



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
“JÚLIO DE MESQUITA FILHO”
Câmpus de São José do Rio Preto

Marina Minari Chioda

**Proteômica mitocondrial de *Drosophila melanogaster* expressando
a oxidase alternativa sob diferentes condições dietéticas**

São José do Rio Preto
2019

Marina Minari Chioda

**Proteômica mitocondrial de *Drosophila melanogaster* expressando
a oxidase alternativa sob diferentes condições dietéticas**

Dissertação apresentada como parte dos requisitos para obtenção do título de Mestre em Biociências, junto ao Programa de Pós-Graduação em Biociências, do Instituto de Biociências, Letras e Ciências Exatas da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Câmpus de São José do Rio Preto.

Financiadora: FAPESP – Proc. 2017/02813-0

Orientador: Prof. Dr. Marcos Túlio de Oliveira

São José do Rio Preto
2019

C539p Chioda, Marina Minari
Proteômica mitocondrial de *Drosophila melanogaster* expressando a oxidase alternativa sob diferentes condições dietéticas / Marina Minari Chioda. -- São José do Rio Preto, 2019
100 f. : il., tabs. + 1 CD-ROM

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista (Unesp), Instituto de Biociências Letras e Ciências Exatas, São José do Rio Preto
Orientador: Marcos Túlio de Oliveira

1. *Drosophila melanogaster*. 2. Restrição calórica. 3. Metabolismo energético. 4. Espectrometria de massa. 5. Bioquímica. I. Título.

Sistema de geração automática de fichas catalográficas da Unesp. Biblioteca do Instituto de Biociências Letras e Ciências Exatas, São José do Rio Preto. Dados fornecidos pelo autor(a).

Essa ficha não pode ser modificada.

Marina Minari Chioda

**Proteômica mitocondrial de *Drosophila melanogaster* expressando
a oxidase alternativa sob diferentes condições dietéticas**

Dissertação apresentada como parte dos requisitos para obtenção do título de Mestre em Biociências, junto ao Programa de Pós-Graduação em Biociências, do Instituto de Biociências, Letras e Ciências Exatas da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Câmpus de São José do Rio Preto.

Financiadora: FAPESP – Proc. 2017/02813-0

Comissão Examinadora

Prof. Dr. Marcos Túlio de Oliveira
UNESP – Câmpus de Jaboticabal
Orientador

Prof^a. Dr^a. Nadia Monesi
USP – Ribeirão Preto

Prof. Dr. Tiago Santana Balbuena
UNESP – Câmpus de Jaboticabal

Jaboticabal
21 de fevereiro de 2019

Àqueles que sempre estiveram ao meu lado, que acreditaram
em mim e sempre me deram motivos pra continuar.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente à Deus, que esteve ao meu lado todo tempo. Por ser minha certeza, amparo, proteção e fonte inesgotável de perseverança e sabedoria.

Agradeço à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) pela concessão da bolsa de pesquisa, sob o processo nº 2017/02813-0.

À FCAV/Unesp – Jaboticabal e ao CREBIO pelo espaço disponibilizado.

Ao Prof. Dr. Marcos Túlio de Oliveira, pela orientação, confiança, apoio e incentivo. Pelas oportunidades e pelos ensinamentos que vão além da vida acadêmica.

Ao Prof. Dr. Tiago Santana Balbuena, por sempre contribuir, esclarecer e ensinar de forma paciente e gentil.

Ao Prof. Dr. Marcus Fernandes Oliveira, ao Dr. Rafael Marini Ferreira e a Prof^a. Dr^a. Nadia Monesi, pelas ricas contribuições.

À Ms^a. Emily Anne McKinney, por toda dedicação, paciência e auxílio na obtenção dos dados de espectrometria de massas.

À Ms^a. Amanda Cristina Baldassi, por todo suporte e auxílio na análise dos dados de espectrometria de massas, na escrita e correção deste documento. Seu apoio foi imprescindível para a execução deste trabalho.

Ao Ms^e. André Ferreira de Camargo, pela amizade e auxílio na escrita e correção.

À Ms^a. Ana Paula Campos Rodrigues, pela amizade e auxílio na obtenção dos dados de PCR em tempo real.

À Geovana, por ter se tornado mais que uma amiga. Por ter me acolhido, ajudado e caminhado ao meu lado nesse período.

Aos amigos do Laboratório de Biologia Mitocondrial por todos os bons momentos, ajudas, palavras e ombro amigo. Sem vocês eu jamais teria conseguido.

Aos amigos do Laboratório de Proteômica Vegetal pelo acolhimento, por ouvirem meus desabaços, pelos ensinamentos, risos, cafés e momentos maravilhosos.

Aos professores do Programa de Pós Graduação em Biociências, pela participação na minha formação.

À minha família, em especial à minha mãe, por todo companheirismo, apoio, amor e cuidado.

Aos amigos que acreditaram em mim mais que eu mesma. Que por muitas vezes enxugaram as minhas lágrimas, me deram forças e não me deixaram desistir. Em especial à Flávia, Danielle, Caíque e Jacqueline.

RESUMO

O processo de fosforilação oxidativa mitocondrial ocorre pela ação coordenada de cinco complexos multienzimáticos que formam a cadeia respiratória mitocondrial. Disfunções nesses complexos podem levar à deficiência na produção de ATP, além de uma formação excessiva de espécies reativas de oxigênio, fatores que se relacionam a uma grande quantidade de doenças. A oxidase alternativa mitocondrial (AOX) fornece uma via alternativa ao transporte de elétrons na cadeia respiratória, pois possui a função de química redox semelhante aos complexos III e IV. Quando expressa e testada em mitocôndrias de *Drosophila melanogaster*, camundongos e células humanas em cultura, que naturalmente não possuem esta enzima, houve diminuição dos efeitos deletérios resultantes de disfunções mitocondriais, indicando o seu potencial uso terapêutico. Entretanto, AOX não bombeia prótons para o espaço intermembranas, e sua expressão portanto pode reduzir o potencial de membrana e estar associada a um déficit bioenergético. Isso sugere a necessidade de dietas ricas em nutrientes para que a produção de ATP fora da mitocôndria seja significativa e suficiente para o desenvolvimento correto de organismos-modelo expressando a AOX. Para testar tal hipótese, ensaios de desenvolvimento usando drosófilas expressando AOX foram realizados com dieta rica e restrita em nutrientes e verificou-se que em condição de restrição nutricional, as moscas apresentaram queda de cerca de 80% na taxa de emergência dos adultos. Para compreender os mecanismos moleculares envolvidos no fenótipo observado, investigamos o proteoma mitocondrial de pupas no estágio de pré-letalidade. Os dados obtidos de linhagens cultivadas em dieta rica em nutrientes mostram que enzimas relacionadas ao ciclo de Krebs e à oxidação de lipídeos estão superexpressas. Em combinação com a quantificação relativa do DNA mitocondrial, sugerimos que larvas expressando AOX possuem mais massa mitocondrial. Este mesmo padrão parece ser observado para moscas cultivadas em dieta restrita, indicando que AOX pode levar a um consumo mais proeminente, entretanto menos eficiente em termos bioenergéticos, dos estoques de lipídeos obtidos na fase de larva. Estes estoques podem ser insuficientes para a conclusão da metamorfose quando moscas AOX são submetidas a uma dieta restrita.

Palavras-chave: Mitocôndria. Oxidase Alternativa. *Drosophila melanogaster*. Proteômica. Fosforilação oxidativa.

ABSTRACT

The mitochondrial oxidative phosphorylation process occurs via the coordinated action of five multienzymatic complexes that constitute the mitochondrial respiratory chain. Dysfunction in these complexes can lead to deficiency in ATP production, in addition to excessive formation of reactive oxygen species, which are related to a large number of diseases. The alternative oxidase (AOX) provides an alternative pathway to electron transfer in the respiratory chain, since it possesses chemical redox function similar to that of complexes III and IV. When AOX was expressed and tested in mitochondria of *Drosophila melanogaster*, mice and human cells in culture, which naturally do not express this enzyme, there was a decrease in the deleterious effects resulting from mitochondrial dysfunction, indicating its potential therapeutic use. However, AOX does not pump protons into the intermembrane space, and thus may be associated with a decreased membrane potential and ATP production, suggesting the need for nutrient-rich diets for complete development of AOX-expressing model organisms. We conducted developmental assays using nutrient-rich and -restricted diets and we have verified that in the nutritional restriction condition AOX caused an 80% drop in eclosion rate. To understand the molecular mechanisms involved in the observed phenotype, we investigated the pupal mitochondrial proteome in the pre-lethality stage. Data obtained from lines cultivated in a nutrient-rich diet showed that the Krebs cycle and lipid catabolism enzymes are overexpressed. The same pattern was observed for diet-restricted flies, indicating that AOX may lead to a more prominent, but less efficient bioenergetically, consumption of lipid storage obtained in the larval phase. This storage may be insufficient for completing metamorphosis when the flies are cultured in restricted diet.

Keywords: Mitochondria. Alternative oxidase. *Drosophila melanogaster*. Proteomics. Oxidative phosphorylation.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1 – Representação esquemática da CR mitocondrial	18
Figura 2 – Representação esquemática da CR mitocondrial na presença de vias alternativas	20
Figura 3 – Moscas que expressam AOX em baixos níveis não apresentam problemas de desenvolvimento em dieta com baixo teor de nutrientes	29
Figura 4 – Moscas que expressam AOX em altos níveis apresentam sérios problemas de desenvolvimento em dieta com baixo teor de nutrientes	30
Figura 5 – Enriquecimento de proteínas mitocondriais nas amostras de Extrato Mitocondrial Puro	31
Figura 6 – Classificação das proteínas identificadas	33
Figura 7 – Mapas de Kegg (<i>Kegg maps</i>) da CR mitocondrial e do ciclo de Krebs	34
Figura 8 – Número de identificações do proteoma mitocondrial de duas linhagens de <i>D. melanogaster</i> submetidas à dieta padrão	35
Figura 9 – Identificação de peptídeos da AOX em drosófila via espectrometria de massas	37
Figura 10 – Nível de expressão das proteínas relacionadas ao ciclo de Krebs identificadas e das enzimas piruvato carboxilase e piruvato desidrogenase	38
Figura 11 – Nível de expressão das proteínas relacionadas ao catabolismo de lipídeos	39
Figura 12 – A proteína apolipoforina está subexpressa em linhagem expressando AOX	40

Figura 13 – Nível de expressão de enzimas estruturais mitocondriais em linhagem expressando AOX	41
Figura 14 – Linhagem expressando AOX apresenta aumento no nível relativo de DNAMt em larvas e pupas	42
Figura 15 – Abundância relativa das proteínas identificadas para ambas as linhagens submetidas a uma dieta com baixo teor de nutrientes	45

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Relação das proteínas mais abundantes na linhagem que expressa AOX	43
Tabela 2 – Relação das proteínas mais abundantes na linhagem controle	44

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

ATP	Trifosfato de adenosina
EROs	Espécies reativas de oxigênio
AOX	Oxidase alternativa mitocondrial
CR	Cadeia respiratória mitocondrial
ADP	Difosfato de adenosina
ANDH	NADH-desidrogenase alternativa
NADH	Dinucleotídeo de nicotinamida-adenina
DNAmt	DNA mitocondrial
DNA_n	DNA nuclear
FADH₂	Dinucleotídeo de flavina-adenina
MELAS	<i>Mitochondrial Encephalomyopathy, Lactic Acidosis, and Stroke-like episodes</i>
LHON	<i>Leber's Hereditary Optic Neuropathy</i>
MERRF	<i>Myoclonic Epilepsy with Ragged Red Fibers</i>
ANT	Adenina nucleotídeo translocase
UAS	<i>Upstream Activation Sequence</i>
GFP	<i>Green fluorescent protein</i>
DTT	Dithiothreitol
EMC	Extrato mitocondrial cru
EMP	Extrato mitocondrial puro
BSA	<i>Bovine serum albumin</i>
AmBic	Bicarbonato de amônio
PSM	<i>Peptide-spectrum match</i>
NSAF	<i>Normalized spectral abundance factor</i>
MAM	<i>Mitochondrial-associated membranes</i>

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	12
2	OBJETIVO GERAL.....	14
2.1	Objetivos específicos.....	14
3	REVISÃO DE LITERATURA	15
3.1	Mitocôndrias	15
3.2	Vias Metabólicas	16
3.3	Cadeia respiratória.....	17
3.4	Doenças mitocondriais.....	18
3.5	Enzimas alternativas	19
3.6	Uso de <i>Drosophila melanogaster</i> como organismo modelo	21
4	MATERIAL E MÉTODOS	22
4.1	Linhagens Utilizadas.....	22
4.2	Dietas.....	22
4.3	Ensaio de desenvolvimento	22
4.4	Obtenção de Extrato Mitocondrial Puro	23
4.5	Processamento das proteínas do Extrato Mitocondrial Puro	24
4.6	Obtenção dos espectros.....	25
4.7	Identificação de proteínas	25
4.8	Quantificação relativa das proteínas diferencialmente expressas	26
4.9	Identificações do proteoma mitocondrial	26
4.10	Extração de DNA total.....	26
4.11	Quantificação relativa do DNAm.....	27
5	RESULTADOS.....	28
5.1	A taxa de emergência de moscas que expressam AOX em altos níveis é baixa em condição de restrição nutricional.....	28

5.2	Proteômica mitocondrial: as amostras são enriquecidas com proteínas mitocondriais.....	30
5.3	A maioria das proteínas identificadas são comuns para ambas as linhagens.....	35
5.4	Identificação da AOX.....	35
5.5	A linhagem expressando AOX apresenta níveis elevados de enzimas do ciclo de Krebs e do catabolismo de lipídeos, mesmo em dieta padrão	38
5.6	AOX pode elevar a massa mitocondrial, mesmo em dieta padrão	40
5.7	Resultados preliminares para as linhagens em dieta restrita	42
6	DISCUSSÃO	46
	REFERÊNCIAS.....	50
	APÊNDICE A – LISTA DE TODAS AS PROTEÍNAS IDENTIFICADAS PARA AS MOSCAS MANTIDAS EM DIETA PADRÃO	54
	APÊNDICE B – LISTA DE PROTEÍNAS DIFERENCIALMENTE EXPRESSAS PARA AS MOSCAS MANTIDAS EM DIETA PADRÃO	71
	APÊNDICE C – LISTA DE PROTEÍNAS IDENTIFICADAS PARA LINHAGEM QUE EXPRESSA AOX MANTIDA EM DIETA RESTRITA.....	73
	APÊNDICE D – LISTA DE PROTEÍNAS IDENTIFICADAS PARA LINHAGEM CONTROLE MANTIDA EM DIETA RESTRITA.....	84

1 INTRODUÇÃO

A cadeia respiratória mitocondrial (CR) sedia um dos processos energeticamente mais importantes para um organismo eucariótico, a fosforilação oxidativa. É na CR que os carreadores reduzidos provenientes da oxidação de carboidratos, lipídeos e proteínas são reoxidados para obtenção da maior parte do trifosfato de adenosina (ATP) celular. A CR é formada por cinco complexos proteicos integrais de membrana, quatro realizando o transporte de elétrons em sequentes reações de oxirredução, e o quinto realizando o processo de fosforilação do ADP em ATP (CAMARGO *et al.*, 2018). A maioria dos grupos de eucariotos, incluindo animais, possuem enzimas que fornecem vias alternativas à CR, entretanto, vertebrados e insetos perderam os genes codificantes dessas enzimas ao longo da evolução (MCDONALD; GOSPODARYOV, 2018). Estas vias são constituídas pela oxidase alternativa (AOX) e pela NADH-desidrogenase alternativa (ANDH), que podem apresentar um papel importante na regulação da produção de espécies reativas de oxigênio (EROs) e na manutenção do potencial redox celular. A AOX atua transferindo elétrons do ubiquinol diretamente para O₂, contornando os Complexos III e IV, sendo então resistente aos seus respectivos inibidores, antimicina A e cianeto. Já a ANDH atua recebendo elétrons diretamente do dinucleotídeo de nicotinamida-adenina (NADH), transferindo-os para a ubiquinona, e contornando então o Complexo I (CAMARGO *et al.*, 2018). A utilização das vias alternativas aparentemente só ocorre quando há comprometimentos da via clássica, que podem ser causados por diversos fatores, como elevado potencial de membrana, inibição por toxinas ou problemas genéticos associados aos Complexos I, III e IV (KEMPPAINEN *et al.*, 2014).

