expressão molecular mais detalhada. A espectrometria de massas foi, e ainda é uma das principais ferramentas que acompanha o avanço dos estudos envolvendo proteínas e suas expressões; essa tecnologia permitiu que uma enorme quantidade de proteínas pudesse ser analisada em um curto período de tempo.

A espectrometria de massas é uma das técnicas mais eficazes para determinação de análises proteicas, pois determina a relação massa/carga ( $m/z$ ) de espécies ionizadas em fase gasosa (CARRILHO, M., WULFF, N., PALMA, M., 2008). É através dessa técnica que as análises proteômicas determinam diferentes conjuntos de informações presentes num organismo. As análises muitas vezes são essenciais para descobrir e caracterizar diversas isoformas proteicas, produtos de modificações pós-traducionais (PTM) sofridas por essas, entre outras informações codificadas pelos genes num proteoma (CARRILHO, M., WULFF, N., PALMA, M., 2008), enfatizando assim como sendo um método eficaz de investigação proteica em diversos tecidos animais.

Para analisar as amostras em um estudo proteômico, um equipamento indispensável é o espectrômetro de massas. O desenvolvimento do primeiro espectrômetro de massas se deu nos anos de 1918, por Dempster, onde a partir disso outros vários tipos de espectrômetros foram desenvolvidos, e com o avanço tecnológico rodeando o mundo após a revolução industrial, técnicas e ferramentas mais eficazes foram surgindo com os novos equipamentos, como por exemplo, as técnicas MALDI e ESI por volta dos anos 80 (PALMA, 2011?)

O espectrômetro de massas é um equipamento analítico que converte os componentes moleculares de uma amostra em íons, e com isso é possível a medição da sua relação massa/carga ( $m/z$ ), que é então convertida em massa molecular. Esse equipamento é constituído por cinco componentes importantes na detecção dos íons de uma amostra, são eles: fonte de íons, analisador de massas, um detector e sistemas de aquisição e processamento de dados (CARRILHO, M., WULFF, N., PALMA, M., 2008). O que diferencia muitas vezes um espectrômetro do outro é o tipo de analisador de massas, ou seja, dependendo do tipo de amostra que é analisado os analisadores podem ter certos pontos positivos ou negativos, dependendo da resposta que o estudo em desenvolvimento deseja obter. Os analisadores de massa são os responsáveis por separar os íons em proporção massa/carga ( $m/z$ ), eles podem ser dos tipos *time-of-light*, *ion-trap*, *quadrupolos*, *orbitrap*, etc.

Para complementar a identificação dos dados, os espectrômetros de massas apresentam sistemas de bioinformática capazes de fornecer informações sobre as moléculas encontradas através de seus bancos de dados. A reconstrução dos peptídeos após a fragmentação feita pelo

espectrômetro de massas, geralmente é uma tarefa designada aos algoritmos, embora também possa ser feita manualmente (HEIN et al., 2013; EMIDIO et al., 2015). Algoritmos como por exemplo, o MASCOT (<http://www.matrixscience.com/>), são responsáveis por fazerem comparações desses fragmentos pépticos e de seus espectros, com o banco de proteínas presentes em seus sistemas. As proteínas encontradas como respostas às amostras analisadas apresentam um grau de confiança de acordo com suas taxas de cobertura alcançadas, ou seja, as proteínas são mais confiáveis quando são elevados os números de peptídeos encontrados na sequência espectral fornecida (EMIDIO et al., 2015).

#### **1.4 Neuropeptídeos: Taquicinina [AmTRP (254 - 262)] e Allostatina [AmAST A (59–76)]**

A importância das abelhas como sendo um famoso modelo neurobiológico é indiscutível. Sua simplicidade cerebral é um dos temas mais estudados, abrangendo desde capacidades de aprendizagem e memorização até comportamentos agressivos. Sabe-se que muitos desses comportamentos são adquiridos de acordo com a idade desses insetos que vivem em sociedade (MENZEL, 2015), e que mudanças bioquímicas e fisiológicas acontecem em seus cérebros para que tais comportamentos sejam realizados quando necessário; essas mudanças, acontecem devido a alterações de diversas moléculas no organismo dos indivíduos. Dentre essas moléculas encontram-se aquelas que desempenham papéis essenciais para o funcionamento do sistema nervoso central (SNC) de muitos animais, inclusive dos insetos, essas moléculas são os neuropeptídeos (SCHOOFS e BEETS, 2013).

Os neuropeptídeos são moléculas diversificadas que apresentam algumas funções importantes dentro dos organismos. Eles podem atuar como mensageiros com grande diversidade estrutural, funcionam como moduladores de processos comportamentais e fisiológicos, além de atuarem como sinalizadores nervosos e endócrinos em diferentes espécies de animais (BROCKMANN et al., 2009, PRATAVIEIRA, 2013). Para a realização do processamento e transmissão de informações no cérebro, a família de neuropeptídeos é uma das mais atuantes no nos insetos, se comparados com os grupos de neurotransmissores, e neuromoduladores existentes não pertencentes a essa classe (KREISSL, STRASSER e GALIZIA, 2010).

O presente trabalho estudou a agressividade das abelhas *A. mellifera* a partir da injeção dos neuropeptídeos AmTRP (254 - 262) e AmAST A (59–76), sintetizados em laboratório, mas que nas espécies *in natura* são atuantes nas funções comportamentais e fisiológicas desses

animais. É importante ressaltar que esses neuropeptídeos utilizados nesse trabalho são produzidos na forma de precursores de taquicininas e alostatinas, que desempenham diversas funções dentro dos cérebros das abelhas (PRATAVIEIRA, 2013).

As taquicininas [AmTRP (254 – 262)] são uma família de neuropeptídeos que têm uma ampla distribuição de sequências dentro dos vertebrados e invertebrados. Seu grande grupo apresenta sequência C-terminal: -FX<sub>1</sub>GX<sub>2</sub>R-NH<sub>2</sub>, com as posições X<sub>1</sub> e X<sub>2</sub> podendo variar (PRATAVIEIRA, 2013). Suas funções são bem diversificadas, mas sempre estão envolvidas com o sistema nervoso dos animais; desempenham importantes funções fisiológicas, atuando desde a regulação do estresse, que excitam o moínho gástrico dos mamíferos até ritmo pilórico dos crustáceos (HUI et. al, 2011). Nos insetos as AmTRP (254 - 262) podem ter outras funções, um exemplo disso são nas baratas *Leucophaea maderae*, um tipo denominado de AmTRP (254 - 262) atua na modulação e sensibilidade de fotorreceptores em combinação com o GABA (GLANTZ et. al, 2000; PRATAVIEIRA, 2013).

Três famílias de alostatinas [AmAST A (59–76)] são descritas na literatura com base na suas estruturas moleculares conservadas, são as famílias dos tipos A, B e C, cada uma encontrada inicialmente em diferentes tipos de artrópodes, sendo o tipo-A em baratas (*Diploptera punctata*), o tipo-B em grilos (*Gryllus bimaculatus*) e o tipo-C em mariposas (*Manduca sexta-feira*). Todos os tipos de AmAST A (59–76) apresentam a sequência C-terminal comuns aos membros da família (LIU et. al, 2019).

As alostatinas [AmAST A (59–76)] são neuropeptídeos que se encontram em grande abundância nos artrópodes, principalmente por ter uma função que abrange grandes famílias de insetos, como a inibição do hormônio juvenil (JH) pela corpora allata (LIU et. al, 2019). Porém, esta classe de neurotransmissores é bastante encontrada em outros tipos de invertebrados, como os crustáceos, e apresentam funções além da inibição do JH, a regulação da atividade miotrópica e neuromodulação, entre outras atividades biológicas (STAY e TOBE, 2007; PRATAVIEIRA, 2013). O que acontece é que as AmAST A (59–76) ainda não apresentam muitos estudos sobre suas funções em diversas classes de insetos, acarretando possíveis ações biológicas ainda não terem sido descritas.

Com base alguns estudos, estes neuropeptídeos AmTRP (254 - 262) e AmAST A (59–76) apresentam importante expressão quando indivíduos da espécie *A. mellifera* encontram-se em estado agressivo. Uma intensa atividade cerebral é observada quando estes indivíduos estão sob alguma forma de ataque e, conseqüentemente, o comportamento agressivo é a resposta imediata que eles adquirem. A complexidade do comportamento agressivo é muito grande, e envolve tantas estruturas cerebrais, que ela pode até ser classificada com o mesmo

nível de complexidade de memorização e aprendizagem das abelhas, já destacados anteriormente (PRATAVIEIRA, 2013).

### **1.5 Comportamento defensivo e os estudos a respeito do mesmo**

A agressão das abelhas como mecanismo de defesa gera inúmeras mudanças bioquímicas e fisiológicas em todo o corpo do animal. Segundo Herb e colaboradores (2018) “A agressão é influenciada pela variação individual no temperamento, bem como na plasticidade comportamental em resposta à adversidade”.

O conhecimento dos efeitos genéticos e sociais da agressão em abelhas, juntamente com uma epigenética totalmente funcional, tornam as abelhas um excelente organismo para estudar a base molecular da agressão. Um estudo envolvendo a metilação do DNA de abelhas agressivas das espécies *A. mellifera* demonstrou que existem diferenças nos níveis de metilação do DNA quando essas abelhas serão atacadas (HERB, et al. 2018).

Herb e colaboradores (2018) demonstraram que a metilação do DNA ocorre no cérebro dessas abelhas, havendo uma diferença em todo o genoma desses insetos. A metilação do DNA acarreta mudanças no cérebro das abelhas, demonstrando plasticidade comportamental, principalmente na troca entre funções de indivíduos cuidadores e indivíduos forrageadores.

Estudos envolvendo a genômica são frequentes em insetos devido à importância extremamente significativa na obtenção de conhecimento e informações a partir de genes do animal. Em estudo realizado por Shorter e colaboradores (2012), foram identificados genes que influenciam o comportamento defensivo em abelhas. Os pesquisadores tiveram como objetivo diferenciar genes que estão relacionadas com o ato de ferrear e genes que estão envolvidos com o comportamento de guarda, e avaliar se existe relação entre um comportamento e outro. Eles foram capazes de identificar duas novas regiões QTL (*Quantitative Trait Loci*) para o comportamento de ferrear e outra região QTL para o comportamento de guarda. Diversos genes candidatos estão envolvidos em sinalização neural, desenvolvimento neural e desenvolvimento muscular que podem influenciar em ambos os comportamentos.

A proteômica e a peptidômica vem tomando um amplo espaço tanto nos estudos comportamentais, principalmente quando relacionados a estudos do sistema nervoso (MENEGASSO et al., 2016; PRATAVIEIRA et al., 2018; GARCIA et al., 2009). As respostas para tais perguntas vêm sendo adquiridas através do auxílio de técnicas extremamente sofisticadas tecnologicamente, fornecendo assim, estudos mais detalhados nestas áreas da proteômica e peptidômica. Apesar de ser uma ciência mais recente, essas novas “ômicas” são

vistas como meios de informações preciosas para compreensão desses fenômenos ao nível molecular.

Como já mencionado, avanços na espectrometria de massas oferecem atualmente uma ótima oportunidade para estudos na investigação de interações moleculares em amostras de tecido. Um exemplo destes avanços foi o desenvolvimento da técnica MALDI Mass Spectral Imaging (MALDI MSI) voltada para a análise da distribuição espacial de compostos químicos em cortes histológicos. Essa técnica utiliza a sensibilidade e a especificidade da espectrometria de massas para mapear e produzir imagens bidimensionais, uma “fotografia química”, de moléculas presentes em cortes histológicos, proporcionando o estudo da interação molecular, complexidade e abundância relativa de biomoléculas. Um dos estudos em que os peptídeos são objetos de estudos no comportamento agressivo das abelhas é o de Pratavieira e colaboradores (2018). Neste trabalho, foi desenvolvida uma nova plataforma analítica para MALDI MSI em cérebro de abelhas *A. mellifera*, que possibilitasse o estudo da distribuição espacial de alguns neuropeptídeos (Nps) importantes fisiologicamente (alostatina [AmAST A (59–76)] e taquicinina [AmTRP (254 - 262)]). Esses Nps foram estudados no cérebro de abelhas operárias com 20 dias de idade, comparando indivíduos que tiveram o comportamento agressivo estimulado (indivíduos “agressivos”) e indivíduos que não exerceram o comportamento agressivo (indivíduos controle). Um perfil diferente de Nps foi observado em diferentes regiões do cérebro, incluindo diferenças qualitativas e quantitativas relativas entre os grupos não-agressivo e agressivo. Essas diferenças demonstram a complexidade do cérebro desses insetos, e a distribuição heterogênea dos Nps estudados, indicando que essas moléculas atuam em regiões específicas do cérebro e que possam atuar na modulação do comportamento agressivo (PRATAVIEIRA et al. 2018). Esse trabalho demonstrou ser possível induzir fisiologicamente a agressividade em abelhas, injetando-se os peptídeos alostatina ou taquicinina na hemocele desses insetos.

A partir do estudo feito por Pratavieira e colaboradores (2018), mencionado acima, é que se desenvolveu um estudo inovador que tem como objetivo principal a análise proteômica de abelhas “induzidas fisiologicamente a se tornarem agressivas” (pela injeção na hemocele de neuropeptídeos sintéticos), permitindo estudar em profundidade as transformações proteico-metabólicas do comportamento agressivo em abelhas.

## 2 OBJETIVOS

Muitos dos relatos feitos acima estão relacionados com as alterações de comportamento e ontogenia em *A. mellifera*, comprovando que a análise do perfil proteico de proteínas do cérebro contribui enormemente para a compreensão dos processos metabólicos ocorridos no cérebro de abelhas, durante a transição entre o estado comportamental “não agressivo”, para a condição “agressiva”. Para a elucidação de problemas biológicos utilizando-se a abordagem neuroproteômica é necessário a utilização de várias ferramentas modernas de biotecnologia (ALZATE, 2010). Desse modo iremos utilizar algumas técnicas, tais como a espectrometria de massas e a quantificação de proteínas, na tentativa de melhor compreender o comportamento agressivo em abelhas.

Sendo assim, o presente estudo tem como objetivos específicos:

- Análise proteômica do cérebro de abelhas tratadas com o peptídeo AmTRP (254–262): ARMGFHGMR-NH<sub>2</sub>;
- Análise proteômica do cérebro de abelhas tratadas com o peptídeo AmAST A (59–76): AITYVSEYKRLPVYNFGL-NH<sub>2</sub>;
- Análise proteômica diferencial dos grupos: controle (injetado com solução salina 0,9 % m/v) vs grupo injetado com AmTRP (254 - 262) vs o grupo injetado com AmAST A (59–76).

## 3 MATERIAL E MÉTODOS

### 3.1 Material biológico

A metodologia empregada para o desenvolvimento do trabalho utilizou-se de cérebros de abelhas da espécie *A. mellifera* que foram mantidas no apiário do Departamento de Biologia Geral e Aplicada, do Instituto de Biociências de Rio Claro - UNESP – Rio Claro. A colônia utilizada apresentou-se livre de doenças, bem alimentada e com uma rainha em franca postura.

Inicialmente, um favo contendo larvas (livre de abelhas) foi coletado da colônia e mantido em uma câmara incubadora (B.O.D) a 32°C e umidade relativa de 70%. Utilizando esse procedimento, obteve-se abelhas de idade conhecida (0-24 h). As abelhas recém-emergidas tiveram seu tórax marcado com tinta atóxica, de coloração branca e devolvidas à colônia para coleta posterior quando atingiram 7 dias.

## Síntese de peptídeos

Os peptídeos foram sintetizados em um sintetizador automático, modelo Prelude (PROTEIN TECHNOLOGIES INC., USA), através do método de síntese em fase sólida, utilizando-se N-9-fluorenilmetoxicarbonil, também conhecida como estratégia Fmoc. Os peptídeos foram sintetizados utilizando-se 100 mg de resina NovaSyn TGR, com grau de substituição de 0,2 mmol e/g. Em cada ciclo da síntese foi adicionado Fmoc-aminoácido-OH (NOVABIOCHEM), contendo N-Hidroxibenzotriazol (HOBt.H<sub>2</sub>O, NOVABIOCHEM) e N-Metilmorfolina (NNM, ALDRICH) como agentes ativadores dos aminoácidos e HexafluorofosfatoBenzoitriazol-1-il-1-oxi-tris-pirrolidino-fosfinio(PyBOP, NOVABIOCHEM) como agente acoplante, por um período de 30 minutos. Após cada ciclo de acoplamento foram realizadas cinco lavagens da resina com N-N-Dimetilformamida (DMF, SIGMA). A retirada do Fmoc foi realizada utilizando-se Piperidina (SIGMA) 30% (v/v) em DMF.

Todas as reações foram realizadas sob agitação mecânica em capela de segurança. Após a acoplagem do último resíduo de aminoácido, a resina será lavada com metanol (MALLINCKRODT) e seca em liofilizador (HETO, modelo MLW – LGA 05). Após a secagem, foi feita a clivagem entre peptídeo/resina utilizando-se uma solução de ácido trifluoroacético (TFA) 82,5% (v/v) (MALLINCKRODT), Anisol 5% (v/v) (SIGMA), Etanoditiol 2,5% (v/v) (ALDRICH), Fenol 5% (m/v) e água ultrapurificada 5% (v/v), durante 2 horas sob agitação mecânica. Esta solução de TFA-Anisol-Etanoditiol-Fenol-Peptídeo foi filtrada para a retirada da resina e centrifugada a 4° C (EPPENDORF, modelo 5810R) por 15 minutos a 3000 rpm na presença de éter etílico (SYNTH). O material sedimentado foi então ressuspensionado em água ultrapurificada MilliQ Advantage A10 (MILLIPORE) para então ser purificado através de cromatografia líquida. O controle de qualidade foi feito por análises de espectrometria de massas (ESI-MS).

### 3.2 Teste de injeção na hemocele do inseto – Ensaio comportamental

Após serem coletadas, as abelhas foram separadas em três grupos contendo 25 indivíduos cada; os insetos foram acomodados em caixas plásticas e incubados durante 5 minutos a 10°C em geladeiras para que ocorresse anestesia a frio, para que assim fosse possível a injeção dos peptídeos. As abelhas foram submetidas ao ensaio de injeção na hemocele com: (i) peptídeo sintético AmTRP (254 - 262); (ii) peptídeo sintetizado AmAST A

(59–76), e (iii) solução salina 0,9% (m/v) NaCl – grupo controle. No caso dos peptídeos sintéticos foram injetados 2  $\mu$ L (1 ng) em cada abelha.

Foi montado um ensaio comportamental com base no protocolo de estudo desenvolvido por Stort (1974) e adaptado com Pratavieira e colaboradores (2018), para que fossem realizadas as escolhas e capturas das abelhas que efetuassem os comportamentos agressivos, quando submetidas a injeção dos peptídeos sintéticos.

O ensaio consistiu na montagem de arenas, caixas plásticas (25 cm de diâmetro X 15 cm de altura) cobertas com tampas também plásticas que serviram como o ambiente para visualização e observação dos comportamentos das abelhas. As arenas foram mantidas em temperatura ambiente (25°C) e continham alimento (uma pasta de carboidratos), e água *ad libidum*. Essa preparação serviu para que as abelhas encontrassem um ambiente menos perturbador possível; após a injeção dos neuropeptídeos em suas hemocelas as abelhas eram aclimatas nesses lugares por um período de 30 minutos, isso porque era preciso que elas se recuperassem do estresse causado pelo manuseio.

Após o processo de aclimação das abelhas, uma bola de camurça preta foi presa por um barbante, sobre a, e era ocasionalmente balançada com o intuito de causar perturbação e instigar o comportamento agressivo. O comportamento das abelhas foi observado por 50 minutos, e somente as abelhas que apresentaram algum tipo de comportamento agressivo fizeram parte do grupo tratado com AmTRP (254 - 262), ou com AmAST A (59–76). No caso do grupo controle, nenhum comportamento agressivo podia ser executado, ou a abelha seria eliminada do grupo. As abelhas foram colocadas em nitrogênio líquido após os 50 minutos de observação.

### **3.3 Obtenção do cérebro e preparação do extrato de proteínas solúveis**

Para análise do proteoma solúvel do cérebro das abelhas ensaiadas para o comportamento citado anteriormente, a cabeça de cada indivíduo foi removida, e o cérebro foi dissecado com o auxílio de um bisturi na presença de *cocktail* inibidor de protease.

Os cérebros foram macerados em presença de tampão de lise Urea 7M, Thiourea 2M, 1% DTT, 2% Triton X-100 (adaptado de Garcia e colaboradores, 2009) com adição de *cocktail* inibidores de protease. Em seguida, a amostra foi submetida à centrifugação de 12.000 rpm por 10 minutos. O sobrenadante foi filtrado em filtro Millipore de 10 kDa, quantificado pelo método de Bradford (ZAIA, ZAIA e LICHTIG, 1998), e 300 $\mu$ g de amostra foram separados para a digestão trípica.

Para realização da digestão trípica as amostras foram solubilizadas em tampão bicarbonato de amônio 100mM, ureia 3M, pH 7,8 e ficaram em estufa a 37°C por uma hora. Em seguida, foi adicionado 10 µL de DTT (10 mM) e as amostras foram armazenadas em estufa a 37°C pelo período de uma hora. Solução de IAA (25 mM) foi adicionada e a solução foi mantida no escuro à temperatura ambiente por mais uma hora. As amostras foram então diluídas em tampão bicarbonato de amônio 100 mM na proporção 1:4. Por fim, foi adicionada enzima tripsina (Promega) (20 ng/µL) e as amostras ficaram em estufa a 37°C *overnight*. Após paralisação da reação com ácido fórmico 96% (v/v) as amostras foram submetidas a coluna Sep-Pack C18 (Waters) para concentração das amostras e então foram analisadas sistema µLC-ESI-microTOF-QIII (Bruker Daltonics).

### **3.4 Análise de proteínas solúveis por abordagem “shotgun” em instrumento do tipo QToF**

Após o preparo da amostra, uma alíquota de 15 µg foi analisada por espectrometria de massas, com a utilização de um sistema µLC-ESI-microTOF-QIII (Bruker Daltonics) acoplado (“on-line”) a um sistema UFLC (SHIMADZU), contendo duas bombas LC-20AD, amostrador automático SIL-20AHT. As análises cromatográficas foram realizadas sob gradiente de MeCN de 5 a 95% (v/v), contendo 0,05% (v/v) de TFA por 70 min., utilizando-se uma coluna Discovery® BIO Wide Pore C18, 5 µm (15 cm x 1.0 mm) (Supelco Analytical). A eluição dos componentes foi monitorada por absorvância ultravioleta a 214 nm, com fluxo de 0,2 mL/min. A obtenção dos espectros de massas foi realizada em um espectrômetro de massas equipado com fonte de ionização “electrospray” (ESI), e analisador de massas híbrido formado pela combinação de sistemas quadrupolo e “*Time-of-Flight*” (Q-ToF) (Bruker Daltonics). As análises foram realizadas no modo positivo (ESI+) e contínuo; durante todo o experimento o software HyStar v3.2 (Bruker Daltonics) foi utilizado para controle de aquisição e análise de dados. Durante todos os experimentos a temperatura do CDL (*curved desolvation line*) e da interface foi mantida a 200° C, a voltagem na agulha a 4 kV e a voltagem no cone a 8 V. O espectrômetro de massas foi calibrado através da solução *Electrospray Calibrant* (Sigma-Aldrich). A detecção no espectrômetro de massas foi realizada com varreduras feitas no intervalo de  $m/z$  50 a  $m/z$  3000, com uma resolução de aproximadamente 15.000.

Os experimentos de espectrometria de massas sequenciais, ou seja, espectros de fragmentação peptídica em condições de decomposição induzida por colisão (CID) (MS<sup>2</sup>) foram realizados utilizando-se os mesmos parâmetros dos experimentos de MS<sup>1</sup>. Foi utilizado

hélio como gás de colisão, a uma pressão de 100 kPa, utilizando-se energia de colisão de 50% e frequência de 30 kHz, para os íons moleculares de carga +2 ( $[M+2H]^{+2}$ ), carga + 3 ( $[M+3H]^{+3}$ ) e assim sucessivamente.

### 3.5 Identificação de proteínas

Para as proteínas solúveis foi utilizado os softwares HyStar e oToF (Bruker Daltonics) para aquisição de todos os dados de espectrometria de massas, e o DataAnalysis (Bruker Daltonics) combinado com o Mascot Distiller foram utilizados para tratar e submeter os dados combinados de MS<sup>1</sup> e MS<sup>2</sup>. As identificações de proteínas foram obtidas através da ferramenta de bioinformática Mascot v2.3, utilizando-se banco de proteínas restringido para o gênero *Apis* (NCBI). Os parâmetros de pesquisa utilizados foram: inexistência de restrições à massa molecular da proteína, uma perda de clivagem tríplica, modificações fixas de oxidação da metionina e modificação variável de carbamidometilação. Os erros de tolerância utilizados nas buscas foram de 0,5 Da para MS1 e 0,3 Da para MS2.

### 3.6 Quantificação de proteínas *label-free*

A quantificação de proteínas *label-free* foi feita de acordo com os valores de XIC fornecido pelo software PEAKS Studio 7.

### 3.7 Análise de rede de interações proteína-proteína

Para as proteínas identificadas somente no grupo controle foram criadas redes de interações de proteínas através do software String versão 10 (disponível em <http://string-db.org>) (SZKLARCZYK et al., 2014) a fim de se compreender como as proteínas dos grupos AmTRP (254 - 262) e AmAST A (59–76) interagem entre si.

### 3.8 Análise funcional

#### KEGG MAPPER

As sequências das proteínas mais abundantes em cada um dos grupos foram também submetidas ao tratamento de dados com o algoritmo KEGG MAPPER, disponível dentre as ferramentas analíticas da Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes

(<http://www.genome.jp/kegg/mapper.html>). As funções presentes na ferramenta KEGG consistem em disponibilizar vias metabólicas, informações genômicas e de moléculas químicas, apresentando interações moleculares em diversos organismos.

## 4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 4.1 Ensaio biológico, agressividade e neuropeptídeos

Para que o ensaio de agressividade ocorresse de forma coerente com o protocolo descrito por Stort (1974), e adaptado por Pratavieira e colaboradores (2018), as abelhas a serem utilizadas para o ensaio biológico foram previamente avaliadas, principalmente avaliar a condição de saúde das mesmas, dois dias antes a data inicial do experimento. Isso foi feito para que não ocorresse interferência nenhuma de má formação, ou saúde das colmeias trabalhadas.

As abelhas coletadas, após o ensaio biológico, observadas como sendo “agressivas” foram recolhidas e levadas à próxima etapa experimental, dissecação do cérebro. A partir disso, começaram as análises para a identificação das proteínas e elucidação de suas funções no metabolismo das abelhas (*A. mellifera*), foram feitas de acordo com protocolo *shotgun*.

A agressividade das abelhas foi observada através dos comportamentos que elas apresentavam quando injetados os neuropeptídeos em seus metabolismos. Após alguns minutos foi possível a observação de diversas características referentes ao comportamento agressivo, tais como: (i) voos curtos; (ii) atração pelo alvo; (iii) inspeção com a antena; (iv) movimento mandibular; (v) contração do abdômen; (vi) contração do ferrão; (vii) ato de ferrear.

Os comportamentos agressivos desses animais se dão principalmente por proteção a colônia. Ativar a liberação de feromônios, ferrear, inoculação do veneno em predadores são umas das formas que as abelhas estudadas encontraram para proteger sua colmeia, contra eventuais perturbações, que impedem a sobrevivência da colônia inteira.

A agressividade é um dos comportamentos que desencadeia uma série de mudanças proteicas no cérebro das abelhas, fazendo com que diversas proteínas clivem suas formas moleculares originais (PRATAVIEIRA, 2013), para “amadurecerem” e exercer suas funções, a fim de tornarem esses animais preparados fisiologicamente a qualquer ataque, e os manterem-se em posição de alerta.

Com isso, é fundamental o estudo do efeito das ações dos neuropeptídeos AmTRP (254 - 262) e AmAST A (59–76) para interpretação das mudanças cerebrais que ocorreram nas abelhas durante o decorrer do estudo e após a injeção deles. Esses neuropeptídeos foram

responsáveis por algumas das mudanças que ocorreram no comportamento das abelhas de 7 dias.

#### **4.2 Resultados obtidos para o tratamento dos dados com o algoritmo PEAKS 7, estratégias estabelecidas e análise de espectrometria de massas com instrumento micrOToF-QIII (Bruker Daltonics)**

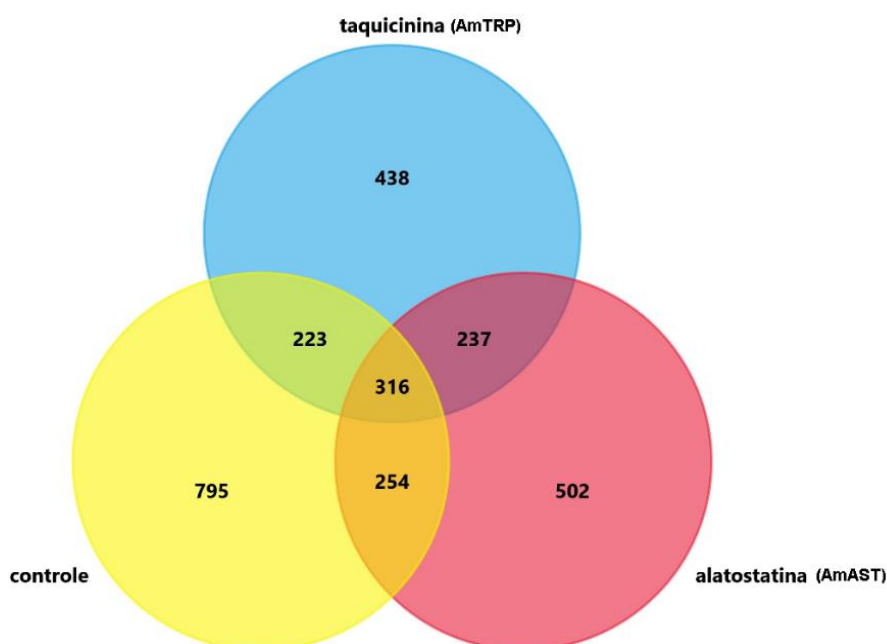
A extração de proteínas é uma etapa extremamente importante para a obtenção de quantidades proteicas significativas. Para as amostras analisadas o processo de extração se deu a partir do protocolo adaptado de Garcia e colaboradores (2009) na utilização de tampão de lise Urea 7M, Thiourea 2M, 1% DTT, 2% Triton X-100 com adição de *cocktail* inibidores de protease, após todo o processo de ensaio comportamental e dessecação dos cérebros das abelhas como descrito no item 3.3.

As proteínas foram identificadas através do banco de dados presentes NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) e pelo algoritmo PEAKS, utilizando-se bancos de dados de três grupos taxonômicos: (i) *Apis mellifera*, (ii) *Hymenoptera* e (iii) grupo *Arthropoda*, onde foram armazenados junto ao programa, como opção de busca, e todos os dados obtidos foram reunidos e utilizados para identificação das proteínas encontrada nas amostras.

Com todo o procedimento realizado e as amostras submetidas aos processos de identificações proteicas, foram encontradas um total de 2765 proteínas, sendo que 438 são únicas do grupo tratado com AmTRP (254 - 262), 237 comuns entre o grupo tratado com AmTRP (254 - 262) e AmAST A (59–76), 502 únicas no grupo tratado com AmAST A (59–76), 254 comuns entre grupo controle e AmAST A (59–76), 795 únicas do grupo controle, 223 comuns entre controle e o grupo tratado com AmTRP (254 - 262), e 316 comuns aos três grupos (controle, e os grupos tratados com AmTRP (254 - 262) e AmAST A (59–76) (Figura 1).

Todas as proteínas foram reportadas no formato de tabelas nos apêndices; elas estão separadas de acordo com os grupos tratados e divididas a partir de seus processos biológicos, indicando nome das proteínas e código de acesso de acordo com o NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>). O apêndice 1 refere-se as proteínas únicas encontradas no grupo controle, o apêndice 2 as proteínas únicas do grupo AmTRP e o apêndice 3 as proteínas únicas referentes ao grupo AmAST.

**Figura1.** Diagrama de Venn apresenta a divisão dos grupos controle, taquicinina (AMTRP (254 - 262)) e alatostatina (AmAST A (59–76)), a quantidade de proteínas encontradas em cada grupo, bem como as proteínas compartilhadas por eles.



**Fonte:** criado pela autora, 2020.

Para ilustrar a separação dos grupos de estudo analisados e a quantidade de proteínas abordados a Figura 1 destaca essas informações através do Diagrama de Venn.

Como é possível observar na figura 1, foram encontrados números elevados de diferentes funções proteicas, considerando-se os três grupos experimentais. Os grupos destacados mostraram grandes números de proteínas únicas, o que de certa forma pode ser uma característica importante para o metabolismo do cérebro do inseto durante o comportamento agressivo.

Com base nos dados gerais quantitativos, os próximos tópicos irão abordar e discutir a importância dessas proteínas classificadas como únicas (exclusivas) de cada grupo (controle: 795 proteínas; tratado com taquicinina; 438 proteínas; e tratado com alatostatina 502 proteínas), e aquelas encontradas em comum aos três grupos, totalizando 316 proteínas.

Após a identificação das proteínas encontradas nos grupos AmTRP (254 - 262), AmAST A (59–76) e controle, elas foram categorizadas e classificadas em subgrupos de acordo com seus processos biológicos, pelo uso do algoritmo Gene Ontology (GO - <http://www.geneontology.org>). Estes processos biológicos foram complementados por consultas ao banco Uniprot (<https://www.uniprot.org/>), que traz como uma de suas abordagens a classificação das funções biológicas e moleculares de diversas proteínas.