Testes da hipótese de que a enzima AOX, ao oferecer uma via alternativa ao transporte de elétrons da CR, poderia atuar no tratamento de diversas doenças humanas relacionadas a disfunções mitocondriais, tem gerado resultados positivos, negativos e inesperados (FERNANDEZ-AYALA *et al.*, 2009; RODRIGUES *et al.*, 2018). Quando o gene da AOX proveniente de *Ciona intestinalis* (Tunicata: Ascidiacea) foi expresso transgenicamente em células humanas em cultura, em camundongo e em *Drosophila melanogaster*, a enzima propiciou resistência a cianeto e diminuição da produção de EROs (DASSA *et al.*, 2009; EL-KHOURY *et al.*, 2013; FERNANDEZ-AYALA *et al.*, 2009; HAKKAART *et al.*, 2006; SZIBOR *et al.*, 2017). Também foi possível observar que houve resgate de fenótipos deletérios comuns a

organismos com disfunções mitocondriais neurológicas, respiratórias e renais (FERNANDEZ-AYALA *et al.*, 2009; GIORDANO *et al.*, 2018; HUMPHREY *et al.*, 2012; KEMPPAINEN *et al.*, 2014; RAJENDRAN *et al.* 2018; VARTIAINEN *et al.*, 2014). Estes dados dão suporte à ideia de que enzimas alternativas poderiam auxiliar no tratamento dessas doenças (EL-KHOURY *et al.*, 2014).

Tendo em vista que a AOX não bombeia prótons durante o transporte de elétrons, levando a um reduzido potencial eletroquímico de membrana, é esperado que a quantidade de ATP produzido pela CR na presença de AOX seja reduzida (KEMPPAINEN *et al.*, 2014). Este potencial desacoplamento mitocondrial constitui a hipótese principal sobre o porquê dos insetos e vertebrados terem perdido AOX, indicando que os organismos-modelo que a expressam precisariam de dietas ricas em nutrientes para a produção suficiente de ATP através da glicólise. Pelo fato da metamorfose e a emergência do indivíduo adulto serem processos energeticamente custosos, torna-se indispensável analisar esses dois pontos do desenvolvimento tanto em uma dieta rica quanto em uma dieta restrita em nutrientes. Desta forma, ensaios de desenvolvimento com drosófilas podem indicar possíveis defasagens na produção de ATP mitocondrial, mostrando se a associação entre a expressão de AOX e a baixa quantidade de nutrientes fornecidos na dieta pode afetar o desenvolvimento desses organismos que dependem tanto do metabolismo aeróbico. Isso, associado a uma investigação a nível molecular, pode ajudar nossa compreensão da resposta metabólica das moscas AOX frente a essa condição nutricional e futuramente auxiliar na determinação de parâmetros seguros para a utilização de AOX em tratamentos de doenças mitocondriais.

2 OBJETIVO GERAL

Analisar a influência de uma dieta nutricionalmente restrita no desenvolvimento de moscas *D. melanogaster* que expressam transgenicamente a enzima AOX, comparado a uma dieta com alto teor de nutrientes comumente utilizada em laboratórios.

2.1 Objetivos específicos

- a) analisar se a expressão de AOX pode influenciar nas taxas de emergência de moscas adultas quando submetidas a uma dieta restrita em nutrientes;
- b) avaliar de maneira qualitativa e quantitativa as mudanças no proteoma de extratos mitocondriais puros de moscas AOX. A hipótese é de que uma ou mais vias metabólicas mitocondriais estão alteradas de uma maneira que leve ao fenótipo associado às moscas AOX submetidas a uma dieta restrita.

3 REVISÃO DE LITERATURA

3.1 Mitocôndrias

As mitocôndrias são organelas citoplasmáticas multifuncionais ubíquas, com estrutura de dupla membrana, presentes no citoplasma de quase todas as células eucariotas (CHEN; ZHOU; MIN, 2018). A sua função mais conhecida é a de produção de ATP decorrente do processo de fosforilação oxidativa, entretanto, as mitocôndrias também atuam na homeostase de cálcio, síntese de esteroides, apoptose, termogênese e regulação do ciclo celular (EL-HATTAB *et al.*, 2018). Dessa forma, o bom funcionamento das mitocôndrias é extremamente importante para a viabilidade do organismo, uma vez que problemas nessa organela podem também acarretar em doenças neurodegenerativas, câncer, diabetes, entre outros (EL-KHOURY *et al.*, 2014).

De acordo com a teoria da endossimbiose, as mitocôndrias são resultantes da relação de simbiose entre um procarioto ancestral de vida livre e uma célula nucleada hospedeira, no início da evolução dos eucariotos (MCINERNEY; O'CONNELL; PISANI, 2014; MISHRA; CHAN, 2014). Por causa disto, as mitocôndrias possuem algumas características de seu suposto ancestral, como por exemplo seu próprio DNA. O DNA mitocondrial (DNAm), que pode se apresentar em uma ou mais moléculas por organela, codifica 13 proteínas, sendo sete delas subunidades do Complexo I, uma do Complexo III, três do Complexo IV e duas do Complexo V, além de RNAs ribossômicos e de transferência, necessários para a tradução de proteínas dentro da organela (MISHRA; CHAN, 2014). Contudo, as mitocôndrias estão sobre controle de dois genomas, uma vez que os aparatos de replicação e transcrição usados por elas, as proteínas constituintes do ribossomo mitocondrial, as outras ~90 subunidades da CR e suas enzimas envolvidas com processos catabólicos e anabólicos são codificados pelo DNA nuclear (DNAn) (GREAVES; TAYLOR, 2006).

As duas membranas mitocondriais possuem diferentes funções, composição e permeabilidade. A membrana externa é composta por 50% de lipídeos e 50% de proteínas. Possui uma grande quantidade de porinas o que a torna permeável a pequenas moléculas e a íons (EL-HATTAB *et al.*, 2018). Já a membrana interna é composta de 80% de proteínas e apenas 20% de lipídeos, apresentando permeabilidade seletiva. As cristas mitocondriais são encontradas na membrana interna e são formadas pela invaginação da membrana permitindo um aumento na

superfície de contato. É na membrana interna que são encontrados os complexos da CR, local onde ocorre o processo de fosforilação oxidativa, responsável pela produção de ATP mitocondrial.

3.2 Vias Metabólicas

Para desempenhar suas funções e manterem-se vivos, os organismos precisam de energia, que em sua maioria é proveniente a partir da ingestão de proteínas, carboidratos e lipídeos. No organismo, esses compostos orgânicos passam por processos de degradação assumindo a forma de aminoácidos, monossacarídeos e ácidos graxos, respectivamente (MARZZOCO; TORRES, 1999), entrando assim em diversas vias metabólicas cuja função é promover a oxidação dessas moléculas, com a finalidade de produzir ATP. Essas vias de oxidação (glicólise, β -oxidação e as diversas vias de oxidação de aminoácidos), que se iniciam no citoplasma, convergem na mitocôndria a partir da geração do acetil-Coenzima A (acetil-CoA) que, juntamente com o intermediário oxaloacetato, são responsáveis pelo início do ciclo de Krebs ou ciclo do ácido cítrico. As reações desse ciclo são responsáveis por oxidar o acetil-CoA, liberando CO_2 e armazenando a energia liberada nos carreadores de elétrons reduzidos NADH e FADH_2 . Essas moléculas reduzidas serão posteriormente reoxidadas, doando os elétrons para os complexos da CR onde o ATP mitocondrial é sintetizado (NELSON; COX, 2014).

Embora as vias de degradação de aminoácidos sejam menos ativas que a oxidação parcial da glicose (glicólise) e a oxidação dos ácidos graxos (β -oxidação) (NELSON; COX, 2014), os aminoácidos podem se derivar em glicose (aminoácidos glicogênicos) ou em ácidos graxos (aminoácidos cetogênicos), permitindo uma flexibilização metabólica dependente do bom funcionamento mitocondrial, quando proteína é o principal nutriente da alimentação (MARZZOCO; TORRES, 1999). O bom funcionamento da mitocôndria também é requisito para que a β -oxidação, via em que os ácidos graxos sofrem remoção oxidativa de dois carbonos na forma de acetil-CoA, possam produzir NADH, FADH_2 e ATP (NELSON; COX, 2014). A glicólise, por outro lado, é exclusivamente citoplasmática e seu produto final, o piruvato, não necessariamente precisa ser convertido em acetil-CoA para produção de ATP mitocondrial. Na ausência de oxigênio (O_2) ou em uma condição de mau funcionamento mitocondrial, a glicólise gera 2 ATPs por molécula de glicose e o piruvato é convertido a lactato com regeneração do NAD^+ . Somente na presença de

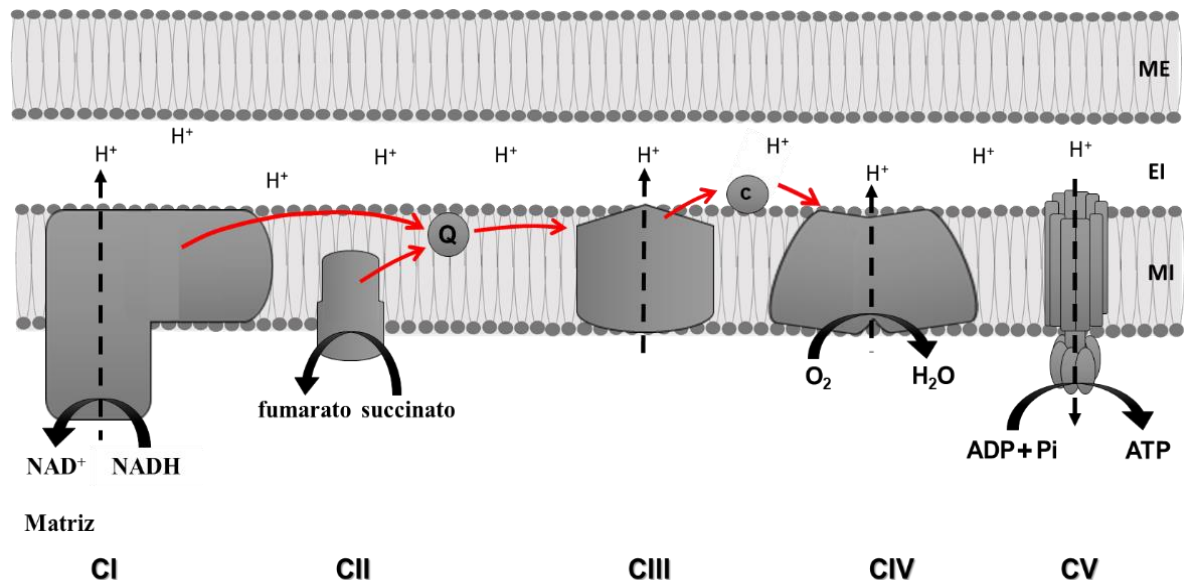
O₂ e de mitocôndrias funcionais é que o piruvato será convertido a acetil-CoA, que então será totalmente oxidado no ciclo de Krebs, podendo ao final da CR produzir um total de 30 a 32 ATPs (NELSON; COX, 2014).

3.3 Cadeia respiratória

A fosforilação oxidativa é um dos processos energeticamente mais importantes para um organismo aeróbico, pois é a partir dele que a maior parte do ATP celular é obtido. Esse processo em eucariotos é decorrente da ação do transporte de elétrons que ocorre na CR mitocondrial. A CR é composta por cinco complexos proteicos integrais da membrana interna, quatro realizando o transporte de elétrons em sequentes reações de oxirredução, e o quinto realizando o processo de fosforilação do ADP em ATP (CAMARGO *et al.*, 2018). Os elétrons provenientes da oxidação de carboidratos, lipídeos e proteínas entram nesse sistema e culminam na redução do *pool* de quinonas, seja por meio dos Complexos I e II ou de outras várias vias de doação de elétrons como, por exemplo, a da glicerol-3-fosfato desidrogenase mitocondrial (SAZANOV, 2015). Após as quinonas serem reduzidas, os elétrons seguem um padrão de fluxo que passa pelo Complexo III, até que cheguem ao Complexo IV, o qual catalisa a redução de O₂ a H₂O (Figura 1). À medida que esse fluxo de elétrons acontece, prótons são bombeados da matriz mitocondrial para o espaço intermembranas através dos Complexos I, III e IV, formando assim um diferencial eletroquímico entre os dois lados da membrana interna (MCDONALD; VANLERBERGHE; STAPLES, 2009). Este diferencial é utilizado pelo Complexo V (ATP-sintase) o qual, à medida que os prótons retornam do espaço intermembranas para a matriz mitocondrial, adiciona fosfato inorgânico a uma molécula de ADP, formando então o ATP.

Além disso, esse processo também promove a formação de EROs que são extremamente importantes e possuem um papel hermético nas células. Em condições normais de funcionamento do sistema as EROs produzidas atuam como moléculas sinalizadoras na regulação das vias homeostáticas relacionadas à bioenergética mitocondrial (DOGAN *et al.*, 2018). Entretanto, quando algum dos complexos possuem disfunções ou estão comprometidos, as EROs são produzidas em excesso, podendo levar a sérios danos oxidativos aos lipídeos, proteínas, carboidratos e ácidos nucleicos (DRÖGE, 2002; FERNANDEZ-AYALA *et al.*, 2009).

Figura 1 – Representação esquemática da CR mitocondrial. As flechas em vermelho representam o fluxo de elétrons usado para reduzir o O_2 , e as flechas pontilhadas o caminho percorrido pelos prótons. CI-V, complexos I-V; Q, coenzima Q; c, citocromo c; EI, espaço intermembranar; ME, membrana externa; MI, membrana interna.



Fonte: Adaptado de Camargo *et al.* (2018).

3.4 Doenças mitocondriais

Considerando o papel das mitocôndrias no metabolismo aeróbico e no fornecimento energético para os organismos eucarióticos, não é surpresa o fato de que possíveis deficiências mitocondriais possam acarretar em graves danos para células, órgãos e indivíduos (MCFARLAND; TAYLOR; TURNBULL, 2007). Isso é exemplificado pela existência de diversas síndromes humanas já bem caracterizadas, como a Síndrome de Leigh, MELAS (*Mitochondrial Encephalomyopathy, Lactic Acidosis, and Stroke-like episodes*), LHON (*Leber's Hereditary Optic Neuropathy*), MERRF (*Myoclonic Epilepsy with Ragged Red Fibers*), miopatias, fraqueza muscular, surdez, diabetes, entre outras.