Para melhor elucidação das funções utilizadas para categorizar as proteínas encontradas nas amostras de estudo, um total de 14 subgrupos de processos biológicos entre os três grupos experimentais desse trabalho (*housekeeping*, processamento do estímulo olfatório, síntese de proteínas, secreção de proteínas, degradação de proteínas, defesa celular, neuromodulação, adesão celular, transdução de sinal, metabolismo mitocondrial, metabolismo energético, metabolismo citoplasmático, citoesqueleto e transporte celular).

Os processos biológicos que categorizaram as proteínas encontradas nos grupos de estudo estão definidos abaixo, segundo a base Gene Ontology (GO-<http://www.geneontology.org>):

*Housekeeping*: são as proteínas que estão relacionadas aos processos de manutenção celular, mas não se encaixam dentro dos subgrupos destacados no trabalho.

Processamento do estímulo olfatório: tratam-se daquelas proteínas responsáveis por ativar os receptores do aparato olfatório do animal.

Síntese de proteínas: complemento de proteínas relacionadas a todo o processo de produção das mesmas.

Secreção de proteínas: refere-se a forma de secreção a que as proteínas são submetidas dentro das células; podendo ser secretadas através das vias do RER e complexo de Golgi, como pelas vesículas especializadas para esta função, associadas aos mecanismos de sinalização entre membranas celulares e RER.

Degradação de proteínas: as proteínas que não são mais necessárias, são regularmente degradadas, inicialmente por ubiquitinação, seguido por proteólise das proteínas que sofreram tal processo de modificação pós-traducional.

Defesa celular: as proteínas podem sofrer diferentes tipos de agressões químicas no ambiente celular, causando modificações conformacionais, que podem levar à perda de atividade biológica. Nas células existem um conjunto de proteínas que protegem outras proteínas, contra tais efeitos.

Neuromodulação: proteínas especializadas que apresentam a função de regular e manter os processos fisiológicos dos neurônios, principalmente a “decodificação” dos sinais elétricos entre os neurônios e o cérebro.

Adesão celular: trata-se das regiões de comunicação entre uma célula e outra, ou entre componentes celulares e aparatos da matriz extracelular.

Transdução de sinal: é a conversão de um sinal extracelular, em outro estímulo de natureza intracelular, estabelecendo comunicação intra-extracelular. Quando a célula obtém uma sinalização a partir de um processo e transmite a mensagem para um receptor específico este

capta o sinal e o converte em outro, dando uma resposta ao metabolismo celular, desencadeando diversos processos que serão realizados no meio intracelular.

Metabolismo mitocondrial (de natureza não energética): a mitocôndria é uma das mais importantes organelas de uma célula, atuando basicamente na produção de energia através de suas vias de biossíntese, e contribui com mecanismos do metabolismo intermediário e morte celular, além da detoxificação de muitos dos metabolitos.

Metabolismo energético: está envolvido com a produção energética situada em todo o metabolismo celular presente nos organismos. Atuando principalmente na manutenção e recomposição de energia para o desenvolvimento das tarefas celulares, priorizando o melhor funcionamento do metabolismo como um todo. Nesse subgrupo destaca-se a importante participação das vias metabólicas citoplasmáticas e mitocondriais, para recomposição e/ou produção de energia para atender às demandas fisiológicas do organismo.

Metabolismo citoplasmático: destaca-se as atividades celulares realizadas no citoplasma, região onde se encontram importantes vias metabólicas, que desempenham papéis fundamentais para a célula no geral. Processos como nutrição, transporte intracelular, anabolismo/catabolismo em geral, utilizando-se de vias do metabolismo primário e secundário.

Citoesqueleto: refere-se às proteínas que dão suporte estrutural às células; atuam basicamente no formato celular e mobilidade das organelas presentes no interior do citoplasma. O citoesqueleto também está envolvido nos processos de divisão celular, dando suporte aos cromossomos.

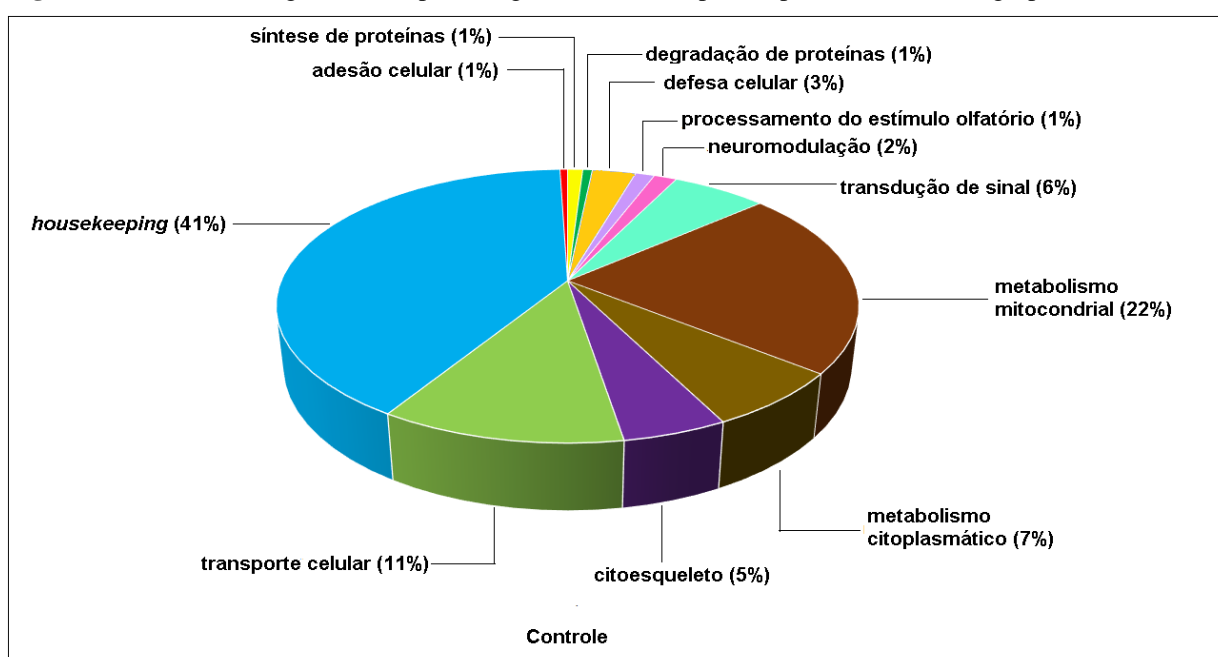
Transporte celular: trata-se de componentes celulares encarregados de transportar íons, pequenas moléculas ou até mesmo macromoléculas como as proteínas.

Todas essas classificações foram utilizadas dentro dos três grupos de estudo, grupo do controle, grupo da AmTRP (254 - 262) e grupo da AmAST A (59–76). Observou-se um número diferente de processos biológicos em cada grupo; assim, o grupo “controle” apresentou 12 grupos de processos biológicos (Figuras 2 e 3), enquanto que o grupo tratado com AmTRP (254 - 262) apresentou 11 tipos de processos biológicos diferentes (Figuras 6 e 7), e o grupo tratado com AmAST A (59–76) apresentou 12 desses processos biológicos (Figuras 8 e 9).

### 4.3 Proteínas únicas encontradas no grupo controle

O grupo controle teve um total de 795 proteínas únicas encontradas nas duplicatas biológicas do estudo; as abelhas deste grupo foram tratadas apenas com solução fisiológica (0.9%). A figura 2 revela os processos biológicos observados para as proteínas desse grupo, separados de acordo com os parâmetros descritos anteriormente, e as porcentagens encontradas nas amostras analisadas.

**Figura 2.** Processos biológicos e suas porcentagens, observados para as proteínas únicas do grupo controle.



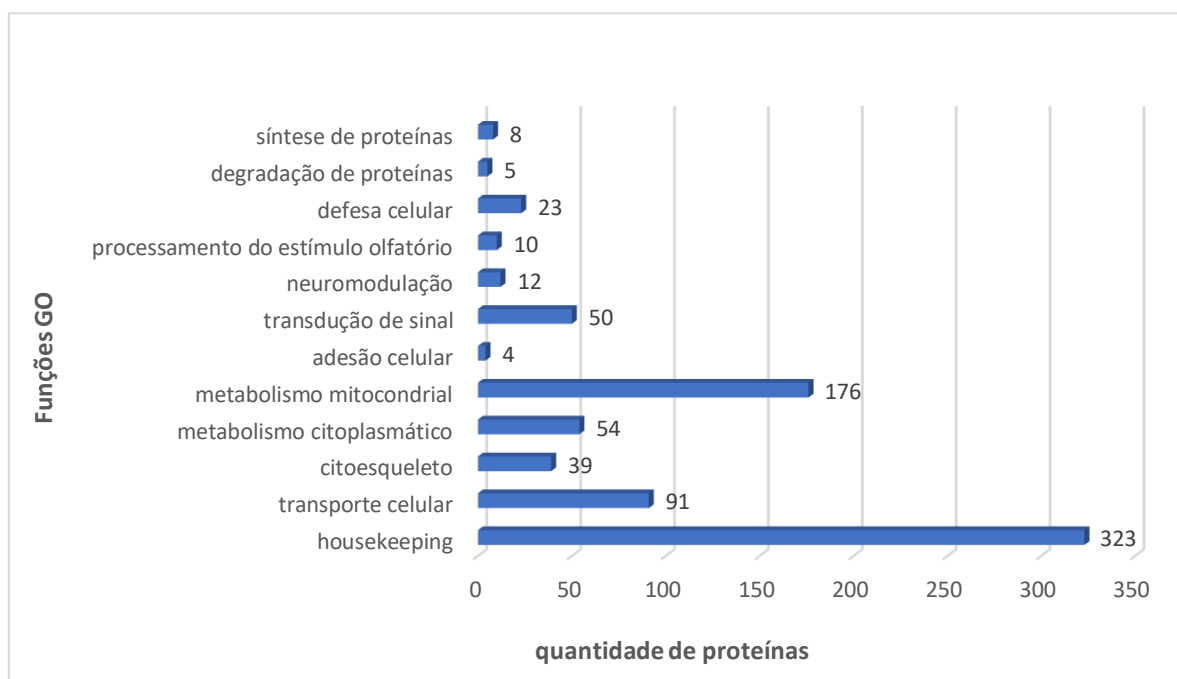
**Fonte:** criado pela autora, 2020.

De acordo com a Figura 2, os processos biológicos utilizados para categorizar as identificações proteicas foram os seguintes: síntese de proteínas (1%), degradação de proteínas (1%), adesão celular (1%), defesa celular (3%), processamento do estímulo olfatório (1%), neuromodulação (2%), transdução de sinal (6%), metabolismo mitocondrial (22%), metabolismo citoplasmático (7%), citoesqueleto (5%), transporte celular (11%) e as proteínas *housekeeping* (41%). Através da observação dos agrupamentos funcionais é possível notar que dois processos são destacados com maiores porcentagens em relação ao demais, são eles o metabolismo mitocondrial e transporte celular, totalizando 33%.

A grande quantidade de proteínas visualizadas neste grupo pode ser explicada pelo alto grau proteico que as abelhas apresentam em seus cérebros. O cérebro desses animais, como já enfatizado em itens anteriores, tem uma capacidade neuronal impressionante, e como

consequência uma alta taxa de proteínas presentes em suas células. No gráfico da figura 3 encontramos a quantidade bruta das proteínas do grupo controle, em que a visualização dos processos mencionados como destaque apresentam maior número de proteínas. No apêndice 1 as proteínas estão anotadas com código de acesso, e nomenclatura biológica de acordo com o NCBI.

**Figura 3.** Tipos de processos biológicos, e quantidade total funções proteicas (795 proteínas) encontradas em cada um desses processos, nos cérebros de indivíduos do grupo controle.



**Fonte:** criado pela autora, 2020.

Muitas proteínas identificadas no grupo controle podem estar relacionadas com o estresse manual que as abelhas sofreram diante do ensaio biológico ao qual foram expostas. A atribuição ao estresse manual também poderia ter sido colocada nos resultados, porém os estudados obtidos, não revelam proteínas relacionadas ao estresse nesse grupo.

#### 4.3.1 Processos biológicos: metabolismo mitocondrial e transporte celular

As porcentagens nos mostram que as maiores quantidades de proteínas foram encontradas nas categorizações denominadas de metabolismo mitocondrial e transporte celular. É importante ressaltar que as proteínas *housekeeping* apresentaram-se com grandes taxas percentuais e quantitativas em todos os grupos de estudo, porém nossa discussão será toda

baseada nas proteínas não presentes nesta categorização, sendo assim, neste trabalho foram discutidas somente as proteínas classificadas nos outros processos biológicos.

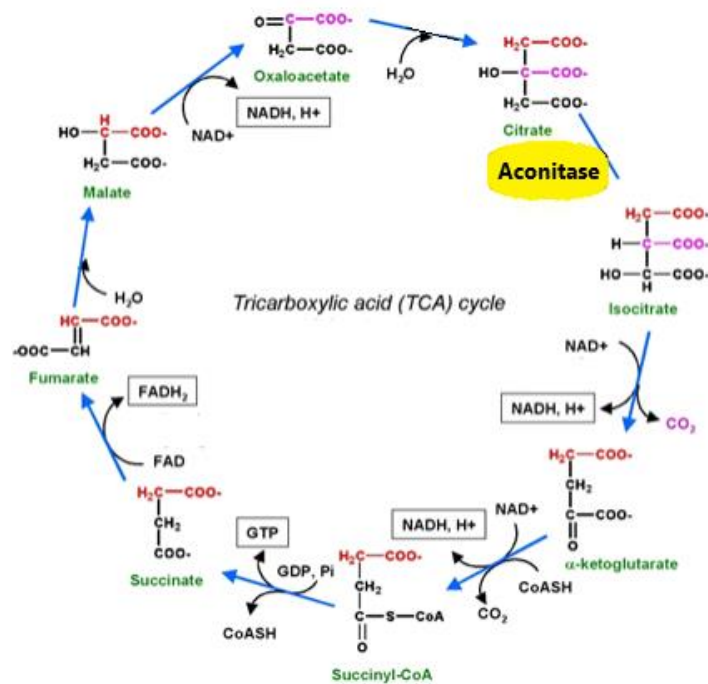
Um dos processos biológicos de destaque dentro o grupo controle é o metabolismo mitocondrial. Ele aparece com uma porcentagem de 22%, como observado na figura 2, maior porcentagem em comparação aos outros agrupamentos funcionais. As proteínas identificadas, e posteriormente classificadas, estão envolvidas nas atividades mitocondriais nos cérebros das abelhas.

A mitocôndria é uma poderosa organela energética presente na maioria das células eucarióticas, apresentando seu próprio DNA e com uma maquinaria proteica relacionada ao núcleo celular, isto é, as proteínas necessárias para o funcionamento mitocondrial são sintetizadas no núcleo e transportadas para mitocôndria (ATTIMONELLI et al. 2002). Dentro de suas membranas e cristas ocorrem diversas atividades essenciais para a manutenção e funcionamento celular, tendo como papel principal o transporte de elétrons e a fosforilação oxidativa (ATTIMONELLI et al. 2002). Dentre essas atividades podemos destacar a cadeia respiratória, que ocorre na região intermembranar da organela, e o ciclo do ácido tricarboxílico que ocorre nas cristas mitocôndrias. O ciclo do ácido tricarboxílico é uma das reações e vias metabólicas mais ricas e importantes das células animais contendo uma grande quantidade de proteínas para sua realização e saldos energéticos importantes ao final das reações. O ciclo nada mais é do que reações proteicas que ocorrem a partir de uma molécula de acetilCoA que entra na crista mitocondrial e inicia uma cascata de reações químicas que resultarão em proteínas e moléculas energéticas responsáveis por ativar diversas funções celulares. Esse processo é apenas um dos vários que ocorrem nas células animais (LEHNINGER, 2014).

Como o grupo controle obteve uma grande quantidade de proteínas relacionadas ao ciclo do ácido tricarboxílico, algumas foram mais abundantes dentro do agrupamento metabolismo mitocondrial, ocorrendo com várias proteoformas, serão discutidas e analisadas separadamente; são elas um grupo de proteínas Aconitato hidratase (Apêndice 1).

A proteína Aconitato hidratase ou aconitase, destacada na figura 4, é uma enzima que está envolvida na transformação da molécula de Citrato em Isocitrato; transformação que se dá a partir de uma isomerização realizada por essa enzima. A isomerização consiste na mudança de posição do grupo hidroxila (OH) das moléculas mencionadas, a fim de permitir que as próximas etapas de oxidação do ciclo possam ser realizadas (LEHNINGER, 2014).

**Figura 4.** Ciclo do ácido tricarbóxico. Em amarelo destacada a enzima aconitase, umas das proteínas mais abundantes registradas dentro do grupo controle.



**Fonte:** criado pela autora, 2020.

Devido a sua importância diante da produção e formação de moléculas energéticas, a aconitato hidratase é uma proteína que caracteriza o funcionamento normal das atividades cerebrais das abelhas *A. mellifera* estudadas. O grupo controle contendo uma quantidade grande de proteínas envolvidas nos ciclos mitocondriais, demonstra que as atividades energéticas e metabólicas estavam ocorrendo sem muitas alterações fisiológicas, e conseqüentemente comportamentais. Esse é um fato que pode ser explicado pelo ensaio biológico ao qual essas abelhas foram submetidas e posteriormente designadas ao grupo controle. Os comportamentos de abelhas nutridoras, ou seja, sem muitas características agressivas, o que comporta a idade com que essas abelhas foram trabalhadas (7 dias).

Outras proteínas que se apresentaram com quantidades significativas no grupo controle, e também estão categorizadas no metabolismo mitocondrial, são as proteínas citocromo oxidase e *V-type* ATPase (Apêndice 1).

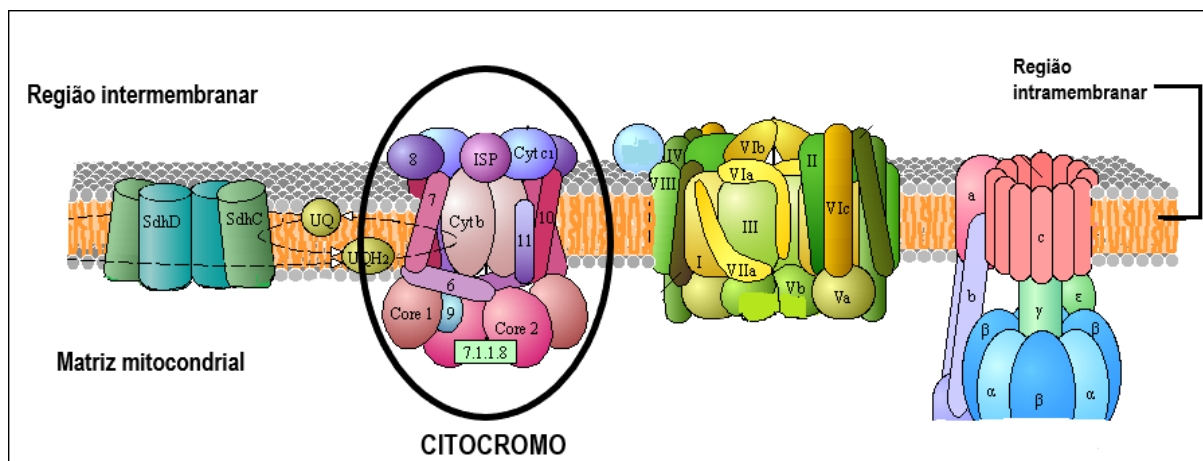
As *V-type* ATPases (Apêndice 1) são um conjunto de proteínas importantes na função energética e pertencem a uma grande família de ATPases; na realidade, são bombas de prótons eletrogênicas que residem nas membranas das organelas nas células eucarióticas (EMERY et al. 1997) nesse caso elas estão presentes nas membranas das mitocôndrias.

As proteínas citocromo oxidase, visualizadas no apêndice 1, estão presentes nas organelas mitocondriais, mais especificamente na região intramembranar (figura 5), onde ocorre o processo da cadeia transportadora de elétrons ou cadeia respiratória, etapa fundamental e final para produção energética das células, ou seja, a formação de ATP.

A cadeia transportadora de elétrons ou cadeia respiratória, é o processo em que se dá a fosforilação oxidativa. Formada por cinco complexos proteicos presentes na membrana integrais, em que os quatro primeiros complexos são responsáveis pelo transporte de elétrons e o quinto é onde ocorre a fosforilação oxidativa que converte o ADP em ATP (CHIODA, 2019). Esse processo é caracterizado por ser a fase em que as moléculas energéticas (FADH<sub>2</sub>, NADH, ATP), conseguidas através de processos anteriores, são transferidas para as reações de formação de ATP, destinado a todas as células do organismo (LEHNINGER, 2014).

A presença de proteínas na cadeia respiratória, como os citocromos, nos mostra como as atividades metabólicas dentro das abelhas estavam ocorrendo de forma natural e sem muitas alterações, como já discutido com a proteínas aconitato hidratase.

**Figura 5.** Exemplificação da localização da proteína citocromo na mitocôndria.



**Fonte:** KEGG MAPPER (<http://www.genome.jp/kegg/mapper.html>), modificado pela autora, 2020.

Diante do cenário das proteínas envolvidas com processos fundamentais de manutenção das abelhas encontradas no controle, um outro processo biológico obteve uma porcentagem significativa para análise, sendo ele o transporte celular.

As proteínas que mais tiveram identificações dentro deste subgrupo funcional foram as ATPases transportadoras, (i) cálcio ATPase sarcoplasmática do endoretículo (SERCA) e (ii) sódio/potássio (Apêndice 1). Essas ATPases são importantes estruturas moleculares que se desenvolveram em alto grau nos vertebrados, e que nos insetos têm sua grande proporção

localizada no sistema nervoso, podendo variar em outros tecidos de maneira filogenética e fisiológica (EMERY et al. 1997).

A ATPase transportadora de cálcio sarcoplasmática do retículo (SERCA), Apêndice 1, tem função básica no acoplamento de energia através da hidrólise do ATP ao transporte ativo, dois íons cálcio são transportados para cada ATP. Essa proteína apresenta várias isoformas com suas funções distintas em vertebrados e invertebrados (DOWNS e ZEECE, 2016). Ela é pertencente à família das *P-type* ATPases, que apresentam classificação de acordo com sua funcionalidade através de um intermédio covalente fosforilado (EMERY et al. 1997).

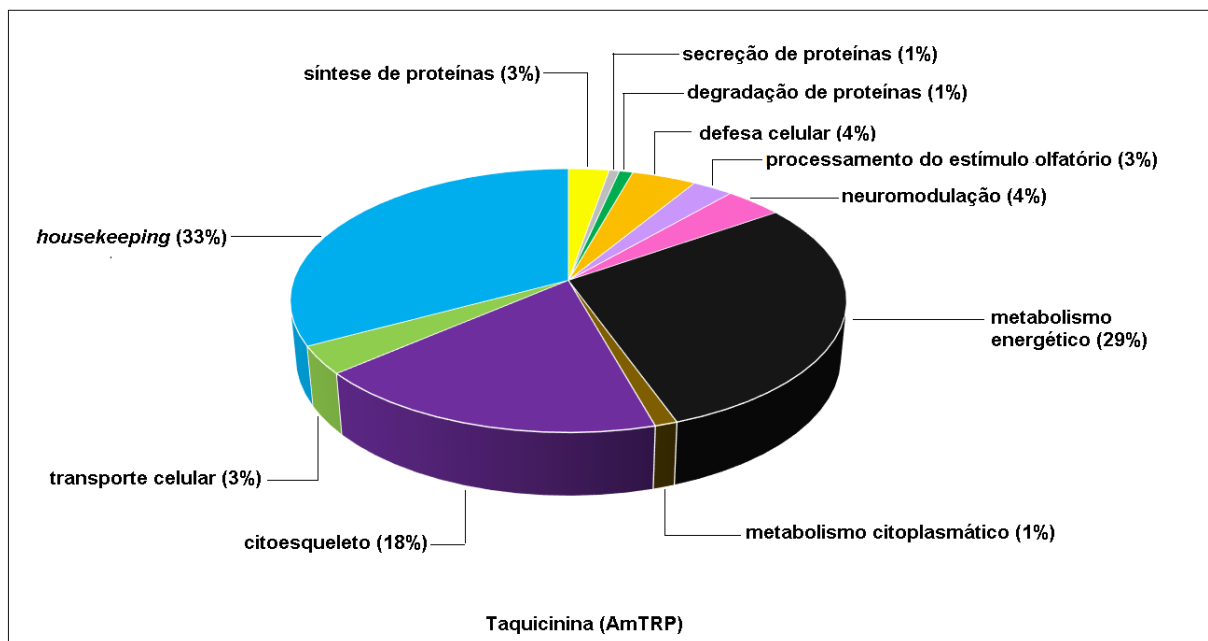
Outro grupo de ATPases identificadas foram as transportadoras de sódio e potássio ( $\text{Na}^+/\text{K}^+$ -ATPase) (Apêndice 1), em que apresentam papel fundamental dentro na membrana plasmática fazendo a manutenção da atividade eletrogênica no transporte dos íons  $\text{Na}^+$  e  $\text{K}^+$  durante as reações. A sua importância e funcionalidade nas células animais destacam o amplo interesse em numerosos estudos moleculares e fisiológicos (EMERY et al. 1997).

Caracterizadas por necessitarem de energia para o transporte das moléculas (transporte ativo), essas proteínas categorizadas no transporte celular apresentam-se como um equilíbrio molecular nas células das abelhas. Essas proteínas envolvidas com as reações bioquímicas e funcionamento fisiológico, indicam pouca ou nenhuma alteração foi encontrada nos insetos separados para estudo dentro do grupo controle. A detecção de um grande número de proteínas envolvidas em todos os processos biológicos mencionados para este grupo fornece a ideia de normalidade metabólica no cérebro desses animais.

#### **4.4 Proteínas únicas encontradas no grupo tratado com o neuropeptídeo AmTRP (254 - 262)**

O grupo da taquicinina [AmTRP (254 - 262)] foi aquele que obteve uma menor quantidade total de proteínas únicas identificadas, quando comparadas aos outros e dois grupos de estudo, controle e tratado com alatostatina [AmAST A (59–76)]. Com um total de 438 proteínas únicas (apêndice 2), as AmTRP (254 - 262) obtiveram a menor quantidade de agrupamentos funcionais categorizadas, totalizando 11 deles. Dentre eles podemos observar através da figura 6 os processos biológicos observados nesse grupo: síntese de proteínas (3%), secreção de proteínas (1%), degradação de proteínas (1%), defesa celular (4%), processamento do estímulo olfatório (3%), neuromodulação (4%), metabolismo energético (29%), metabolismo citoplasmático (1%), citoesqueleto (18%), transporte celular (3%) e *housekeeping* (33%).

**Figura 6.** Tipos de processos biológicos, e quantidade total funções proteicas (438 proteínas) encontradas em cada um desses processos, nos cérebros de indivíduos do grupo tratado com AmTRP (254 – 262).

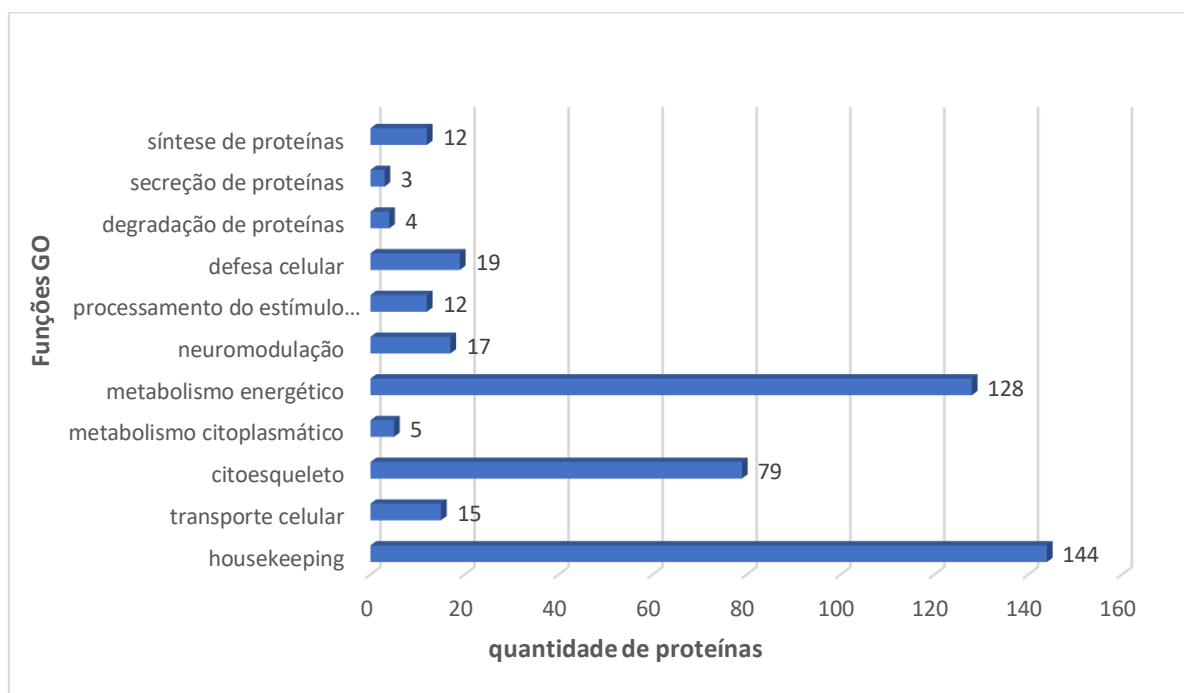


**Fonte:** criado pela autora, 2020.

As abelhas desse grupo foram aquelas que apresentaram certo comportamento “agressivo” após tratamento com o peptídeo sintético AmTRP (254 - 262). Diferentemente daquilo que foi observado no grupo controle, sobre comportamento, as *A. mellifera* apresentaram uma série comportamental associada ao efeito bioquímico causado pelo peptídeo; um fato que corrobora com estudos de Pratavieira e colaboradores (2018), mostrando que esses peptídeos começam a ativar certas regiões cerebrais das abelhas que desencadeiam a agressividade.

É possível observar na figura 7 a quantidade total de funções proteicas identificadas em cada processo biológico observado nesse grupo experimental. Observa-se, também, que alguns processos biológicos que são citados no grupo controle, como o metabolismo mitocondrial e adesão celular, não estão presentes neste grupo. Este mesmo fato irá ocorrer com o grupo das alatostatinas [AmAST A (59–76)], onde apresentaram uma quantidade de processos biológicos diferenciadas quando comparadas aos grupos controle e grupo tratado com AmTRP (254 - 262). Essa diferenciação dos processos biológicos apresentados pode ser uma consequência característica de que algumas proteínas são mais expressas no cérebro das abelhas quando submetidas e tratadas com AmTRP (254 - 262).

**Figura 7.** Tipos de processos biológicos, e quantidade total funções proteicas (438 proteínas) encontradas em cada um desses processos, nos cérebros de indivíduos do grupo tratado com AmTRP (254 - 262).



**Fonte:** criado pela autora, 2020.

Diversas proteínas relacionadas aos processos energéticos e de modulação estrutural das células cerebrais (do subgrupo funcional de citoesqueleto) foram encontradas no presente estudo, especificamente nos grupos que tiveram a presença dos peptídeos. Esse fato é demonstrado pelos valores percentuais dos processos biológicos metabolismo energético e citoesqueleto juntos nesse grupo experimental [AmTRP (254 - 262)] totalizaram 47% das proteínas únicas identificadas.

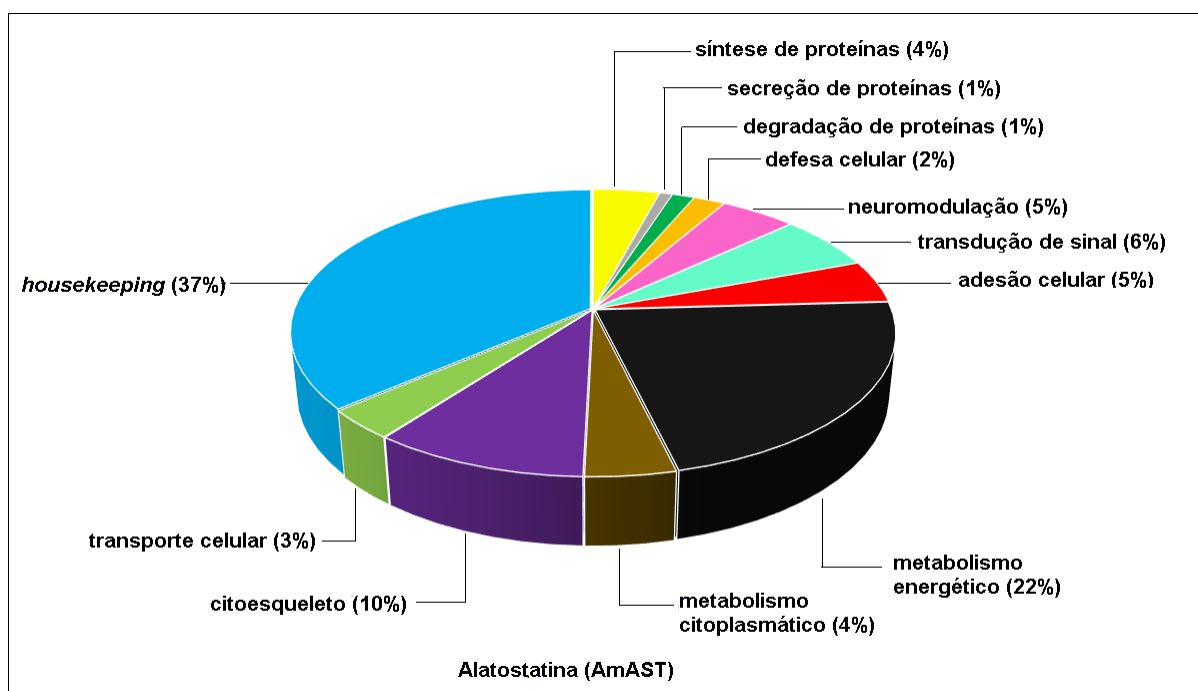
#### **4.5 Proteínas únicas encontradas no grupo tratado com o neuropeptídeo AmAST (59–76)**

Com um total de 502 proteínas únicas, as proteínas únicas do grupo tratado com AmAST A (59–76) obtiveram suas identificações através dos bancos de dados NCBI e Uniprot, onde é possível a observação da classificação funcional, nome e código das proteínas visualizando o apêndice 3.

No grupo das AmAST A (59–76) foi observada a presença de 12 processos biológicos dos 14 gerais categorizados (figura 8), sendo eles: síntese de proteínas (4%), secreção de

proteínas (1%), degradação de proteínas (1%), defesa celular (2%), neuromodulação (5%), transdução de sinal (6%), adesão celular (5%), metabolismo energético (22%), metabolismo citoplasmático (4%), citoesqueleto (10%), transporte celular (3%) e *housekeeping* (37%).

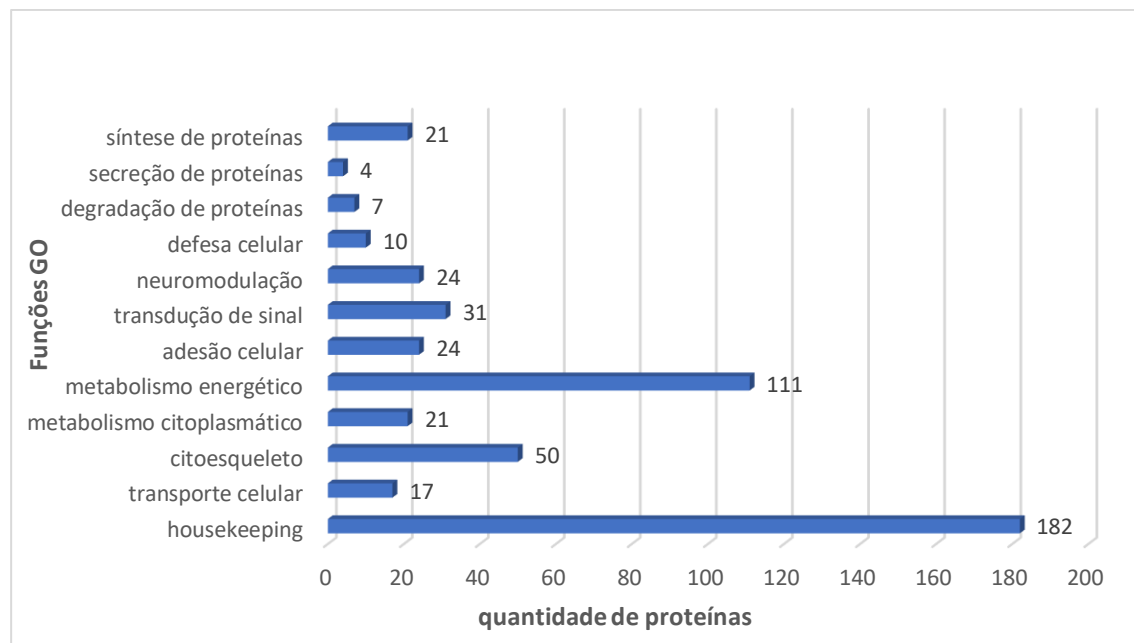
**Figura 8.** Tipos de processos biológicos, e quantidade total funções proteicas (502 proteínas) encontradas em cada um desses processos, nos cérebros de indivíduos do grupo tratado com AmAST (59- 76).



**Fonte:** criado pela autora, 2020.

Em comparação ao grupo das AmTRP (254 - 262), os mesmos processos biológicos, denominados metabolismo energético e citoesqueleto, foram os que mais se sobressaíram em relação aos demais, somando um total de 32% de todas as proteínas únicas encontradas para este grupo. Para elucidar ainda mais a quantidade de proteínas encontradas neste grupo a figura 9 nos mostra a quantidade total de funções proteicas identificadas em cada processo biológico.

**Figura 9.** Tipos de processos biológicos, e quantidade total funções proteicas (502 proteínas) encontradas em cada um desses processos, nos cérebros de indivíduos do grupo tratado com AmAST (59- 76).



**Fonte:** criado pela autora, 2020.

No grupo das AmAST A (59–76) a presença de um número maior de proteínas envolvidas com o metabolismo energético e, uma significativa porcentagem sobre as proteínas de citoesqueleto, requer uma análise mais apurada para a possível remodelação que o cérebro das abelhas enfrenta quando os seus metabolismos entram em contato com o peptídeo estudado. O processo biológico categorizado como metabolismo energético tem suas particularidades, pois para seu funcionamento é necessário que diferentes proteínas envolvidas em diversas vias energéticas, tanto em organelas quanto no citoplasma, aconteçam para que todos os processos celulares e cascatas bioquímicas sejam realizadas para total desempenho do metabolismo fisiológico e químico do inseto.

#### **4.6 Processos biológicos que tiveram maiores números de proteínas em AmTRP (254 - 262) e AmAST A (59–76)**

Considerando-se que esse neuropeptídios atuam juntos no cérebro das abelhas, para modular o comportamento agressivo (PRATAVIEIRA, 2018), deve-se considerar que todas as proteínas dos grupos funcionais mais abundantes nos cérebros dos insetos agressores devem agir sinergicamente. Desta maneira, as proteínas dos grupos funcionais de “metabolismo energético” e “citoesqueleto”, serão discutidos em destaque neste trabalho.

#### 4.6.1 Metabolismo energético

O metabolismo dos seres vivos pode ser classificado como um conjunto de reações coordenadas, em que cada passo é responsável por alterações específicas, conectando os metabólitos aos produtos gerados (PAMBOUKIAN, 2013). Diante disso é comum mencionar as diversas atividades bioquímicas e energéticas que acontecem nas células, sendo de suma importância destacar que elas caracterizam o que é metabolismo energético.

A célula precisa manter suas tarefas de maneira equilibrada, isso ocorre devido aos vários processos existentes em cada uma delas, para que o organismo mantenha tudo funcionando perfeitamente. Os seres vivos ao longo da evolução desenvolveram diversos métodos para degradar moléculas, através de enzimas, para produção de energia, eles são divididos em etapas, aos quais são chamadas de vias metabólicas, e que são caracterizadas por fornecer todo o aparato energético da célula, são exemplos dessas vias a fosforilação oxidativa, cadeia respiratória ou cadeia transportadora de elétrons, ciclo do ácido tricarboxílico e glicólise (MORAES, CAMPOS e LOGULLO, 2012).

O sistema nervoso controla o metabolismo energético dos animais, através de neurohormônios, podendo controlar músculos do voo e corpos gordurosos em insetos. Os estudos em insetos sobre metabolismo energético abordam que em alguns casos adaptativos, ao qual esses animais são submetidos, muitas vezes necessitam de coordenação e cooperação de vários tecidos associados para que a demanda energética necessária para uma atividade, como exemplo a do voo, seja alcançada (MORAES, CAMPOS e LOGULLO, 2012).

A distinção desse processo biológico nos grupos das AmTRP (254 - 262) e AmAST A (59–76) foi ocasionada pelo fato de apresentarem grandes números de proteínas envolvidas com as funções energéticas das abelhas *A. mellifera* usadas para estudo. As proteínas encontradas neste agrupamento funcional estão associadas aos processos metabólicos das células, tanto processos ocorrentes nas organelas mitocondriais, como ciclo do ácido tricarboxílico, quanto processos que ocorrem no citoplasma, como a glicólise, demonstrando a alta produtividade que as células desses insetos tiveram quando submetidas a injeção dos neuropeptídeos em seus metabolismos, ao qual desencadearam diversas reações químicas e mudanças moleculares para desenvolver o comportamento agressivo. Em comparação com as outras classificações funcionais atribuídas aos dois grupos, o metabolismo energético foi destacado devido ao maior percentual de proteínas identificadas.

Alguns processos energéticos que acontecem nas mitocôndrias já foram descritos no item 4.3.1 do grupo controle, mas junto a eles existem processos que ocorrem no citoplasma e

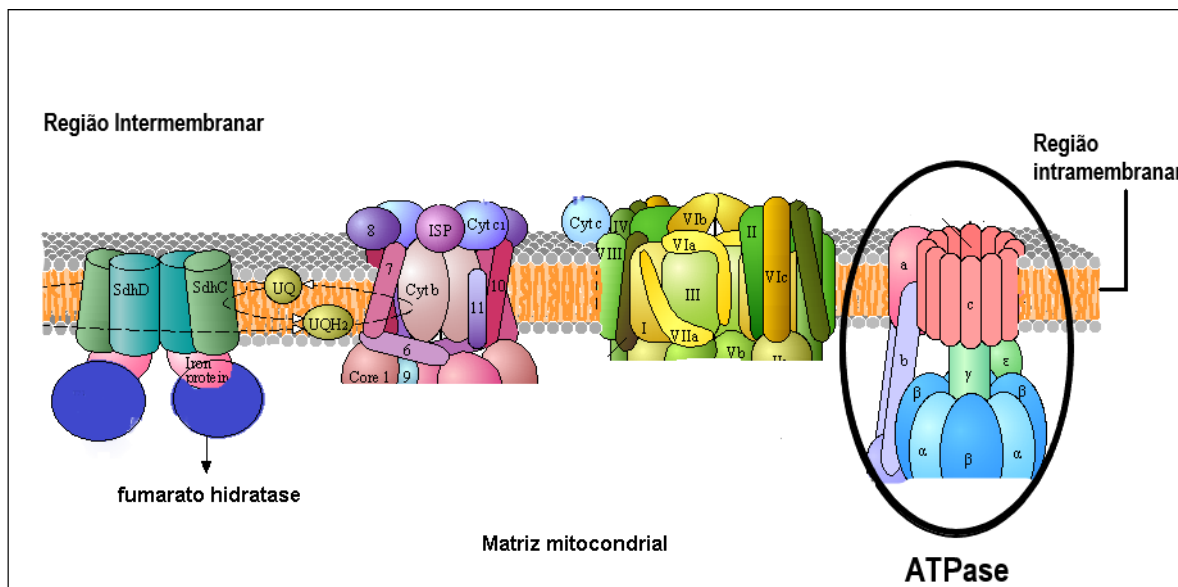
que abrangem importância e responsabilidade pela molécula precursora que desencadeia todas as vias energéticas mencionadas anteriormente, essa molécula é a glicose; sendo assim destacaremos o processo ao qual a glicose está envolvida no citoplasma, processo este denominado de glicólise.

A glicólise é uma via metabólica de alto valor energético, que se desenvolve no citoplasma da célula e é caracterizada pela quebra da molécula de glicose, excelente combustível celular, que provém dos alimentos ingeridos pelos animais (JÓFILI, SÁ e CARNEIRO-LEÃO, 2010). Os substratos da quebra da glicose, como por exemplo o 6-fosfato, um intermediário que serve como molécula precursora na via glicolítica para a síntese de outras moléculas energéticas utilizadas em outras vias, como aquelas que ocorrem nas mitocôndrias, liberando os ATPs para as diversas funções celulares (SANTOS, 2018).

Para melhor compreensão dessas vias e processos ocorrentes nas células, algumas proteínas identificadas no grupo AmTRP (254 - 262) apresentaram-se em diferentes isoformas e em grades quantidades dentro desse agrupamento funcional, são elas a proteínas Fumarato hidratase e as ATPases, onde pode ser verificado no apêndice 2.

A proteína Fumarato hidratase está envolvida na via metabólica da mitocôndria, é uma proteína essencial para que o ciclo do ácido tricarboxílico ocorra perfeitamente dentro da crista mitocondrial. Já a proteína *V-type proton ATPase* (figura 10) aparece com diferentes isoformas dentro das proteínas identificadas para a AmTRP (254 - 262). Ela, também, está presente na via metabólica da mitocôndria realizando a função de reposição energética para a célula; isto porque na cadeia respiratória ela é uma das principais proteínas que irão transportar os prótons necessários para a formação de ATP. Esse tipo proteico teve um grande número de identificações no grupo controle quando comparados os dois grupos.

**Figura 10.** Localização e representação de algumas proteínas envolvidas e destacadas no metabolismo energético para o grupo das taquicininas (AmTRP (254 - 262)).



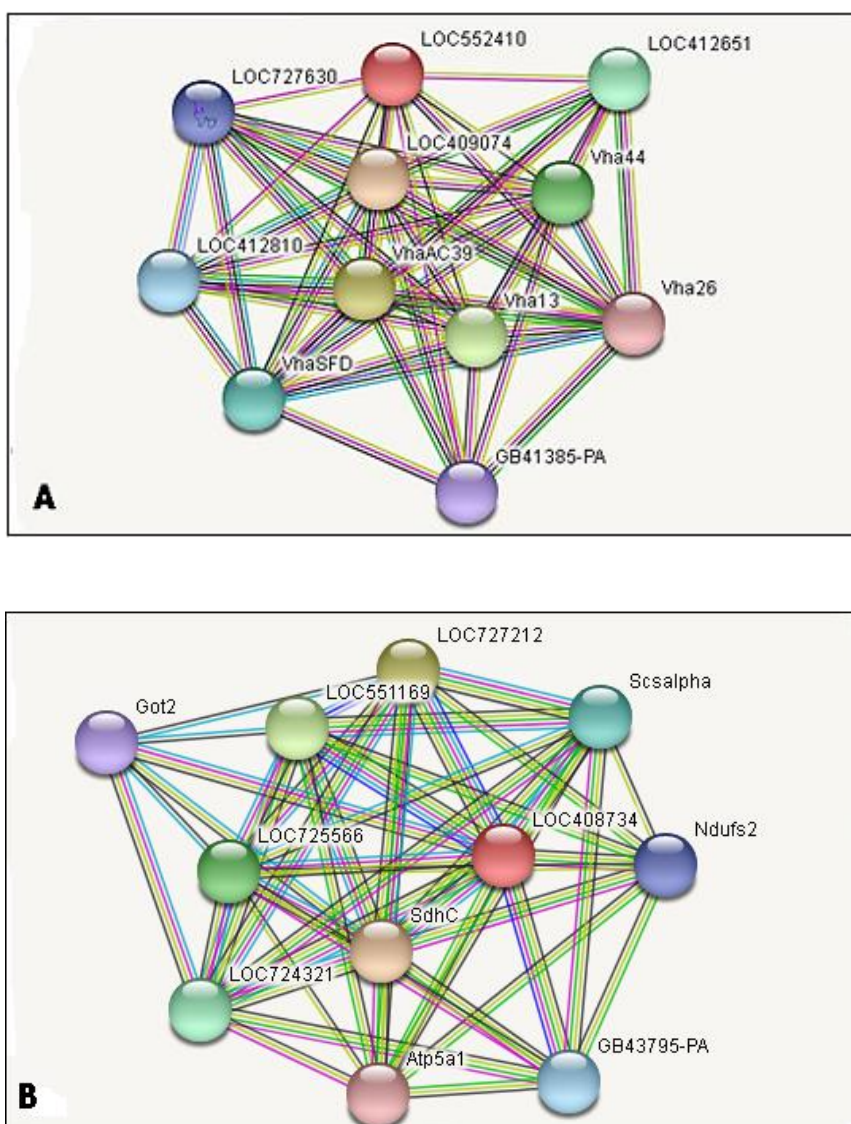
**Fonte:** KEGG MAPPER (<http://www.genome.jp/kegg/mapper.html>), modificado pela autora, 2020.

As proteínas presentes no grupo AmAST A (59–76) que tiveram grandes números de identificações e diferentes isoformas dentro do metabolismo energético foram as proteínas *ADP ribosylation* e Succinato Desidrogenase (apêndice 3). Novamente, observamos duas proteínas com associação energética dentro das células. O composto ADP é um componente essencial para formação de moléculas mais energéticas como o ATP, que apresenta apenas um grupo fosfato a mais em sua composição molecular, e GTP; além disso, esse composto também está associado aos produtos energéticos de algumas reações químicas celulares. A proteína *ADP ribosylation*, diferentemente, está associada ao tráfico de proteínas ao complexo de golgi e sua atuação é feita no citoplasma (UNIPROT).

A proteína Succinato Desidrogenase (verificar no apêndice 3) destacada na figura 11, é uma proteína que está envolvida com o ciclo do ácido tricarboxílico, e é formada através da carboxilação da molécula de succinil\_coa. Sua participação dentro do ciclo é caracterizada por anteceder a formação da molécula de Fumarato (já exposta neste trabalho) para a formação e liberação da molécula de FADH<sub>2</sub> dentro das células, e encaminhada para outra via, a da cadeia respiratória.



**Figura 12.** Interações das moléculas de **proteínas ATPase de V-TYPE (A)** – LOC552410- V-type proton ATPase subunit; LOC412651- V-type proton ATPase subunit a; LOC409074 – Uncharacterized protein; LOC412810 - V-type proton ATPase subunit a; LOC727630 - V-type proton ATPase subunit a; Vha44 - V-type proton ATPase subunit C ; Vha13 - V-type proton ATPase subunit G ; vhaAC39- V-type proton ATPase subunit; Vha26- Uncharacterized protein; vhaSFD - Uncharacterized protein ; GB41385-PA - V-type proton ATPase subunit a, e **Succinato (B)** – LOC727212 - Uncharacterized protein; LOC551169 - Succinate dehydrogenase (ubiquinone) iron-sulfur subunit; LOC725566 - Succinate dehydrogenase (ubiquinone) cytochrome b small subunit ; LOC724321- annotation not available ; LOC408734 – Succinate dehydrogenase (ubiquinone) flavoprotein subunit; SdhC - Uncharacterized protein; Atp5a1 – ATP synthase subunit alpha; Ndufs2 - Uncharacterized protein; GB43795-PA - - annotation not available; Scsalpha – Succinate-CoA ligase (ADP/GDP-forming) subunit alpha, mitochondrial; Got2 – Aspartate aminotransferase.



Fonte: STRING PROTEIN (<http://string-db.org>).

As Figuras 12 A e 12B mostram possíveis circuitos metabólicos de interações envolvendo a enzima ATPase tipo-V e Succinato desidrogenase, respectivamente. Em ambos

as simulações podem-se observar várias proteoformas diferentes de ambas as enzimas, de maneira muito semelhante ao resultado experimental obtido no presente trabalho.

#### 4.6.2 Citoesqueleto

As células eucarióticas possuem um sistema de sustentação estrutural que tem o papel da formação do esqueleto celular, subdividido em microtúbulos e microfilamentos proteicos, ele é denominado citoesqueleto (FULTON, 1984; BERSHADSKY & VASILIEV, 1988; ALBERTS et al. 1989 e FYERBERG, GOLDSTEIN, 1999). O citoesqueleto é uma importante rede de proteínas que têm como função determinar a estrutura e forma da célula. Nessa rede de interação proteica ocorrem movimentos essenciais para a funcionalidade das células como, por exemplo, os movimentos de organelas, estruturação e suporte nas divisões cromossômicas (MONTEIRO et al., 2011; MENEGASSO, 2017).

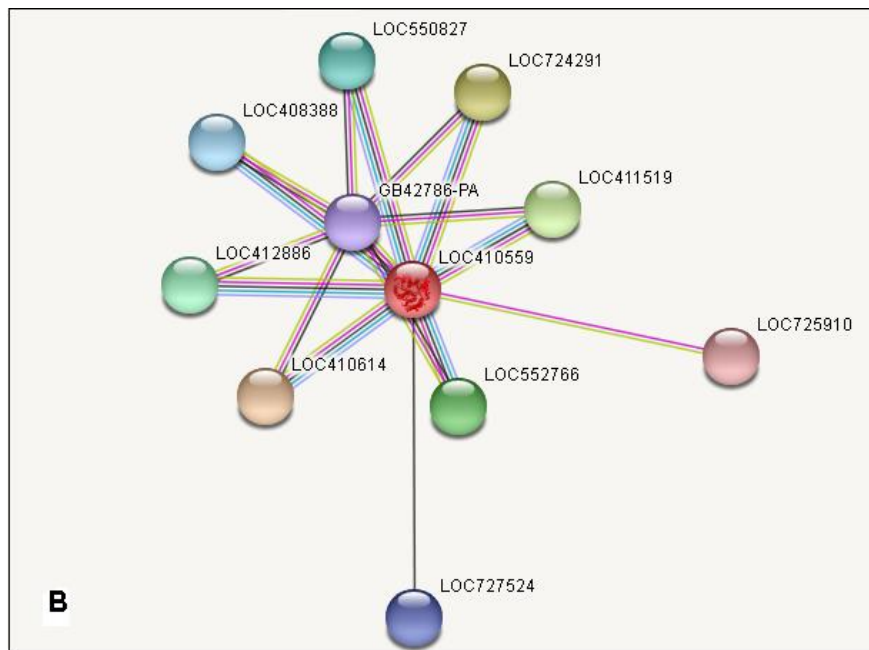
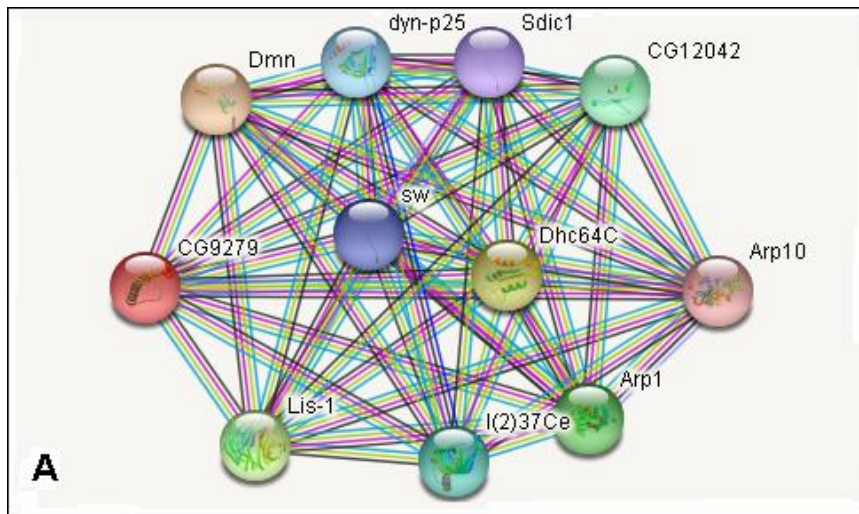
As proteínas presentes neste sistema celular apresentam diferentes funções que complementam umas às outras para que as atividades celulares necessárias sejam realizadas. Algumas proteínas importantes para a formação do citoesqueleto foram identificadas nos grupos tratados com neuropeptídios no presente estudo. Para o grupo AmTRP (254 - 262), duas proteínas de citoesqueleto apareceram de forma mais significativa e com maior número de identificações (diferentes proteoformas), foram as dineínas e as tubulinas. Já para o grupo AmAST A (59–76) foram encontradas uma abundância de diferentes proteoformas para a proteína de citoesqueleto, alfa-actinina. Da mesma maneira que discutido para o metabolismo energético, as diferentes proteoformas de algumas enzimas, provavelmente se destinam a funcionar metabolicamente em diferentes subpopulações neuronais, existentes no cérebro de abelhas.

Começando pelas proteínas identificadas no grupo AmTRP (254 - 262), as dineínas são proteínas globulares que desempenham o papel de motilidade dentro do citoesqueleto celular. Elas são denominadas mecanoenzimas onde, através da energia liberada pelo ATP, apresentam funções como a locomoção de neurônios no sistema nervoso dos animais (HARRINGTON e RODGERS, 1989; PEIXOTO, 1999). Essas proteínas são responsáveis pelo transporte axonal ao longo de todo o microtúbulo, com movimentos retrógrados e centrípetos (HIROKOWA, 1998), além de ser uma família de proteínas motores moleculares complexa, elas têm em sua porção C-terminal um domínio motor que as caracterizam como sendo mais complexas, que as proteínas miosina, por exemplo (VALLE e GEE 1998; PEIXOTO, 1999).

As tubulinas são proteínas globulares e formadoras de microtúbulo, apresentam diferentes formas e complexidade, sendo que são codificadas por pequenas famílias multigênicas (FYDELBERG e GOLDSTEN, 1999), dentre as várias formas dessa proteína têm-se aquelas que são mais comuns, sendo elas as proteínas alfa-tubulinas e beta-tubulinas. Esses dois tipos de tubulinas estão totalmente associados a formação dos microtúbulos, e usam a energia do GTP para desempenhar suas funções de formação do citoesqueleto. Para o grupo da AmAST A (59–76) as proteínas que tiveram uma abundância significativa dentro do processo biológico citoesqueleto foram as proteínas alfa-actinina. Essas proteínas são caracterizadas por fazerem ligação à actina, e por estar envolvida na regulação de propriedades mecânicas dos microfilamentos (FYDELBERG e GOLDESTEN, 1999).

As figuras 13 A e 13B nos mostram as simulações de interações proteína-proteína que ocorrem para formação das proteínas dineínas e tubulinas, revelando muitas diferente proteoformas de cada uma dessas proteínas, de maneira muito semelhante aos resultados experimentais do presente estudo. Essas interações formam uma complexa rede que determina a composição das proteínas.

**Figura 13.** Interações para composição das proteínas **Dineínas (A)**. Dmn – Dynactin subunit ; dyn-p25 - Dynactin 5, p25 subunit; Sdic1 – Sperm-specific dynein intermediate chain ; CG12042 - Dynactin 4, p62 subunit ; Arp10 – Actin-related protein 10, isoform A; Arp1 – Actin-related protein 1; I(2)37Ce - Dynactin 6, p27 subunit ; Lis-1- Lissencephaly-1 homolog; CG9279 – Isoform B, Dynein binding ; sw – Cytoplasmic dynein intermediate chain ; Dhc64C – Dynein heavy chain 64C ; e **Tubulina (B)** – LOC550827 – Tubulin alpha chain; LOC724291 - Tubulin alpha chain; LOC411519 - Tubulin alpha chain; LOC552766 - Tubulin alpha chain; LOC727524 – annotation not available; LOC410614 - Tubulin alpha chain ; LOC412886 - Tubulin alpha chain ; LOC408388 - Tubulin alpha chain; LOC410559 - Tubulin alpha chain; GB42786-PA - annotation not available .



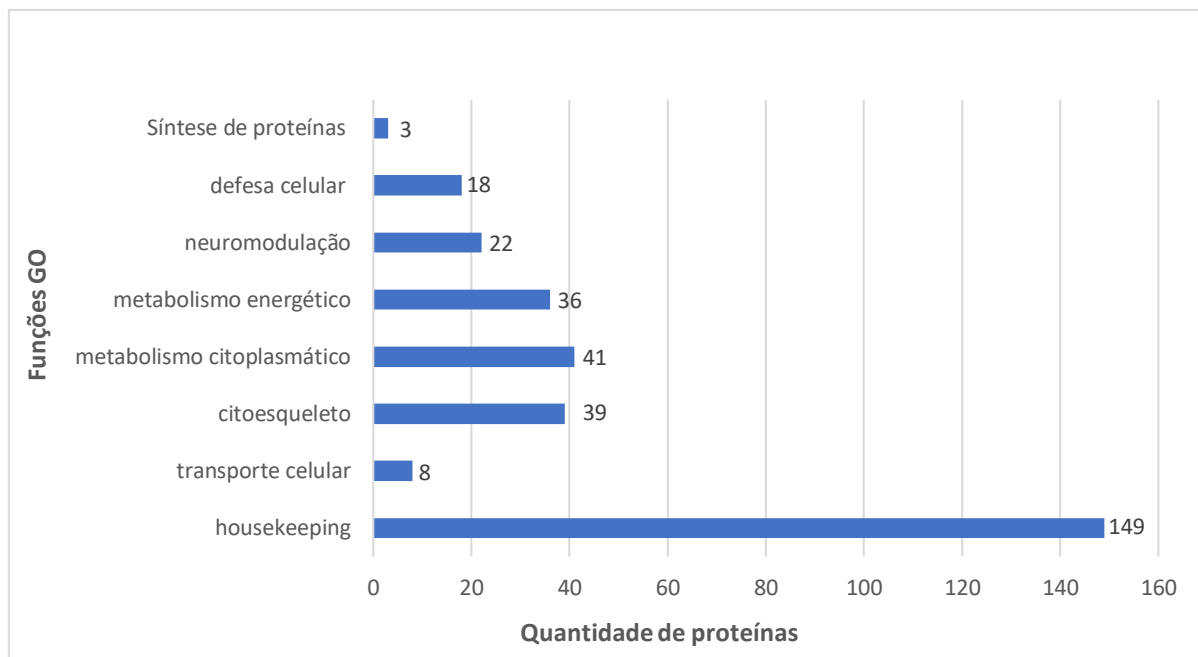
Fonte: STRING PROTEIN (<http://string-db.org>).

Ao analisar as proteínas formadoras de citoesqueleto (alfa-actinina e tubulina) e aquelas que desempenham suas funções através dele (dineínas), é viável a discussão sobre o porquê do aumento nas concentrações dessas proteínas nesse grupo, quando comparados ao grupo controle. A participação do citoesqueleto, neste contexto comportamental, demonstra uma possível reorganização e estruturação dos neurônios, quando os neuropeptídeos são inseridos nas abelhas. As dineínas como proteínas motoras responsáveis por darem mobilidade as moléculas a transitarem pelos microtúbulos, e aumento daquelas que formam os microtúbulos, que compõe toda a estruturação do citoesqueleto, possam denotar uma resposta. De uma maneira geral, parece que as múltiplas formas das mesmas proteínas observadas no grupo funcional de citoesqueleto, parecem estar relacionadas a uma enorme plasticidade celular, exigida dos neurônios envolvidos na transição entre a condição de comportamento “não-agressivo”, para a condição ao comportamento agressivo.

#### **4.7 Proteínas comuns aos três grupos tratados**

Os três grupos de estudos tratados nessa pesquisa (controle, grupo tratado com AmTRP (254 - 262), grupo tratado com AmAST A (59–76)) tiveram uma quantidade significativa de proteínas comuns entre eles, totalizando 316 proteínas, que foram categorizadas em 8 dos 14 processos biológicos descritos acima, sendo eles: síntese de proteínas, defesa celular, neuromodulação, metabolismo energético, metabolismo citoplasmático, citoesqueleto, transporte celular e *housekeeping*. Todos esses processos são observados na figura 14, que traz a quantidade de proteínas observadas cada agrupamento funcional.

**Figura 14.** Grupos de processos biológicos, e as quantidades de funções proteicas observadas em cada processo biológico comuns aos três grupos de estudo (controle, tratado com AmTRP (254 - 262) e AmAST A (59–76)).

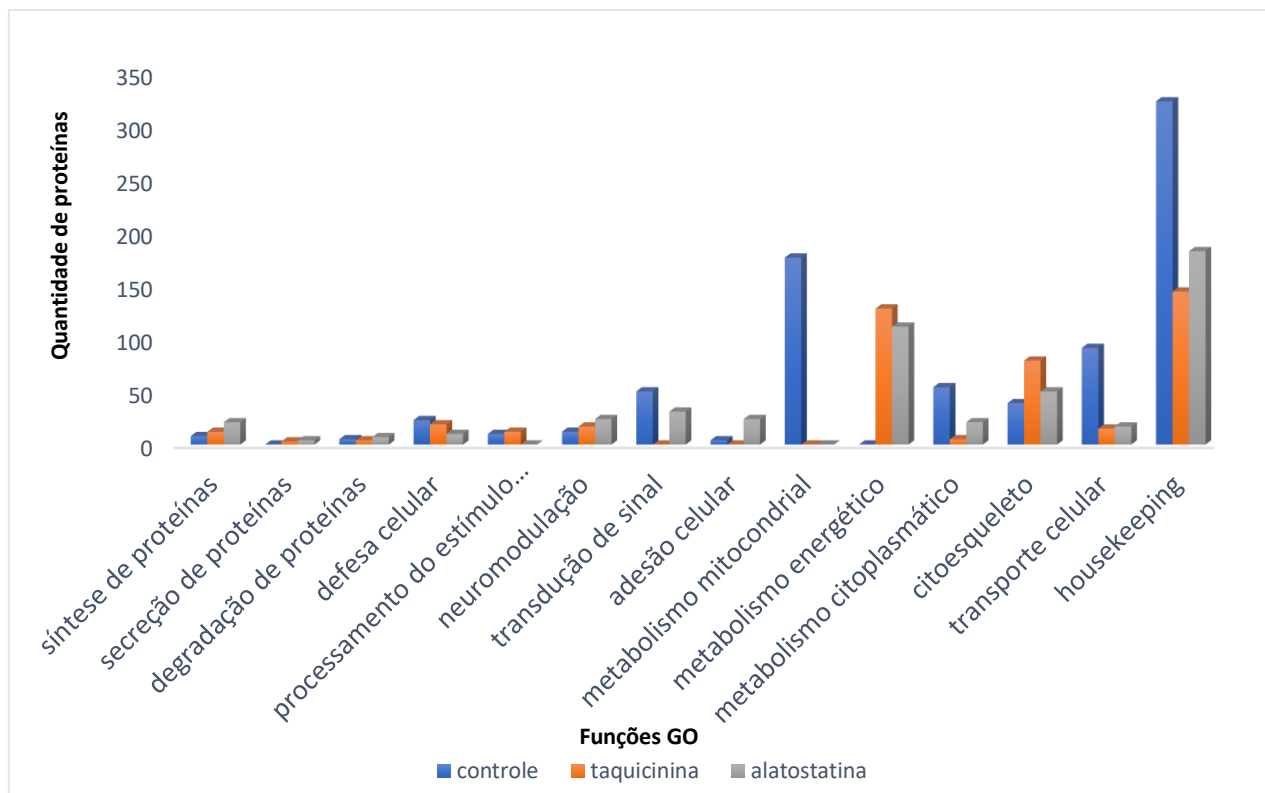


**Fonte:** criado pela autora, 2020.

Muitas das proteínas encontradas em ambos os três grupos estão envolvidas na fisiologia básica, para a manutenção das tarefas celulares das abelhas; como pode ser observado pelos processos biológicos que estão presentes nessa subdivisão (os metabolismos como um todo, citoesqueleto, defesa celular), caracterizam atividades que normalmente são desenvolvidas dentro dos cérebros desses insetos.