Uma vez que os complexos da CR são formados por produtos de genes do DNAm e DNAn, muitas doenças mitocondriais são causadas/estão associadas a mutações nestes dois genomas. Mutações relacionadas à CR podem levar a uma baixa produção de ATP, além da produção excessiva de EROs (GREAVES; TAYLOR, 2006), comprometendo principalmente tecidos altamente dependentes do metabolismo aeróbico, como o muscular e o nervoso. Interessantemente, as

miopatias, assim como a fraqueza muscular, são muito comuns em casos de doenças mitocondriais em que há baixa produção de ATP, enquanto que em doenças associadas ao sistema nervoso, nota-se uma exacerbada produção de EROs (GREAVES; TAYLOR, 2006). Esse estresse oxidativo é percebido também em pacientes portadores de doenças neurodegenerativas mais complexas, como o mal de Parkinson e o de Alzheimer, com as quais o mau funcionamento mitocondrial está intimamente relacionado (MCFARLAND; TAYLOR; TURNBULL, 2007).

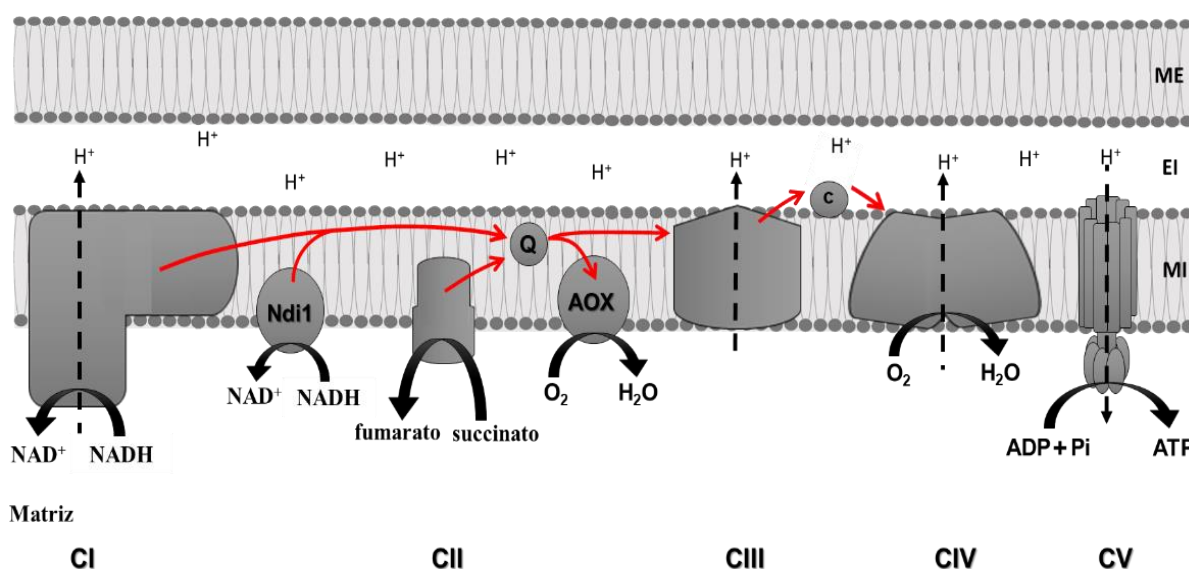
Além das síndromes mitocondriais clássicas, o papel das mitocôndrias no processo de envelhecimento e no câncer tem sido amplamente investigado (MCFARLAND; TAYLOR; TURNBULL, 2007). O envelhecimento trata-se de um evento fisiológico multifatorial, o qual pode acarretar comprometimentos em diversos órgãos do organismo. A teoria mitocondrial do envelhecimento defende que estes comprometimentos são causados por altos níveis de EROs gerados em um círculo vicioso que leva a constantes danos no DNAm. Em um certo ponto, o dano oxidativo é tão elevado que a mitocôndria para de funcionar, seguido de falência de tecidos e órgãos (GREAVES; TAYLOR, 2006). Em relação ao câncer, há um enorme conjunto de publicações mostrando que os tecidos cancerosos acumulam mutações no DNAm, o que pode estar relacionado ao fato destas células passarem de um metabolismo mais aeróbico para um mais anaeróbico durante a perda da regulação do ciclo celular, conforme revisado por Mcfarland, Taylor e Turnbull (2007). Entretanto, são poucas as evidências que sugerem que mutações no DNAm sejam a causa da formação de tumores, uma vez que o DNAm poderia não apresentar mutações antes da tumorigênese (GREAVES; TAYLOR, 2006).

3.5 Enzimas alternativas

Enzimas alternativas da CR mitocondrial, como a AOX e a ANDH, são comumente encontradas na maioria dos grupos de eucariotos, incluindo animais (MCDONALD; GOSPODARYOV, 2018). A AOX atua fornecendo uma via alternativa para a redução de O_2 à H_2O resistente a antimicina A e cianeto (inibidores dos Complexo III e IV, respectivamente), transferindo elétrons do ubiquinol diretamente para O_2 . Já a ANDH recebe elétrons diretamente do NADH, transferindo-o para a ubiquinona, contornando então o Complexo I (Figura 2). Entretanto, as vias alternativas só funcionam caso haja comprometimentos da via clássica que podem ser causados por diversos fatores, como elevado potencial de membrana, inibição por

toxinas ou problemas genéticos associados aos complexos I, III e IV (KEMPPAINEN *et al.*, 2014). A AOX, por exemplo, tem menor afinidade pelo ubiquinol e supostamente só funciona em situações onde os Complexos III e/ou IV estejam comprometidos. Apesar de amplamente distribuídas, essas enzimas não estão presentes em insetos e vertebrados, indicando que estes organismos perderam os genes codificantes para tais enzimas ao longo da evolução (MCDONALD; VANLERBERGHE; STAPLES, 2009).

Figura 2 – Representação esquemática da CR mitocondrial na presença de vias alternativas. As flechas em vermelho representam o fluxo de elétrons usado para reduzir o O_2 , e as flechas pontilhadas o caminho percorrido pelos prótons. CI-V, complexos I-V; Q, coenzima Q; c, citocromo c; EI, espaço intermembranar; ME, membrana externa; MI, membrana interna.



Fonte: Adaptado de Camargo *et al.* (2018).

Tendo em vista esta propriedade de contornar os Complexos I, III e IV apenas quando estes estão super-reduzidos, foi cogitado o uso de enzimas alternativas para possíveis tratamentos de doenças mitocondriais que envolvam defeitos na CR (RUSTIN; JACOBS, 2009). Quando o gene da AOX proveniente da ascídia *C. intestinalis* foi expresso transgenicamente em células humanas em cultura de pacientes com mutações no Complexo IV, em camundongo e em *Drosophila melanogaster*, nenhum efeito deletério mensurável foi identificado (FERNANDEZ-AYALA *et al.*, 2009; SZIBOR *et al.*, 2017). Além disso, a expressão da enzima

propiciou resistência a cianeto e diminuição da produção de EROs (DASSA *et al.*, 2009; EL-KHOURY *et al.*, 2013; FERNANDEZ-AYALA *et al.*, 2009; HAKKAART *et al.*, 2006). Em camundongo, AOX foi capaz de atenuar a perda de função pulmonar causada por exposição a fumaça de cigarro, e além disso, preservou a viabilidade de fibroblastos embrionários, limitou a apoptose e diminui a produção de EROs (GIORDANO *et al.*, 2018). AOX também reverteu fenótipos de indivíduos com deficiência no Complexo III, tais como a morte prematura e a atrofia tubular renal (RAJENDRAN *et al.* 2018).

Em *D. melanogaster*, foi possível observar que a expressão de AOX resgatou fenótipos deletérios comuns a linhagens com disfunções neurológicas e mitocondriais (FERNANDEZ-AYALA *et al.*, 2009; HUMPHREY *et al.*, 2012; KEMPPAINEN *et al.*, 2014; VARTIAINEN *et al.*, 2014). Além disso, AOX acelerou a recuperação da paralisia induzida pelo frio em adultos de *D. melanogaster*, sugerindo um potencial termogênico dessa enzima que, se regulado, poderia atuar em tratamentos para obesidade (SAARI *et al.*, 2018). Apesar desses achados, um estudo recente mostrou que surpreendentemente, a diminuição de EROs causada pela expressão da AOX levou ao agravamento da cardiomiopatia causada por deficiência do Complexo IV em camundongos (DOGAN *et al.*, 2018). Além disso, em *D. melanogaster* AOX foi incapaz de resgatar fenótipos deletérios ocasionados por problemas na replicação do DNAm decorrentes de defeitos na maquinaria de replicação (RODRIGUES *et al.*, 2018), sugerindo que há limitações para o putativo uso de AOX em terapias.

3.6 Uso de *Drosophila melanogaster* como organismo modelo

Um dos fatores que fazem de *D. melanogaster* um bom organismo modelo para estudos de biologia mitocondrial é o fato desta possuir ortólogos da grande maioria dos genes de mamíferos que codificam proteínas mitocondriais. Além disso, seu ciclo de vida curto, estágios do desenvolvimento bem delineados e dependência do metabolismo aeróbico coloca esta espécie no centro de estudos metabólicos. Com o sequenciamento completo de seu genoma, permitiu-se a construção de uma base de dados sólida que auxilia em estudos de manipulação genética nesse organismo. Isso foi associado a um grande aprimoramento das técnicas de transgenia que permitiram avanços consideráveis nos conhecimentos gerados nas áreas de biologia molecular e celular, bioquímica, genética, fisiologia, evolução, entre outras (FERNÁNDEZ-MORENO *et al.*, 2007).

4 MATERIAL E MÉTODOS

4.1 Linhagens Utilizadas

Para a realização dos experimentos, moscas transgênicas que possuem o promotor *UAS* fundido ao gene que codifica AOX em diferentes níveis foram cruzadas com moscas da linhagem *daGAL4*. Esta última linhagem expressa o fator de transcrição GAL4 de *Saccharomyces cerevisiae* que promove a transcrição específica dos genes controlados pelo promotor *UAS*, constituindo assim o chamado sistema induzível *UAS/GAL4*. A linhagem *daGAL4* promove a expressão ubíqua da AOX ao passo que possui o gene do fator de transcrição GAL4 associado ao promotor do gene ubíquo *daughterless*. A expressão de AOX em diferentes níveis foi realizada cruzando moscas das linhagens *UAS-AOXwt^{8.1}* (ANDJELKOVIĆ *et al.*, 2015) ou *UAS-AOXwt^{F6}* (FERNANDEZ-AYALA *et al.*, 2009) com *daGAL4*. *UAS-AOXwt^{F6}/daGAL4* expressa AOX de 5 a 10 vezes mais do que *UAS-AOXwt^{8.1}/daGAL4*. Como controle, moscas *daGAL4* também foram cruzadas com as linhagens: 1) *UAS-empty^{2nd}*, que não possui nenhum gene fundido ao promotor *UAS*; 2) *UAS-AOXmut^{2nd}*, que codifica uma versão da enzima AOX não funcional (E239A/H242A/E343A/H346A) (ANDJELKOVIĆ *et al.*, 2015); e 3) *UAS-GFP*, que expressa a proteína verde fluorescente GFP, que é inerte e portanto não altera o funcionamento mitocondrial.

4.2 Dietas

A dieta padrão utilizada para manutenção dos estoques e para os experimentos foi composta por 1,0% de ágar bacteriológico, 1,5% de sacarose (p/v), 3% de glicose, 3,5% de extrato de levedura, 1,5% de farinha de milho, 1% de farinha de soja, 1,0% de germe de trigo, 3% de melaço, 0,1% de nipagin e 0,5% de ácido propiônico (FERNANDEZ-AYALA *et al.*, 2009). Já a dieta restrita utilizada foi composta apenas por 3,5% de extrato de levedura, 0,1% de nipagin, 0,5% de ácido propiônico e 1,0% de ágar bacteriológico.

4.3 Ensaios de desenvolvimento

Uma vez que fêmeas de *D. melanogaster* armazenam esperma dos machos em sua espermateca, foi necessária a coleta de fêmeas virgens para os cruzamentos com a finalidade de garantir que o genótipo das linhagens fosse homogêneo. Para

isso, as pupas foram mantidas a 18°C ou 25°C, já que tais temperaturas atuam no metabolismo das moscas de maneira a retardar ou acelerar o período que estas levam para se desenvolverem e obterem maturação sexual e, conseqüentemente começarem a copular. Quando submetidas a 18°C é possível obter um tempo maior de intervalo entre uma coleta e outra (12-15 horas), seguro de que foram coletadas apenas fêmeas virgens. Já quando submetidas a 25°C, o período de intervalo entre uma coleta e outra cai para 3-5 horas, sendo esse intervalo estabelecido para que se tivesse total certeza que as moscas coletadas eram realmente virgens (ROOTE; PROKOP, 2013).

Após a coleta do número de adultos necessários (período de coleta de aproximadamente 5 dias), os cruzamentos foram montados (geralmente com 15 fêmeas e 7 machos por tubo), os tubos foram incubados a 25°C com fotoperíodo de 12h/12h e monitorados até que as fêmeas ovipositassem uma quantidade aproximada de 40 ovos por tubo. Essa quantidade de ovos foi estipulada para que não houvesse excesso de competição entre as larvas provenientes dos cruzamentos, além da facilitação da contagem de pupas e adultos permitindo estimar com maior precisão a taxa de emergência em cada tubo. A contagem de adultos emergidos foi feita no decorrer de cinco dias a partir da primeira emergência, tempo suficiente para que se tivesse certeza que todos os adultos viáveis já tinham emergido. Os métodos de coleta de virgens, cruzamentos, controle da quantidade de ovos e contagem do número de pupas e de adultos foi consistente para todos os experimentos realizados.

4.4 Obtenção de Extrato Mitocondrial Puro

Os indivíduos de 2-3 dias na fase de pupa foram coletados dos tubos de cultivo, lavados brevemente com água destilada e transferidos para um homogeneizador mecânico mantido no gelo. A homogeneização dos tecidos foi realizada com 5ml de tampão de isolamento composto por 250mM de sacarose, 5mM de Tris-HCl, 2mM EGTA e 2mM DTT (pH ajustado a 7.4), seguido de centrifugação a 200gmax por 1 minuto a 4°C. O sobrenadante foi transferido para um tubo novo no gelo e reservado. Foram então adicionados mais 4ml de tampão de isolamento para ressuspensão do pellet contendo exoesqueletos, células intactas e restos teciduais, seguido novamente por homogeneização e centrifugação. O sobrenadante obtido foi transferido para o mesmo tubo contendo o sobrenadante resultante da primeira centrifugação e o pellet foi descartado. Aproximadamente 10µl do sobrenadante foi guardado para posterior

quantificação de proteínas (Extrato Proteico Total). Este Extrato Proteico Total foi centrifugado a 200gmax por 3 minutos, o sobrenadante (Extrato Pós-Núcleos) foi transferido para um tubo no gelo e uma alíquota de 10µl também foi guardada. O pellet contendo células intactas, núcleos e restos membranares foi descartado. O Extrato Pós-Núcleos foi centrifugado a 9000gmax por 10 minutos a 4°C, seguido de descarte do sobrenadante (fração solúvel do citoplasma). O pellet obtido foi ressuspensionado em 3ml de tampão de isolamento e centrifugado a 9000gmax por 10 minutos a 4°C novamente. O sobrenadante foi descartado e o pellet contendo o Extrato Mitocondrial Cru (EMC) foi ressuspensionado em 1ml de tampão de isolamento, sendo retirada uma alíquota de 10µl também nessa etapa. O EMC foi então colocado gentilmente em cima da solução menos concentrada do gradiente de sacarose, sem se misturar. Esse gradiente é formado de maneira que a solução mais concentrada de sacarose (1.5M em 20mM de HEPES-KOH, pH 7.5), seja primeiramente colocada no fundo de tubos Polyallomer, seguido da solução menos concentrada de 1M de sacarose (em 20mM de HEPES-KOH, pH 7.5), sem que estas duas se misturem. Os tubos foram centrifugados em uma ultracentrífuga BECKMAN® Optima LE-80K, usando rotor SW41Ti, a 180.000gmax por uma hora e meia. Após a centrifugação, o Extrato Mitocondrial Puro (EMP) foi recuperado na interface das duas soluções de sacarose, lavado com tampão de isolamento e acondicionado em freezer -30°C. Três diferentes extrações foram feitas para cada linhagem nas duas diferentes condições dietéticas. Os extratos obtidos de cada passo foram usados na quantificação proteica utilizando absorbância a 280nm no espectrofotômetro NanoDrop® - Thermo Scientific. Foram feitas três repetições técnicas nas medições de cada amostra utilizando 2µl de material a cada repetição realizada. As amostras também foram quantificadas pelo método de Bradford através do kit “Bio-Rad Protein Assay”, de acordo com as instruções do fabricante e utilizando a proteína BSA (*Bovine serum albumin*) como padrão.

4.5 Processamento das proteínas do Extrato Mitocondrial Puro

Aproximadamente 100µg de proteínas do EMP foram precipitadas com acetona gelada (10 vezes o volume da amostra) e incubadas a -20°C por uma hora, seguido de centrifugação a 14.000gmax por 5min e descarte do sobrenadante. O pellet foi ressuspensionado em 100µl de 50mM de bicarbonato de amônio (AmBic) e incubado a 99°C por 15min, seguido da adição de 3µl de solução de redução (200mM de DTT em

solução de AmBic) e incubação por 10min a 37°C. Após, adicionou-se 20µl de solução de alquilação (200mM de iodoacetamida em solução de AmBic) e a amostra foi incubada novamente em temperatura ambiente, no escuro por 10min. Posteriormente, 125µl de uma solução de tripsina ressuspensa em AmBic (40ng/µl) foram adicionados a cada amostra na proporção de 1:20 (m:m), que foram então incubadas a 37°C por 4 horas. Os peptídeos passaram por um processo de limpeza em coluna de resina C18 (*spin-columns*), de acordo com o protocolo fornecido pelo fabricante (Pierce® C18 Spin Columns – Thermo Scientific). As amostras foram então liofilizadas usando o aparelho Concentrator plus/ Vacufuge® plus – Eppendorf.

4.6 Obtenção dos espectros

Os peptídeos trípticos foram solubilizados em 30µl de 0,1% de ácido fórmico e separados em cromatografia líquida de alta performance em um gradiente de 60min em uma nano-coluna de 15 cm (75µm ID) empacotada com matriz do tipo C18 (5µm, 100A). A separação cromatográfica foi realizada em equipamento Easy-nanoLC1000 (Thermo Scientific®) em gradiente crescente de acetonitrila em água sob fluxo de 400nL/min. A aquisição dos espectros de massas foi realizada no instrumento Q-Exactive (Thermo Scientific®) no modo dependente de dados (DDA) em um top20, onde cada ciclo de aquisição foi composto por um espectro de varredura (200-2000m/z) e vinte espectros do tipo MS/MS. A aquisição dos espectros MS/MS foi realizada em resolução 17,500FWHM (*full width at half maximum*) após fragmentação do íon precursor a 25eV. A fragmentação dos peptídeos foi obtida pelo tipo HCD (*high collision energy*) e utilizou-se tempo de exclusão dinâmica de 5s.

4.7 Identificação de proteínas

As identificações de proteínas foram realizadas pelo método de correlação espectral, utilizando a ferramenta SEQUEST HT (Thermo Scientific®) através da plataforma Thermo Proteome Discoverer 1.4.0.288. Para tanto, os espectros MS/MS foram confrontados contra espectros teóricos gerados pelo processamento do banco de dados do organismo *D. melanogaster* depositado no website UniProt (UP000000803) contendo 21977 acessos. Para a identificação da AOX, a sequência FASTA de aminoácidos da mesma, proveniente de *C. intestinalis*, foi adicionada a este banco de dados. Os PSMs (*peptide-spectrum match*) foram filtrados segundo o

coeficiente de correlação cruzada (XCorr) igual a 1,5; 2,0; 2,25 para os íons de carga +1, +2 e +3, a uma taxa de falsos positivos máxima igual a 1%. As proteínas que compartilharam peptídeos comuns foram agrupadas de acordo com o princípio da máxima parcimônia.

4.8 Quantificação relativa das proteínas diferencialmente expressas

A quantificação relativa das proteínas foi realizada pela abordagem do NSAF (*normalized spectrum abundance factor*) (PAOLETTI *et al.*, 2006) e o menor valor obtido foi considerado como *missing value*. Os valores de NSAF foram submetidos a análise estatística no programa Inferno RDN 1.1.5 e as proteínas só foram consideradas diferencialmente expressas se o valor de p fosse significativo, ou seja, menor que 0,05 após o teste não-paramétrico de Kruskal-Wallis.

4.9 Identificações do proteoma mitocondrial

As proteínas totais obtidas para cada amostra foram classificadas de acordo com a sua localização celular utilizando o software Blast2GO e o número de identificações em comum e exclusivas de cada linhagem foram obtidas utilizando o programa estatístico Inferno RDN 1.1.5, através de um diagrama de Venn. As proteínas da CR e do ciclo de Krebs foram mapeadas utilizando o banco de dados Kegg Metabolic Pathway. O mapeamento foi realizado por homologia, utilizando um filtro para o organismo modelo *D. melanogaster*.

4.10 Extração de DNA total

A extração do DNA total foi realizada com larvas L3 (errantes) e pupas (primeiro dia, P1) das linhagens *UAS-AOX^{F6}/daGAL4* (que expressam AOX) e *UAS-AOX^{F6}/w¹¹¹⁸* (controle), seguindo protocolo descrito por JÖERS *et al* (2013). A extração foi feita de 5 indivíduos de cada estágio, individualmente. Cada indivíduo foi macerado no gelo em 500µl de tampão de lise (75mM NaCl, 50mM EDTA, 20mM HEPES, pH 7,8), seguido por adição de 10µl de SDS 10% e centrifugação a 1200gmax por 6 min. Foram então adicionados 10µl de proteinase K (10 mg/mL) ao sobrenadante, seguido por incubação de 2 horas a 65°C. O DNA foi precipitado com 420µL de isopropanol (100%) *overnight* a -20°C. As amostras foram equilibradas a 4°C por 1h, centrifugadas também a 4°C a 16000gmax por 30 min. O sobrenadante

foi descartado e então adicionou-se aos tubos 500µl de etanol 70% gelado. As amostras foram centrifugadas a 16000gmax por 10min a 4°C e o sobrenadante foi descartado. Após secagem em temperatura ambiente por 15 horas, os *pellets* de DNA foram ressuspensos em 50µl de tampão TE (10 mM Tris/HCl, 0,1 mM EDTA, pH 7,5) e incubados por cerca de 7 horas a 55°C para completa ressuspensão do material. As amostras foram quantificadas por absorbância a 260nm no espectrofotômetro NanoDrop® - Thermo Scientific e posteriormente estocadas a -20°C.

4.11 Quantificação relativa do DNAm_t

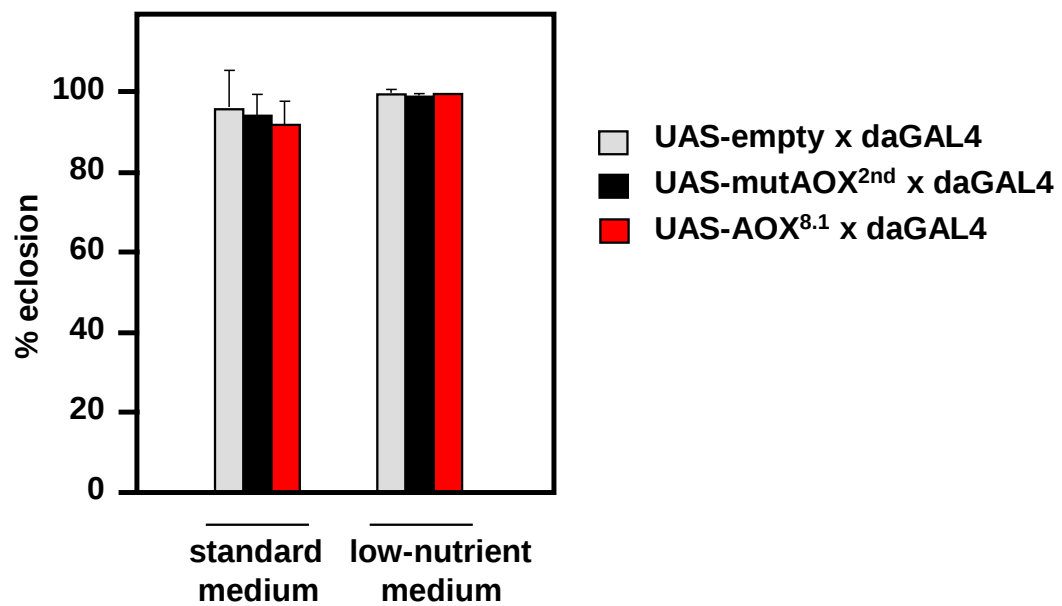
O DNA total extraído foi utilizado como molde para reações de PCR em tempo real para a quantificação relativa de DNAm_t. As sequências dos primers utilizados para amplificação de um fragmento do gene *16S* do DNAm_t foram 5'-AAAAAGATTGCGACCTCGAT-3' e 5'-AAACCAACCTGGCTTACACC-3', as referentes aos primers de uma região do gene *RpL32* do DNAn foram 5'-AGGCCCAAGATCGTGAAGAA-3' e 5'-TGTGCACCAGGAACTTCTTGAA-3'. O protocolo já estabelecido para *Drosophila* (FUKUOH et al, 2014) consistiu na utilização do kit SYBR Green JumpStart™ Taq ReadyMix™ (Sigma-Aldrich), usando o sistema de PCR em tempo real StepOnePlus™ Real-Time PCR System (Life Technologies). As reações foram realizadas em 20µl, contendo 1µl de cada primer (*forward* e *reverse* - 10pmol), 10µl SYBR Green mix, 7µl de água e 1µl de amostra de DNA total na concentração de 15ng/µl. As condições do programa para amplificação foram: 95°C por 2 min, 40 ciclos de 95°C por 3s e 60°C por 30 s, seguido da curva de dissociação (*melting curve*). A quantidade de DNAm_t relativa entre as amostras foi calculada usando o método do $\Delta\Delta C_t$ e só foram consideradas significativamente diferentes se o valor de p fosse menor que 0,05 após o teste t de Student.

5 Resultados

5.1 A taxa de emergência de moscas que expressam AOX em altos níveis é baixa em condição de restrição nutricional

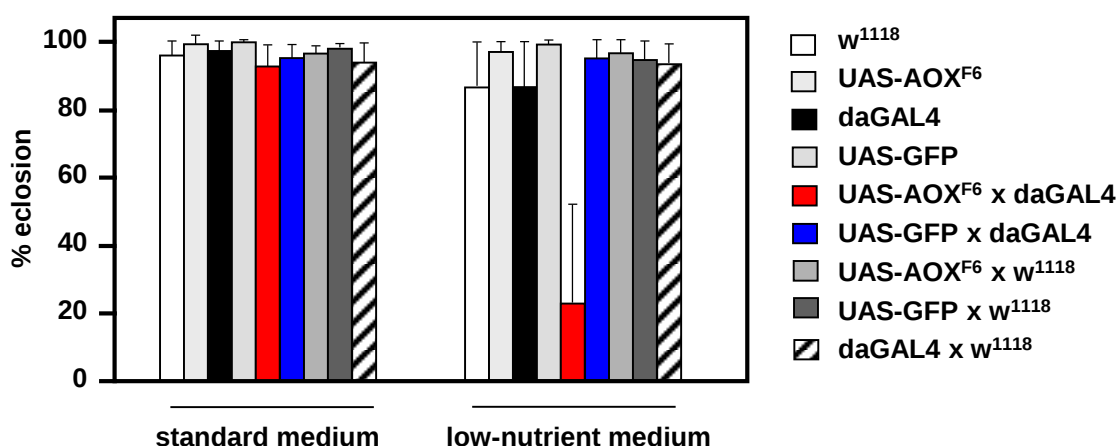
Para compreender os reflexos de uma dieta com baixo teor de nutrientes no metabolismo de moscas que expressam AOX, decidimos usar ensaios de desenvolvimento como parâmetro de análises fenotípicas. Os resultados mostram claramente que as moscas que expressam AOX em baixos níveis (*UAS-AOXwt^{8.1}/daGAL4*) não apresentaram diferença significativa na taxa de emergência em dieta padrão ou em dieta com baixo teor de nutrientes, seguindo o mesmo padrão observado para os controles (*UAS-AOXmut^{2nd}/daGAL4* e *UAS-empty/daGAL4*) (Figura 3). Entretanto, ensaios utilizando moscas que expressam AOX em altos níveis (*UAS-AOXwt^{F6}/daGAL4*) revelam uma queda de aproximadamente 80% na taxa de emergência dos adultos (Figura 4).

Figura 3 - Moscas que expressam AOX em baixos níveis (*UAS-AOXwt^{8.1}/daGAL4*) não apresentam problemas de desenvolvimento em dieta com baixo teor de nutrientes. % eclosion indica a proporção de pupas que emergem em dieta padrão (*standard medium*) e em dieta com baixo teor de nutrientes (*low-nutrient medium*). *UAS-empty* x *daGAL4*: linhagem controle que não possui nenhum gene fundido ao promotor UAS; *UAS-AOXmut^{2nd}* x *daGAL4*: linhagem controle que expressa uma versão da enzima AOX não funcional; *UAS-AOXwt^{8.1}* x *daGAL4*: linhagem que expressa a versão funcional de AOX em baixos níveis.



Fonte: Saari *et al.* (2018).