Segue abaixo a figura 15, mostrando a comparação da quantidade de diferentes funções proteicas, em cada um dos grupos funcionais encontrados entre as proteínas comuns a todos os grupos funcionais. Nessa figura chama a atenção o fato de que aparentemente houve uma repressão da expressão das proteínas dos grupos tratados com os dois neuropeptídios, em relação ao grupo controle, nos processos biológicos de transdução de sinal, metabolismo mitocondrial, metabolismo citoplasmático, e transporte celular. Enquanto que o inverso ocorreu para o processo de metabolismo energético.

**Figura 15.** Gráfico de barras mostrando a comparação das quantidades de proteínas dos processos biológicos de cada grupo de estudo: controle (azul), AmTRP (254 - 262) (laranja), AmAST A (59–76) (cinza).



Fonte: criado pela autora, 2020.

#### 4.8 Considerações gerais

Sendo as abelhas insetos sociais, com grande capacidade cognitiva e um sistema nervoso de alta eficiência (MENZEL e GIURFA, 2001; GIURFA, 2003; MENZEL et al., 2006; MENZEL, 2012), entender como as proteínas e peptídeos dessas células podem funcionar em seus cérebros é um caminho bem valioso dentro da neuroproteômica.

Os neuropeptídeos utilizados, são estudados em diversos grupos de insetos, além das abelhas, podendo apresentar diferentes funções dentro de cada família e espécie. Suas atividades são muitas vezes desempenhadas por precursores químicos e que quando clivados dentro das células suas diferentes partes formadas desempenham novas tarefas dentro dos organismos (PRATAVIERIA, 2013). No estudo utilizamos uma sequência sintética de peptídeos das famílias de taquicininas e alatostatinas que desencadearam reações fisiológicas e bioquímicas nas abelhas, com idade de sete dias, resultando em comportamentos “agressivos”. Como se sabe, as abelhas de sete dias não apresentam funções de proteção a colônia, normalmente suas funções são de nutrir as abelhas da colmeia garantindo a manutenção

alimentar de todas aquelas que compõem a colônia. Quando as colônias são submetidas a ataques por saqueadores ou são ameaçadas são as abelhas guarda, 18 dias, que desempenham o papel de proteção e, conseqüentemente, apresentam o comportamento agressivo (CRUZ-LADIM, 2009). Quando isso acontece uma série de mudanças químicas e fisiológicas, são acometidas em seus metabolismos, além de utilizarem todos os feromônios necessários com a função de alertar o ataque.

Devido a este fato, de que a idade, geralmente, é o fator que diferencia as tarefas das abelhas dentro de uma colônia, é que o presente estudo tem grande importância, pois quando abelhas nutridoras desempenham o comportamento agressivo, isto pode ser visto como resultado a proteção que elas irão desempenhar dentro de suas colmeias, ou seja, o comportamento agressivo observado é uma das várias atividades que as abelhas podem desempenhar quando mudanças fisiológicas acontecem em seus interiores. A química proteica é muito rica e as funções que desempenham nos organismos dos animais é essencial para a vida normal deles. Uma proteína pode desempenhar diversas funções, e quando sua estrutura tridimensional ou sua composição química é mudada, isso acarretará em mudança num todo. Sendo assim, quando Nps entram no metabolismo desses animais, conseqüentemente, as proteínas que estavam anteriormente naquele tecido ou órgão tiveram que se adaptarem ou remodelarem para fornecer o suporte funcional ideal para a situação ao qual o animal se encontra.

Para melhor conhecimento sobre a riqueza proteica e peptídica que há no cérebro das abelhas Brockmann e colaboradores (2009) realizaram alguns experimentos para tentar entender essa diversidade peptídica em *A. mellifera* e onde esses peptídeos ou precursores poderiam atuar. Neste estudo foi possível a obtenção de respostas como as de que peptídeos são clivados de seus precursores e são submetidos a diversas PTMs (modificações pós traducionais) para atuarem em diferentes regiões cerebrais e com funções diversificadas. Dentre esses peptídeos as taquicininas foram encontrados e localizados em diferentes regiões do cérebro das *A. mellifera* indicando que em cada região cerebral sua atividade metabólica poderia ser distinta. Esse mesmo tema foi estudado e observado no trabalho de Pratavieira (2013), onde foi localizado os diferentes níveis de aparecimento desses peptídeos AmTRP (254 - 262) e AmAST A (59-76) A (59-76) quando as abelhas foram incitadas a agressividade. A quantidade encontrada foi bem maior naqueles indivíduos que apresentaram comportamento agressivo do que naqueles não-agressivos.

## 5 CONCLUSÃO

O estudo de Pratavieira (2013) destacou algumas regiões afetadas dos cérebros das abelhas quando são submetidas a testes com esses peptídeos. Diferentes regiões cerebrais abrangem certa quantidade de precursores de AmTRP (254 - 262) e AmAST A (59–76), ou seja, quando ativados, esses produtos da maturação de seus precursores secretados em regiões específicas do cérebro das abelhas, modulando uma série de transformações bioquímicas e fisiológicas, que preparam as abelhas para se tornarem indivíduos agressivos.

Para se conhecer mais detalhes das transformações bioquímicas e fisiológicas induzidas por tais-neurohormônios nos cérebros das abelhas, durante o comportamento agressivo, grupos de abelhas operárias com sete dias de idades foram tratadas individualmente com solução fisiológicas (grupo controle), e com os neuropeptídios AmTRP (254 - 262) e AmAST A (59–76) injetados na hemocele dos insetos, tornando-se agressivos; desta maneira formou-se três grupos experimentais, sendo o grupo controle – não agressivo, e os grupos tratados com AmTRP (254 - 262) e AmAST A (59–76), separadamente, que constituíram-se em dois diferentes grupos agressivos. Os indivíduos que de fato apresentaram comportamento agressivo (ferroando um alvo experimental), foram congelados, sendo seus cérebros removidos por dissecação e submetidos a estudos proteômicos. Detectou-se 2765 diferentes proteínas, sendo que 795 delas foram únicas do grupo controle, 438 foram únicas do grupo tratado com AmTRP (254 - 262), e 502 proteínas foram únicas do grupo tratado com AmAST A (59–76); as demais proteínas foram comuns à diferentes comparações de dois aos três grupos experimentais, ou a combinações de dois desses grupos. Dentre o complemento de proteínas únicas a cada grupo experimental as análises evidenciaram que os dois grupos agressivos apresentaram uma expressão muito pronunciada de proteínas relacionadas aos processos biológicos de metabolismo energético e citoesqueleto, evidenciando a grande importância da produção de energia (principalmente pelas mitocôndrias), e da plasticidade celular (pelas proteínas típicas de citoesqueleto) dos neurônios, preparando os insetos fisiologicamente, na transição do comportamento não agressivo, para o comportamento agressivo.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BELLEN, H. J.; TONG, C.; TSUDA, H. 100 years of *Drosophila* research and its impact on vertebrate neuroscience: a history lesson for the future. **Nat Rev Neurosci.** v. 11, n. 7, p. 514–522, 2010.
- BECKER, M.; SCHINDLER, J.; NOTHWANG, H. G. Neuroproteomics – The tasks lying ahead. **Electrophoresis**, v. 27, p. 2819–2829, 2006.
- BEETS, I.; SCHOOF, L. Neuropeptides control life-phase transitions. **PNAS.** v. 110, n.20, p. 7973-7974, 2013.
- BUTCHER, J. Neuroproteomics comes of age. **The Lancet Neurology**, v. 6, p. 850–851, 2007.
- CARRILHO, M., WULFF, N., PALMA, M. Sequenciamento de peptídeos usando Espectrometria de Massas: um guia prático. **Química Nova.** vol.31. n.3, p. 669-675, 2008.
- CHIODA, M. M. Proteômica mitocondrial de *Drosophila melanogaster* expressando a oxidase alternativa sob diferentes condições dietéticas. 2019. Tese (Mestrado em Biociências), Instituto de Biociências, Letras e Ciências Exatas, Universidade Estadual Paulista, São José do Rio Preto, 2020.
- EMERY, A. M.; BILLINGSLEY, P. F.; READY, P. D.; DJAMGOZ, M. B. A. Insect Na<sup>+</sup>/K<sup>+</sup>-ATPase. **Journal of Insect Physiology.** v.44, p.197-209, 1997.
- EMIDIO, N.; CARPANEZ, A.; QUELLIS, L.; FARANI, P.; VASCONCELOS, E.; PINTO, P. Proteômica: uma introdução aos métodos e aplicações. **HU Revista**, v.41, n.3 e 4, p.101-111, 2015.
- FYRBERG, E. A.; GOLDSTEIN, L. S. B. The *Drosophila* cytoskeleton. **Annu. Rev. Cell Biol.** P. 559-596, 1990.
- GALIZIA, C.; GIOVANNI, E.; DOROTHEA, GIURFA, M. The Digital Honey Bee Brain Atlas, chapter from Honeybee Neurobiology and Behavior: A Tribute to Randolph Menzel. Elsevier, p.125-140, 2012.
- GARCIA, L.; GARCIA, C.H.S.; CALÁBRIA, L.K.; NUNES DA CRUZ, G.C.; PUENTES, A.S.; BÁO, S.N.; FONTES, W.; RICART, C.A.O.; ESPINDOLA, F.S.; SOUSA, M.V. Proteomic analysis of honey bee brain upon ontogenetic and behavioral development. **J. Proteome Res.**, v. 8, p. 1464–1473, 2009.
- GIURFA, M. Behavioral and neural analysis of associative learning in the honeybee: a taste from the magic well. **Journal of Comparative Physiology A**, v. 193, p. 801-824, 2007.

GIURFA, M.; SANDOZ, J.C. Invertebrate learning and memory: fifty years of olfactory conditioning of the proboscis extension response in honeybees. **Learn. Mem.**, v. 19, p. 54–66, 2012.

GLANTZ, R. M.; MILLER C. S.; NÄSSEL D. R. Tachykinin-related peptide and GABA-mediated presynaptic inhibition of crayfish photoreceptors. **The Journal of Neuroscience**, Baltimore, v. 20, p. 1780–1790, 2000.

HERB, B. R.; SHOOK, M. S.; FIELDS, C. J.; ROBINSON, G. E. Defense against territorial intrusion is associated with DNA methylation changes in the honey bee brain. **BMC Genomics**, v. 26 n. 19(1), p. 216, 2018.

JEIBMANN, A. E PAULUS, W. *Drosophila melanogaster* as a Model Organism of Brain Diseases. **Int J Mol Sci**, v.10, n. 2, p. 407–440, 2009.

JÓFILI, Z. M. S.; SÁ, R. G. B.; CARNEIRO-LEÃO, A. M. A. A via glicolítica: investigando a formação de conceitos abstratos no ensino da biologia. **Revista SBEnBio**, n. 3, p. 438, 2010.

LANDIM, C DA CRUZ. *Abelhas: morfologia e função de sistemas*. Editora Unesp, 2009.

LENSKY, Y. and CASSIER, P. The alarm pheromones of queen and worker honey bees. **Bee World**, v. 76, p. 119-129, 1995.

MORAES J.; CAMPOS, E.; LOGULLO, C. Metabolismo energético durante a embriogênese do carrapato bovino *Rhipicephalus microplus*. **INCTEM**.cap.3, p.1-25, 2012.

KIM, S. I.; VOSHOL, H.; VAN OOSTRUM, J.; HASTINGS, T. G.; CASCIO, M.; e GLUCKSMAN, M. J. Neuroproteomics: Expression pro-filing of the brain's proteomes in health and disease. **Neurochemical Research**, v. 29, p. 1317–1331, 2004.

KREISSL, S.; STRASSER, C.; GALIZIA, G., Allatostatin Immunoreactivity in the Honeybee Brain, **The Journal of Comparative Neurology**, p.1391-1417, 2010.

MENEGASSO, A. R. S.; PRATAVIEIRA, M.; DE SALDANHA DA GAMA FISCHER J.; CARVALHO, P. C.; ROAT T. C.; MALASPINA, O.; PALMA, M. S. Profiling the proteomics in honeybee worker brains submitted to the proboscis extension reflex. **J Proteomics**, v. 16 n.151, p. 131-144, 2017.

MENEGASSO, A. R. S. Uma abordagem neuroproteômica do cérebro de operárias de *Apis mellifera* africanizadas submetidas ao ensaio de reflexo de extensão de probóscide. 2017. Tese (Doutorado em Biologia celular e molecular)- Faculdade de Ciências Biológicas, Universidade Estadual Paulista, Rio Claro, 2017.

MENZEL, R. HÖLLDOBLER, B.; LINDAUER, M Learning in honey bees in an ecological and behavioral context. **Experimental behavioral ecology and sociobiology**, p. 55–74, 1985.

MENZEL, R.; GIURFA, M. Cognitive architecture of a mini-brain: the honeybee. **Trends in Cognitive Sciences**, v. 5, n.2, p. 62-71, 2001.

MENZEL, R.; LEBoulLE, G.; EISENHARDT, D. Small Brains, Bright Minds. **Cell**, v. 124, p. 237-239, 2006.

MENZEL, R.; Memory in the Bee. **Elsevier**, v.15, p. 155-159, 2015.

MÜLLER, U. The Molecular Biology of Learning and Memory – Memory Phases and Signaling Cascades. In: **Honeybee neurobiology and Behavior**. Part VI, Chap. 6.7, p. 409-421, 2012.

NOUVIAN, M.; DEISIG, N.; REINHARD, J.; GIURFA, M. Seasonality, alarm pheromone and serotonin: insights on the neurobiology of honeybee defence from winter bees. **Biol Lett.**, v. 14, n.8, p 1-3, 2018.

LENHINGER, NELSON, D. L.; COX, M. M. Princípios de bioquímica de Lehninger. 6.ed. Porto Alegre: Artmed, 2014.

PALMA, M. S. (coord.). **Análise proteômica**. Rio Claro: Unesp, [2011?]. Material de apoio do curso de formação de recursos humanos em análise proteômica.

PAMBAUKIAN, M. M. Modelagem metabólica e matemática do comportamento cinético de células S2 de *Drosophila melanogaster* adequada à sua flexibilidade metabólica. 2013. Tese (Doutorado em Engenharia Química) – Escola Politécnica, Universidade de São Paulo, São Paulo, 2013.

PRATAVIEIRA, M.; MENEGASSO, A. R. S.; GARCIA, A. M. C.; SANTOS, D. S.; GOMES, P. C.; MALASPINA, O.; PALMA, M. S. MALDI Imaging Analysis of Neuropeptides in the Africanized Honeybee (*Apis mellifera*) Brain: Effect of Ontogeny. **Journal of Proteome Research**, v. 13, p. 3054–3064, 2014.

PEIXOTO, P. M. V. Identificação de motores moleculares em larvas *Apis mellifera* e *Melipona scutellaris*. p.3-12, 1999.

RONGLI, LI.; LAN, ZHANG.; YU, FANG.; BIN, HAN.; XIAOSHAN, LU.; TIANE, ZHOU.; MAO, FENG.; JIANKE, LI. Proteome and phosphoproteome analysis of honeybee (*Apis mellifera*) venom collected from electrical stimulation and manual extraction of the venom gland. **BMC Genomics**, v. 14, p. 766–778, 2013.

SANTOS, A. F. P. Via glicolítica e sua importância na manutenção da vida. 2018. Tese (Mestrado em Ciências Biomédicas) – Faculdade de Ciências da Saúde, Universidade da Beira Interior, Portugal, 2018.

SARDIELLO, M.; ATTIMONELLI, M.; LICCIULLI, F.; CATALANO, D.; CAGGESE, C. MitoDrone: a database of *Drosophila melanogaster* nuclear genes encoding proteins targeted to the mitochondrion. **Nucleic Acids Research**, n.1, v.31, p. 322-324, 2002.

SATTELLE, D. B.; BUCKINGHAM, S.D. Invertebrate studies and their ongoing contributions to neuroscience. **Invertebrate Neuroscience**, v. 6, n.1. p. 1–3, 2006.

SBORDONI, Y. S. R. Termorregulação em abelhas sem ferrão (Hymenoptera, apidae, Meliponini): produção ativa de calor e metabolismo energético. 2015. Tese (Doutorado em

Entomologia) – Faculdade de Filosofia, Ciências e Letras, Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto, 2015.

SHORTER, J. R.; ARECHAVALETA-VALESCO, M.; ROBLES-RIOS, C.; HUNT, G. J. A Genetic Analysis of the Stinging and Guarding Behaviors of the Honey Bee. **Behav Genet.**, v. 42, p. 663-674, 2012.

STAY, B.; TOBE S.S. The role of allatostatins in juvenile hormone synthesis in insects and crustaceans. **Annual Review of Entomology**, Stanford, v. 52, p. 277–299, 2007.

STORT, A. C. Genetic study of aggressiveness of two subspecies of *Apis mellifera* in Brazil.1. Some tests to measure aggressiveness. **Journal of Apicultural Research**, London, v. 13, p.33–38, 1974

TAKEUCHI, H.; YASUDA, A.; YASUDA-KAMATANI, Y.; SAWATA, M.; MATSUO, Y.; KATO, A.; TSUJIMOTO, A.; NAKAJIMA, T.; KUBO, T. Prepro-tachykinin gene expression in the brain of the honeybee *Apis mellifera*. **Cell Tissue Research**, v. 316, n. 2, p. 281–293, 2004.

TEIXEIRA, R; CALÁBRIA, L; ESPINDOLA, F. Estudos Proteômicos da abelha *Apis mellifera e dos produtos da colmeia*, v.23, p. 125-133, 2007.

UNO, Y.; FUJIYUKI, T.; MORIOKA, M.; TAKEUCHI, H.; KUBO, T. Identification of proteins whose expression is up- or down-regulated in the mushroom bodies in the honeybee brain using proteomics. **Federation of European Biochemical Societies**, v. 581 n. 1, p. 97–101, 2007.

ZAIA, D. A. M.; ZAIA, C. T. B. V.; LICHTIG, J. Determinação de proteínas totais via espectrometria: vantagens e desvantagens dos métodos existentes. **Química nova**, p. 789-790, 1998.

ZEWDU, H.; ALTAYE, S.; WUBIE, A.; LI, J. Proteomics Improves the New Understanding of Honeybee Biology. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, p. 66, 2018.



Prof. Dr. Mario Sergio Palma  
(Orientador)



Dra. Anally Ribeiro da Silva Menegasso  
(Co-orientadora)



Gabriela Mendonça Paula  
(Aluna)

## APÊNDICES

### 1 Grupo controle

#### Processo biológico: Síntese de proteínas

código de acesso	nome da proteína
XP_014599307.1	40S ribosomal protein S5 [Polistes canadensis]
XP_014599317.1	40S ribosomal protein S5 [Polistes canadensis]
gi 1035624959	60S acidic ribosomal protein P1
gi 373211112	60S acidic ribosomal protein P1
PBC28006.1	40S ribosomal protein S7
XP_022245237.1	ribosomal protein S6 kinase alpha-2-like isoform X1 [Limulus polyphemus]
gi 572301643	60S acidic ribosomal protein P1 [Apis dorsata]
gi 380017670	60S acidic ribosomal protein P1 [Apis florea]

#### Processo biológico: Adesão celular

código de acesso	nome da proteína
XP_020285872.1	fat-like cadherin-related tumor suppressor homolog isoform X3 [Pseudomyrmex gracilis]
XP_022219403.1	cadherin-86C isoform X2 [Drosophila obscura]
XP_022193183.1	cadherin-87A [Nilaparvata lugens]
gi 1035620742	basement membrane-specific heparan sulfate proteoglycan core protein isoform X6 [Apis cerana]

#### Processo biológico: Degradação de proteínas

código de acesso	nome da proteína
XP_012175829.1	E3 ubiquitin-protein ligase UBR4 isoform X4 [Bombus terrestris]
gi 328778513	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha subcomplex subunit 10, mitochondrial
PBC26923.1	Proteasome subunit alpha type (EC 3.4.25.1)
PBC27657.1	Cullin-4B
PBC30296.1	E3 ubiquitin-protein ligase

**Processo biológico: Defesa celular**

<b>código de acesso</b>	<b>nome da proteína</b>
XP_003707098.1	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase-like [Megachile rotundata]
XP_011136874.1	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase [Harpegnathos saltator]
XP_011707184.1	heat shock 70 kDa protein cognate 3-like, partial [Wasmannia auropunctata]
XP_011329564.1	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase [Ooceraea biroii]
XP_014204550.1	heat shock 70 kDa protein cognate 3 isoform X2 [Copidosoma floridanum]
XP_014204551.1	heat shock 70 kDa protein cognate 3 isoform X2 [Copidosoma floridanum]
XP_014204555.1	heat shock 70 kDa protein cognate 3 isoform X3 [Copidosoma floridanum]
XP_014476232.1	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase-like [Dinoponera 64uadriceps]
XP_017888464.1	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase-like [Ceratina calcarata]
XP_020291300.1	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase-like [Pseudomyrmex gracilis]
XP_022214621.1	heat shock 70 kDa protein cognate 3 [Drosophila obscura]
XP_022214622.1	heat shock 70 kDa protein cognate 3 [Drosophila obscura]
XP_022214623.1	heat shock 70 kDa protein cognate 3 [Drosophila obscura]
XP_022707746.1	heat shock protein DDB_G0288861-like isoform X2 [Varroa jacobsoni]
XP_022233991.1	heat shock 70 kDa protein cognate 3 [Drosophila obscura]
AFM45298.1	Heat shock protein 70II(B6)
PBC25876.1	Heat shock protein
PBC30611.1	Heat shock
PBC34653.1	Heat shock
EZA60013.1	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase (PPIase) (EC 5.2.1.8)
EFN86206.1	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase (PPIase) (EC 5.2.1.8)
gi 572299182	heat shock 70 kDa protein 4 isoform X1 [Apis dorsata]
gi 572315195	peroxiredoxin-6-like [Apis dorsata]

**Processo biológico: Processamento do estímulo olfatório**

<b>código de acesso</b>	<b>nome da proteína</b>
OAD54229.1	Calreticulin
EFN73303.1	Calreticulin
EFN75351.1	Calreticulin
XP_017761633.1	calreticulin [Eufriesea mexicana]
XP_014486065.1	calreticulin [Dinoponera quadriceps]
XP_011153086.1	calreticulin [Harpegnathos saltator]
XP_011155626.1	calreticulin [Solenopsis invicta]
XP_003486363.1	calreticulin [Bombus impatiens]
XP_018399100.1	calreticulin [Cyphomyrmex costatus]
AFL48552.1	Calreticulin

**Processo biológico: Neuromodulação**

<b>código de acesso</b>	<b>nome da proteína</b>
XP_022241891.1	14-3-3 protein zeta-like [Limulus polyphemus]
XP_022244984.1	14-3-3 protein zeta-like isoform X1 [Limulus polyphemus]
XP_022244985.1	14-3-3 protein zeta-like isoform X1 [Limulus polyphemus]
XP_022244986.1	14-3-3 protein zeta-like isoform X2 [Limulus polyphemus]
XP_013774746.1	14-3-3 protein zeta-like [Limulus polyphemus]
XP_013774747.1	14-3-3 protein zeta-like [Limulus polyphemus]
XP_013777475.1	14-3-3 protein zeta-like isoform X1 [Limulus polyphemus]
XP_013777476.1	14-3-3 protein zeta-like isoform X2 [Limulus polyphemus]
XP_013787547.1	14-3-3 protein zeta [Limulus polyphemus]
XP_013789709.1	14-3-3 protein zeta-like [Limulus polyphemus]
XP_013789710.1	14-3-3 protein zeta-like [Limulus polyphemus]
XP_012348947.1	guanylate cyclase 32E [Apis florea]

**Processo biológico: Transdução de sinal**

<b>código de acesso</b>	<b>nome da proteína</b>
XP_013771771.1	G-protein-signaling modulator 2-like [Limulus polyphemus]
XP_013772523.1	regulator of G-protein signaling 6-like [Limulus polyphemus]
XP_013778936.1	guanine nucleotide-binding protein subunit alpha homolog isoform X1 [Limulus polyphemus]
XP_013778937.1	guanine nucleotide-binding protein subunit alpha homolog isoform X2 [Limulus polyphemus]
XP_013781575.1	guanine nucleotide-binding protein G(o) subunit alpha [Limulus polyphemus]
XP_013782173.1	guanine nucleotide-binding protein G(o) subunit alpha-like [Limulus polyphemus]
XP_013783048.1	guanine nucleotide-binding protein G(i) subunit alpha-like [Limulus polyphemus]
XP_013785643.1	guanine nucleotide-binding protein G(s) subunit alpha-like [Limulus polyphemus]
XP_013786049.1	guanine nucleotide-binding protein subunit alpha homolog [Limulus polyphemus]
XP_013786766.1	guanine nucleotide-binding protein G(i) subunit alpha-like [Limulus polyphemus]
XP_013786823.1	guanine nucleotide-binding protein G(i) subunit alpha isoform X1 [Limulus polyphemus]
XP_013788963.1	guanine nucleotide-binding protein G(o) subunit alpha-like [Limulus polyphemus]
XP_013794443.1	guanine nucleotide-binding protein subunit alpha homolog [Limulus polyphemus]
XP_014217091.1	alsin [Copidosoma floridanum]
XP_018053752.1	muscle M-line assembly protein unc-89 isoform X1 [Atta colombica]
XP_022193729.1	guanine nucleotide-binding protein subunit alpha homolog [Nilaparvata lugens]
XP_022207029.1	guanine nucleotide-binding protein G(o) subunit alpha [Nilaparvata lugens]
XP_022209050.1	neurofibromin isoform X2 [Drosophila obscura]
XP_022215528.1	G protein alpha i subunit [Drosophila obscura]
XP_022223072.1	guanine nucleotide-binding protein subunit alpha homolog isoform X1 [Drosophila obscura]
XP_022223073.1	guanine nucleotide-binding protein subunit alpha homolog isoform X2 [Drosophila obscura]
XP_022224066.1	G protein alpha s subunit isoform X1 [Drosophila obscura]
XP_022224067.1	G protein alpha s subunit isoform X1 [Drosophila obscura]
XP_022224068.1	G protein alpha s subunit isoform X1 [Drosophila obscura]
XP_022224069.1	guanine nucleotide-binding protein G(s) subunit alpha isoform X2 [Drosophila obscura]
XP_022232201.1	G protein alpha o subunit-like isoform X1 [Drosophila obscura]
XP_022232202.1	G protein alpha o subunit-like isoform X2 [Drosophila obscura]
XP_022232203.1	G protein alpha o subunit-like isoform X2 [Drosophila obscura]

XP_022232204.1	G protein alpha o subunit-like isoform X2 [Drosophila obscura]
XP_022238148.1	guanine nucleotide-binding protein G(o) subunit alpha [Limulus polyphemus]
XP_022241017.1	guanine nucleotide-binding protein G(s) subunit alpha-like [Limulus polyphemus]
XP_022242156.1	adhesion G protein-coupled receptor L3-like isoform X2 [Limulus polyphemus]
XP_022245110.1	guanine nucleotide-binding protein G(s) subunit alpha-like [Limulus polyphemus]
XP_022246816.1	guanine nucleotide-binding protein G(o) subunit alpha-like [Limulus polyphemus]
XP_022643832.1	guanine nucleotide-binding protein G(o) subunit alpha [Varroa destructor]
XP_022709559.1	guanine nucleotide-binding protein G(o) subunit alpha [Varroa jacobsoni]
gi 1035621714	Guanine nucleotide-binding protein G(O) subunit alpha
gi 373215486	Guanine nucleotide-binding protein G(O) subunit alpha
gi 1031996080	guanine nucleotide-binding protein G(o) subunit alpha [Apis mellifera]
gi 1031996937	guanine nucleotide-binding protein subunit alpha homolog partial [Apis mellifera]
gi 1035590257	guanine nucleotide-binding protein G(i) subunit alpha [Apis cerana]
gi 1035619199	guanine nucleotide-binding protein subunit alpha homolog [Apis cerana]
gi 328785050	brefeldin A-inhibited guanine nucleotide-exchange protein 3 isoform X1 [Apis mellifera]
gi 380013849	guanine nucleotide-binding protein subunit alpha homolog [Apis florea]
gi 380021578	guanine nucleotide-binding protein G(s) subunit alpha-like [Apis florea]
gi 380028490	guanine nucleotide-binding protein G(i) subunit alpha [Apis florea]
gi 572297340	guanine nucleotide-binding protein subunit alpha homolog [Apis dorsata]
gi 572314605	guanine nucleotide-binding protein G(i) subunit alpha [Apis dorsata]
gi 572316405	guanine nucleotide-binding protein G(o) subunit alpha-like [Apis dorsata]
gi 572317296	guanine nucleotide-binding protein G(s) subunit alpha-like [Apis dorsata]

### Processo biológico: metabolismo mitocondrial

<b>código de acesso</b>	<b>nome da proteína</b>
XP_022665836.1	ATP-binding cassette sub-family A member 1-like isoform X1 [Varroa destructor]
XP_022665839.1	ATP-binding cassette sub-family A member 1-like isoform X3 [Varroa destructor]
gi 572315581	dihydrolipoyllysine-residue succinyltransferase component of 2-oxoglutarate dehydrogenase complex, mitochondrial [Apis dorsata]
gi 572305981	mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim8 [Apis dorsata]
gi 572261968	MICOS complex subunit Mic60 isoform X1 [Apis dorsata]

gi 572261970	MICOS complex subunit Mic60 isoform X2 [Apis dorsata]
gi 572261972	MICOS complex subunit Mic60 isoform X3 [Apis dorsata]
gi 572261974	MICOS complex subunit Mic60 isoform X4 [Apis dorsata]
gi 572261976	MICOS complex subunit Mic60 isoform X5 [Apis dorsata]
gi 572261978	MICOS complex subunit Mic60 isoform X6 [Apis dorsata]
gi 572261980	MICOS complex subunit Mic60 isoform X7 [Apis dorsata]
gi 571579767	cytochrome c oxidase subunit 5B mitochondrial-like partial [Apis mellifera]
gi 571569906	probable aconitate hydratase, mitochondrial isoform X2 [Apis mellifera]
gi 571573725	MICOS complex subunit Mic60 isoform X1 [Apis mellifera]
gi 571573727	MICOS complex subunit Mic60 isoform X2 [Apis mellifera]
gi 571573729	MICOS complex subunit Mic60 isoform X3 [Apis mellifera]
gi 571573731	MICOS complex subunit Mic60 isoform X4 [Apis mellifera]
gi 571573733	MICOS complex subunit Mic60 isoform X5 [Apis mellifera]
gi 571530366	dihydrolipoyllysine-residue succinyltransferase component of 2-oxoglutarate dehydrogenase complex mitochondrial-like isoform X2 [Apis mellifera]
gi 380025911	dihydrolipoyllysine-residue succinyltransferase component of 2-oxoglutarate dehydrogenase complex, mitochondrial isoform X1 [Apis florea]
gi 380011293	mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim8 [Apis florea]
gi 328779076	MICOS complex subunit Mic60 isoform X7 [Apis mellifera]
gi 1035625028	2-oxoglutarate dehydrogenase, mitochondrial isoform X2 [Apis cerana]
gi 1035625302	probable aconitate hydratase, mitochondrial isoform X1 [Apis cerana]
gi 1035596115	mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim8 [Apis cerana]
XP_001122230.1	mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim8 [Apis mellifera]
XP_001607265.1	glutamate dehydrogenase, mitochondrial [Nasonia vitripennis]
XP_003395980.1	mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim8 [Bombus terrestris]
XP_003485661.1	V-type proton ATPase subunit H isoform X1 [Bombus impatiens]
XP_003491181.1	aconitate hydratase, mitochondrial [Bombus impatiens]
XP_003491271.1	mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim8 [Bombus impatiens]
XP_003689743.1	mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim8 [Apis florea]

XP_003696707.1	dihydrolipoyllysine-residue succinyltransferase component of 2-oxoglutarate dehydrogenase complex, mitochondrial isoform X1 [Apis florea]
XP_003705474.1	aconitate hydratase, mitochondrial-like [Megachile rotundata]
XP_006560038.1	MICOS complex subunit Mic60 isoform X1 [Apis mellifera]
XP_006560039.1	MICOS complex subunit Mic60 isoform X2 [Apis mellifera]
XP_006560040.1	MICOS complex subunit Mic60 isoform X3 [Apis mellifera]
XP_006560041.1	MICOS complex subunit Mic60 isoform X4 [Apis mellifera]
XP_006560042.1	MICOS complex subunit Mic60 isoform X5 [Apis mellifera]
XP_006560043.1	MICOS complex subunit Mic60 isoform X6 [Apis mellifera]
XP_006565710.1	glutamate dehydrogenase mitochondrial isoform X1 [Apis mellifera]
XP_006567925.1	dihydrolipoyllysine-residue succinyltransferase component of 2-oxoglutarate dehydrogenase complex mitochondrial-like isoform X2 [Apis mellifera]
XP_006618898.1	mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim8-like [Apis dorsata]
XP_006619238.1	aconitate hydratase, mitochondrial-like [Apis dorsata]
XP_006623439.1	dihydrolipoyllysine-residue succinyltransferase component of 2-oxoglutarate dehydrogenase complex, mitochondrial-like [Apis dorsata]
XP_008206422.1	mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim8 [Nasonia vitripennis]
XP_011064484.1	probable aconitate hydratase, mitochondrial isoform X1 [Acromyrmex echinator]
XP_011064485.1	aconitate hydratase, mitochondrial-like isoform X2 [Acromyrmex echinator]
XP_011170319.1	aconitate hydratase, mitochondrial [Solenopsis invicta]
XP_011308332.1	aconitate hydratase, mitochondrial-like [Fopius arisanus]
XP_011311377.1	mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim8 [Fopius arisanus]
XP_011497765.1	aconitate hydratase, mitochondrial-like [Ceratosolen solmsi marchali]
XP_011641504.1	probable aconitate hydratase, mitochondrial [Pogonomyrmex barbatus]
XP_011707424.1	aconitate hydratase, mitochondrial-like [Wasmannia auropunctata]
XP_011875048.1	probable aconitate hydratase, mitochondrial [Vollenhovia emeryi]
XP_012149397.1	2-oxoglutarate dehydrogenase, mitochondrial isoform X9 [Megachile rotundata]
XP_012267692.1	ATP synthase subunit gamma, mitochondrial-like [Athalia rosae]
XP_012285621.1	mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim8 [Orussus abietinus]
XP_012285779.1	aconitate hydratase, mitochondrial [Orussus abietinus]