Figura 4 - Moscas que expressam AOX em altos níveis ($UAS-AOX^{F6}/daGAL4$) apresentam sérios problemas de desenvolvimento em dieta com baixo teor de nutrientes. % eclosion indica a proporção de pupas que emergem em dieta padrão (*standard medium*) e em dieta com baixo teor de nutrientes (*low-nutrient medium*). w^{1118} : linhagem controle tipo selvagem; $UAS-AOX^{F6}$: linhagem controle que carrega (mas não expressa) o gene que codifica AOX fundido ao promotor UAS ; $daGAL4$: linhagem controle que expressa o fator de transcrição GAL4 de *Saccharomyces cerevisiae* que promove a transcrição dos genes controlados pelo promotor UAS ; $UAS-GFP$: linhagem controle que carrega (mas não expressa) o gene que codifica a proteína GFP fundida ao promotor UAS . $UAS-AOX^{F6} \times daGAL4$: linhagem que expressa a versão funcional de AOX em altos níveis; $UAS-AOX-GFP \times daGAL4$: linhagem que expressa a proteína GFP; $UAS-AOX^{F6} \times w^{1118}$: linhagem controle que não expressa AOX; $UAS-GFP \times w^{1118}$: linhagem controle que não expressa a proteína GFP; $daGAL4 \times w^{1118}$: linhagem controle que expressa o fator de transcrição GAL4 cruzada com a linhagem selvagem.



Fonte: Saari *et al.*, (2018).

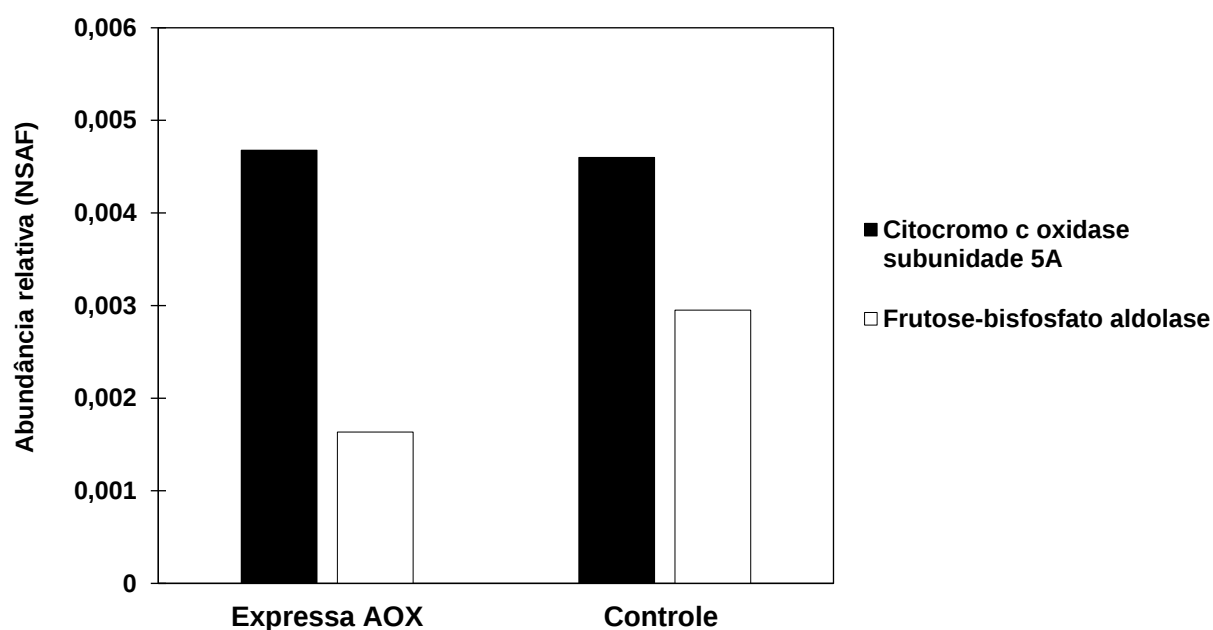
5.2 Proteômica mitocondrial: as amostras são enriquecidas com proteínas mitocondriais

Para uma compreensão a nível molecular do fenótipo de letalidade parcial observado na Figura 4, realizamos a espectrometria de massas do extrato mitocondrial de linhagens expressando AOX em altos níveis e controle. Os dados até então processados são primariamente referentes às linhagens submetidas à dieta padrão, com alto teor de nutrientes. Infelizmente, o equipamento que estávamos utilizando para gerar nossos dados, cujo responsável é o Prof. Dr. Tiago Santana Balbuena do Departamento de Tecnologia da FCAV/UNESP, apresentou problemas sérios de funcionamento e teve que passar por uma extensa manutenção, e por isso não conseguimos terminar as análises das amostras provindas de moscas submetidas

à dieta com baixo teor de nutrientes. Mesmo assim, prosseguimos com as análises de identificação e quantificação das proteínas, e interpretação dos resultados.

Para a confirmação do nível de pureza das amostras de EMP, inicialmente foi analisada a abundância relativa de 2 proteínas consideradas como referência. A subunidade 5A da proteína citocromo c oxidase (Complexo IV) foi utilizada como referência mitocondrial e a frutose-bisfosfato aldolase, como referência citoplasmática, visto que esta é uma enzima exclusiva da glicólise. A abundância relativa das proteínas foi obtida utilizando o NSAF (*normalized spectral abundance factor*) de cada linhagem, a partir da somatória de PSMs obtidos tanto nas repetições técnicas quanto nas repetições biológicas (Figura 5).

Figura 5 – *Normalized spectral abundance factor* (NSAF) mostra um enriquecimento de proteínas mitocondriais nas amostras de Extrato Mitocondrial Puro. Os níveis da proteína exclusivamente mitocondrial citocromo c oxidase subunidade 5A, e da proteína exclusivamente citoplasmática frutose-bisfosfato aldolase foram usadas para estimar a eficiência do método de preparação das amostras. *UAS-AOX^{F6}* x *daGAL4*: linhagem que expressa a versão funcional de AOX em altos níveis; *UAS-AOX^{F6}* x *w¹¹¹⁸*: linhagem controle que não expressa AOX.



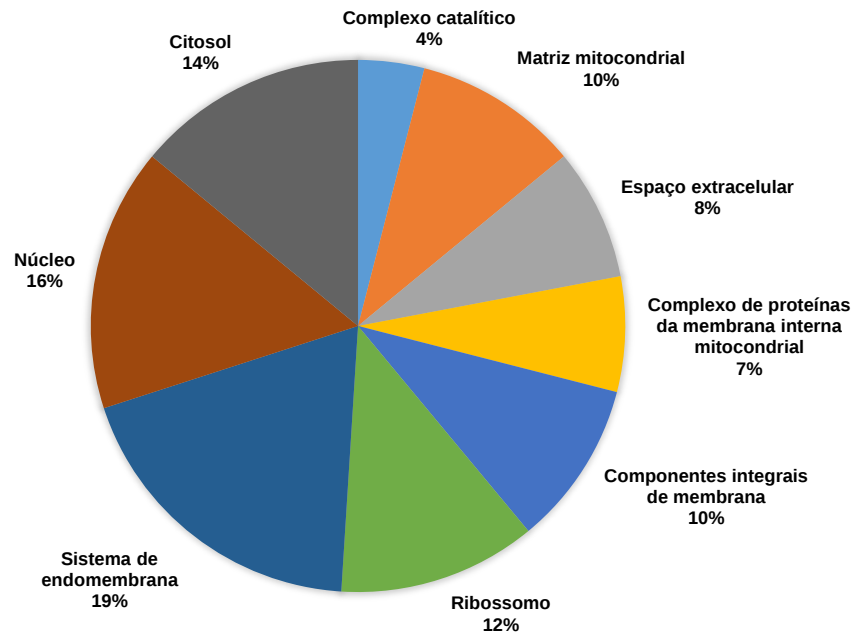
Fonte: Elaborado pelo autor.

Além disso, utilizamos o software Blast2GO para se obter uma classificação geral a respeito da composição das amostras, levando em consideração a

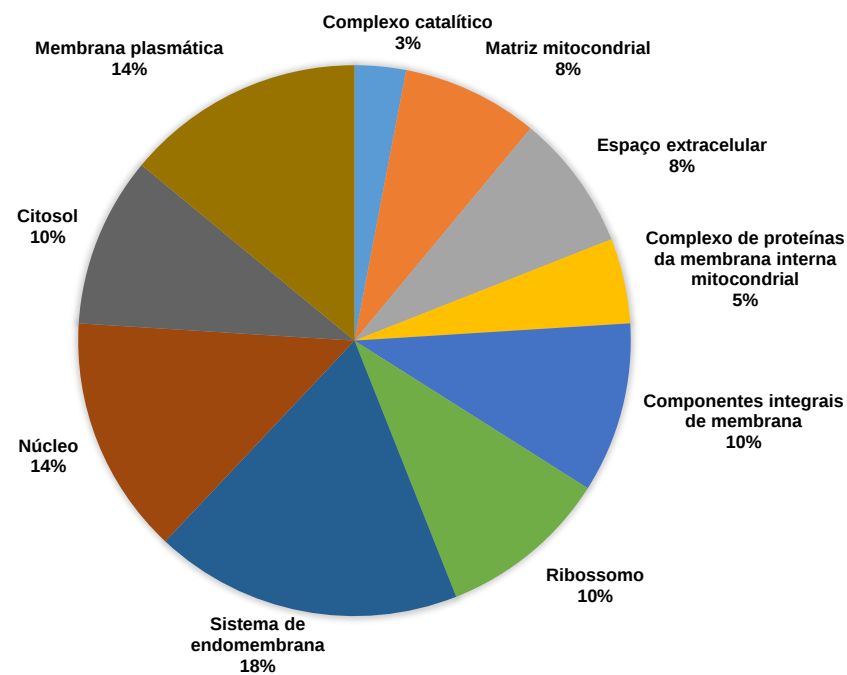
porcentagem de proteínas pertencentes a determinados processos e localização celular (Figura 6A e 6B). Através desta análise panorâmica, foi possível verificar que a linhagem que expressa AOX apresenta maiores porcentagens de suas proteínas identificadas em associação às categorias de complexo catalítico, complexo de proteínas da membrana interna mitocondrial, matriz mitocondrial e ribossomos. Ademais, foi gerado através do Kegg pathway database, mapas metabólicos que mostram a identificação nas nossas amostras da maioria das proteínas da CR (Figura 7A) e do ciclo de Krebs (Figura 7B). Em conjunto, os resultados indicam que as amostras submetidas ao espectrômetro foram enriquecidas com proteínas mitocondriais e que o método de extração manteve a integridade das proteínas contidas na organela, mesmo aquelas integrais de membrana que são tecnicamente mais difíceis de se identificar (MEHMOOD *et al.*, 2014).

Figura 6 – Classificação das proteínas identificadas de acordo com o software Blast2GO para as amostras pertencentes a linhagem que expressa AOX (**A**) e a linhagem controle (**B**). *UAS-AOX^{F6} x daGAL4*: linhagem que expressa a versão funcional de AOX em altos níveis; *UAS-AOX^{F6} x w¹¹¹⁸*: linhagem controle que não expressa AOX.

A



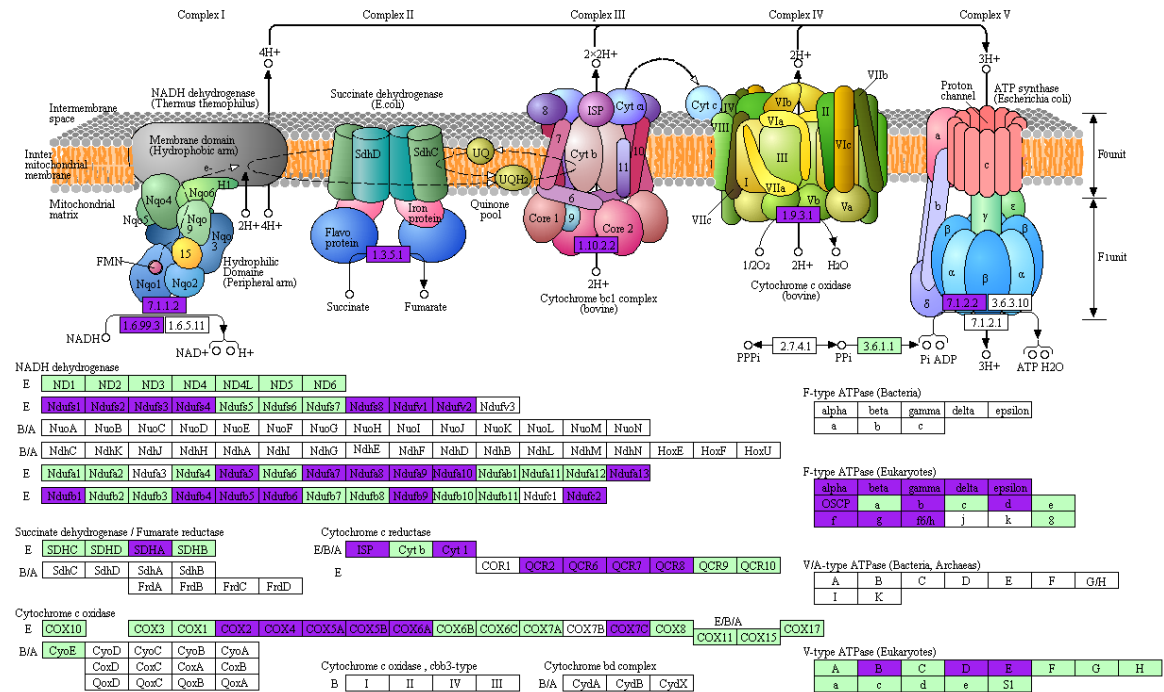
B



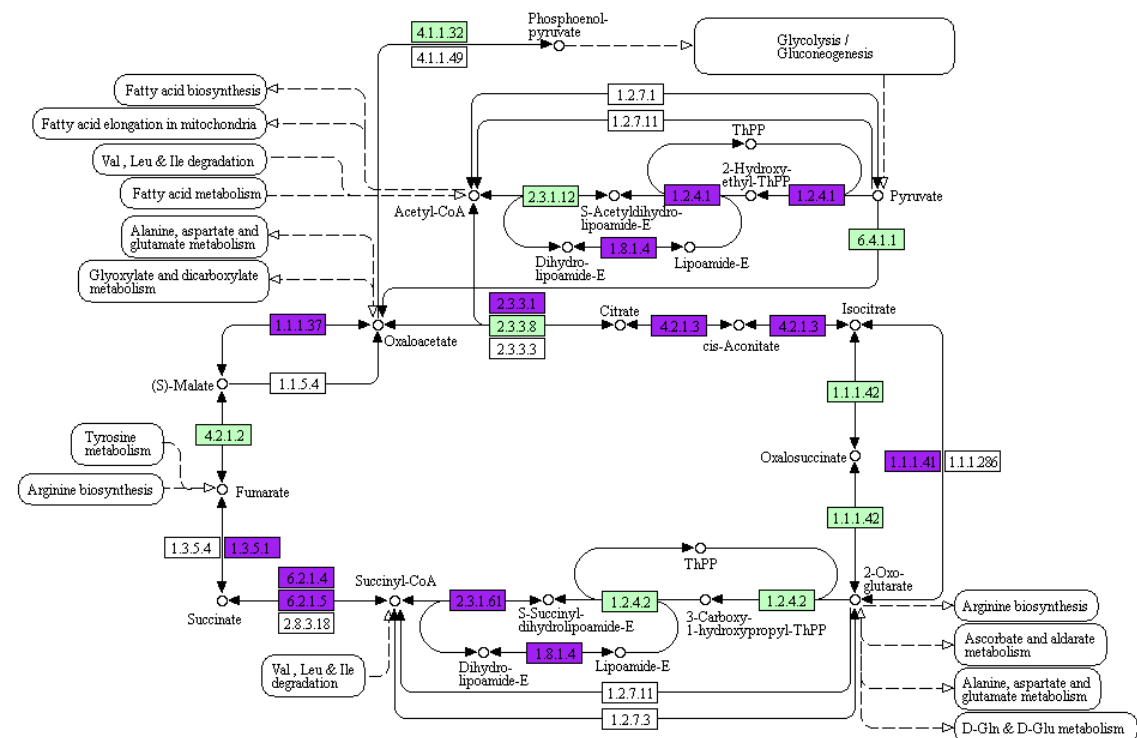
Fonte: Elaborado pelo autor.

Figura 7 – Mapas de Kegg (Kegg maps) da CR mitocondrial (A) e do ciclo de Krebs (B), construídos com base nos dados obtidos neste projeto. Foram utilizados mapas com restringência para *D. melanogaster*, onde as proteínas marcadas em roxo mostram as identificações e as em verde, as que pertencem a *D. melanogaster*, mas que até o momento não foram identificadas.

A



B

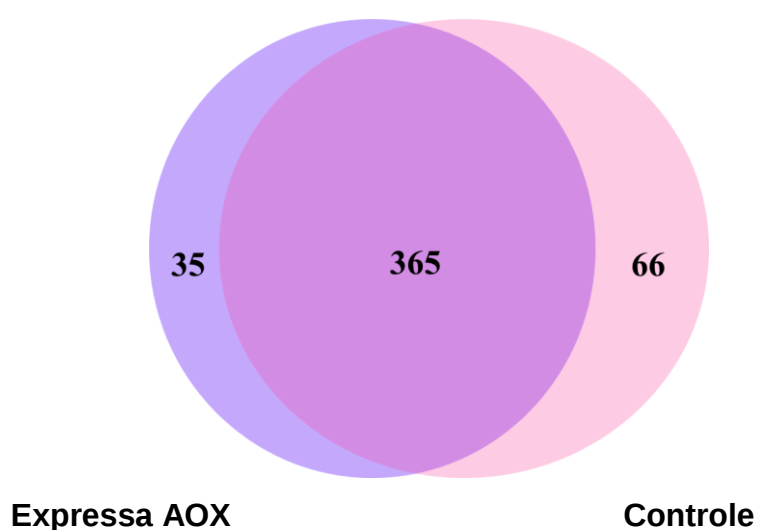


Fonte: Elaborado pelo autor.

5.3 A maioria das proteínas identificadas são comuns para ambas as linhagens

Buscando verificar a similaridade entre as identificações obtidas para ambas as linhagens, utilizamos a lista total de identificações (Apêndice A) para a elaboração de um diagrama de Venn (Figura 8). Foram identificadas 466 proteínas, sendo ~8% delas exclusivas para a linhagem que expressa a AOX e ~14% exclusivas para a linhagem controle. Entretanto, estas proteínas exclusivas, até o momento, não nos foram informativas em relação ao fenótipo causado por AOX.

Figura 8 – Número de identificações do proteoma mitocondrial de duas linhagens de *D. melanogaster* submetidas à dieta padrão. À esquerda, número de identificações exclusivas da linhagem que expressa AOX ($UAS-AOX^{F6} \times daGAL4$); à direita, número de identificações exclusivas da linhagem controle ($UAS-AOX^{F6} \times w^{1118}$). Ao centro, o número representa a quantidade de proteínas identificadas que são comuns a ambas. O diagrama foi elaborado pelo programa InfernoRDN.



Fonte: Elaborado pelo autor.

5.4 Identificação da AOX

Para que proteínas sejam identificadas a partir da espectrometria de massas, é necessário que os dados experimentais sejam confrontados com espectros teóricos já gerados e depositados em bancos de dados (COTTRELL, J. S., 2011). A AOX não é expressa naturalmente em *D. melanogaster* e, consequentemente, não está presente no proteoma desse organismo. Por isso, a sequência referente à enzima AOX proveniente do banco de *C. intestinalis* foi adicionada ao conjunto do banco de

dados utilizado. Isso possibilitou a detecção de vários peptídeos que compõem a sequência da AOX (Figura 9A), totalizando uma cobertura significativa de 41,73%. O espectro de massas adquirido com um alto XCorr de um dos peptídeos identificados também assegura robusta identificação dessa enzima nas amostras da linhagem *UAS-AOX^{F6}/daGAL4* (Figura 9B).

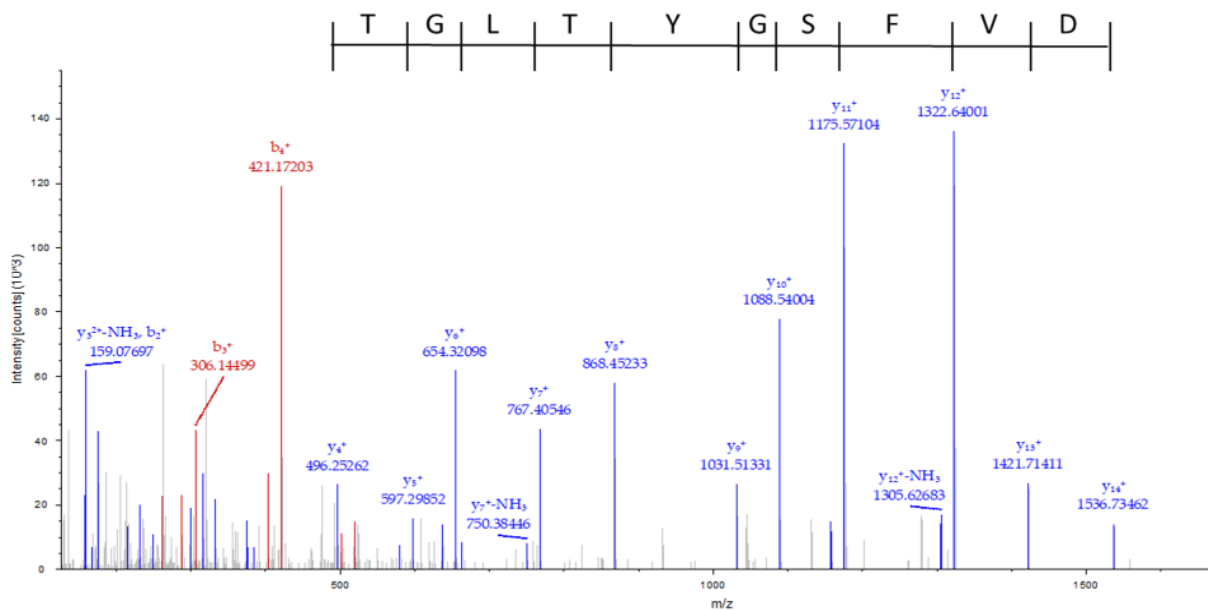
Figura 9 – Identificação de peptídeos da AOX em drosófila via espectrometria de massas para a linhagem *UAS-AOX^{F6}* x *daGAL4*. **A.** Sequência predita de aminoácidos da AOX de *C. intestinalis*. As sequências destacadas em ciano representam os peptídeos de AOX identificados. **B.** Espectro de massas (MS/MS) do peptídeo DVFSGYTLGT de AOX (sublinhado em **A**) identificado com alto Xcorr.

A

MLSTGSKTFLFRPFLGSCHALQSGKLPCSNLHTTPTKITVKRYLVGYSWSTQPHSRLLHSCQQL
 KIDDKNKSEHFKIETNDSTDEPNIEVENFPHFREAKKAKETQKGSSLAEEHPDVEEGRAMQD
 GGYRLPHPIWHKQELESVRISHRPPVGKVDKLAYYSVQLLRTGFDVFSGYTLGTYTGRLDEKQW
 VKRIIFLETIAGVPGMVGAMVRHLVSLRRLKRDHGWIHLLLEEAENERMHLMTAMRIANPGIIM
 RTSIVVAQGIFVSGFSLAYLISPRFCHRFVGYLEEEAVKTYTHCLEELDSGNLKMWCRMKAPEI
 AVEYWKLPDDAMMRDVILAIRADEAHHRSVNHDLGSRKPDEQNPYPYPPGQ

B

TGFDVFSGYTLGTYTGR

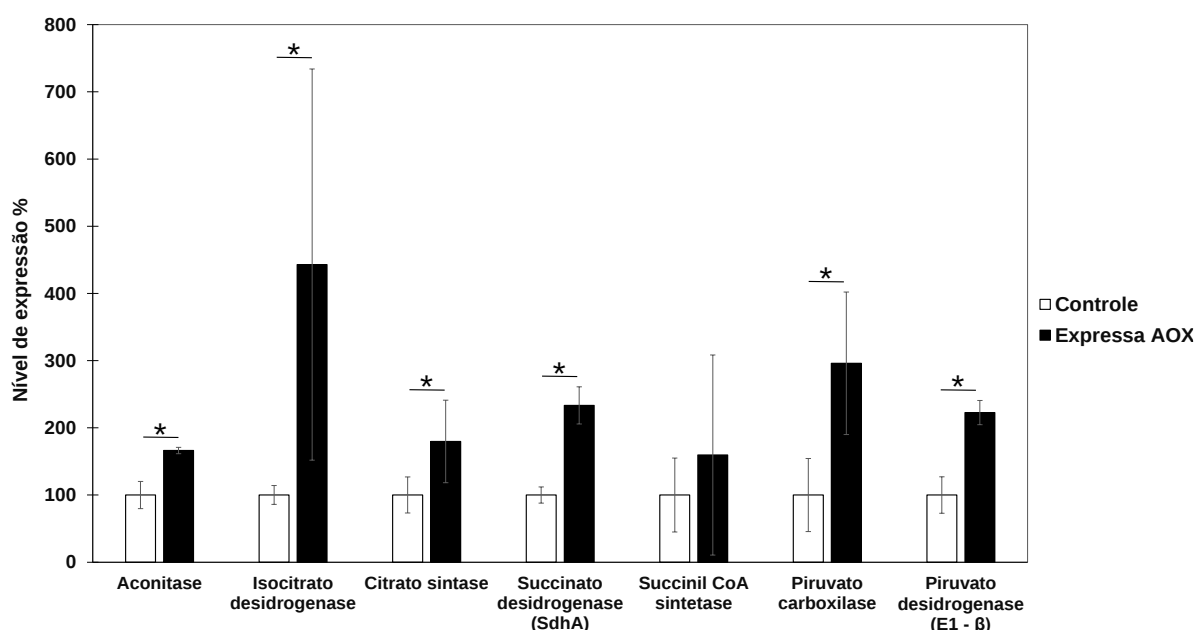


Fonte: Elaborado pelo autor.

5.5 A linhagem expressando AOX apresenta níveis elevados de enzimas do ciclo de Krebs e do catabolismo de lipídeos, mesmo em dieta padrão

Após a análise estatística da abundância relativa das proteínas totais identificadas, 31 proteínas foram consideradas diferencialmente expressas (Apêndice B). As proteínas pertencentes às mesmas vias foram agrupadas, permitindo analisar quais delas estariam alteradas nas diferentes linhagens. Mais da metade das enzimas que fazem parte do ciclo de Krebs apresentaram níveis mais elevados na linhagem que expressa AOX. Além disso, a enzima piruvato carboxilase, responsável por promover a reação anaplerótica de piruvato a oxaloacetato, e a enzima piruvato desidrogenase (subunidade β), responsável pela descaboxilação oxidativa do piruvato gerando o acetil-CoA (ambos metabólitos necessários para o início do ciclo de Krebs), também estão superexpressas nesta linhagem (Figura 10).

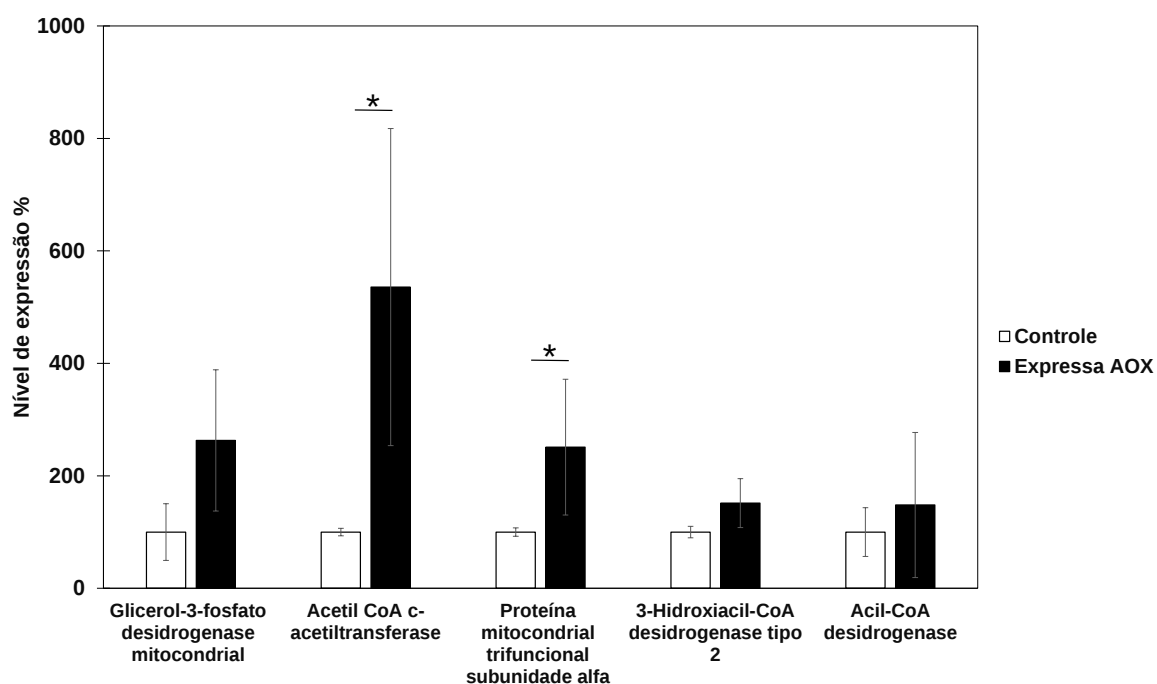
Figura 10 – Nível de expressão (em porcentagem relativa ao controle) das proteínas relacionadas ao ciclo de Krebs identificadas e das enzimas piruvato carboxilase e piruvato desidrogenase. As porcentagens foram calculadas utilizando o NSAF. A barra de erros representa o desvio padrão e o * a diferença significativa de acordo com o teste de Kruskal-Wallis ($p < 0,05$). *UAS-AOX^{F6} x daGAL4*: linhagem que expressa a versão funcional de AOX em altos níveis; *UAS-AOX^{F6} x w¹¹¹⁸*: linhagem controle que não expressa AOX.



Fonte: Elaborado pelo autor.