XP_012345305.1	LOW QUALITY PROTEIN: MICOS complex subunit Mic60 [ <i>Apis florea</i> ]
XP_012345776.1	dihydrolipoyllysine-residue succinyltransferase component of 2-oxoglutarate dehydrogenase complex, mitochondrial isoform X2 [ <i>Apis florea</i> ]
XP_012540410.1	probable aconitate hydratase, mitochondrial [ <i>Monomorium pharaonis</i> ]
XP_014215629.1	dihydrolipoyllysine-residue succinyltransferase component of 2-oxoglutarate dehydrogenase complex
XP_014215641.1	dihydrolipoyllysine-residue succinyltransferase component of 2-oxoglutarate dehydrogenase complex, mitochondrial-like isoform X1 [ <i>Copidosoma floridanum</i> ]
XP_014216722.1	aconitate hydratase, mitochondrial-like [ <i>Copidosoma floridanum</i> ]
XP_014224226.1	mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim8 [ <i>Trichogramma pretiosum</i> ]
XP_014481832.1	aconitate hydratase, mitochondrial-like [ <i>Dinoponera quadriceps</i> ]
XP_015117450.1	aconitate hydratase, mitochondrial [ <i>Diachasma alloeum</i> ]
XP_015126290.1	mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim8 [ <i>Diachasma alloeum</i> ]
XP_015184667.1	probable aconitate hydratase, mitochondrial [ <i>Polistes dominula</i> ]
XP_015432039.1	mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim8 [ <i>Dufourea novaeangliae</i> ]
XP_015433320.1	dihydrolipoyllysine-residue succinyltransferase component of 2-oxoglutarate dehydrogenase complex, mitochondrial [ <i>Dufourea novaeangliae</i> ]
XP_015433321.1	dihydrolipoyllysine-residue succinyltransferase component of 2-oxoglutarate dehydrogenase complex, mitochondrial [ <i>Dufourea novaeangliae</i> ]
XP_015510075.1	aconitate hydratase, mitochondrial-like [ <i>Neodiprion lecontei</i> ]
XP_015521342.1	mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim8 [ <i>Neodiprion lecontei</i> ]
XP_016771789.1	glutamate dehydrogenase, mitochondrial isoform X1 [ <i>Apis mellifera</i> ]
XP_016903859.1	pyruvate dehydrogenase E1 component subunit beta, mitochondrial [ <i>Apis cerana</i> ]
XP_016905416.1	mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim8 [ <i>Apis cerana</i> ]
XP_016915370.1	glutamate dehydrogenase, mitochondrial [ <i>Apis cerana</i> ]
XP_016922046.1	dihydrolipoyllysine-residue succinyltransferase component of 2-oxoglutarate dehydrogenase complex, mitochondrial [ <i>Apis cerana</i> ]
XP_017757464.1	dihydrolipoyllysine-residue succinyltransferase component of 2-oxoglutarate dehydrogenase complex, mitochondrial [ <i>Eufriesea mexicana</i> ]
XP_017764002.1	mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim8 [ <i>Eufriesea mexicana</i> ]
XP_017796441.1	pyruvate dehydrogenase E1 component subunit beta, mitochondrial isoform X1 [ <i>Habropoda laboriosa</i> ]
XP_017796442.1	pyruvate dehydrogenase E1 component subunit beta, mitochondrial isoform X2 [ <i>Habropoda laboriosa</i> ]
XP_017796785.1	mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim8-like [ <i>Habropoda laboriosa</i> ]

XP_022195340.1	probable cytochrome P450 49a1 [Nilaparvata lugens]
XP_022672753.1	aconitate hydratase, mitochondrial-like [Varroa destructor]
XP_022699998.1	aconitate hydratase, mitochondrial-like [Varroa jacobsoni]
XP_392094.3	MICOS complex subunit Mic60 isoform X7 [Apis mellifera]
XP_392679.4	dihydrolipoyllysine-residue succinyltransferase component of 2-oxoglutarate dehydrogenase complex
XP_392776.2	glutamate dehydrogenase, mitochondrial isoform X2 [Apis mellifera]
gi 1035586437	Cytochrome c oxidase subunit
gi 1035589796	Mitochondrial-processing peptidase subunit beta
gi 328778987	Cytochrome b-c1 complex subunit 6
gi 373198681	MICOS complex subunit MIC60 (Mitofilin)
gi 51094046	Cytochrome c oxidase subunit 2
gi 530754761	Cytochrome oxidase subunit 2 (Fragment)
gi 530756185	Cytochrome oxidase subunit 2 (Cytochrome oxidase subunit II) (Fragment)
gi 571573735	MICOS complex subunit MIC60 (Mitofilin)
AEY58095.1	MICOS complex subunit MIC60 (Mitofilin)
AEY60490.1	Pyruvate dehydrogenase E1 component subunit beta (EC 1.2.4.1)
AEY60683.1	Aconitate hydratase, mitochondrial (Aconitase) (EC 4.2.1.-)
AEY60879.1	Dihydrolipoyllysine-residue succinyltransferase component of 2-oxoglutarate dehydrogenase complex
EFN70808.1	Glutamate dehydrogenase, mitochondrial
EFN71522.1	Aconitate hydratase, mitochondrial (Aconitase) (EC 4.2.1.-)
EZA62649.1	Aconitate hydratase, mitochondrial (Aconitase) (EC 4.2.1.-)
JAG83030.1	Aconitate hydratase, mitochondrial (Aconitase) (EC 4.2.1.-)
KMQ95155.1	Aconitate hydratase, mitochondrial (Aconitase) (EC 4.2.1.-)
KOC59029.1	Mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim8
KOC59353.1	Pyruvate dehydrogenase E1 component subunit beta (EC 1.2.4.1)
KOC61025.1	Aconitate hydratase, mitochondrial (Aconitase) (EC 4.2.1.-)
KOX71536.1	Aconitate hydratase, mitochondrial (Aconitase) (EC 4.2.1.-)
KOX76663.1	Mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim8
KYM85637.1	Aconitate hydratase, mitochondrial (Aconitase) (EC 4.2.1.-)
KYM96557.1	Aconitate hydratase, mitochondrial (Aconitase) (EC 4.2.1.-)

KZC10139.1	Mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim8
OAD52626.1	Mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim8
OAD60710.1	Glutamate dehydrogenase, mitochondrial
OAD60744.1	Cytochrome b-c1 complex subunit 2, mitochondrial (Fragment)
PBC29043.1	Mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim8
PBC29794.1	MICOS complex subunit MIC60 (Mitofilin)
PBC33917.1	Dihydrolipoyllysine-residue succinyltransferase component of
XP_014611885.1	probable aconitate hydratase, mitochondrial [Polistes canadensis]
gi 1035591139	Dihydrolipoyllysine-residue succinyltransferase component of 2-oxoglutarate dehydrogenase complex
gi 373212573	Dihydrolipoyllysine-residue succinyltransferase component of 2-oxoglutarate dehydrogenase complex
gi 572262664	protein I(2)37Cc [Apis dorsata]
XP_011267643.1	malate dehydrogenase cytoplasmic [Camponotus floridanus]
XP_006611819.1	V-type proton ATPase subunit G-like [Apis dorsata]
XP_003689962.1	V-type proton ATPase subunit G [Apis florea]
XP_003701719.2	V-type proton ATPase subunit H isoform X2 [Megachile rotundata]
XP_006624435.1	V-type proton ATPase subunit H-like isoform X1 [Apis dorsata]
XP_006624436.1	V-type proton ATPase subunit H-like isoform X2 [Apis dorsata]
XP_006624437.1	V-type proton ATPase subunit H-like isoform X3 [Apis dorsata]
XP_011061960.1	V-type proton ATPase subunit H-like [Acromyrmex echinator]
XP_011302354.1	V-type proton ATPase subunit H isoform X1 [Fopius arisanus]
XP_011302355.1	V-type proton ATPase subunit H isoform X2 [Fopius arisanus]
XP_011636788.1	V-type proton ATPase subunit H isoform X1 [Pogonomyrmex barbatus]
XP_011636789.1	V-type proton ATPase subunit H isoform X2 [Pogonomyrmex barbatus]
XP_011636790.1	V-type proton ATPase subunit H isoform X3 [Pogonomyrmex barbatus]
XP_011697696.1	V-type proton ATPase subunit H isoform X1 [Wasmannia auropunctata]
XP_011697697.1	V-type proton ATPase subunit H isoform X2 [Wasmannia auropunctata]
XP_011868719.1	V-type proton ATPase subunit H isoform X1 [Vollenhovia emeryi]
XP_011868720.1	V-type proton ATPase subunit H isoform X2 [Vollenhovia emeryi]
XP_012064346.1	V-type proton ATPase subunit H [Atta cephalotes]
XP_012136989.1	V-type proton ATPase subunit H isoform X1 [Megachile rotundata]

XP_012136990.1	V-type proton ATPase subunit H isoform X3 [Megachile rotundata]
XP_012215798.1	V-type proton ATPase subunit H isoform X1 [Linepithema humile]
XP_012215799.1	V-type proton ATPase subunit H isoform X2 [Linepithema humile]
XP_012249476.1	V-type proton ATPase subunit H isoform X2 [Bombus impatiens]
XP_012287079.1	V-type proton ATPase subunit H isoform X1 [Orussus abietinus]
XP_012287080.1	V-type proton ATPase subunit H isoform X2 [Orussus abietinus]
XP_012340211.1	V-type proton ATPase subunit H isoform X1 [Apis florea]
XP_012340212.1	V-type proton ATPase subunit H isoform X2 [Apis florea]
XP_012340213.1	V-type proton ATPase subunit H isoform X3 [Apis florea]
XP_016916905.1	V-type proton ATPase subunit G [Apis cerana]
XP_624346.1	V-type proton ATPase subunit G [Apis mellifera]
XP_625098.1	V-type proton ATPase subunit E [Apis mellifera]
gi 373211078	V-type proton ATPase subunit G
gi 1035613247	V-type proton ATPase subunit H
gi 373212578	V-type proton ATPase subunit H
gi 66553147	V-type proton ATPase subunit G
AEY60881.1	V-type proton ATPase subunit H
EZA59801.1	V-type proton ATPase subunit H
JAG84221.1	V-type proton ATPase subunit H
PBC25318.1	V-type proton ATPase subunit E
PBC28512.1	V-type proton ATPase subunit H
PBC30004.1	V-type proton ATPase subunit G
gi 1035613245	V-type proton ATPase subunit H isoform X1 [Apis cerana]
gi 1035613249	V-type proton ATPase subunit H isoform X3 [Apis cerana]
gi 1035619698	V-type proton ATPase subunit E [Apis cerana]
gi 328792071	V-type proton ATPase subunit H isoform X2 [Apis mellifera]
gi 380011566	V-type proton ATPase subunit E [Apis florea]
gi 380011755	V-type proton ATPase subunit G [Apis florea]
gi 571536402	V-type proton ATPase subunit H isoform X3 [Apis mellifera]
gi 572317355	V-type proton ATPase subunit E [Apis dorsata]

gi 572317684	V-type proton ATPase subunit H isoform X1 [Apis dorsata]
--------------	----------------------------------------------------------

**Processo biológico: Metabolismo citoplasmático**

<b>código de acesso</b>	<b>nome da proteína</b>
XP_006619401.1	glycerol-3-phosphate dehydrogenase, mitochondrial-like isoform X2 [Apis dorsata]
XP_006619402.1	glycerol-3-phosphate dehydrogenase, mitochondrial-like isoform X3 [Apis dorsata]
XP_006619403.1	glycerol-3-phosphate dehydrogenase, mitochondrial-like isoform X4 [Apis dorsata]
XP_022209012.1	fructose-bisphosphate aldolase isoform X1 [Drosophila obscura]
XP_022668058.1	fructose-bisphosphate aldolase A-like [Varroa destructor]
gi 1035591031	Glycerol-3-phosphate dehydrogenase (EC 1.1.5.3)
gi 1035591033	Glycerol-3-phosphate dehydrogenase (EC 1.1.5.3)
gi 373198495	Glycerol-3-phosphate dehydrogenase (EC 1.1.5.3)
AEY58035.1	Glycerol-3-phosphate dehydrogenase (EC 1.1.5.3)
AEY58036.1	Glycerol-3-phosphate dehydrogenase (EC 1.1.5.3)
PBC30205.1	Glycerol-3-phosphate dehydrogenase (EC 1.1.5.3)
gi 1035591035	glycerol-3-phosphate dehydrogenase, mitochondrial isoform X2 [Apis cerana]
gi 571502064	fructose-bisphosphate aldolase [Apis mellifera]
gi 571544992	glycerol-3-phosphate dehydrogenase, mitochondrial isoform X1 [Apis mellifera]
gi 571544995	glycerol-3-phosphate dehydrogenase, mitochondrial isoform X2 [Apis mellifera]
gi 572307045	glycerol-3-phosphate dehydrogenase, mitochondrial isoform X1 [Apis dorsata]
gi 572307047	glycerol-3-phosphate dehydrogenase, mitochondrial isoform X2 [Apis dorsata]
gi 572307049	glycerol-3-phosphate dehydrogenase, mitochondrial isoform X3 [Apis dorsata]
gi 572307051	glycerol-3-phosphate dehydrogenase, mitochondrial isoform X3 [Apis dorsata]
gi 380016993	glutamine synthetase 2 cytoplasmic isoform X1 [Apis florea]
gi 1035618264	lysosomal-trafficking regulator isoform X3 [Apis cerana]
gi 1035612067	protein l(2)37Cc [Apis cerana]
gi 1035612069	protein l(2)37Cc [Apis cerana]
gi 1035612071	protein l(2)37Cc [Apis cerana]
XP_003692451.1	glutamine synthetase 2 cytoplasmic isoform X1 [Apis florea]
XP_006559390.1	protein l(2)37Cc [Apis mellifera]

XP_006559391.1	protein l(2)37Cc [Apis mellifera]
XP_006609580.1	protein l(2)37Cc-like isoform X1 [Apis dorsata]
XP_006609581.1	protein l(2)37Cc-like isoform X2 [Apis dorsata]
XP_012252611.1	lysosomal-trafficking regulator [Athalia rosae]
XP_012350353.1	protein l(2)37Cc [Apis florea]
XP_012350354.1	protein l(2)37Cc [Apis florea]
XP_012350355.1	protein l(2)37Cc [Apis florea]
XP_013772002.1	glutamina synthetase-like [Limulus polyphemus]
XP_013772012.1	glutamine synthetase-like [Limulus polyphemus]
XP_013783252.1	isoaspartyl peptidase/L-asparaginase-like isoform X1 [Limulus polyphemus]
XP_016771285.1	protein l(2)37Cc [Apis mellifera]
XP_016913716.1	protein l(2)37Cc [Apis cerana]
XP_016913717.1	protein l(2)37Cc [Apis cerana]
XP_016913718.1	protein l(2)37Cc [Apis cerana]
XP_022224877.1	ankyrin repeat and KH domain-containing protein mask isoform X5 [Drosophila obscura]
XP_022225562.1	eIF-2-alpha kinase activator GCN1 isoform X1 [Drosophila obscura]
XP_022252208.1	serine/threonine-protein kinase D1-like isoform X3 [Limulus polyphemus]
gi 373193691	Major royal jelly protein 3
gi 373193697	Major royal jelly protein 3
gi 373193703	Major royal jelly protein 3
gi 56422037	Major royal jelly protein 3
gi 57546162	Major rojal jelly protein 5 (Fragment)
gi 20138902	Major royal jelly protein 5 (MRJP-5) (Bee-milk protein)
gi 4101572	Major royal jelly protein 5 (MRJP-5) (Bee-milk protein)
gi 58585138	Major royal jelly protein 5 (MRJP-5) (Bee-milk protein)
AAW51952.1	Major rojal jelly protein 5 (Fragment)
PBC30649.1	Major royal jelly protein
XP_006619400.1	glycerol-3-phosphate dehydrogenase, mitochondrial-like isoform X1 [Apis dorsata]

**Processo biológico: Citoesqueleto**

<b>código de acesso</b>	<b>nome da proteína</b>
gi 572258809	spectrin beta chain, non-erythrocytic 5 isoform X1 [Apis dorsata]
gi 572258815	spectrin beta chain, non-erythrocytic 5 isoform X4 [Apis dorsata]
gi 1035625802	actin, cytoplasmic-like [Apis cerana]
gi 572267593	tubulin beta-1 chain [Apis dorsata]
XP_013778077.1	alpha-actinin-like [Limulus polyphemus]
XP_011054787.1	alpha-actinin, sarcomeric isoform X1 [Acromyrmex echinatio]
XP_011054788.1	alpha-actinin, sarcomeric isoform X1 [Acromyrmex echinatio]*
XP_011054789.1	alpha-actinin, sarcomeric isoform X2 [Acromyrmex echinatio]
XP_011167398.1	alpha-actinin, sarcomeric isoform X1 [Solenopsis invicta]
XP_011167399.1	alpha-actinin, sarcomeric isoform X1 [Solenopsis invicta]
XP_011167400.1	alpha-actinin, sarcomeric isoform X1 [Solenopsis invicta]
XP_011167401.1	alpha-actinin sarcomeric isoform X2 [Solenopsis invicta]
XP_011308119.1	alpha-actinin, sarcomeric isoform X1 [Fopius arisanus]
XP_011308120.1	alpha-actinin, sarcomeric isoform X2 [Fopius arisanus]
XP_011308121.1	alpha-actinin, sarcomeric isoform X1 [Fopius arisanus]
XP_011308122.1	alpha-actinin, sarcomeric isoform X1 [Fopius arisanus]
XP_011496739.1	tubulin alpha-1 chain [Ceratosolen solmsi marchali]
XP_011635680.1	alpha-actinin, sarcomeric isoform X1 [Pogonomyrmex barbatus]
XP_011635681.1	alpha-actinin, sarcomeric isoform X1 [Pogonomyrmex barbatus]
XP_011635682.1	alpha-actinin, sarcomeric isoform X2 [Pogonomyrmex barbatus]
XP_011635683.1	alpha-actinin, sarcomeric isoform X3 [Pogonomyrmex barbatus]
XP_011704055.1	alpha-actinin, sarcomeric isoform X1 [Wasmannia auropunctata]
XP_011704056.1	alpha-actinin, sarcomeric isoform X1 [Wasmannia auropunctata]
XP_011704057.1	alpha-actinin, sarcomeric isoform X1 [Wasmannia auropunctata]
XP_011704058.1	alpha-actinin, sarcomeric isoform X2 [Wasmannia auropunctata]
XP_011704059.1	alpha-actinin, sarcomeric isoform X3 [Wasmannia auropunctata]
XP_011865291.1	microtubule-actin cross-linking factor 1 isoform X14 [Vollenhovia emeryi]

XP_011866994.1	alpha-actinin, sarcomeric isoform X1 [Vollenhovia emeryi]
XP_011866995.1	alpha-actinin, sarcomeric isoform X1 [Vollenhovia emeryi]
XP_011866996.1	alpha-actinin, sarcomeric isoform X1 [Vollenhovia emeryi]
XP_011866997.1	alpha-actinin, sarcomeric isoform X1 [Vollenhovia emeryi]
XP_011867000.1	alpha-actinin, sarcomeric isoform X2 [Vollenhovia emeryi]
XP_011874586.1	microtubule-associated protein futsch-like isoform X2 [Vollenhovia emeryi]
XP_022198019.1	spectrin beta chain, partial [Nilaparvata lugens]
XP_022232744.1	tubulin alpha-4 chain [Drosophila obscura]
EZA55445.1	Alpha-actinin, sarcomeric
PBC29261.1	Dynein assembly factor 1, axonemal homolog
PBC29514.1	Tubulin glycyclase 3A
XP_011166991.1	apolipophorins [Solenopsis invicta]

### Processo biológico: Transporte celular

<b>código de acesso</b>	<b>nome da proteína</b>
XP_022667882.1	UDP-N-acetylglucosamine transporter-like isoform X1 [Varroa destructor]
XP_022667883.1	UDP-N-acetylglucosamine transporter-like isoform X2 [Varroa destructor]
gi 1035612570	Calcium-transporting ATPase (EC 7.2.2.10)
gi 1035612572	Calcium-transporting ATPase (EC 7.2.2.10)
gi 1035612574	Calcium-transporting ATPase (EC 7.2.2.10)
gi 373196605	Calcium-transporting ATPase (EC 7.2.2.10)
gi 373196609	Calcium-transporting ATPase (EC 7.2.2.10)
gi 373196607	Calcium-transporting ATPase (EC 7.2.2.10)
gi 373196611	Calcium-transporting ATPase (EC 7.2.2.10)
gi 373202455	Apolipophorins
gi 373202457	Apolipophorins
gi 1035624320	Amino acid transporter
gi 1035624322	Amino acid transporter
gi 373203541	Amino acid transporter
gi 4960026	Amino acid transporter

gi 571513382	Amino acid transporter
gi 58585134	Amino acid transporter
AEY57348.1	Calcium-transporting ATPase (EC 7.2.2.10)
AEY57350.1	Calcium-transporting ATPase (EC 7.2.2.10)
AEY57349.1	Calcium-transporting ATPase (EC 7.2.2.10)
AEY57351.1	Calcium-transporting ATPase (EC 7.2.2.10)
ASW18692.1	Vitellogenin 1
EZA62297.1	Calcium-transporting ATPase (EC 7.2.2.10)
PBC31208.1	Lysosomal-trafficking regulator
PBC34364.1	Amino acid transporter
PBC34817.1	Apolipoporphin
PCG81114.1	Calcium-transporting ATPase (EC 7.2.2.10)
PCG81117.1	Calcium-transporting ATPase (EC 7.2.2.10)
PCG81115.1	Calcium-transporting ATPase (EC 7.2.2.10)
PCG81116.1	Calcium-transporting ATPase (EC 7.2.2.10)
PCG81118.1	Calcium-transporting ATPase (EC 7.2.2.10)
PCG81119.1	Calcium-transporting ATPase (EC 7.2.2.10)
PCG81120.1	Calcium-transporting ATPase (EC 7.2.2.10)
PCG81121.1	Calcium-transporting ATPase (EC 7.2.2.10)
XP_018345881.1	clathrin heavy chain [Trachymyrmex septentrionalis]
PCG75637.1	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit alpha
PCG75638.1	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit alpha
PCG75639.1	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit alpha
gi 1035601483	apolipoporphins [Apis cerana]
gi 572313460	excitatory amino acid transporter-like [Apis dorsata]
XP_003705645.1	ATP synthase subunit alpha, mitochondrial [Megachile rotundata]
XP_006615684.1	calcium-transporting ATPase sarcoplasmic/endoplasmic reticulum type-like isoform X1 [Apis dorsata]
XP_006615685.1	calcium-transporting ATPase sarcoplasmic/endoplasmic reticulum type-like isoform X2 [Apis dorsata]
XP_006615686.1	calcium-transporting ATPase sarcoplasmic/endoplasmic reticulum type-like isoform X3 [Apis dorsata]
XP_006615687.1	calcium-transporting ATPase sarcoplasmic/endoplasmic reticulum type-like isoform X4 [Apis dorsata]

XP_006615991.1	calcium/calmodulin-dependent protein kinase type II subunit delta-like isoform X17 [Apis dorsata]
XP_011062567.1	calcium-transporting ATPase sarcoplasmic/endoplasmic reticulum type isoform X1 [Acromyrmex echinator]
XP_011062568.1	calcium-transporting ATPase sarcoplasmic/endoplasmic reticulum type isoform X1 [Acromyrmex echinator]
XP_011062569.1	calcium-transporting ATPase sarcoplasmic/endoplasmic reticulum type isoform X1 [Acromyrmex echinator]
XP_011062570.1	calcium-transporting ATPase sarcoplasmic/endoplasmic reticulum type isoform X2 [Acromyrmex echinator]
XP_011062572.1	calcium-transporting ATPase sarcoplasmic/endoplasmic reticulum type isoform X3 [Acromyrmex echinator]
XP_011503432.1	calcium-transporting ATPase sarcoplasmic/endoplasmic reticulum type isoform X1 [Ceratosolen solmsi marchali]
XP_011503434.1	calcium-transporting ATPase sarcoplasmic/endoplasmic reticulum type isoform X1 [Ceratosolen solmsi marchali]
XP_011503435.1	calcium-transporting ATPase sarcoplasmic/endoplasmic reticulum type isoform X1 [Ceratosolen solmsi marchali]
XP_011503436.1	calcium-transporting ATPase sarcoplasmic/endoplasmic reticulum type isoform X2 [Ceratosolen solmsi marchali]
XP_013775740.1	calcium-transporting ATPase sarcoplasmic/endoplasmic reticulum type-like isoform X1 [Limulus polyphemus]
XP_013775741.1	calcium-transporting ATPase sarcoplasmic/endoplasmic reticulum type-like isoform X2 [Limulus polyphemus]
XP_013784895.1	calcium-transporting ATPase sarcoplasmic/endoplasmic reticulum type-like isoform X1 [Limulus polyphemus]
XP_013787720.2	calcium-transporting ATPase sarcoplasmic/endoplasmic reticulum type-like, partial [Limulus polyphemus]
XP_022224096.1	calcium-transporting ATPase sarcoplasmic/endoplasmic reticulum type isoform X1 [Drosophila obscura]
XP_022224097.1	calcium-transporting ATPase sarcoplasmic/endoplasmic reticulum type isoform X1 [Drosophila obscura]
XP_022224098.1	calcium-transporting ATPase sarcoplasmic/endoplasmic reticulum type isoform X1 [Drosophila obscura]
XP_022224099.1	calcium-transporting ATPase sarcoplasmic/endoplasmic reticulum type isoform X2 [Drosophila obscura]
XP_022224100.1	calcium-transporting ATPase sarcoplasmic/endoplasmic reticulum type isoform X3 [Drosophila obscura]
XP_022253091.1	calcium-transporting ATPase sarcoplasmic/endoplasmic reticulum type-like isoform X2 [Limulus polyphemus]
XP_022253092.1	calcium-transporting ATPase sarcoplasmic/endoplasmic reticulum type-like isoform X3 [Limulus polyphemus]
XP_022258376.1	calcium-transporting ATPase sarcoplasmic/endoplasmic reticulum type-like [Limulus polyphemus]
XP_022667921.1	calcium-transporting ATPase sarcoplasmic/endoplasmic reticulum type-like isoform X1 [Varroa destructor]
XP_022667922.1	calcium-transporting ATPase sarcoplasmic/endoplasmic reticulum type-like isoform X1 [Varroa destructor]
XP_022667923.1	calcium-transporting ATPase sarcoplasmic/endoplasmic reticulum type-like isoform X1 [Varroa destructor]
XP_022667924.1	calcium-transporting ATPase sarcoplasmic/endoplasmic reticulum type-like isoform X1 [Varroa destructor]
XP_022667925.1	calcium-transporting ATPase sarcoplasmic/endoplasmic reticulum type-like isoform X1 [Varroa destructor]
XP_022667926.1	calcium-transporting ATPase sarcoplasmic/endoplasmic reticulum type-like isoform X2 [Varroa destructor]
XP_022667928.1	calcium-transporting ATPase sarcoplasmic/endoplasmic reticulum type-like isoform X3 [Varroa destructor]
XP_022694798.1	calcium-transporting ATPase sarcoplasmic/endoplasmic reticulum type-like isoform X1 [Varroa jacobsoni]

XP_022694799.1	calcium-transporting ATPase sarcoplasmic/endoplasmic reticulum type-like isoform X2 [Varroa jacobsoni]
gi 1032007412	calcium-transporting ATPase sarcoplasmic/endoplasmic reticulum type isoform X3 [Apis mellifera]
gi 1032007414	calcium-transporting ATPase sarcoplasmic/endoplasmic reticulum type isoform X4 [Apis mellifera]
gi 380022760	LOW QUALITY PROTEIN: calcium-transporting ATPase sarcoplasmic/endoplasmic reticulum type [Apis florea]
gi 571522516	calcium/calmodulin-dependent protein kinase II isoform X28 [Apis mellifera]
gi 571522544	calcium/calmodulin-dependent protein kinase II isoform X38 [Apis mellifera]
gi 571564905	calcium-transporting ATPase sarcoplasmic/endoplasmic reticulum type isoform X1 [Apis mellifera]
gi 571564908	calcium-transporting ATPase sarcoplasmic/endoplasmic reticulum type isoform X1 [Apis mellifera]
gi 571564911	calcium-transporting ATPase sarcoplasmic/endoplasmic reticulum type isoform X1 [Apis mellifera]
gi 572261456	calcium-dependent secretion activator [Apis dorsata]
gi 572299090	calcium-transporting ATPase sarcoplasmic/endoplasmic reticulum type isoform X1 [Apis dorsata]
gi 572299092	calcium-transporting ATPase sarcoplasmic/endoplasmic reticulum type isoform X1 [Apis dorsata]
gi 572299094	calcium-transporting ATPase sarcoplasmic/endoplasmic reticulum type isoform X1 [Apis dorsata]
gi 572299096	calcium-transporting ATPase sarcoplasmic/endoplasmic reticulum type isoform X4 [Apis dorsata]
gi 572299739	calcium/calmodulin-dependent protein kinase type II delta chain isoform X12 [Apis dorsata]
gi 572299789	calcium/calmodulin-dependent protein kinase type II alpha chain isoform X39 [Apis dorsata]

**Processo biológico: *Housekeeping***

<b>código de acesso</b>	<b>nome da proteína</b>
XP_003488722.1	eukaryotic translation initiation factor 5A [Bombus impatiens]
XP_003488833.1	breast cancer type 1 susceptibility protein-like isoform X1 [Bombus impatiens]
XP_003490975.1	troponin C isoform X2 [Bombus impatiens]
XP_003698200.1	troponin C, isoform 1-like [Apis florea]
XP_003700709.1	troponin C, isoform 1-like isoform X2 [Megachile rotundata]
XP_003705274.1	eukaryotic translation initiation factor 5A [Megachile rotundata]
XP_006569857.1	myosin heavy chain, muscle isoform X1 [Apis mellifera]
XP_006569858.1	myosin heavy chain, muscle isoform X3 [Apis mellifera]
XP_006569859.1	myosin heavy chain, muscle isoform X6 [Apis mellifera]
XP_006569860.1	myosin heavy chain, muscle isoform X5 [Apis mellifera]
XP_006569861.1	myosin heavy chain, muscle isoform X2 [Apis mellifera]

XP_006569862.1	myosin heavy chain, muscle isoform X10 [Apis mellifera]
XP_006569863.1	myosin heavy chain, muscle isoform X7 [Apis mellifera]
XP_006569864.1	myosin heavy chain, muscle isoform X16 [Apis mellifera]
XP_006569865.1	myosin heavy chain, muscle isoform X20 [Apis mellifera]
XP_006569866.1	myosin heavy chain, muscle isoform X18 [Apis mellifera]
XP_006608630.1	eukaryotic translation initiation factor 5A-like isoform X1 [Apis dorsata]
XP_006608631.1	eukaryotic translation initiation factor 5A-like isoform X2 [Apis dorsata]
XP_006609255.1	putative mitochondrial inner membrane protein-like isoform X1 [Apis dorsata]
XP_006609256.1	putative mitochondrial inner membrane protein-like isoform X2 [Apis dorsata]
XP_006609257.1	putative mitochondrial inner membrane protein-like isoform X3 [Apis dorsata]
XP_006609258.1	putative mitochondrial inner membrane protein-like isoform X4 [Apis dorsata]
XP_006609259.1	putative mitochondrial inner membrane protein-like isoform X5 [Apis dorsata]
XP_006609260.1	putative mitochondrial inner membrane protein-like isoform X6 [Apis dorsata]
XP_006609261.1	putative mitochondrial inner membrane protein-like isoform X7 [Apis dorsata]
XP_006611118.1	dentin sialophosphoprotein-like [Apis dorsata]
XP_006611196.1	histone H2B-like [Apis dorsata]
XP_006616438.1	troponin C, isoform 1-like [Apis dorsata]
XP_006618077.1	histone H2B-like [Apis dorsata]
XP_006619088.1	titin-like [Apis dorsata]
XP_006621108.1	histone H2B-like [Apis dorsata]
XP_006621211.1	fasciclin-1-like isoform X1 [Apis dorsata]
XP_006621212.1	fasciclin-1-like isoform X2 [Apis dorsata]
XP_006624655.1	histone H2B-like [Apis dorsata]
XP_008551683.1	serologically defined colon cancer antigen 8 homolog isoform X1 [Microplitis demolitor]
XP_011057612.1	histone H2B [Acromyrmex echinator]
XP_011057613.1	histone H2A [Acromyrmex echinator]
XP_011058513.1	eukaryotic translation initiation factor 5A [Acromyrmex echinator]
XP_011058813.1	tropomyosin isoform X11 [Acromyrmex echinator]
XP_011062458.1	histone H2B [Acromyrmex echinator]
XP_011062461.1	histone H2B [Acromyrmex echinator]