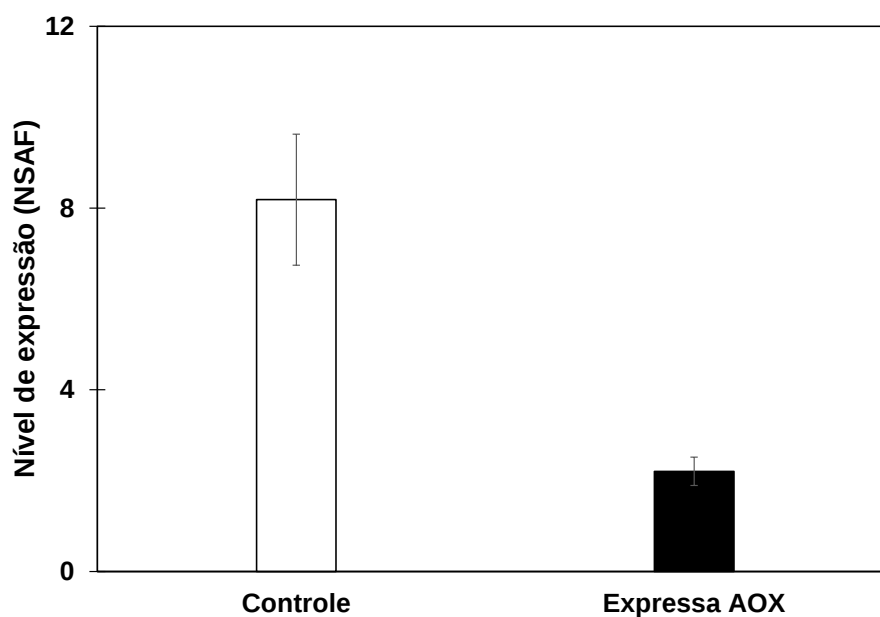
Sabendo que as vias de degradação de lipídeos são as principais fontes de obtenção de energia na metamorfose de *D. melanogaster* (MERKEY *et al.*, 2011), analisamos as enzimas relacionadas a essas vias e verificamos que estas também possuem níveis mais elevados na linhagem que expressa AOX (Figura 11). Com o aumento dessas vias catabólicas, esperávamos também que a mobilização de lipídeos fosse maior nas linhagens expressando AOX. Entretanto, os níveis da proteína apolipoforina, responsável pelo transporte de lipídeos e ácidos graxos na hemolinfa de drosófila, foram reduzidos (Figura 12). A apolipoforina é um exemplo de proteína não mitocondrial facilmente identificada e quantificada em nossas amostras (Apêndice1).

Figura 11 – Nível de expressão (em porcentagem relativa ao controle) das proteínas relacionadas ao catabolismo de lipídeos. As porcentagens foram calculadas utilizando o NSAF. A barra de erros representa o desvio padrão e o * a diferença significativa de acordo com o teste de Kruskal-Wallis ($p < 0,05$). *UAS-AOX^{F6} x daGAL4*: linhagem que expressa a versão funcional de AOX em altos níveis; *UAS-AOX^{F6} x w¹¹¹⁸*: linhagem controle que não expressa AOX.



Fonte: Elaborado pelo autor.

Figura 12 – *Normalized spectral abundance factor* (NSAF) mostra que a proteína apolipoforina está subexpressa em linhagem expressando AOX. A barra de erros representa o desvio padrão e a diferença foi considerada significativa de acordo com o teste de Kruskal-Wallis ($p < 0,05$). *UAS-AOX^{F6} x daGAL4*: linhagem que expressa a versão funcional de AOX em altos níveis; *UAS-AOX^{F6} x w¹¹¹⁸*: linhagem controle que não expressa AOX.

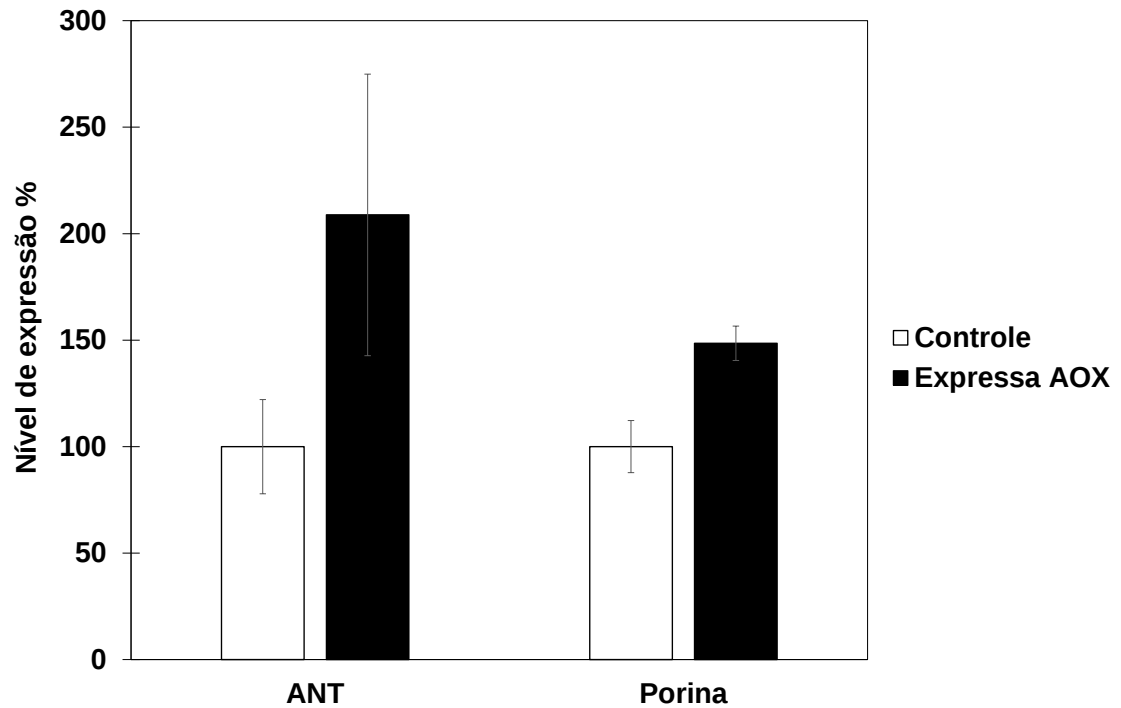


Fonte: Elaborado pelo autor.

5.6 AOX pode elevar a massa mitocondrial, mesmo em dieta padrão

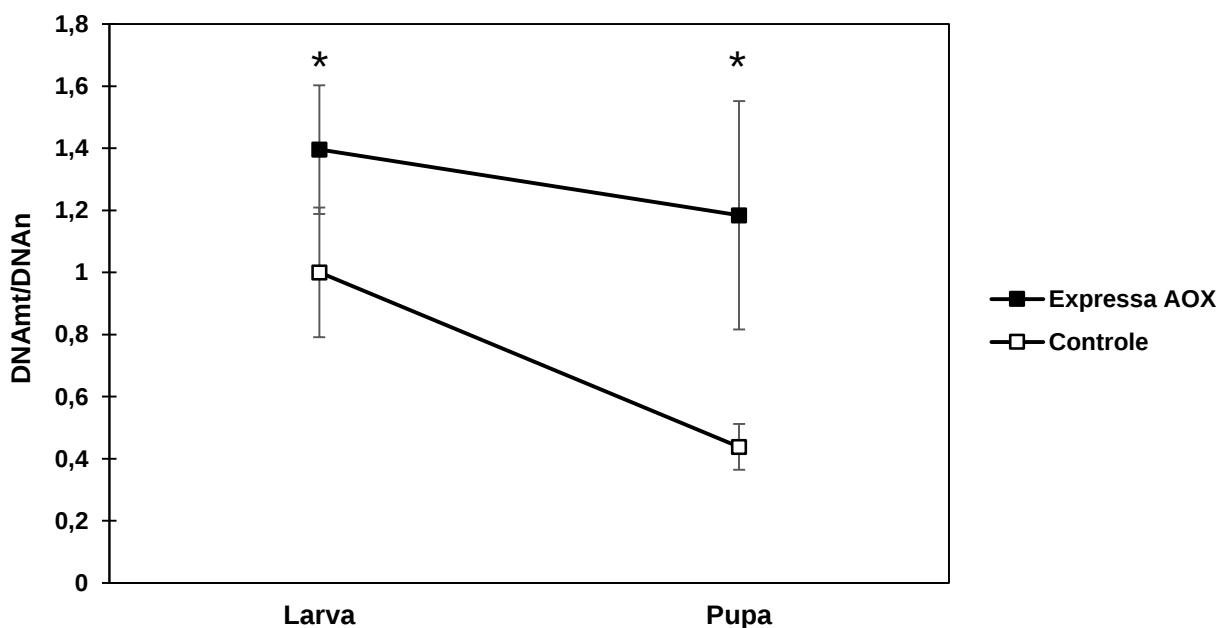
O aumento dos níveis de enzimas do ciclo de Krebs e de degradação de lipídeos observados nos itens anteriores podem indicar um aumento da massa mitocondrial. De acordo com essa hipótese, também observamos níveis elevados de proteínas estruturais mitocondriais, tais como porina e adenina nucleotídeo translocase (ANT) (Figura 13). Além disso, dados de PCR quantitativo mostram um aumento no número de cópias do DNAm para larvas e pupas que expressam AOX (Figura 14). Mesmo não identificando expressão diferencial em subunidades dos complexos da CR, o conjunto dos nossos dados indica um aumento da biogênese mitocondrial na fase de pupa quando AOX está presente.

Figura 13 – Nível de expressão (em porcentagem relativa ao controle) de enzimas estruturais mitocondriais em linhagem expressado AOX. As porcentagens foram calculadas utilizando o NSAF. A barra de erros representa o desvio padrão e a diferença foi considerada significativa de acordo com o teste de Kruskal-Wallis ($p < 0,05$). *UAS-AOX^{F6} x daGAL4*: linhagem que expressa a versão funcional de AOX em altos níveis; *UAS-AOX^{F6} x w¹¹¹⁸*: linhagem controle que não expressa AOX.



Fonte: Elaborado pelo autor.

Figura 14 – Linhagem expressando AOX ($UAS-AOX^{F6} \times daGAL4$) apresenta aumento no nível relativo de DNAmT em larvas e pupas. A quantidade relativa de DNAmT foi calculada assim como descrito nos Materiais e Métodos. Os dados foram normalizados pela quantidade relativa de DNAmT em larvas da linhagem controle $UAS-AOX^{F6}/w^{1118}$ (arbitrariamente definida como 1,0) e representam médias de cinco repetições biológicas. As barras de erro representam o desvio padrão e o * a diferença significativa de acordo com o teste t de Student ($p < 0,05$).



Fonte: Elaborado pelo autor.

5.7 Resultados preliminares para as linhagens em dieta restrita

Para as linhagens mantidas em dieta restrita, obtivemos até o momento o resultado de uma única injeção das amostras no espectrômetro de massas (Apêndices 3 e 4), o que restringe nossas análises e discussões. Mesmo assim, é possível fazer uma caracterização das proteínas mais abundantes e dessa forma especular sobre as possíveis alterações metabólicas impostas por essa condição nutricional. A linhagem que expressa AOX obteve 281 identificações e a linhagem controle 325. Das 40 proteínas mais abundantes para ambas, as que não foram consideradas constituintes de outras estruturas celulares foram selecionadas: 22 para a linhagem que expressa AOX (Tabela 1) e 20 para a linhagem controle (Tabela 2). Nota-se que a maioria delas estão envolvidas na CR, ciclo de Krebs e no catabolismo de lipídeos.

Tabela 1 - Relação das proteínas mais abundantes na linhagem que expressa AOX (*UAS-AOX^{F6} x daGAL4*) e sua abundância relativa. A descrição diz respeito aos nomes dessas proteínas assim como eles aparecem no banco de dados Uniprot.

Descrição	Abundância relativa
ATP sintase subunidade beta, mitocondrial	0,025564
ATP sintase subunidade alfa, mitocondrial	0,020143
ATP sintase, subunidade delta, isoforma A	0,018062
ATP sintase, isoforma A	0,017337
Porina	0,016671
Aldeído desidrogenase	0,014781
3-hidroxiacil-CoA desidrogenase tipo 2	0,014632
ATP sintase subunidade d, mitocondrial	0,013835
IP09655p	0,012437
ANT	0,011481
Enoil-CoA hidratase	0,011130
Fator 6 de acoplamento da ATP sintase	0,010560
Citocromo c oxidase subunidade 4, isoforma A	0,009431
<i>Heat shock protein 23 (Hsp 23)</i>	0,009228
Proteína Mf4	0,009021
Gliceraldeído-3-fosfato desidrogenase 2	0,008766
Citocromo c oxidase subunidade 5B, isoforma A	0,008706
ATP sintase subunidade O, mitocondrial	0,008569
Citrato sintase, mitocondrial	0,007720
Gliceraldeído-3-fosfato desidrogenase 1	0,007642
CG7834, isoform A	0,007374

Fonte: Elaborado pelo autor.

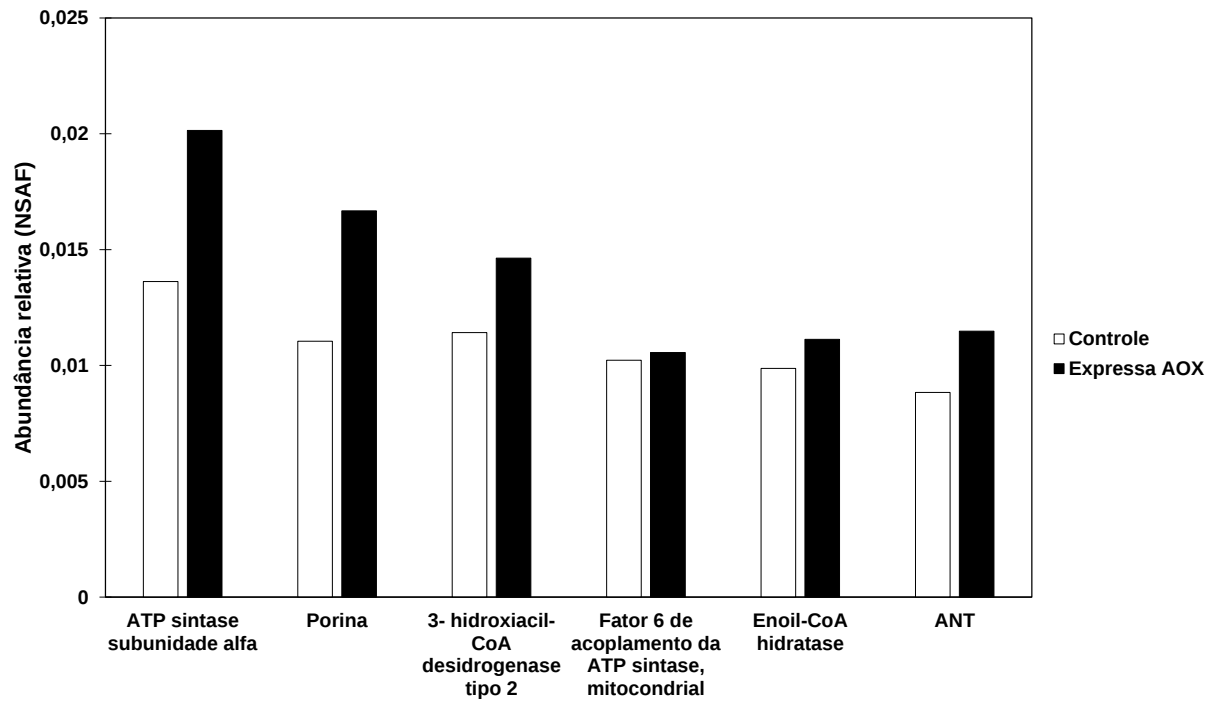
Tabela 2 - Relação das proteínas mais abundantes na linhagem controle (*UAS-AOX^{F6} x w¹¹¹⁸*) e sua abundância relativa. A descrição diz respeito aos nomes dessas proteínas assim como eles aparecem no banco de dados Uniprot.