XP_011068000.1	histone H2B [ <i>Acromyrmex echinator</i> ]
XP_011156269.1	histone H2B [ <i>Solenopsis invicta</i> ]
XP_011157722.1	eukaryotic translation initiation factor 5A isoform X2 [ <i>Solenopsis invicta</i> ]
XP_011163199.1	histone H2B [ <i>Solenopsis invicta</i> ]
XP_011166349.1	histone H2B [ <i>Solenopsis invicta</i> ]
XP_011298402.1	cofilin/actin-depolymerizing factor homolog [ <i>Fopius arisanus</i> ]
XP_011300114.1	dynein heavy chain 3, axonemal [ <i>Fopius arisanus</i> ]
XP_011303940.1	tropomyosin-2 isoform X13 [ <i>Fopius arisanus</i> ]
XP_011303941.1	tropomyosin-2 isoform X13 [ <i>Fopius arisanus</i> ]
XP_011303943.1	tropomyosin isoform X14 [ <i>Fopius arisanus</i> ]
XP_011303944.1	tropomyosin-2 isoform X15 [ <i>Fopius arisanus</i> ]
XP_011314891.1	eukaryotic translation initiation factor 5A [ <i>Fopius arisanus</i> ]
XP_011314892.1	eukaryotic translation initiation factor 5A [ <i>Fopius arisanus</i> ]
XP_011331661.1	putative glycerol kinase 5 [ <i>Ooceraea biroi</i> ]
XP_011502920.1	cofilin/actin-depolymerizing factor homolog [ <i>Ceratosolen solmsi marchali</i> ]
XP_011638442.1	eukaryotic translation initiation factor 5A [ <i>Pogonomyrmex barbatus</i> ]
XP_011638443.1	eukaryotic translation initiation factor 5A [ <i>Pogonomyrmex barbatus</i> ]
XP_011688533.1	eukaryotic translation initiation factor 5A [ <i>Wasmannia auropunctata</i> ]
XP_011688534.1	eukaryotic translation initiation factor 5A [ <i>Wasmannia auropunctata</i> ]
XP_011878617.1	heterogeneous nuclear ribonucleoprotein R isoform X1 [ <i>Vollenhovia emeryi</i> ]
XP_011879750.1	heterogeneous nuclear ribonucleoprotein R isoform X1 [ <i>Vollenhovia emeryi</i> ]
XP_012058454.1	heterogeneous nuclear ribonucleoprotein R isoform X1 [ <i>Vollenhovia emeryi</i> ]
XP_012134607.1	troponin C, isoform 1-like isoform X1 [ <i>Megachile rotundata</i> ]
XP_012134608.1	troponin C, isoform 1-like isoform X2 [ <i>Megachile rotundata</i> ]
XP_012145127.1	eukaryotic translation initiation factor 5A [ <i>Megachile rotundata</i> ]
XP_012145128.1	eukaryotic translation initiation factor 5A [ <i>Megachile rotundata</i> ]
XP_012163633.1	zinc finger protein 830 [ <i>Bombus terrestris</i> ]
XP_012169919.1	troponin C [ <i>Bombus terrestris</i> ]
XP_012223884.1	eukaryotic translation initiation factor 5A [ <i>Linepithema humile</i> ]
XP_012223885.1	eukaryotic translation initiation factor 5A [ <i>Linepithema humile</i> ]

XP_012223886.1	eukaryotic translation initiation factor 5A [ <i>Linepithema humile</i> ]
XP_012223887.1	eukaryotic translation initiation factor 5A [ <i>Linepithema humile</i> ]
XP_012243252.1	troponin C isoform X1 [ <i>Bombus impatiens</i> ]
XP_012286349.1	titin isoform X5 [ <i>Orussus abietinus</i> ]
XP_013777675.1	ribosomal protein S6 kinase alpha-2-like isoform X2 [ <i>Limulus polyphemus</i> ]
XP_013778384.1	talin-2-like [ <i>Limulus polyphemus</i> ]
XP_013781437.1	ATP-dependent zinc metalloprotease YME1 homolog isoform X2 [ <i>Limulus polyphemus</i> ]
XP_013783570.1	ADP-sugar pyrophosphatase-like [ <i>Limulus polyphemus</i> ]
XP_013783732.1	elongation factor 1-alpha [ <i>Limulus polyphemus</i> ]
XP_013784191.1	glycine-rich protein 23-like [ <i>Limulus polyphemus</i> ]
XP_013784466.1	translation elongation factor 2-like [ <i>Limulus polyphemus</i> ]
XP_013784668.1	synaptic vesicle membrane protein VAT-1 homolog-like isoform X1 [ <i>Limulus polyphemus</i> ]
XP_013786172.1	nesprin-2-like [ <i>Limulus polyphemus</i> ]
XP_014206626.1	protein mini spindles isoform X2 [ <i>Copidosoma floridanum</i> ]
XP_015110084.1	cofilin/actin-depolymerizing factor homolog [ <i>Diachasma alloeum</i> ]
XP_015111763.1	dynein heavy chain 3, axonemal [ <i>Diachasma alloeum</i> ]
XP_015181615.1	RNA-binding protein squid isoform X1 [ <i>Polistes dominula</i> ]
XP_015434682.1	troponin C, isoform 1-like [ <i>Dufourea novaeangliae</i> ]
XP_016768904.1	myosin heavy chain, muscle isoform X5 [ <i>Apis mellifera</i> ]
XP_016768905.1	myosin heavy chain, muscle isoform X9 [ <i>Apis mellifera</i> ]
XP_016768906.1	myosin heavy chain, muscle isoform X10 [ <i>Apis mellifera</i> ]
XP_016768907.1	myosin heavy chain, muscle isoform X11 [ <i>Apis mellifera</i> ]
XP_016768909.1	myosin heavy chain muscle isoform X13 [ <i>Apis mellifera</i> ]
XP_016768910.1	myosin heavy chain muscle isoform X14 [ <i>Apis mellifera</i> ]
XP_016768912.1	myosin heavy chain, muscle isoform X14 [ <i>Apis mellifera</i> ]
XP_016768913.1	myosin heavy chain, muscle isoform X21 [ <i>Apis mellifera</i> ]
XP_016768914.1	myosin heavy chain, muscle isoform X24 [ <i>Apis mellifera</i> ]
XP_016768915.1	myosin heavy chain, muscle isoform X22 [ <i>Apis mellifera</i> ]
XP_016768916.1	myosin heavy chain, muscle isoform X23 [ <i>Apis mellifera</i> ]
XP_016921890.1	troponin C [ <i>Apis cerana</i> ]

XP_017756102.1	troponin C-like [Eufriesea mexicana]
XP_017761407.1	voltage-dependent anion-selective channel-like [Eufriesea mexicana]
XP_017791356.1	troponin C-like [Habropoda laboriosa]
XP_017880192.1	voltage-dependent anion-selective channel-like [Ceratina calcarata]
XP_018341254.1	dynamamin-binding protein-like [Trachymyrmex septentrionalis]
XP_018354685.1	tropomyosin-1, isoforms 9A/A/B isoform X9 [Trachymyrmex septentrionalis]
XP_019886967.1	transmembrane protein 245 isoform X1 [Ooceraea biroii]
XP_022191536.1	elongation factor 1-alpha [Nilaparvata lugens]
XP_022191537.1	elongation factor 1-alpha [Nilaparvata lugens]
XP_022191539.1	elongation factor 1-alpha [Nilaparvata lugens]
XP_022191540.1	elongation factor 1-alpha [Nilaparvata lugens]
XP_022191826.1	myosin light chain kinase, smooth muscle-like isoform X1 [Nilaparvata lugens]
XP_022196072.1	probable inactive tRNA-specific adenosine deaminase-like protein 3 [Nilaparvata lugens]
XP_022196333.1	cofilin/actin-depolymerizing factor homolog [Nilaparvata lugens]
XP_022196642.1	elongation factor 1-alpha isoform X1 [Nilaparvata lugens]
XP_022196643.1	elongation factor 1-alpha isoform X2 [Nilaparvata lugens]
XP_022197407.1	probable phosphorylase b kinase regulatory subunit beta isoform X4 [Nilaparvata lugens]
XP_022204799.1	elongation factor 1-alpha [Nilaparvata lugens]
XP_022206349.1	telomere-associated protein RIF1-like [Nilaparvata lugens]
XP_022213728.1	anion exchange protein 3 isoform X4 [Drosophila obscura]
XP_022213926.1	CLIP-associating protein [Drosophila obscura]
XP_022215820.1	protein unc-79 homolog isoform X3 [Drosophila obscura]
XP_022215823.1	protein unc-79 homolog isoform X5 [Drosophila obscura]
XP_022216773.1	probable serine/threonine-protein kinase DDB_G0267686 isoform X3 [Drosophila obscura]
XP_022216953.1	actin, larval muscle [Drosophila obscura]
XP_022217260.1	osmotic avoidance abnormal protein 3 isoform X1 [Drosophila obscura]
XP_022217264.1	osmotic avoidance abnormal protein 3 isoform X4 [Drosophila obscura]
XP_022217656.1	WD repeat-containing protein 78 [Drosophila obscura]
XP_022218800.1	mucin-5AC [Drosophila obscura]
XP_022221945.1	actin-87E [Drosophila obscura]

XP_022223353.1	mucin-5AC-like [Drosophila obscura]
XP_022223963.1	cofilin/actin-depolymerizing factor homolog [Drosophila obscura]
XP_022226241.1	EH domain-binding protein 1 isoform X3 [Drosophila obscura]
XP_022226242.1	EH domain-binding protein 1 isoform X4 [Drosophila obscura]
XP_022229951.1	pre-mRNA-splicing factor CWC22 homolog [Drosophila obscura]
XP_022234839.1	dynein heavy chain 10, axonemal [Drosophila obscura]
XP_022234955.1	histone-lysine N-methyltransferase 2E-like isoform X3 [Limulus polyphemus]
XP_022237676.1	lysine-specific demethylase 4A-like [Limulus polyphemus]
XP_022246209.1	katanin p60 ATPase-containing subunit A-like 2 isoform X2 [Limulus polyphemus]
XP_022248255.1	phosphatidylinositol-binding clathrin assembly protein-like isoform X3 [Limulus polyphemus]
XP_022254724.1	myosin heavy chain, muscle-like [Limulus polyphemus]
XP_022654464.1	calmodulin isoform X2 [Varroa destructor]
XP_022654919.1	calmodulin-like [Varroa destructor]
XP_022655194.1	eukaryotic translation initiation factor 5A-like [Varroa destructor]
XP_022656694.1	myosin heavy chain, muscle-like [Varroa destructor]
XP_022664387.1	cyclin-dependent kinase 12-like isoform X2 [Varroa destructor]
XP_022664919.1	obscurin-like isoform X5 [Varroa destructor]
XP_022666989.1	eukaryotic translation initiation factor 5A-1-like isoform X1 [Varroa destructor]
XP_022666990.1	eukaryotic translation initiation factor 5A-1-like isoform X2 [Varroa destructor]
XP_022666991.1	eukaryotic translation initiation factor 5A-1-like isoform X3 [Varroa destructor]
XP_022666992.1	eukaryotic translation initiation factor 5A-1-like isoform X3 [Varroa destructor]
XP_022666993.1	eukaryotic translation initiation factor 5A-1-like isoform X3 [Varroa destructor]
XP_022687714.1	myosin heavy chain, muscle-like [Varroa jacobsoni]
XP_022695183.1	neuronal PAS domain-containing protein 4-like, partial [Varroa jacobsoni]
XP_022697049.1	telomerase-binding protein EST1A-like isoform X2 [Varroa jacobsoni]
XP_022697716.1	mucin-19-like isoform X1 [Varroa jacobsoni]
XP_022698576.1	dnaJ protein homolog 1-like isoform X2 [Varroa jacobsoni]
XP_022701976.1	eukaryotic translation initiation factor 5A-like [Varroa jacobsoni]
XP_022702204.1	calmodulin isoform X2 [Varroa jacobsoni]
XP_022702205.1	calmodulin isoform X3 [Varroa jacobsoni]

XP_022702206.1	calmodulin isoform X4 [Varroa jacobsoni]
XP_022702207.1	calmodulin isoform X5 [Varroa jacobsoni]
XP_022706587.1	calmodulin-like [Varroa jacobsoni]
XP_022708564.1	transcription initiation factor TFIID subunit 3-like isoform X2 [Varroa jacobsoni]
XP_022708818.1	eukaryotic translation initiation factor 5A-1-like isoform X1 [Varroa jacobsoni]
XP_022708819.1	eukaryotic translation initiation factor 5A-1-like isoform X2 [Varroa jacobsoni]
XP_022708820.1	eukaryotic translation initiation factor 5A-1-like isoform X3 [Varroa jacobsoni]
XP_022708821.1	eukaryotic translation initiation factor 5A-1-like isoform X3 [Varroa jacobsoni]
XP_022708822.1	eukaryotic translation initiation factor 5A-1-like isoform X3 [Varroa jacobsoni]
XP_022708823.1	eukaryotic translation initiation factor 5A-1-like isoform X3 [Varroa jacobsoni]
XP_022708824.1	eukaryotic translation initiation factor 5A-1-like isoform X3 [Varroa jacobsoni]
XP_022710140.1	obscurin-like isoform X1 [Varroa jacobsoni]
gi 1031996131	Eukaryotic translation initiation factor 5A (eIF-5A)
gi 1035622879	Upstream activation factor subunit spp27
gi 110749558	Histone H2B
gi 157783148	Elongation factor 1-alpha F2 (Fragment)
gi 158536896	Elongation factor-1 alpha F2 copy (Fragment)
gi 158536898	Elongation factor-1 alpha F2 copy (Fragment)
gi 160693391	Elongation factor 1 alpha (Fragment)
gi 182375375	Silk protein 3
gi 28864653	Elongation factor 1-alpha (Fragment)
gi 28864655	Elongation factor 1-alpha (Fragment)
gi 28864657	Elongation factor 1-alpha (Fragment)
gi 110758316	Histone H2B
gi 328790313	Histone H2B
gi 328791747	Histone H2B
gi 373196953	Transferrin
gi 373197913	MOG interacting and ectopic P-granules protein 1
gi 373198016	RNA-binding protein squid
gi 373198902	Putative oxidoreductase GLYR1

gi 373199072	AT-rich interactive domain-containing protein 4B
gi 373202651	ATP synthase subunit gamma
gi 1035590842	Troponin C, isoform 1
gi 373203278	Troponin C, isoform 1
gi 1036551068	Phosphoglycerate mutase (EC 5.4.2.11) (EC 5.4.2.4)
gi 311821816	Phosphoglycerate mutase (EC 5.4.2.11) (EC 5.4.2.4)
gi 34420368	Phosphoglycerate mutase (EC 5.4.2.11) (EC 5.4.2.4)
gi 373203343	Phosphoglycerate mutase (EC 5.4.2.11) (EC 5.4.2.4)
gi 1035620018	Eukaryotic translation initiation factor 5A (eIF-5A)
gi 373212402	Eukaryotic translation initiation factor 5A (eIF-5A)
gi 1035585978	fasciclin-1 isoform X5 [Apis cerana]
gi 1035589666	Histone H2B
gi 373217023	Histone H2B
gi 1035609675	4-hydroxybutyrate coenzyme A transferase
gi 373217924	4-hydroxybutyrate coenzyme A transferase
gi 45645402	ADP/ATP translocase
gi 2935161	Elongation factor 1-alpha
gi 62526112	Elongation factor 1-alpha
gi 972123036	Troponin C type IIIa
AAC38959.1	Elongation factor 1-alpha
ABY19393.1	Venom protein 6 (Fragment)
ACF71216.1	Elongation factor 1-alpha (Fragment)
AEE80601.1	Elongation factor 1-alpha (Fragment)
AEE80651.1	Elongation factor 1-alpha (Fragment)
AEP16636.1	Elongation factor 1 alpha (Fragment)
AEY57869.1	RNA-binding protein squid
AEY59412.1	Troponin C, isoform 1
AEY60837.1	Eukaryotic translation initiation factor 5A (eIF-5A)
AEY61765.1	Histone H2B
AGB34883.1	Elongation factor 1 alpha (Fragment)

ALG65073.1	Triosephosphate isomerase (EC 5.3.1.1)
AST99521.1	Elongation factor 1-alpha (Fragment)
AST99522.1	Elongation factor 1-alpha (Fragment)
AST99523.1	Elongation factor 1-alpha (Fragment)
AST99524.1	Elongation factor 1-alpha (Fragment)
AST99526.1	Elongation factor 1-alpha (Fragment)
AST99527.1	Elongation factor 1-alpha (Fragment)
AST99529.1	Elongation factor 1-alpha (Fragment)
AST99530.1	Elongation factor 1-alpha (Fragment)
AST99531.1	Elongation factor 1-alpha (Fragment)
AST99532.1	Elongation factor 1-alpha (Fragment)
AST99533.1	Elongation factor 1-alpha (Fragment)
AST99534.1	Elongation factor 1-alpha (Fragment)
AST99535.1	Elongation factor 1-alpha (Fragment)
AST99536.1	Elongation factor 1-alpha (Fragment)
AST99537.1	Elongation factor 1-alpha (Fragment)
AST99538.1	Elongation factor 1-alpha (Fragment)
AST99539.1	Elongation factor 1-alpha (Fragment)
AST99540.1	Elongation factor 1-alpha (Fragment)
AST99541.1	Elongation factor 1-alpha (Fragment)
AST99542.1	Elongation factor 1-alpha (Fragment)
AST99543.1	Elongation factor 1-alpha (Fragment)
AST99544.1	Elongation factor 1-alpha (Fragment)
AST99545.1	Elongation factor 1-alpha (Fragment)
ASW27045.1	Elongation factor 1-alpha (Fragment)
ATG34151.1	Actin B
ATI36714.1	Elongation factor-1 alpha (Fragment)
ATI36715.1	Elongation factor-1 alpha (Fragment)
ATI36782.1	Elongation factor-1 alpha (Fragment)
BBA78580.1	Elongation factor 1 alpha (Fragment)

DAA01879.1	Troponin C type IIIa
EZA46994.1	Histone H2B
EZA52026.1	Eukaryotic translation initiation factor 5A (eIF-5A)
EZA53714.1	Histone H2B
EZA55497.1	Histone H2B
EZA57168.1	Disks large-like protein
JAG72113.1	Actn_2 protein
JAG72117.1	Actn_0 protein (Fragment)
JAG80322.1	Tsr protein
JAG82617.1	Ube3b_0 protein (Ube3b_1 protein)
JAG84220.1	VhaSFD_0 protein
KOC59376.1	Cofilin/actin-depolymerizing factor like protein (Fragment)
KOC64250.1	Troponin C, isoform 1 (Fragment)
KZC06464.1	Glucose dehydrogenase [acceptor]
KZC10392.1	Calmodulin-2 (Fragment)
KZC11856.1	Glutamate dehydrogenase, mitochondrial
KZC12281.1	Troponin C, isoform 1 (Fragment)
PBC27080.1	Talin-2
PBC27199.1	Transketolase
PBC28568.1	Four and a half LIM domains protein
PBC29477.1	ATP synthase subunit gamma
PBC29731.1	Paramyosin, short form
PBC29839.1	4-hydroxybutyrate coenzyme A transferase
PBC30346.1	Troponin C, isoform
PBC31118.1	Cell division protein kinase
PBC31480.1	Zinc finger protein
PBC33028.1	Fasciclin-1
PBC33346.1	Histone H2B
PBC33383.1	Histone H2B
PBC34259.1	Tyrosine-protein kinase receptor (EC 2.7.10.1)

PBC34432.1	Eukaryotic translation initiation factor 5A (eIF-5A)
PBC32807.1	Histone H2B
PBC34500.1	Histone H2B
I7KJQ1	Troponin Apis mellifera (Honeybee)
gi 1032026943	myosin heavy chain, muscle isoform X32 [Apis mellifera]
gi 1035585970	fasciclin-1 isoform X1 [Apis cerana]
gi 1035585972	fasciclin-1 isoform X2 [Apis cerana]
gi 1035585974	fasciclin-1 isoform X3 [Apis cerana]
gi 1035585976	fasciclin-1 isoform X4 [Apis cerana]
gi 1035585980	fasciclin-1 isoform X6 [Apis cerana]
gi 1035585982	fasciclin-1 isoform X7 [Apis cerana]
gi 1035587299	protein kinase C, brain isozyme isoform X2 [Apis cerana]
gi 1035589682	histone H2B [Apis cerana]
gi 1035613441	histone H2B-like [Apis cerana]
gi 1035621065	histone H2B-like [Apis cerana]
gi 1035621776	PHD finger protein rhinoceros [Apis cerana]
gi 1035625010	PDZ and LIM domain protein 3 isoform X1 [Apis cerana]
gi 380018195	histone H2B-like [Apis florea]
gi 380019796	histone demethylase UTY-like [Apis florea]
gi 380026483	excitatory amino acid transporter-like [Apis florea]
gi 380027158	proteasome subunit alpha type-6-like [Apis florea]
gi 380028555	histone H2B [Apis florea]
gi 380028615	histone H2B-like [Apis florea]
gi 380029059	troponin C, isoform 1-like [Apis florea]
gi 38639844	TPA_inf: troponin C type IIIa [Apis mellifera]
gi 571507258	tropomyosin alpha-3 chain isoform X1 [Apis mellifera]
gi 571507263	tropomyosin alpha-3 chain isoform X2 [Apis mellifera]
gi 572260295	proteasome subunit alpha type-6-like [Apis dorsata]
gi 572260634	eukaryotic translation initiation factor 5A [Apis dorsata]
gi 572266158	histone H2B-like [Apis dorsata]

gi 572267429	heterogeneous nuclear ribonucleoprotein Q isoform X2 [Apis dorsata]
gi 572280489	PAN2-PAN3 deadenylation complex catalytic subunit PAN2 isoform X3 [Apis dorsata]
gi 572298520	rootletin isoform X3 [Apis dorsata]
gi 572300721	troponin C, isoallergen Bla g 6.0201-like [Apis dorsata]
gi 572304216	histone H2B [Apis dorsata]
gi 572309338	ATP-dependent 6-phosphofructokinase isoform X1 [Apis dorsata]
gi 572310715	histone H2B-like [Apis dorsata]
gi 572312159	reversion-inducing cysteine-rich protein with Kazal motifs [Apis dorsata]
gi 572315597	annexin B9-like isoform X2 [Apis dorsata]
gi 1035597702	proteasome subunit alpha type-6 [Apis cerana]
XP_006566873.1	ras-related protein Rab-3 isoform X2 [Apis mellifera]
XP_012138892.1	ras-related protein Rab-3 isoform X1 [Megachile rotundata]

## 2 Grupo Taquicinina (AmTRP)

### Processo biológico: Síntese de proteínas

código de acesso	nome das proteínas
XP_011313627.1	40S ribosomal protein S5 [Fopius arisanus]
XP_011502376.1	40S ribosomal protein S5 [Ceratosolen solmsi marchali]
XP_014206464.1	40S ribosomal protein S5 [Copidosoma floridanum]
XP_014227277.1	40S ribosomal protein S5-like [Trichogramma pretiosum]
XP_015439808.1	40S ribosomal protein S5 [Dufourea novaeangliae]
XP_022228417.1	40S ribosomal protein S5a [Drosophila obscura]
JAG75659.1	RpS5a protein
AAX62424.1	Ribosomal protein S5 isoform A
AAX62467.1	Ribosomal protein S5 isoform A
EZA51497.1	40S ribosomal protein S5
JAG81027.1	RPS5 protein

sp Q24186.1 RS5A_DROME	RpS5a – Ribosomal protein S5a
------------------------	-------------------------------

### Processo biológico: Secreção de proteínas

código de acesso	nome da proteína
XP_012230345.1	vacuolar protein sorting-associated protein 13C isoform X1 [Linepithema humile]
XP_022227689.1	vacuolar protein sorting-associated protein 13D isoform X2 [Drosophila obscura]
XP_022686972.1	exocyst complex component 6-like isoform X4 [Varroa jacobsoni]

### Processo biológico: Degradação de proteínas

código de acesso	nome da proteína
XP_003487850.1	E3 ubiquitin-protein ligase hyd isoform X2 [Bombus impatiens]
XP_022226635.1	ubiquitin-conjugating enzyme E2-22 kDa-like [Drosophila obscura]
KYN36595.1	Putative E3 ubiquitin-protein ligase MYCBP2
ARH54984.1	NADH-ubiquinone oxidoreductase chain 5 (EC 7.1.1.2)

### Processo biológico: Metabolismo energético

código de acesso	nome da proteína
XP_003487447.1	ATPase inhibitor mai-2, mitochondrial [Bombus impatiens]
XP_003691238.2	phosphoglycerate kinase-like [Apis florea]
XP_006624827.1	phosphoglycerate kinase-like [Apis dorsata]
gi 1032013937	Phosphoglycerate kinase (EC 2.7.2.3)
gi 1035596724	Phosphoglycerate kinase (EC 2.7.2.3)
gi 373210328	Phosphoglycerate kinase (EC 2.7.2.3)
AEY60401.1	Phosphoglycerate kinase (EC 2.7.2.3)
gi 1035586639	lipase 3 [Apis cerana]
gi 820839890	phosphoglycerate kinase-like [Apis florea]
gi 380017767	2-oxoglutarate dehydrogenase, mitochondrial isoform X1 [Apis florea]
gi 380027359	probable citrate synthase 2, mitochondrial [Apis florea]

gi 380029732	fumarate hydratase, mitochondrial-like isoform X1 [Apis florea]
gi 572315643	cytochrome c oxidase subunit 4 isoform 1, mitochondrial-like [Apis dorsata]
gi 820855454	ATPase inhibitor mai-2, mitochondrial-like [Apis florea]
gi 820864612	fumarate hydratase, mitochondrial-like isoform X2 [Apis florea]
gi 820864614	fumarate hydratase, mitochondrial-like isoform X3 [Apis florea]
XP_012167986.1	fumarate hydratase, mitochondrial isoform X2 [Bombus terrestris]
XP_001121646.3	cytochrome c oxidase subunit 5B mitochondrial-like partial [Apis mellifera]
XP_003695926.2	ATPase inhibitor mai-2, mitochondrial-like [Apis florea]
XP_003697394.1	probable citrate synthase 2, mitochondrial [Apis florea]
XP_003697883.1	cytochrome c oxidase subunit 5B, mitochondrial-like [Apis florea]
XP_006609119.1	ATPase inhibitor mai-2, mitochondrial-like [Apis dorsata]
XP_006613492.1	probable citrate synthase 1, mitochondrial-like [Apis dorsata]
XP_006620628.1	cytochrome c oxidase subunit 5B, mitochondrial-like [Apis dorsata]
XP_011050780.1	ATPase inhibitor mai-2, mitochondrial-like [Acromyrmex echinator]
XP_011505526.1	ATPase inhibitor mai-2, mitochondrial-like [Ceratosolen solmsi marchali]
XP_011699008.1	ATPase inhibitor mai-2, mitochondrial-like [Wasmannia auropunctata]
XP_012167985.1	fumarate hydratase, mitochondrial isoform X1 [Bombus terrestris]
XP_012237764.1	ATPase inhibitor mai-2 mitochondrial isoform X2 [Bombus impatiens]
XP_013785297.1	fumarate hydratase, mitochondrial-like [Limulus polyphemus]
XP_014218740.1	ATPase inhibitor mai-2, mitochondrial [Copidosoma floridanum]
XP_014475886.1	ATPase inhibitor mai-2, mitochondrial-like [Dinoponera quadriceps]
XP_016909668.1	glutamate decarboxylase isoform X2 [Apis cerana]
XP_016915999.1	cytochrome c oxidase subunit 5B, mitochondrial [Apis cerana]
XP_017762489.1	cytochrome c oxidase subunit 5B, mitochondrial-like [Eufriesea mexicana]
XP_017766575.1	glutamate decarboxylase [Eufriesea mexicana]
XP_017883814.1	fumarate hydratase, mitochondrial-like isoform X1 [Ceratina calcarata]
XP_017883815.1	fumarate hydratase, mitochondrial-like isoform X3 [Ceratina calcarata]
XP_017883816.1	fumarate hydratase, mitochondrial-like isoform X2 [Ceratina calcarata]
XP_017888443.1	cytochrome c oxidase subunit 5B, mitochondrial-like [Ceratina calcarata]
XP_020720750.1	fumarate hydratase, mitochondrial isoform X3 [Bombus terrestris]

XP_022206419.1	3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase-like protein LAM1 [Nilaparvata lugens]
XP_022644600.1	fumarate hydratase, mitochondrial-like isoform X1 [Varroa destructor]
XP_022644601.1	fumarate hydratase, mitochondrial-like isoform X2 [Varroa destructor]
XP_022694397.1	fumarate hydratase, mitochondrial-like isoform X1 [Varroa jacobsoni]
XP_022694398.1	fumarate hydratase, mitochondrial-like isoform X2 [Varroa jacobsoni]
XP_624987.1	cytochrome c oxidase subunit 5B, mitochondrial [Apis mellifera]
KMQ94303.1	Putative atpase inhibitor mitochondrial
KOC62133.1	ATPase inhibitor mai-2, mitochondrial
KOX73114.1	ATPase inhibitor mai-2, mitochondrial
KYM93225.1	ATPase inhibitor mai-2, mitochondrial
KYN10410.1	Glutamate dehydrogenase, mitochondrial
KYN19713.1	ATPase inhibitor mai-2, mitochondrial
KYQ53957.1	ATPase inhibitor mai-2, mitochondrial
KZC12417.1	ATPase inhibitor mai-2, mitochondrial
OAD53664.1	Cytochrome c oxidase subunit 5B, mitochondrial
PBC28003.1	Cytochrome c oxidase subunit
PBC30224.1	ATPase inhibitor mai-2
AEY59812.1	Cytochrome c oxidase subunit 5B
EZA57079.1	ATPase inhibitor mai-2, mitochondrial
XP_003484836.1	V-type proton ATPase subunit B [Bombus impatiens]
XP_003492315.1	V-type proton ATPase catalytic subunit A [Bombus impatiens]
XP_006609333.1	V-type proton ATPase subunit B-like [Apis dorsata]
XP_008548378.1	V-type proton ATPase subunit B [Microplitis demolitor]
XP_011050276.1	V-type proton ATPase catalytic subunit A [Acromyrmex echinatio]
XP_011055149.1	V-type proton ATPase subunit B [Acromyrmex echinatio]
XP_011163633.1	V-type proton ATPase catalytic subunit A [Solenopsis invicta]
XP_011170022.1	V-type proton ATPase subunit B [Solenopsis invicta]
XP_011298092.1	V-type proton ATPase catalytic subunit A [Fopius arisanus]
XP_011298093.1	V-type proton ATPase catalytic subunit A [Fopius arisanus]
XP_011298533.1	V-type proton ATPase subunit B [Fopius arisanus]

XP_011505178.1	V-type proton ATPase subunit B [ <i>Ceratosolen solmsi marchali</i> ]
XP_011505401.1	V-type proton ATPase catalytic subunit A [ <i>Ceratosolen solmsi marchali</i> ]
XP_011505410.1	V-type proton ATPase catalytic subunit A [ <i>Ceratosolen solmsi marchali</i> ]
XP_011505418.1	V-type proton ATPase catalytic subunit A [ <i>Ceratosolen solmsi marchali</i> ]
XP_011639022.1	V-type proton ATPase catalytic subunit A [ <i>Pogonomyrmex barbatus</i> ]
XP_011641733.1	V-type proton ATPase subunit B [ <i>Pogonomyrmex barbatus</i> ]
XP_011691783.1	V-type proton ATPase catalytic subunit A [ <i>Wasmannia auropunctata</i> ]
XP_011700843.1	V-type proton ATPase subunit B [ <i>Wasmannia auropunctata</i> ]
XP_011868484.1	V-type proton ATPase catalytic subunit A [ <i>Vollenhovia emeryi</i> ]
XP_011871697.1	V-type proton ATPase subunit B [ <i>Vollenhovia emeryi</i> ]
XP_012057408.1	V-type proton ATPase catalytic subunit A [ <i>Atta cephalotes</i> ]
XP_012061556.1	V-type proton ATPase subunit B [ <i>Atta cephalotes</i> ]
XP_012151581.1	V-type proton ATPase catalytic subunit A [ <i>Megachile rotundata</i> ]
XP_012223010.1	V-type proton ATPase subunit B [ <i>Linepithema humile</i> ]
XP_012229966.1	V-type proton ATPase catalytic subunit A [ <i>Linepithema humile</i> ]
XP_012229967.1	V-type proton ATPase catalytic subunit A [ <i>Linepithema humile</i> ]
XP_012245326.1	V-type proton ATPase catalytic subunit A [ <i>Bombus impatiens</i> ]
XP_012274428.1	V-type proton ATPase catalytic subunit A [ <i>Orussus abietinus</i> ]
XP_012280950.1	V-type proton ATPase subunit B [ <i>Orussus abietinus</i> ]
XP_012533527.1	V-type proton ATPase catalytic subunit A [ <i>Monomorium pharaonis</i> ]
XP_012537243.1	V-type proton ATPase subunit B [ <i>Monomorium pharaonis</i> ]
XP_014206375.1	V-type proton ATPase subunit B [ <i>Copidosoma floridanum</i> ]
XP_014222121.1	V-type proton ATPase subunit B [ <i>Trichogramma pretiosum</i> ]
XP_014485088.1	V-type proton ATPase subunit B [ <i>Dinoponera quadriceps</i> ]
XP_015112913.1	V-type proton ATPase subunit B [ <i>Diachasma alloeum</i> ]
XP_015439331.1	V-type proton ATPase subunit B [ <i>Dufourea novaeangliae</i> ]
XP_015585346.1	V-type proton ATPase subunit B [ <i>Cephus cinctus</i> ]
XP_022195730.1	V-type proton ATPase catalytic subunit A [ <i>Nilaparvata lugens</i> ]
XP_022195731.1	V-type proton ATPase catalytic subunit A [ <i>Nilaparvata lugens</i> ]
XP_022195732.1	V-type proton ATPase catalytic subunit A [ <i>Nilaparvata lugens</i> ]

XP_022216482.1	V-type proton ATPase catalytic subunit A [ <i>Drosophila obscura</i> ]
XP_022216497.1	V-type proton ATPase catalytic subunit A [ <i>Drosophila obscura</i> ]
XP_022250952.1	argininosuccinate lyase-like isoform X2 [ <i>Limulus polyphemus</i> ]
XP_022648248.1	UDP-GalNAc:beta-1,3-N-acetylgalactosaminyltransferase 2-like isoform X2 [ <i>Varroa destructor</i> ]
KYM87346.1	V-type proton ATPase subunit B
PBC29840.1	V-type proton ATPase subunit B
AEY60976.1	V-type proton ATPase subunit B, brain isoform
EZA47674.1	V-type proton ATPase catalytic subunit A
EZA62789.1	V-type proton ATPase subunit B
gi 380024447	V-type proton ATPase subunit B [ <i>Apis florea</i> ]
gi 572262136	V-type proton ATPase subunit B [ <i>Apis dorsata</i> ]
sp Q2TJ56.1 VATA_AEDAL	V-type proton ATPase catalytic subunit A
sp Q5TTG1.1 VATA_ANOGA	V-type proton ATPase catalytic subunit A
gi 1035593816	V-type proton ATPase subunit B, brain isoform
gi 373212993	V-type proton ATPase subunit B, brain isoform
KMQ91205.1	V-type proton atpase catalytic subunit a
KMQ95723.1	V-type proton atpase subunit b-like protein
KOC60052.1	V-type proton ATPase catalytic subunit A
KOC70995.1	V-type proton ATPase subunit B
XP_003696007.1	V-type proton ATPase subunit B [ <i>Apis florea</i> ]
XP_003699614.1	V-type proton ATPase subunit B [ <i>Megachile rotundata</i> ]
XP_003700039.1	V-type proton ATPase catalytic subunit A [ <i>Megachile rotundata</i> ]
KOX72760.1	V-type proton ATPase subunit B
KOX73541.1	V-type proton ATPase catalytic subunit A
sp O16109.2 VATA_AEDAE	V-type proton ATPase catalytic subunit A
sp P31400.1 VATA_MANSE	V-type proton ATPase catalytic subunit A

**Processo biológico: Metabolismo citoplasmático**

<b>código de acesso</b>	<b>nome da proteína</b>
XP_018304155.1	major royal jelly protein 3-like isoform X1 [ <i>Trachymyrmex zeteki</i> ]

XP_011502150.1	serine/threonine-protein kinase SMG1 [Ceratosolen solmsi marchali]
XP_015433047.1	serine/threonine-protein kinase MARK2-like isoform X1 [Dufourea novaeangliae]
ADB82660.1	Major royal jelly protein 4
XP_022222420.1	serine/threonine-protein phosphatase 1 regulatory subunit 10 isoform X1 [Drosophila obscura]
gi 572271659	serine/threonine-protein phosphatase 5 [Apis dorsata]

### Processo biológico: Citoesqueleto

<b>código de acesso</b>	<b>nome da proteína</b>
XP_012144781.1	dynein light chain 2, cytoplasmic isoform X4 [Megachile rotundata]
XP_003489427.1	dynein light chain 2, cytoplasmic [Bombus impatiens]
XP_003484907.1	tubulin alpha-1 chain-like [Bombus impatiens]
XP_003693297.1	dynein light chain 2, cytoplasmic [Apis florea]
XP_003705084.1	dynein light chain 2, cytoplasmic isoform X5 [Megachile rotundata]
XP_006558458.1	spectrin alpha chain isoform X2 [Apis mellifera]
XP_006607508.1	dynein light chain 2, cytoplasmic-like [Apis dorsata]
XP_006612015.1	tubulin alpha-1 chain-like [Apis dorsata]
XP_006620128.1	microtubule-associated protein futsch-like [Apis dorsata]
XP_008548337.1	dynein light chain 2, cytoplasmic [Microplitis demolitor]
XP_011051129.1	dynein light chain 2, cytoplasmic [Acromyrmex echinator]
XP_011176152.1	dynein light chain 2, cytoplasmic [Solenopsis invicta]
XP_011315471.1	dynein light chain 1, cytoplasmic isoform X1 [Fopius arisanus]
XP_011315479.1	dynein light chain 1, cytoplasmic isoform X2 [Fopius arisanus]
XP_011315488.1	dynein light chain 1, cytoplasmic isoform X2 [Fopius arisanus]
XP_011501444.1	dynein light chain 2, cytoplasmic [Ceratosolen solmsi marchali]
XP_011648353.1	dynein light chain 2, cytoplasmic [Pogonomyrmex barbatus]
XP_011865871.1	dynein light chain 2, cytoplasmic [Vollenhovia emeryi]
XP_012057476.1	dynein light chain 2, cytoplasmic [Atta cephalotes]
XP_011696549.1	dynein light chain 2, cytoplasmic [Wasmannia auropunctata]
XP_012167513.1	spectrin beta chain isoform X4 [Bombus terrestris]
XP_012236056.1	dynein light chain 1, cytoplasmic [Linepithema humile]

XP_012279740.1	dynein light chain 2, cytoplasmic [ <i>Orussus abietinus</i> ]
XP_012537857.1	dynein light chain 2, cytoplasmic [ <i>Monomorium pharaonis</i> ]
XP_013778410.1	tubulin beta-2 chain-like [ <i>Limulus polyphemus</i> ]
XP_014209412.1	dynein light chain 2, cytoplasmic isoform X1 [ <i>Copidosoma floridanum</i> ]
XP_014209413.1	dynein light chain 2, cytoplasmic isoform X2 [ <i>Copidosoma floridanum</i> ]
XP_014209414.1	dynein light chain 2, cytoplasmic isoform X2 [ <i>Copidosoma floridanum</i> ]
XP_014468667.1	dynein light chain 2, cytoplasmic [ <i>Dinoponera quadriceps</i> ]
XP_014608164.1	dynein light chain 2, cytoplasmic [ <i>Polistes canadensis</i> ]
XP_015430802.1	tubulin beta-1 chain [ <i>Dufourea novaeangliae</i> ]
XP_015522754.1	tubulin beta chain-like [ <i>Neodiprion lecontei</i> ]
XP_015596029.1	microtubule-actin cross-linking factor 1 isoform X17 [ <i>Cephus cinctus</i> ]
XP_016766650.1	spectrin alpha chain isoform X1 [ <i>Apis mellifera</i> ]
XP_016766651.1	spectrin alpha chain isoform X1 [ <i>Apis mellifera</i> ]
XP_016766652.1	spectrin alpha chain isoform X1 [ <i>Apis mellifera</i> ]
XP_016906091.1	tubulin beta-1 chain [ <i>Apis cerana</i> ]
XP_017798095.1	tubulin beta-1 chain [ <i>Habropoda laboriosa</i> ]
XP_017893620.1	tubulin beta-1 chain [ <i>Ceratina calcarata</i> ]
XP_018054336.1	tubulin beta-1 chain [ <i>Atta colombica</i> ]
XP_018304650.1	tubulin beta-1 chain [ <i>Trachymyrmex zeteki</i> ]
XP_022191378.1	dynein light chain 1, cytoplasmic [ <i>Nilaparvata lugens</i> ]
XP_022212430.1	spectrin alpha chain isoform X1 [ <i>Drosophila obscura</i> ]
XP_022215011.1	dynein light chain 1, cytoplasmic [ <i>Drosophila obscura</i> ]
XP_022221044.1	tubulin polyglutamylase complex subunit 2 [ <i>Drosophila obscura</i> ]
XP_022239565.1	microtubule-actin cross-linking factor 1-like isoform X12 [ <i>Limulus polyphemus</i> ]
XP_022243843.1	supervillin-like isoform X1 [ <i>Limulus polyphemus</i> ]
XP_022248997.1	microtubule-associated protein futsch-like [ <i>Limulus polyphemus</i> ]
XP_022661472.1	microtubule-actin cross-linking factor 1-like isoform X9 [ <i>Varroa destructor</i> ]
XP_392313.1	tubulin beta-1 chain [ <i>Apis mellifera</i> ]
gi 328783818	Dynein light chain
gi 373194124	Nesprin-1

gi 1035593656	Dynein light chain
gi 373217379	Dynein light chain
KMQ94156.1	Dynein light chain
KOC64406.1	Dynein light chain
KOX72021.1	Dynein light chain
KYM78155.1	Tubulin beta chain
KYQ58537.1	Spectrin alpha chain
PBC26790.1	Dynein light chain
PCG80268.1	Dynein light chain
PCG80269.1	Dynein light chain
PCG80270.1	Dynein light chain
PCG80272.1	Dynein light chain
PCG80273.1	Dynein light chain
AEY61838.1	Dynein light chain
EFN61994.1	Spectrin alpha chain
EFN64123.1	Tubulin beta chain
EGI66955.1	Tubulin beta chain
EZA48593.1	Dynein light chain
K7IVZ6	Dynein light chain <i>Nasonia vitripennis</i> (Parasitic wasp)
gi 380018773	dynein light chain 2, cytoplasmic [ <i>Apis florea</i> ]
gi 572258249	dynein light chain 2, cytoplasmic [ <i>Apis dorsata</i> ]
gi 820857084	actin, muscle [ <i>Apis florea</i> ]
pdb 2P2T A	dynein
sp O17449.1 TBB1_MANSE	LOC115444550 – tubulin beta-1 chain
sp O96860.1 DYL2_DROME	Cd1c2 – Cytoplasmic dynein light chain 2
sp Q24117.1 DYL1_DROME	Dynein light chain 1, cytoplasmic

**Processo biológico: Transporte celular**

<b>código de acesso</b>	<b>nome da proteína</b>
XP_003704898.1	sodium/potassium-transporting ATPase subunit beta-2 [ <i>Megachile rotundata</i> ]

XP_006618690.1	ADP, ATP carrier protein 2-like [Apis dorsata]
XP_012138543.1	ADP, ATP carrier protein 2 [Megachile rotundata]
XP_015607254.1	ADP, ATP carrier protein 2 [Cephus cinctus]
XP_022216882.1	solute carrier family 22 member 3 [Drosophila obscura]
XP_022218360.1	LOW QUALITY PROTEIN: sodium- and chloride-dependent glycine transporter 2 [Drosophila obscura]
XP_022252919.1	vitellogenin-6-like [Limulus polyphemus]
XP_022701565.1	apolipoporphins-like [Varroa jacobsoni]
gi 373194892	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit beta-2
KYN05456.1	ADP, ATP carrier protein 2
KYN15754.1	ADP, ATP carrier protein (Fragment)
KYQ52137.1	ADP, ATP carrier protein 2
KYN40778.1	ADP, ATP carrier protein 2 (Fragment)
PBC27680.1	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit beta-2
AEY56625.1	Sodium/hydrogen exchanger

### Processo biológico: Defesa celular

código de acesso	nome da proteína
gi 572306661	heat shock 70 kDa protein cognate 5 [Apis dorsata]
gi 380023607	heat shock 70 kDa protein cognate 5 [Apis florea]
XP_008552524.1	sorting nexin-29 [Microplitis demolitor]
XP_011145250.1	peroxiredoxin-6 [Harpegnathos saltator]
XP_014477150.1	peroxiredoxin-6-like [Dinoponera quadriceps]
XP_016907452.1	heat shock 70 kDa protein cognate 4 [Apis cerana]
XP_02222723.1	peptidylprolyl isomerase domain and WD repeat-containing protein 1 isoform X2 [Drosophila obscura]
XP_022223741.1	60 kDa heat shock protein homolog 1, mitochondrial [Drosophila obscura]
gi 1035592940	Stress-70 protein
gi 373215341	Stress-70 protein
KOC64580.1	Heat shock 70 kDa protein cognate 4
KYM76299.1	Heat shock 70 kDa protein cognate 4
KYN04993.1	Heat shock 70 kDa protein cognate 4

KYN14122.1	Heat shock 70 kDa protein cognate 4
KYN40454.1	Heat shock 70 kDa protein cognate 4
PBC31838.1	Heat shock
EFN65945.1	Heat shock 70 kDa protein cognate 4
EFN89160.1	Peroxiredoxin-6
EGI70201.1	Heat shock 70 kDa protein cognate 4

### Processo biológico: Processamento do estímulo olfatório

<b>código de acesso</b>	<b>nome da proteína</b>
XP_003701110.1	calreticulin [Megachile rotundata]
XP_011330445.1	calreticulin [Ooceraea biroii]
XP_012058080.1	calreticulin [Atta cephalotes]
XP_017793977.1	calreticulin [Habropoda laboriosa]
XP_018044838.1	calreticulin [Atta colombica]
XP_018310479.1	calreticulin [Trachymyrmex zeteki]
gi 1035589382	Calreticulin
gi 373210876	Calreticulin
KOC61679.1	Calreticulin
KYM86763.1	Calreticulin
KYQ50512.1	Calreticulin
EZA59567.1	Calreticulin

### Processo biológico: Neuromodulação

<b>código de acesso</b>	<b>nome da proteína</b>
XP_006559884.1	14-3-3 protein epsilon [Apis mellifera]
XP_011060365.1	14-3-3 protein zeta isoform X1 [Acromyrmex echinatior]
XP_011144743.1	14-3-3 protein epsilon isoform [Harpegnathos saltator]
XP_011144751.1	14-3-3 protein epsilon [Harpegnathos saltator]
XP_016906598.1	14-3-3 protein epsilon isoform X1 [Apis cerana]
XP_017790232.1	14-3-3 protein epsilon [Habropoda laboriosa]

XP_017885570.1	14-3-3 protein epsilon [Ceratina calcarata]
XP_022196359.1	14-3-3 protein zeta isoform X1 [Nilaparvata lugens]
XP_022196360.1	14-3-3 protein zeta isoform X1 [Nilaparvata lugens]
XP_022196361.1	14-3-3 protein zeta isoform X1 [Nilaparvata lugens]
JAG81624.1	14-3-3zeta_1 protein
EFN89235.1	14-3-3 protein epsilon
XP_012166582.1	14-3-3 protein epsilon [Bombus terrestris]
XP_022209484.1	cGMP-specific 3',5'-cyclic phosphodiesterase isoform X1 [Drosophila obscura]
XP_022214871.1	piezo-type mechanosensitive ion channel component isoform X18 [Drosophila obscura]
XP_022238253.1	cGMP-dependent 3',5'-cyclic phosphodiesterase-like [Limulus polyphemus]
XP_022245116.1	harmonin-like isoform X1 [Limulus polyphemus]

**Processo biológico: *Housekeeping***

<b>código de acesso</b>	<b>nome da proteína</b>
sp P84057.2 H2A_TIGCA	Histone H2A
XP_022198925.1	talin-1 isoform X1 [Nilaparvata lugens]
XP_006569061.1	cofilin/actin-depolymerizing factor homolog [Apis mellifera]
XP_016920376.1	cofilin/actin-depolymerizing factor homolog [Apis cerana]
XP_003694950.1	protein lethal(2)essential for life-like [Apis florea]
XP_003698843.1	failed axon connections [Apis florea]
XP_006563987.1	failed axon connections isoform X2 [Apis mellifera]
XP_006616279.1	failed axon connections-like [Apis dorsata]
XP_006625143.1	protein lethal(2)essential for life-like [Apis dorsata]
XP_011055644.1	dynamamin isoform X5 [Acromyrmex echinatior]
XP_011315213.1	titin isoform X1 [Fopius arisanus]
XP_011506380.1	myosin heavy chain, muscle isoform X9 [Ceratosolen solmsi marchali]
XP_011506381.1	myosin heavy chain, muscle isoform X10 [Ceratosolen solmsi marchali]
XP_011506383.1	myosin heavy chain, muscle isoform X11 [Ceratosolen solmsi marchali]
XP_011506384.1	myosin heavy chain, muscle isoform X12 [Ceratosolen solmsi marchali]
XP_011506385.1	myosin heavy chain, muscle isoform X13 [Ceratosolen solmsi marchali]

XP_011506386.1	myosin heavy chain, muscle isoform X14 [Ceratosolen solmsi marchali]
XP_011506387.1	myosin heavy chain, muscle isoform X15 [Ceratosolen solmsi marchali]
XP_011506388.1	myosin heavy chain, muscle isoform X16 [Ceratosolen solmsi marchali]
XP_011506389.1	myosin heavy chain, muscle isoform X17 [Ceratosolen solmsi marchali]
XP_011506390.1	myosin heavy chain, muscle isoform X18 [Ceratosolen solmsi marchali]
XP_011506392.1	myosin heavy chain, muscle isoform X20 [Ceratosolen solmsi marchali]
XP_011506393.1	myosin heavy chain, muscle isoform X21 [Ceratosolen solmsi marchali]
XP_011506394.1	myosin heavy chain, muscle isoform X22 [Ceratosolen solmsi marchali]
XP_011506396.1	myosin heavy chain, muscle isoform X24 [Ceratosolen solmsi marchali]
XP_011506397.1	myosin heavy chain, muscle isoform X25 [Ceratosolen solmsi marchali]
XP_011506399.1	myosin heavy chain, muscle isoform X26 [Ceratosolen solmsi marchali]
XP_011506400.1	myosin heavy chain, muscle isoform X27 [Ceratosolen solmsi marchali]
XP_011642756.1	integrator complex subunit 1 isoform X2 [Pogonomyrmex barbatus]
XP_012283318.1	RNA-binding protein squid isoform X3 [Orussus abietinus]
XP_013790703.1	negative elongation factor A-like isoform X1 [Limulus polyphemus]
XP_013794189.2	zinc finger homeobox protein 4-like isoform X1 [Limulus polyphemus]
XP_013794775.1	transcription factor SOX-14-like [Limulus polyphemus]
XP_014203811.1	calmodulin isoform X1 [Copidosoma floridanum]
XP_014612614.1	failed axon connections isoform X1 [Polistes canadensis]
XP_014612615.1	failed axon connections isoform X2 [Polistes canadensis]
XP_015185762.1	multiple epidermal growth factor-like domains protein 8 isoform X1 [Polistes dominula]
XP_015189108.1	failed axon connections isoform X1 [Polistes dominula]
XP_015189109.1	failed axon connections isoform X2 [Polistes dominula]
XP_015432865.1	LOW QUALITY PROTEIN: nesprin-1-like [Dufourea novaeangliae]
XP_015435851.1	failed axon connections isoform X1 [Dufourea novaeangliae]
XP_015435852.1	failed axon connections isoform X2 [Dufourea novaeangliae]
XP_016840138.1	titin isoform X5 [Nasonia vitripennis]
XP_017787812.1	LOW QUALITY PROTEIN: titin-like [Habropoda laboriosa]
XP_017796215.1	enolase isoform X1 [Habropoda laboriosa]
XP_017796216.1	enolase isoform X2 [Habropoda laboriosa]

XP_017797245.1	calcium/calmodulin-dependent protein kinase type II alpha chain isoform X8 [Habropoda laboriosa]
XP_017878310.1	RNA-binding protein squid isoform X9 [Ceratina calcarata]
XP_017878784.1	enolase [Ceratina calcarata]
XP_020299747.1	alpha-actinin, sarcomeric isoform X1 [Pseudomyrmex gracilis]
XP_022192646.1	peroxisome biogenesis protein 6 [Nilaparvata lugens]
XP_022201826.1	histone H2A-like [Nilaparvata lugens]
XP_016912717.1	failed axon connections [Apis cerana]
XP_022204523.1	transcription-associated protein 1-like [Nilaparvata lugens]
XP_022217349.1	zinc finger protein 2 isoform X1 [Drosophila obscura]
XP_022217504.1	twitchin isoform X1 [Drosophila obscura]
XP_022222733.1	elongation factor 1-alpha 1 [Drosophila obscura]
XP_022225205.1	dynammin isoform X6 [Drosophila obscura]
XP_022228803.1	WD repeat and FYVE domain-containing protein 3 [Drosophila obscura]
XP_022231330.1	myosin-IA [Drosophila obscura]
XP_022231877.1	protein bark beetle isoform X1 [Drosophila obscura]
XP_022237803.1	homeobox protein cut-like isoform X4 [Limulus polyphemus]
XP_022251344.1	LOW QUALITY PROTEIN: centrosomal protein of 290 kDa-like [Limulus polyphemus]
XP_022654762.1	galectin-4-like isoform X1 [Varroa destructor]
XP_022662905.1	fatty acid synthase-like [Varroa destructor]
XP_022668921.1	ATP-binding cassette sub-family A member 3-like isoform X4 [Varroa destructor]
XP_022690779.1	multiple PDZ domain protein-like isoform X2 [Varroa jacobsoni]
XP_022697201.1	titin-like, partial [Varroa jacobsoni]
XP_022698873.1	DNA replication licensing factor mcm7-like [Varroa jacobsoni]
XP_393141.2	failed axon connections isoform X1 [Apis mellifera]
gi 1035588051	Synaptic vesicle membrane protein VAT-1-like
gi 357374618	Superoxide dismutase (EC 1.15.1.1)
gi 373193939	Calexitin-2
gi 373201594	cAMP-dependent protein kinase type II regulatory subunit
gi 661350345	Farnesoic acid O-methyltransferase
JAG76561.1	VHA55 protein (Fragment)

JAG72470.1	VhaA_0 protein (VhaA_1 protein)
JAG79685.1	VhaA_0 protein (VhaA_1 protein)
JAG80462.1	Vha68-2_1 protein (Fragment)
KMQ90751.1	Cd82 antigen
KYM83255.1	Cofilin/actin-depolymerizing factor like protein
KYM96404.1	Cofilin/actin-depolymerizing factor like protein (Fragment)
KYN15343.1	Cofilin/actin-depolymerizing factor like protein
KYN38297.1	Cofilin/actin-depolymerizing factor like protein
KYN43184.1	Protein white (Fragment)
KYN44751.1	Dihydrolipoyl dehydrogenase (EC 1.8.1.4) (Fragment)
KYQ46466.1	Cofilin/actin-depolymerizing factor like protein
KZC04310.1	Cofilin/actin-depolymerizing factor like protein (Fragment)
KZC13869.1	Enolase
PBC26580.1	Glucose dehydrogenase [acceptor]
PBC30502.1	Myosin light chain kinase, smooth muscle
PBC30882.1	Proline dehydrogenase (EC 1.5.5.2)
PBC31279.1	Superoxide dismutase (EC 1.15.1.1)
PBC31469.1	Gamma-glutamyltranspeptidase
PCG71383.1	Kynureninase (EC 3.7.1.3) (L-kynurenine hydrolase)
ABQ85567.1	Elongation factor 1-alpha (Fragment)
ABQ85572.1	Elongation factor 1-alpha (Fragment)
ABQ85575.1	Elongation factor 1-alpha (Fragment)
ABQ85577.1	Elongation factor 1-alpha (Fragment)
ABQ85578.1	Elongation factor 1-alpha (Fragment)
ABQ85579.1	Elongation factor 1-alpha (Fragment)
ACF98400.1	Elongation factor 1-alpha (Fragment)
ADN31981.1	Elongation factor 1-alpha (Fragment)
AEM61043.1	Elongation factor-1 alpha (Fragment)
AFZ87369.1	Elongation factor-1 alpha (Fragment)
AGB34991.1	Elongation factor 1 alpha (Fragment)

AGK91288.1	Elongation factor 1-alpha (Fragment)
AHG28269.1	Elongation factor-1 alpha (Fragment)
AHG28363.1	Elongation factor-1 alpha (Fragment)
AHH29216.1	Elongation factor 1-alpha (Fragment)
AHK13053.1	Elongation factor-1 alpha (Fragment)
AHK13205.1	Elongation factor-1 alpha (Fragment)
AIE12450.1	Farnesoic acid O-methyltransferase
CAM35481.1	Farnesoic acid o-methyltransferase-like isoform 1 protein
CAM35482.1	Farnesoic acid o-methyltransferase-like isoform 2 protein
EFN62038.1	Glutathione S-transferase
EFN68261.1	Nucleosome-remodeling factor subunit NURF301
EFZ13871.1	Annexin (Fragment)
EZA58891.1	RNA-binding protein Nova-1
gi 571527486	obscurin isoform X6 [Apis mellifera]
CBX85289.1	unnamed protein product [Apis mellifera]
gi 1035593822	proline dehydrogenase 1, mitochondrial [Apis cerana]
gi 1035610528	glutathione hydrolase 1 proenzyme isoform X3 [Apis cerana]
gi 1035613908	hamartin isoform X1 [Apis cerana]
gi 311818750	unnamed protein product [Apis mellifera]
gi 380012993	proline dehydrogenase 1, mitochondrial [Apis florea]
gi 380022220	protein lethal(2)essential for life-like [Apis florea]
gi 380030413	failed axon connections [Apis florea]
gi 571519206	failed axon connections isoform X2 [Apis mellifera]
gi 571565551	agrin isoform X1 [Apis mellifera]
gi 572265950	carotenoid isomeroxygenase isoform X1 [Apis dorsata]
gi 572269529	histone-lysine N-methyltransferase ash1 isoform X2 [Apis dorsata]
gi 572270115	long-chain-fatty-acid--CoA ligase 3 isoform X2 [Apis dorsata]
gi 572270663	proline dehydrogenase 1, mitochondrial [Apis dorsata]
gi 572271432	E3 SUMO-protein ligase PIAS3 isoform X2 [Apis dorsata]
gi 572271992	cAMP-dependent protein kinase type II regulatory subunit isoform X1 [Apis dorsata]

gi 572297620	THO complex subunit 5 homolog [Apis dorsata]
gi 572300358	failed axon connections [Apis dorsata]
gi 572305528	ADP, ATP carrier protein 2 [Apis dorsata]
gi 820834450	calcium/calmodulin-dependent protein kinase type II alpha chain isoform X8 [Apis florea]
gi 820835377	tropomyosin-1 isoform X1 [Apis florea]
gi 820860049	LOW QUALITY PROTEIN: nuclear anchorage protein 1-like [Apis florea]
sp P35875.1 PARP_DROME	Parp – Poly-(ADP-ribose) polymerase
XP_022651461.1	protein still life, isoform SIF type 1-like isoform X1 [Varroa destructor]
XP_013789426.1	carbonyl reductase family member 4-like isoform X1 [Limulus polyphemus]

### 3 Grupo Alastatina (AmAST)

#### Processo biológico: Síntese de proteínas

código de acesso	nome das proteínas
XP_001120364.1	60S acidic ribosomal protein P2 [Apis mellifera]
XP_003487290.2	60S acidic ribosomal protein P2 [Apis mellifera]
XP_003488107.1	40S ribosomal protein S15 [Bombus impatiens]
XP_003690570.1	60S acidic ribosomal protein P2 [Apis florea]
XP_003703554.1	40S ribosomal protein S15 [Megachile rotundata]
XP_006613336.1	60S acidic ribosomal protein P2-like [Apis dorsata]
XP_012349456.1	40S ribosomal protein S15 [Apis florea]
XP_015585013.1	epidermal growth factor receptor substrate 15-like 1 isoform X3 [Cephus cinctus]
XP_016904261.1	60S acidic ribosomal protein P2 [Apis cerana]
AEY59653.1	60S acidic ribosomal protein P2
AEY61743.1	40S ribosomal protein S15
gi 313907135	60S ribosomal protein L17 (Ribosomal protein L17)
gi 1035593898	60S acidic ribosomal protein P2
gi 373204887	60S acidic ribosomal protein P2

KOX75797.1	40S ribosomal protein S15
PBC30871.1	60S acidic ribosomal protein P2
PBC34869.1	40S ribosomal protein S15
gi 110765226	60S acidic ribosomal protein P2 [ <i>Apis mellifera</i> ]
gi 335057540	40S ribosomal protein S14 [ <i>Apis mellifera</i> ]
gi 380013022	60S acidic ribosomal protein P2 [ <i>Apis florea</i> ]
gi 572270697	60S acidic ribosomal protein P2 [ <i>Apis dorsata</i> ]

### Processo biológico: Secreção de proteínas

<b>código de acesso</b>	<b>nome da proteína</b>
XP_018392147.1	exocyst complex component 2 [ <i>Cyphomyrmex costatus</i> ]
XP_022203004.1	synaptojanin-1-like [ <i>Nilaparvata lugens</i> ]
XP_022213317.1	vacuolar protein sorting-associated protein 37B [ <i>Drosophila obscura</i> ]
XP_022649181.1	vacuolar protein sorting-associated protein 13-like isoform X5 [ <i>Varroa destructor</i> ]

### Processo biológico: Degradação de proteínas

<b>código de acesso</b>	<b>nome da proteína</b>
PBC32941.1	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha subcomplex subunit
XP_011149986.1	cullin-2 [ <i>Harpegnathos saltator</i> ]
XP_013777201.1	proteasome-associated protein ECM29 homolog [ <i>Limulus polyphemus</i> ]
XP_015599069.1	ubiquitin-like modifier-activating enzyme 1 [ <i>Cephus cinctus</i> ]
XP_022196324.1	flocculation protein FLO11-like [ <i>Nilaparvata lugens</i> ]
XP_022248885.1	E3 ubiquitin-protein ligase LRSAM1-like isoform X1 [ <i>Limulus polyphemus</i> ]
gi 820852729	cullin-2 [ <i>Apis florea</i> ]

### Processo biológico: Defesa celular

<b>código de acesso</b>	<b>nome da proteína</b>
XP_003696173.1	peroxiredoxin 1 [ <i>Apis florea</i> ]
XP_003705538.1	heat shock 70 kDa protein cognate 4 [ <i>Megachile rotundata</i> ]

XP_006621026.1	peroxiredoxin 1-like [Apis dorsata]
XP_016842507.1	probable multidrug resistance-associated protein lethal(2)03659 isoform X1 [Nasonia vitripennis]
AEY58997.1	Peroxiredoxin-6
AEY60511.1	Peroxiredoxin 1
gi 373201675	Peroxiredoxin-6
gi 373210202	Heat shock protein
KOX69212.1	Peroxiredoxin 1
gi 572310544	peroxiredoxin 1 [Apis dorsata]

### Processo biológico: Adesão celular

código de acesso	nome da proteína
XP_011054372.1	basement membrane-specific heparan sulfate proteoglycan core protein [Acromyrmex echinaior]
XP_011640577.1	basement membrane-specific heparan sulfate proteoglycan core protein isoform X1 [Pogonomyrmex barbatus]
XP_011640578.1	basement membrane-specific heparan sulfate proteoglycan core protein isoform X1 [Pogonomyrmex barbatus]
XP_011640579.1	basement membrane-specific heparan sulfate proteoglycan core protein isoform X2 [Pogonomyrmex barbatus]
XP_011640580.1	basement membrane-specific heparan sulfate proteoglycan core protein isoform X3 [Pogonomyrmex barbatus]
XP_011640581.1	basement membrane-specific heparan sulfate proteoglycan core protein isoform X4 [Pogonomyrmex barbatus]
XP_011640582.1	basement membrane-specific heparan sulfate proteoglycan core protein isoform X5 [Pogonomyrmex barbatus]
XP_011640583.1	basement membrane-specific heparan sulfate proteoglycan core protein isoform X6 [Pogonomyrmex barbatus]
XP_011640584.1	basement membrane-specific heparan sulfate proteoglycan core protein isoform X7 [Pogonomyrmex barbatus]
XP_011640585.1	basement membrane-specific heparan sulfate proteoglycan core protein isoform X8 [Pogonomyrmex barbatus]
XP_011640586.1	basement membrane-specific heparan sulfate proteoglycan core protein isoform X9 [Pogonomyrmex barbatus]
XP_011640587.1	basement membrane-specific heparan sulfate proteoglycan core protein isoform X10 [Pogonomyrmex barbatus]
XP_011640588.1	basement membrane-specific heparan sulfate proteoglycan core protein isoform X11 [Pogonomyrmex barbatus]
XP_011640589.1	basement membrane-specific heparan sulfate proteoglycan core protein isoform X12 [Pogonomyrmex barbatus]
XP_011640590.1	basement membrane-specific heparan sulfate proteoglycan core protein isoform X13 [Pogonomyrmex barbatus]
XP_011640591.1	basement membrane-specific heparan sulfate proteoglycan core protein isoform X14 [Pogonomyrmex barbatus]
XP_011640592.1	basement membrane-specific heparan sulfate proteoglycan core protein isoform X15 [Pogonomyrmex barbatus]
XP_011640593.1	basement membrane-specific heparan sulfate proteoglycan core protein isoform X16 [Pogonomyrmex barbatus]
XP_011640594.1	basement membrane-specific heparan sulfate proteoglycan core protein isoform X17 [Pogonomyrmex barbatus]

XP_011685083.1	basement membrane-specific heparan sulfate proteoglycan core protein [Wasmannia auropunctata]
XP_011864487.1	basement membrane-specific heparan sulfate proteoglycan core protein isoform X6 [Vollenhovia emeryi]
XP_022236437.1	integrin alpha-PS1-like, partial [Limulus polyphemus]
EZA62101.1	Basement membrane-specific heparan sulfate proteoglycan core protein
XP_022226850.1	protocadherin-like wing polarity protein stan isoform X3 [Drosophila obscura]

### Processo biológico: Transdução de sinal

<b>código de acesso</b>	<b>nome da proteína</b>
XP_003695759.1	guanine nucleotide-binding protein G(o) subunit alpha-like isoform X1 [Apis florea]
XP_006610349.1	muscle-specific protein 20-like [Apis dorsata]
XP_011149886.1	muscle-specific protein 20 [Harpegnathos saltator]
XP_011253128.1	muscle-specific protein 20 [Camponotus floridanus]
XP_011645972.1	muscle-specific protein 20 [Pogonomyrmex barbatus]
XP_011869248.1	muscle-specific protein 20-like [Vollenhovia emeryi]
XP_012172948.1	muscle-specific protein 20 [Bombus terrestris]
XP_012224022.1	muscle-specific protein 20-like [Linepithema humile]
XP_012244616.1	muscle-specific protein 20 [Bombus impatiens]
XP_012342781.1	muscle-specific protein 20 [Apis florea]
XP_012344827.1	guanine nucleotide-binding protein G(o) subunit alpha-like isoform X2 [Apis florea]
XP_012523258.1	muscle-specific protein 20 [Monomorium pharaonis]
XP_013792632.2	regulator of G-protein signaling 7-like isoform X1 [Limulus polyphemus]
XP_014299430.1	ankyrin-3-like [Microplitis demolitor]
XP_014483314.1	muscle-specific protein 20 [Dinoponera quadriceps]
XP_015180270.1	muscle M-line assembly protein unc-89 isoform X7 [Polistes dominula]
XP_016910070.1	muscle-specific protein 20 [Apis cerana]
XP_017880033.1	muscle-specific protein 20 [Ceratina calcarata]
XP_018377478.1	rho guanine nucleotide exchange factor 17 [Trachymyrmex cornetzi]
XP_018400615.1	muscle-specific protein 20 [Cyphomyrmex costatus]
XP_022237067.1	regulator of G-protein signaling 7-like isoform X2 [Limulus polyphemus]
XP_022665078.1	rap guanine nucleotide exchange factor 4-like isoform X2 [Varroa destructor]

JAG72865.1	PPP1R2_0 protein (PPP1R2_2 protein) (PPP1R2_3 protein)
XP_013779353.1	ankyrin-2-like isoform X7 [Limulus polyphemus]
XP_022247375.1	retinoic acid receptor RXR-alpha-A-like isoform X5 [Limulus polyphemus]
EZA58603.1	Odorant receptor
XP_006568093.1	muscle-specific protein 20 [Apis mellifera]
PBC26993.1	Muscle-specific protein [Apis cerana cerana]
gi 820850269	muscle-specific protein 20 [Apis florea]
gi 572264329	muscle-specific protein 20 [Apis dorsata]
gi 1035605137	muscle-specific protein 20 [Apis cerana]

### Processo biológico: Metabolismo energético

<b>código de acesso</b>	<b>nome da proteína</b>
XP_003690678.1	fructose-bisphosphate aldolase-like [Apis florea]
XP_012349955.1	fructose-bisphosphate aldolase-like [Apis florea]
XP_003491745.1	ADP-ribosylation factor 1 [Bombus impatiens]
XP_003493793.1	succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial [Bombus impatiens]
XP_003690899.1	succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial [Apis florea]
XP_003702087.1	ADP-ribosylation factor 1 [Megachile rotundata]
XP_006612111.1	succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial-like isoform X1 [Apis dorsata]
XP_006612112.1	succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial-like isoform X2 [Apis dorsata]
XP_008547098.1	succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial [Microplitis demolitor]
XP_011063107.1	succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial [Acromyrmex echinatio]
XP_011159988.1	succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial [Solenopsis invicta]
XP_011168539.1	ADP-ribosylation factor 1 [Solenopsis invicta]
XP_011168548.1	ADP-ribosylation factor 1 [Solenopsis invicta]
XP_011307262.1	ADP-ribosylation factor 1 [Fopius arisanus]
XP_011633341.1	ADP-ribosylation factor 1 [Pogonomyrmex barbatus]
XP_011633342.1	ADP-ribosylation factor 1 [Pogonomyrmex barbatus]
XP_011633400.1	succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial [Pogonomyrmex barbatus]
XP_011634401.1	succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial [Pogonomyrmex barbatus]

XP_011692362.1	ADP-ribosylation factor 1 [Wasmannia auropunctata]
XP_011692370.1	ADP-ribosylation factor 1 [Wasmannia auropunctata]
XP_011703432.1	voltage-dependent anion-selective channel-like isoform X1 [Wasmannia auropunctata]
XP_011867790.1	ADP-ribosylation factor 1 [Vollenhovia emeryi]
XP_011867791.1	ADP-ribosylation factor 1 [Vollenhovia emeryi]
XP_011867792.1	ADP-ribosylation factor 1 [Vollenhovia emeryi]
XP_011867793.1	ADP-ribosylation factor 1 [Vollenhovia emeryi]
XP_011867794.1	ADP-ribosylation factor 1 [Vollenhovia emeryi]
XP_011879505.1	succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial-like [Vollenhovia emeryi]
XP_012056850.1	succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial-like [Atta cephalotes]
XP_012061675.1	ADP-ribosylation factor 1 [Atta cephalotes]
XP_012138073.1	ADP-ribosylation factor 1 [Megachile rotundata]
XP_012138074.1	ADP-ribosylation factor 1 [Megachile rotundata]
XP_012138075.1	ADP-ribosylation factor 1 [Megachile rotundata]
XP_012145014.1	succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial [Megachile rotundata]
XP_012228466.1	succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial-like [Linepithema humile]
XP_012287275.1	succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial [Orussus abietinus]
XP_012350532.1	succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial [Apis florea]
XP_013774494.1	succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial-like [Limulus polyphemus]
XP_013774694.1	succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial-like [Limulus polyphemus]
XP_014210642.1	succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial [Copidosoma floridanum]
XP_014223391.1	succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial [Trichogramma pretiosum]
XP_014476667.1	succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial isoform X1 [Dinoponera quadriceps]
XP_014476669.1	succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial isoform X2 [Dinoponera quadriceps]
XP_014612168.1	succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial-like [Polistes canadensis]
XP_015108523.1	succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial [Diachasma alloeum]
XP_016916081.1	triosephosphate isomerase [Apis cerana]
XP_022229499.1	succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial isoform X1 [Drosophila obscura]
XP_022229500.1	succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial isoform X1 [Drosophila obscura]
XP_022229501.1	succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial isoform X2 [Drosophila obscura]

XP_022229708.1	ADP-ribosylation factor 1-like [Drosophila obscura]
XP_022229709.1	ADP-ribosylation factor 1-like [Drosophila obscura]
XP_022229711.1	ADP-ribosylation factor 1 [Drosophila obscura]
XP_022256676.1	ADP-ribosylation factor 1-like [Limulus polyphemus]
XP_022662284.1	succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial-like [Varroa destructor]
XP_022673280.1	ADP-ribosylation factor 1 [Varroa destructor]
XP_022673281.1	ADP-ribosylation factor 1 [Varroa destructor]
XP_022685793.1	succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial-like isoform X1 [Varroa jacobsoni]
XP_022685794.1	succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial-like isoform X2 [Varroa jacobsoni]
XP_022685797.1	succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial-like isoform X2 [Varroa jacobsoni]
XP_022700036.1	ADP-ribosylation factor 1 isoform X1 [Varroa jacobsoni]
XP_022700037.1	ADP-ribosylation factor 1 isoform X2 [Varroa jacobsoni]
XP_022700038.1	ADP-ribosylation factor 1 isoform X3 [Varroa jacobsoni]
XP_022700039.1	ADP-ribosylation factor 1 isoform X3 [Varroa jacobsoni]
XP_022700040.1	ADP-ribosylation factor 1 isoform X3 [Varroa jacobsoni]
AEY59045.1	Succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial (EC 1.3.5.1)
EZA48877.1	Succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial (EC 1.3.5.1)
EZA50035.1	Exosome complex component RRP4
EZA62585.1	ADP-ribosylation factor
gi 1035620687	ADP-ribosylation factor 1
gi 1035620689	ADP-ribosylation factor 1
gi 373200649	ADP-ribosylation factor 1
gi 373200651	ADP-ribosylation factor 1
gi 373201826	Succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial (EC 1.3.5.1)
JAG75739.1	Succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial (EC 1.3.5.1)
JAG75740.1	Succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial (EC 1.3.5.1)
KMR00218.1	Succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial (EC 1.3.5.1)
KOC60472.1	Succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial (EC 1.3.5.1)
PBC28431.1	Succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit
PBC28432.1	Succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial (EC 1.3.5.1)

PBC34469.1	ADP-ribosylation factor
gi 571520556	Succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial (EC 1.3.5.1)
gi 66505480	Succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial (EC 1.3.5.1)
XP_006624364.1	ADP-ribosylation factor 1-like isoform X1 [Apis dorsata]
XP_006624365.1	ADP-ribosylation factor 1-like isoform X2 [Apis dorsata]
XP_011065651.1	ADP-ribosylation factor 1 [Acromyrmex echinator]
XP_011065652.1	ADP-ribosylation factor 1 [Acromyrmex echinator]
AEY58690.1	ADP-ribosylation factor 1
AEY58691.1	ADP-ribosylation factor 1
gi 1035621435	succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial [Apis cerana]
gi 380013251	fructose-bisphosphate aldolase-like [Apis florea]
gi 380013723	succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial [Apis florea]
gi 380019353	ADP-ribosylation factor 1 [Apis florea]
gi 380019355	ADP-ribosylation factor 1 [Apis florea]
gi 572268105	succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial [Apis dorsata]
gi 572268107	succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial [Apis dorsata]
gi 572317526	ADP-ribosylation factor 1 [Apis dorsata]
gi 820837689	fructose-bisphosphate aldolase-like [Apis florea]
gi 820839073	succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial [Apis florea]
sp P61209.2 ARF1_DROME	Arf79F – ADP ribosylation factor at 79F
sp Q94523.3 SDHA_DROME	SdhA – Succinate dehydrogenase, subunit A (flavoprotein)
PBC28672.1	ATP synthase subunit b
XP_003698934.1	malate dehydrogenase, mitochondrial [Apis florea]
XP_006572158.1	probable pyruvate dehydrogenase E1 component subunit alpha, mitochondrial isoform X1 [Apis mellifera]
XP_006572159.1	probable pyruvate dehydrogenase E1 component subunit alpha, mitochondrial isoform X2 [Apis mellifera]
XP_013781061.1	cytochrome b-c1 complex subunit Rieske, mitochondrial-like [Limulus polyphemus]
XP_624147.2	cytochrome b-c1 complex subunit 7 [Apis mellifera]
AEY59767.1	Cytochrome b-c1 complex subunit 7
gi 571577728	Pyruvate dehydrogenase E1 component subunit alpha (EC 1.2.4.1)

PBC25924.1	Cytochrome b-c1 complex subunit 7
XP_012137701.1	malate dehydrogenase, cytoplasmic [Megachile rotundata]
XP_014609693.1	neutral and basic amino acid transport protein rBAT isoform X1 [Polistes canadensis]
PBC32050.1	WD repeat and FYVE domain-containing protein

### Processo biológico: Metabolismo citoplasmático

<b>código de acesso</b>	<b>nome da proteína</b>
XP_003695156.1	major royal jelly protein 3-like isoform X1 [Apis florea]
XP_012344015.1	major royal jelly protein 3-like isoform X2 [Apis florea]
XP_012344016.1	major royal jelly protein 3-like isoform X3 [Apis florea]
XP_012344017.1	major royal jelly protein 3-like isoform X4 [Apis florea]
XP_012344018.1	major royal jelly protein 3-like isoform X5 [Apis florea]
XP_012344019.1	major royal jelly protein 3-like isoform X5 [Apis florea]
XP_012344020.1	major royal jelly protein 3-like isoform X6 [Apis florea]
XP_012344021.1	major royal jelly protein 3-like isoform X7 [Apis florea]
XP_012344022.1	major royal jelly protein 3-like isoform X8 [Apis florea]
XP_012344025.1	major royal jelly protein 3-like isoform X10 [Apis florea]
XP_012344026.1	major royal jelly protein 3-like isoform X11 [Apis florea]
XP_016769524.1	V-type proton ATPase catalytic subunit A [Apis mellifera]
XP_016916486.1	V-type proton ATPase catalytic subunit A [Apis cerana]
XP_016916485.1	V-type proton ATPase catalytic subunit A [Apis cerana]
AAV90961.1	major royal jelly protein 3, partial [Apis florea]
XP_623495.1	V-type proton ATPase catalytic subunit A [Apis mellifera]
AQM49880.1	Major royal jelly protein 2
ASV50718.1	Arginine kinase
gi 1032004004	Major royal jelly protein 4
gi 258678314	MRJP6 (Fragment)
PBC30650.1	Major royal jelly protein

**Processo biológico: Citoesqueleto**

<b>código de acesso</b>	<b>nome da proteína</b>
XP_003490877.1	spectrin alpha chain isoform X1 [Bombus impatiens]
XP_008555415.1	nesprin-1 isoform X7 [Microplitis demolitor]
XP_008555752.1	spectrin alpha chain [Microplitis demolitor]
XP_012239121.1	alpha-actinin, sarcomeric isoform X1 [Bombus impatiens]
XP_012239122.1	alpha-actinin, sarcomeric isoform X1 [Bombus impatiens]
XP_012239123.1	alpha-actinin, sarcomeric isoform X1 [Bombus impatiens]
XP_012239124.1	alpha-actinin, sarcomeric isoform X2 [Bombus impatiens]
XP_012242923.1	spectrin alpha chain isoform X1 [Bombus impatiens]
XP_012242924.1	spectrin alpha chain isoform X2 [Bombus impatiens]
XP_012274293.1	tubulin beta-1 chain [Orussus abietinus]
XP_013792972.1	plectin-like, partial [Limulus polyphemus]
XP_014219202.1	tubulin beta-1 chain [Copidosoma floridanum]
XP_014229166.1	tubulin beta-1 chain [Trichogramma pretiosum]
XP_014615084.1	alpha-actinin, sarcomeric isoform X1 [Polistes canadensis]
XP_014615085.1	alpha-actinin, sarcomeric isoform X1 [Polistes canadensis]
XP_014615087.1	alpha-actinin, sarcomeric isoform X1 [Polistes canadensis]
XP_014615088.1	alpha-actinin, sarcomeric isoform X1 [Polistes canadensis]
XP_014615089.1	alpha-actinin, sarcomeric isoform X2 [Polistes canadensis]
XP_014615090.1	alpha-actinin, sarcomeric isoform X1 [Polistes canadensis]
XP_014615091.1	alpha-actinin, sarcomeric isoform X3 [Polistes canadensis]
XP_015191420.1	alpha-actinin, sarcomeric isoform X1 [Polistes dominula]
XP_015191421.1	alpha-actinin, sarcomeric isoform X1 [Polistes dominula]
XP_015191422.1	alpha-actinin, sarcomeric isoform X1 [Polistes dominula]
XP_015191423.1	alpha-actinin, sarcomeric isoform X2 [Polistes dominula]
XP_015191424.1	alpha-actinin, sarcomeric isoform X3 [Polistes dominula]
XP_015437803.1	alpha-actinin, sarcomeric isoform X1 [Dufourea novaeangliae]
XP_015437804.1	alpha-actinin, sarcomeric isoform X1 [Dufourea novaeangliae]

XP_015437805.1	alpha-actinin, sarcomeric isoform X2 [Dufourea novaeangliae]
XP_015605824.1	spectrin alpha chain isoform X1 [Cephus cinctus]
XP_015605825.1	spectrin alpha chain isoform X2 [Cephus cinctus]
XP_017885423.1	spectrin alpha chain [Ceratina calcarata]
XP_020719262.1	nesprin-1 isoform X1 [Bombus terrestris]
XP_022198381.1	rotatin [Nilaparvata lugens]
XP_022205948.1	dynein heavy chain 10, axonemal-like, partial [Nilaparvata lugens]
XP_022209955.1	dynein beta chain, ciliary isoform X1 [Drosophila obscura]
XP_022239106.1	dynein heavy chain 8, axonemal-like [Limulus polyphemus]
EFN70461.1	Transgelin
EGI57313.1	Tubulin alpha chain
gi 571545919	Transgelin
KMQ98061.1	Tubulin beta-1 chain
KOC62528.1	Alpha-actinin, sarcomeric
KOC68980.1	Tubulin beta chain
KOX79326.1	Alpha-actinin, sarcomeric
KYM97922.1	Transgelin
KZC14843.1	Alpha-actinin, sarcomeric
XP_006564397.1	collagen alpha-1(IX) chain isoform X1 [Apis mellifera]
gi 1035594206	alpha-actinin, sarcomeric isoform X1 [Apis cerana]
gi 1035608898	collagen alpha-1(IX) chain isoform X7 [Apis cerana]
gi 820848466	dynein heavy chain 6, axonemal [Apis florea]
sp P86700.1 ACT_CHIOP	Actin, muscle

### Processo biológico: Transporte celular

código de acesso	nome da proteína
XP_012238316.1	ADP, ATP carrier protein 2 [Bombus impatiens]
XP_014486312.1	ADP, ATP carrier protein 2 [Dinoponera quadriceps]
XP_015173545.1	sodium-coupled monocarboxylate transporter 2-like [Polistes dominula]
ADU79056.1	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit alpha (Fragment)

ADU79060.1	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit alpha (Fragment)
ADU79062.1	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit alpha (Fragment)
ADU79066.1	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit alpha (Fragment)
ADU79073.1	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit alpha (Fragment)
ADU79077.1	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit alpha (Fragment)
ADU79085.1	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit alpha (Fragment)
ADU79095.1	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit alpha (Fragment)
ADU79105.1	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit alpha (Fragment)
ADU79106.1	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit alpha (Fragment)
ADU79108.1	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit alpha (Fragment)
ADU79109.1	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit alpha (Fragment)
AEE80907.1	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit alpha (Fragment)
AEE80917.1	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit alpha (Fragment)

### Processo biológico: Neuromodulação

<b>código de acesso</b>	<b>nome da proteína</b>
XP_006620474.1	14-3-3 protein zeta-like isoform X3 [Apis dorsata]
XP_006620475.1	14-3-3 protein zeta-like isoform X4 [Apis dorsata]
XP_008543380.1	14-3-3 protein zeta isoform X1 [Microplitis demolitor]
XP_008543381.1	14-3-3 protein zeta isoform X1 [Microplitis demolitor]
XP_012247044.1	14-3-3 protein zeta isoform X2 [Bombus impatiens]
XP_012247045.1	14-3-3 protein zeta isoform X2 [Bombus impatiens]
XP_012247046.1	14-3-3 protein zeta isoform X3 [Bombus impatiens]
XP_012340584.1	14-3-3 protein zeta isoform X1 [Apis florea]
XP_012340585.1	14-3-3 protein zeta isoform X2 [Apis florea]
XP_012340586.1	14-3-3 protein zeta isoform X3 [Apis florea]
AEW70331.1	14-3-3 zeta
AEW70333.1	14-3-3 zeta
AEW70334.1	14-3-3 zeta
AEW70336.1	14-3-3 zeta

AEW70337.1	14-3-3 zeta
AEW70339.1	14-3-3 zeta
AEW70340.1	14-3-3 zeta
AEW70342.1	14-3-3 zeta
AEW70348.1	14-3-3 zeta
AEW70349.1	14-3-3 zeta
AEW70351.1	14-3-3 zeta
AEW70353.1	14-3-3 zeta
AEW70355.1	14-3-3 zeta
XP_003692803.1	14-3-3 protein zeta isoform X1 [Apis florea]

**Processo biológico: *Housekeeping***

<b>código de acesso</b>	<b>nome da proteína</b>
XP_012529646.1	talín-1 isoform X1 [Monomorium pharaonis]
XP_012529651.1	talín-1 isoform X4 [Monomorium pharaonis]
KMQ84155.1	Gag-pol fusion polyprotein
XP_022212523.1	protein lap4 isoform X10 [Drosophila obscura]
XP_011156530.1	poly(U)-specific endoribonuclease homolog [Solenopsis invicta]
XP_003696163.1	myosin light chain alkali isoform X2 [Apis florea]
XP_003696164.1	myosin light chain alkali isoform X1 [Apis florea]
XP_006609142.1	arginine kinase-like isoform X1 [Apis dorsata]
XP_006609143.1	arginine kinase-like isoform X2 [Apis dorsata]
XP_006609144.1	arginine kinase-like isoform X3 [Apis dorsata]
XP_006609145.1	arginine kinase-like isoform X4 [Apis dorsata]
XP_006609146.1	arginine kinase-like isoform X5 [Apis dorsata]
XP_006611219.1	actin-5C-like isoform X1 [Apis dorsata]
XP_006611220.1	actin-5C-like isoform X2 [Apis dorsata]
XP_006615813.1	myosin light chain alkali-like isoform X1 [Apis dorsata]
XP_006615814.1	myosin light chain alkali-like isoform X2 [Apis dorsata]
XP_006617028.1	superoxide dismutase [Cu-Zn]-like [Apis dorsata]

XP_006617889.1	tropomyosin-1, isoforms 9A/A/B-like isoform X1 [Apis dorsata]
XP_006617893.1	tropomyosin-1, isoforms 9A/A/B-like isoform X5 [Apis dorsata]
XP_006617894.1	tropomyosin-1, isoforms 9A/A/B-like isoform X6 [Apis dorsata]
XP_006617895.1	tropomyosin-1, isoforms 9A/A/B-like isoform X7 [Apis dorsata]
XP_006617897.1	tropomyosin-1, isoforms 9A/A/B-like isoform X9 [Apis dorsata]
XP_006617900.1	tropomyosin-1, isoforms 9A/A/B-like isoform X12 [Apis dorsata]
XP_006617901.1	tropomyosin-1, isoforms 9A/A/B-like isoform X13 [Apis dorsata]
XP_006617903.1	tropomyosin-1, isoforms 9A/A/B-like isoform X15 [Apis dorsata]
XP_006617908.1	tropomyosin-1, isoforms 9A/A/B-like isoform X20 [Apis dorsata]
XP_006617910.1	tropomyosin-1, isoforms 9A/A/B-like isoform X22 [Apis dorsata]
XP_006617913.1	tropomyosin-1, isoforms 9A/A/B-like isoform X25 [Apis dorsata]
XP_006617915.1	tropomyosin-1, isoforms 9A/A/B-like isoform X27 [Apis dorsata]
XP_011051575.1	actin-5C [Acromyrmex echinator]
XP_011051576.1	actin-5C [Acromyrmex echinator]
XP_011173672.1	actin-5C [Solenopsis invicta]
XP_011173741.1	actin-5C [Solenopsis invicta]
XP_011301374.1	actin-5C [Fopius arisanus]
XP_011301375.1	actin-5C [Fopius arisanus]
XP_011639413.1	actin-5C [Pogonomyrmex barbatus]
XP_011639414.1	actin-5C [Pogonomyrmex barbatus]
XP_011647028.1	myosin heavy chain, muscle isoform X1 [Pogonomyrmex barbatus]
XP_011647029.1	myosin heavy chain, muscle isoform X1 [Pogonomyrmex barbatus]
XP_011647030.1	myosin heavy chain, muscle isoform X1 [Pogonomyrmex barbatus]
XP_011647031.1	myosin heavy chain, muscle isoform X2 [Pogonomyrmex barbatus]
XP_011647033.1	myosin heavy chain, muscle isoform X3 [Pogonomyrmex barbatus]
XP_011647034.1	myosin heavy chain, muscle isoform X8 [Pogonomyrmex barbatus]
XP_011647035.1	myosin heavy chain, muscle isoform X6 [Pogonomyrmex barbatus]
XP_011647036.1	myosin heavy chain, muscle isoform X12 [Pogonomyrmex barbatus]
XP_011647037.1	myosin heavy chain, muscle isoform X12 [Pogonomyrmex barbatus]
XP_011647038.1	myosin heavy chain, muscle isoform X12 [Pogonomyrmex barbatus]

XP_011647039.1	myosin heavy chain, muscle isoform X22 [Pogonomyrmex barbatus]
XP_011647040.1	myosin heavy chain, muscle isoform X23 [Pogonomyrmex barbatus]
XP_011647045.1	myosin heavy chain, muscle isoform X23 [Pogonomyrmex barbatus]
XP_011703767.1	actin-5C [Wasmannia auropunctata]
XP_011703768.1	actin-5C [Wasmannia auropunctata]
XP_012228218.1	histone H2A [Linepithema humile]
XP_012257053.1	zinc finger RNA-binding protein isoform X3 [Athalia rosae]
XP_012339830.1	LOW QUALITY PROTEIN: superoxide dismutase [Cu-Zn]-like [Apis florea]
XP_013785133.1	tropomyosin [Limulus polyphemus]
XP_013789036.1	abnormal spindle-like microcephaly-associated protein homolog [Limulus polyphemus]
XP_014300379.1	nesprin-1 isoform X1 [Microplitis demolitor]
XP_014613553.1	putative tRNA pseudouridine synthase Pus10 [Polistes canadensis]
XP_015182498.1	tropomyosin isoform X6 [Polistes dominula]
XP_015432408.1	tropomyosin-1 [Dufourea novaeangliae]
XP_015514582.1	protein lap4 [Neodiprion lecontei]
XP_016917119.1	superoxide dismutase [Cu-Zn] [Apis cerana]
XP_017890744.1	tropomyosin alpha-1 chain isoform X3 [Ceratina calcarata]
XP_017890755.1	tropomyosin isoform X18 [Ceratina calcarata]
XP_018304943.1	protein kinase C, brain isozyme isoform X2 [Trachymyrmex zeteki]
XP_018317193.1	transcription-associated protein 1 [Trachymyrmex zeteki]
XP_018339320.1	myosin heavy chain, muscle isoform X3 [Trachymyrmex septentrionalis]
XP_018340330.1	serine/threonine-protein kinase SMG1 [Trachymyrmex septentrionalis]
XP_018368038.1	myosin heavy chain, muscle isoform X8 [Trachymyrmex cornetzi]
XP_018368039.1	myosin heavy chain, muscle isoform X9 [Trachymyrmex cornetzi]
XP_018395057.1	myosin heavy chain, muscle isoform X13 [Cyphomyrmex costatus]
XP_022196987.1	tropomyosin alpha-3 chain isoform X1 [Nilaparvata lugens]
XP_022196988.1	tropomyosin-1 isoform X2 [Nilaparvata lugens]
XP_022196992.1	tropomyosin isoform X5 [Nilaparvata lugens]
XP_022196994.1	tropomyosin isoform X7 [Nilaparvata lugens]
XP_022196997.1	tropomyosin-1, isoforms 9A/A/B isoform X10 [Nilaparvata lugens]

XP_022196998.1	tropomyosin-1, isoforms 9A/A/B isoform X11 [Nilaparvata lugens]
XP_022196999.1	tropomyosin-1, isoforms 9A/A/B isoform X12 [Nilaparvata lugens]
XP_022209902.1	tropomyosin-1, isoforms 33/34 isoform X16 [Drosophila obscura]
XP_022209906.1	tropomyosin-1, isoforms 33/34 isoform X19 [Drosophila obscura]
XP_022210631.1	nuclear pore complex protein Nup133 [Drosophila obscura]
XP_022213468.1	oxidation resistance protein 1 isoform X19 [Drosophila obscura]
XP_022217323.1	host cell factor isoform X1 [Drosophila obscura]
XP_022222548.1	ATP-binding cassette sub-family C member Sur isoform X3 [Drosophila obscura]
XP_022225272.1	shugoshin [Drosophila obscura]
XP_022227431.1	protein purity of essence [Drosophila obscura]
XP_022229712.1	ADP-ribosylation factor 1 [Drosophila obscura]
XP_022229713.1	ADP-ribosylation factor 1 [Drosophila obscura]
XP_022231592.1	LOW QUALITY PROTEIN: endoribonuclease Dcr-1 [Drosophila obscura]
XP_022647616.1	serine/threonine-protein kinase LATS1-like isoform X2 [Varroa destructor]
XP_022648416.1	mediator of RNA polymerase II transcription subunit 14-like [Varroa destructor]
XP_022663764.1	translation elongation factor 2-like [Varroa destructor]
XP_022664920.1	obscurin-like isoform X6 [Varroa destructor]
XP_022665771.1	serine/threonine-protein kinase D3-like isoform X3 [Varroa destructor]
XP_022670606.1	titin-like isoform X3 [Varroa destructor]
XP_022690290.1	tropomyosin isoform X6 [Varroa jacobsoni]
XP_022692720.1	cysteine-rich protein 2-binding protein-like isoform X1 [Varroa jacobsoni]
XP_022692721.1	cysteine-rich protein 2-binding protein-like isoform X2 [Varroa jacobsoni]
ABP65286.1	Triosephosphate isomerase (EC 5.3.1.1)
ACE95726.1	Triosephosphate isomerase (EC 5.3.1.1)
ADK66839.1	Actin related protein 1
AEO51758.1	Actin
AEO51759.1	Actin
AEY57720.1	Tropomyosin-1, isoforms 9A/A/B
AEY57722.1	Tropomyosin, muscle
AEY58901.1	Actin-42A

AEY58902.1	Actin-42A
AEY59003.1	Myosin-7
AEY60774.1	Triosephosphate isomerase (EC 5.3.1.1)
AEZ57109.1	Superoxide dismutase [Cu-Zn] (EC 1.15.1.1)
AGM39426.1	B-actin (Fragment)
AEY61198.1	Superoxide dismutase [Cu-Zn] (EC 1.15.1.1)
AIU41504.1	Superoxide dismutase [Cu-Zn] (EC 1.15.1.1)
ASW28040.1	Elongation factor-1 alpha (Fragment)
ASZ69796.1	Elongation factor 1-alpha
ATI36785.1	Elongation factor-1 alpha (Fragment)
BAS53358.1	Elongation factor-1 alpha (Fragment)
BAS53385.1	Elongation factor-1 alpha (Fragment)
CAA37066.1	Elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha)
EFN60576.1	Actin, muscle
EFN88826.1	Alpha-galactosidase (EC 3.2.1.-)
EZA56475.1	Actin-5C
gi 27531025	Fatty acid binding protein
gi 373197587	Tropomyosin-1, isoforms 9A/A/B
gi 373197591	Tropomyosin, muscle
gi 374676799	Superoxide dismutase [Cu-Zn] (EC 1.15.1.1)
gi 571565217	Elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha)
gi 571565226	Elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha)
gi 58585198	Elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha)
gi 1035618525	Superoxide dismutase [Cu-Zn] (EC 1.15.1.1)
gi 373213931	Superoxide dismutase [Cu-Zn] (EC 1.15.1.1)
gi 699233600	Superoxide dismutase [Cu-Zn] (EC 1.15.1.1)
JAG70209.1	Act5C protein (Fragment)
JAG75271.1	ARF1_2 protein
JAG78280.1	ARF1_0 protein (ARF1_1 protein) (Fragment)
JAG78281.1	ARF1_0 protein (ARF1_1 protein) (Fragment)

KMQ87381.1	Calmodulin isoform x1 (Fragment)
KOX73453.1	Muscle LIM protein Mlp84B
KOX80791.1	Elongation factor 2
KYM80811.1	Titin
KYM82298.1	Tropomyosin-1
KYN40743.1	Serine/threonine-protein kinase SMG1
PBC25424.1	CCR4-NOT transcription complex subunit
PBC29480.1	Calmodulin
PBC31801.1	Laminin subunit alpha-1
PBC32415.1	Elongation factor 1-alpha
PBC32416.1	Elongation factor 1-alpha
PBC33709.1	Proactivator polypeptide
PBC34398.1	Fatty acid-binding protein, muscle
gi 1035596296	tropomyosin-2 isoform X6 [Apis cerana]
gi 380024768	myosin light chain alkali isoform X2 [Apis florea]
gi 380024770	myosin light chain alkali isoform X1 [Apis florea]
gi 571563560	myosin light chain alkali isoform X1 [Apis mellifera]
gi 572267423	heterogeneous nuclear ribonucleoprotein R isoform X1 [Apis dorsata]
gi 572268271	protein lap4 isoform X3 [Apis dorsata]
gi 572299362	myosin light chain alkali isoform X1 [Apis dorsata]
gi 572301991	superoxide dismutase [Cu-Zn] [Apis dorsata]
gi 572303834	tropomyosin alpha-1 chain isoform X7 [Apis dorsata]
gi 572303836	tropomyosin alpha-1 chain isoform X9 [Apis dorsata]
gi 572303840	tropomyosin alpha-1 chain isoform X17 [Apis dorsata]
gi 572303846	tropomyosin alpha-1 chain isoform X15 [Apis dorsata]
gi 572303848	tropomyosin alpha-1 chain isoform X20 [Apis dorsata]
gi 572303852	tropomyosin alpha-1 chain isoform X18 [Apis dorsata]
gi 572303874	tropomyosin Per a 7.0102 isoform X27 [Apis dorsata]
gi 572303878	tropomyosin isoform X29 [Apis dorsata]
gi 572312502	nucleoporin GLE1 isoform X1 [Apis dorsata]

gi 66524882	protein D2 isoform X3 [Apis mellifera]
gi 820838664	mucin-5AC [Apis florea]
gi 820841259	LOW QUALITY PROTEIN: recombination repair protein 1-like [Apis florea]
gi 820843201	LOW QUALITY PROTEIN: superoxide dismutase [Cu-Zn]-like [Apis florea]
gi 820860443	elongation factor 1-alpha [Apis florea]
gi 820860445	elongation factor 1-alpha [Apis florea]
gi 820866274	tropomyosin alpha-3 chain isoform X8 [Apis florea]
gi 820866276	tropomyosin-1 isoform X9 [Apis florea]
gi 820866278	tropomyosin alpha-3 chain isoform X10 [Apis florea]
gi 820866280	tropomyosin alpha-3 chain isoform X11 [Apis florea]
gi 820866305	tropomyosin isoform X18 [Apis florea]
gi 820866309	tropomyosin isoform X21 [Apis florea]
sp P13361.1 HUNB_DROVI	Protein hunchback
sp P29993.3 ITPR_DROME	Inositol 1,4,5-trisphosphate receptor
sp Q08473.3 SQD_DROME	sqd – squid