Descrição	Abundância relativa
ATP sintase subunidade beta, mitocondrial	0,016631
<i>60S acidic ribosomal protein P1</i>	0,014514
ATP sintase subunidade alfa, mitocondrial	0,01362
<i>Heat shock protein 23 (Hsp 23)</i>	0,012017
3-hidroxiacil-CoA desidrogenase tipo 2	0,011421
Porina	0,011048
Fator 6 de acoplamento da ATP sintase	0,010223
Enoil-CoA hidratase	0,009873
Apolipoforina	0,009762
ATP sintase, isoforma A	0,009578
Ferritina	0,009548
ATP sintase subunidade d, mitocondrial	0,009513
ATP sintase, subunidade delta, isoforma A	0,009491
IP09655p	0,009273
<i>Heat shock 70 kDa protein cognate 3</i>	0,009189
Proteína Mf4	0,009118
ANT	0,008834
Proteína ribossomal 40S S28	0,008336
Arginina cinase	0,007991
GEO07602p1	0,007389

Fonte: Elaborado pelo autor.

Baseado na similaridade das identificações para ambas as linhagens, comparamos preliminarmente a abundância relativa de algumas delas e observamos que o mesmo padrão verificado para as moscas cultivadas em dieta padrão se repete (Figura 15). Ou seja, a presença da AOX pode acarretar em um aumento da atividade de vias catabólicas ou um aumento da massa mitocondrial, que poderia provocar uma maior mobilização de nutrientes para a obtenção de energia durante a metamorfose.

Figura 15 – *Normalized spectral abundance factor* (NSAF) mostra a abundância relativa das proteínas identificadas para ambas as linhagens submetidas a uma dieta com baixo teor de nutrientes. *UAS-AOX^{F6} x daGAL4*: linhagem que expressa a versão funcional de AOX em altos níveis; *UAS-AOX^{F6} x w¹¹¹⁸*: linhagem controle que não expressa AOX.



Fonte: Elaborado pelo autor.

6 Discussão

Os resultados dos ensaios de desenvolvimento mostram que moscas que expressam AOX em altos níveis sofrem queda de cerca de 80% na sua taxa de emergência quando cultivadas em restrição alimentar. Esse resultado está de acordo com o esperado uma vez que por não bombear prótons, AOX poderia causar uma diminuição na quantidade de ATP mitocondrial produzida. Desse modo, levando-se em consideração que a AOX se torna ativa em condições de estresse nos organismos onde naturalmente é encontrada (DEL-SAZ *et al.*, 2017; SAHA; BOROVSKII; PANDA, 2016), ressalta-se a importância em se compreender quais são os reflexos desta nos organismos modelo quando submetidos a estresse nutricional. Antes, porém, é necessária tal caracterização nas condições padrão. Até então, a ação da expressão de AOX no fenótipo de moscas *D. melanogaster* cultivadas em dieta padrão, rica em carboidratos, era considerada praticamente inócua, excetuando-se o fato destas apresentarem um breve atraso no desenvolvimento e menor massa corpórea dos adultos jovens (FERNANDEZ-AYALA *et al.*, 2009). Visto que moscas AOX não apresentam fenótipos deletérios nesta condição, era esperado que a maior parte das proteínas identificadas neste trabalho fossem comuns às proteínas da linhagem controle. Os resultados obtidos mostraram que elas compartilham cerca de 80% das identificações, consistente com o esperado.

Além disso, conseguimos confirmar que nossas amostras de extratos mitocondriais puros estavam enriquecidas com proteínas mitocondriais: a maior parte das enzimas que participam da fosforilação oxidativa e do ciclo de Krebs foram identificadas, apesar das análises usando o software Blast2GO mostrarem uma abundância significativa de proteínas pertencentes ao sistema de endomembranas. Isto pode estar relacionado ao fato das membranas que constituem outras organelas, tais como complexo de Golgi e retículo endoplasmático, se associarem à membrana externa mitocondrial por processos fisiológicos ou por artefato gerado no momento da obtenção dos extratos proteicos. Por exemplo, as interações entre retículo endoplasmático e mitocôndria podem formar as MAMs (do inglês, *mitochondrial-associated membranes*) que são essenciais para a biogênese mitocondrial (LEWIS; TSAI; SU, 2016), processo que supostamente está em alta durante a fase final da metamorfose de *Drosophila*. No caso das proteínas de núcleo, citoplasma e as demais que não são mitocondriais, é mais provável que suas identificações sejam

consequência de impurezas das nossas amostras. Mesmo assim, a quantificação relativa do nosso marcador mitocondrial é de 2 a 3 vezes maior em relação ao marcador citoplasmático, assegurando então que trabalhamos com amostras enriquecidas e que as extrações de mitocôndrias foram relativamente bem executadas.

Uma análise mais detalhada da letalidade causada por AOX em condição de restrição nutricional mostra que o fenômeno é mais do que uma simples queda na taxa de emergência, já que as moscas AOX morrem em diferentes estágios da metamorfose (SAARI *et al.*, 2018). Tal fato indica que moscas AOX não são bloqueadas em momentos específicos do desenvolvimento, mas muito provavelmente tem seu desenvolvimento interrompido quando os nutrientes acumulados são completamente utilizados, não sendo suficientes para que haja a finalização da metamorfose. Partindo dessa premissa, observamos que, mesmo em dieta padrão, várias das enzimas que participam do ciclo de Krebs e um número significativo de enzimas envolvidas no catabolismo de lipídeos encontram-se em níveis mais elevados na linhagem que expressa AOX. Uma vez que no processo de metamorfose a via mais utilizada para geração de ATP é a de degradação de ácidos graxos, acumulados durante a fase de larva (MERKEY *et al.*, 2011), é esperado que as proteínas envolvidas nesse processo realmente tenham um maior nível de expressão. Os valores elevados na linhagem AOX reforçam a possibilidade de maior demanda e uso dos recursos estocados, indicando um aproveitamento menos eficiente das reservas energéticas nesta linhagem. Isto pode ser explicado caso a enzima AOX apresente alguma atividade mesmo nesta condição de dieta padrão. As vias de degradação dos triglicerídeos (β -oxidação e via da glicerol-3-fosfato desidrogenase) geram equivalentes redutores que entram na CR pelo Complexo I ou diretamente pelo ubiquinol (QH₂), e que são passados aos Complexos III e IV (segmento do citocromo c) com bombeamento de prótons através da membrana interna e a consequente produção de ATP. Caso a AOX apresente alguma atividade, esta estaria promovendo o desvio de elétrons do segmento do citocromo c, reduzindo O₂ e gerando um reduzido potencial de membrana, que levaria a uma diminuição na produção de ATP (CAMARGO *et al.*, 2018). Dessa forma a demanda por mais elétrons na CR pode aumentar, levando a necessidade de obtenção de mais carreadores reduzidos capazes de fornecerem tais elétrons para a produção de ATP suficiente. Diante disso, torna-se mais clara a interpretação dos resultados de que as enzimas que fazem parte

do ciclo de Krebs também estão presentes em maior quantidade. Ao que tudo indica, a quantidade de lipídeos estocada pelas moscas expressando AOX em dieta padrão é aparentemente suficiente para que elas completem a metamorfose. Por outro lado, a restrição nutricional pode limitar a estocagem de energia, a qual, por não ser eficientemente aproveitada pela linhagem AOX, resulta em letalidade. Levando em consideração que o meio restritivo é um fator estressor que pode levar ao aumento da atividade da AOX, esta situação se tornaria ainda mais aguda.

O fato das nossas amostras não serem 100% de mitocôndrias nos permitiu identificar e mostrar que os níveis da proteína apolipoforina estão mais baixos na linhagem que expressa AOX. Essa proteína quando associada a lipídeos é chamada de lipoforina, a maior lipoproteína da hemolinfa de drosófila. A lipoforina é responsável pela mobilização dos ácidos graxos acumulados no intestino, nos discos imaginais e no corpo gorduroso para suporte energético ao desenvolvimento das moscas nas fases não alimentar, como a fase de pupa (RODRÍGUEZ-VAZQUÉZ *et al.*, 2015). Era-se esperado que os níveis de apolipoforina estivessem mais elevadas na linhagem que expressa AOX, exatamente por atuar na mobilização dos ácidos graxos para a degradação. Entretanto, é possível que nossas amostras sejam de pupas AOX que já utilizaram quase todo estoque de lipídeos, e por isso os níveis da apolipoforina já estariam mais reduzidos do que no controle, sugerindo que a linhagem que expressa AOX também mobiliza os recursos numa velocidade mais acelerada. Em outras palavras, enquanto para a linhagem controle os estoques de lipídeos ainda estão sendo mobilizados e degradados neste ponto da metamorfose, para a linhagem expressando AOX a maioria dos recursos que estavam disponíveis já foram mobilizados e agora já estão nas vias de degradação para obtenção de energia.

Como AOX não bombeia prótons para o espaço intermembranas, é possível que a produção de ATP mitocondrial seja diminuída. Uma das maneiras do organismo contornar esse déficit bioenergético seria aumentando os locais de produção de ATP, via regulação positiva da glicólise e/ou da massa mitocondrial do organismo. Além de enzimas do ciclo de Krebs, cujos níveis são tradicionalmente usados como marcadores do aumento da biogênese mitocondrial, nossos resultados mostram que a abundância de ANT e porina também é maior em moscas AOX. Ambas são encontradas nas membranas da mitocôndria, sendo a primeira responsável pela troca de ADP e ATP através da membrana interna mitocondrial (ZHANG *et al.*, 1999) e a segunda pela formação de canais que permitem a maior parte do fluxo de metabólitos

pela membrana externa mitocondrial (ROSTOVTSEVA; COLOMBINI, 1996). A quantificação relativa do DNAm_t, que também pode ser usada como um parâmetro para quantificação da massa mitocondrial, mostra que moscas AOX tem um número mais elevado de cópias deste genoma, corroborando os dados proteômicos. Nossos resultados, portanto, indicam que é possível que haja um aumento da massa mitocondrial na linhagem que expressa AOX.

Apesar das análises prévias das amostras de moscas mantidas em dieta restrita não serem suficientes para fornecer evidências das vias que podem estar alteradas nessa condição, os resultados obtidos para uma única injeção no espectrômetro de massas fornecem pistas de que o padrão encontrado em dieta padrão se repete. É possível ver pela listagem das proteínas identificadas que as proteínas pertencentes a CR, ciclo de Krebs e β -oxidação são as mais abundantes para ambas. Entretanto, quando usamos a abundância relativa para fazer uma rápida comparação, observamos que na sua maioria, as proteínas estão mais abundantes na linhagem que expressa AOX, aparentemente corroborando o que foi levantado para dieta padrão. Nossos dados servirão para o entendimento dos mecanismos pelos quais AOX interfere com as mudanças metabólicas associadas às diferentes fases do desenvolvimento de *D. melanogaster*, as quais possuem paralelos com o desencadeamento e avanço de diversas doenças humanas (SAARI *et al.*, 2018).

Referências

- ANDJELKOVIĆ, A. *et al.* Diiron centre mutations in *Ciona intestinalis* alternative oxidase abolish enzymatic activity and prevent rescue of cytochrome oxidase deficiency in flies. **Scientific Reports**, London, v. 5, e18295, Dec. 2015.
- CAMARGO, A. F. D. *et al.* Xenotopic expression of alternative electron transport enzymes in animal mitochondria and their impact in health and disease. **Cell Biology International**, Oxford, v. 9999, p. 1-6, Jan. 2018.
- CHEN, Y.; ZHOU, Z.; MIN, W. Mitochondria, Oxidative Stress and Innate Immunity. **Frontiers in Physiology**, Lausanne, v. 9, p. 1-10, 2018.
- COTTRELL, J. S. Protein identification using MS/MS data. **Journal of Proteomics**, Amsterdam, v. 74, n. 10, p. 1842-1851, Sept. 2011.
- DASSA, E. P. *et al.* Expression of the alternative oxidase complements cytochrome c oxidase deficiency in human cells. **EMBO Molecular Medicine**, Weinheim, v. 1, n. 1, p. 30-36, Mar. 2009.
- DEL-SAZ, N. F. *et al.* An in vivo perspective of the role (s) of the alternative oxidase pathway. **Trends in Plant Science**, Oxford, v. 23, n. 3, p. 206-219, Mar. 2017.
- DOGAN, S. A. *et al.* Perturbed Redox Signaling Exacerbates a Mitochondrial Myopathy. **Cell Metabolism**, Cambridge, v. 28, p. 764-775, Nov. 2018.
- DRÖGE, W. Free radicals in the physiological control of cell function. **Physiological Reviews**, Rockville, v. 82, n. 1, p. 47-95, Jan. 2002.
- EL-HATTAB, A. W. *et al.* Mitochondrial dynamics: Biological roles, molecular machinery, and related diseases. **Molecular Genetics and Metabolism**, Waltham, v. 125, n. 4, p. 315-321, 1 Dec. 2018.
- EL-KHOURY, R. *et al.* Alternative Oxidase Expression in the Mouse Enables Bypassing Cytochrome c Oxidase Blockade and Limits Mitochondrial ROS Overproduction. **PLOS Genetics**, San Francisco, v. 9, n. 1, p. e1003182, Jan. 2013.
- EL-KHOURY, R. *et al.* Engineering the alternative oxidase gene to better understand and counteract mitochondrial defects: state of the art and perspectives. **British Journal of Pharmacology**, Oxford, v. 171, n. 8, p. 2243-2249, Jan. 2014.
- FERNANDEZ-AYALA, D. J. *et al.* Expression of the *Ciona intestinalis* Alternative (AOX) in *Drosophila* complements defects in mitochondrial oxidative phosphorylation. **Cell Metabolism**, Cambridge, v. 9, n. 5, p. 449-460, May 2009.
- FERNÁNDEZ-MORENO, M. A. *et al.* *Drosophila melanogaster* as a Model System to Study Mitochondrial Biology. **Methods in Molecular Biology**, New York, v. 372, p. 33-49, 2007.

FUKUOH, A. *et al.* Screen for mitochondrial DNA copy number maintenance genes reveals essential role for ATP synthase. **Molecular Systems Biology**, Chichester, v. 10, p. 734, 21 June, 2014.

GIORDANO, L. *et al.* Alternative Oxidase Attenuates Cigarette Smoke-Induced Lung Dysfunction and Tissue Damage. **American Journal of Respiratory Cell and Molecular Biology**, New York, 19 Oct. 2018. In press.

GREAVES, L. C.; TAYLOR, R. W. Mitochondrial DNA Mutations in Human Disease. **IUBMB Life**, Chichester, v. 58, n. 3, p. 143-151, May 2006.

HAKKAART, G. A. *et al.* Allotopic expression of a mitochondrial alternative oxidase confers cyanide resistance to human cell respiration. **EMBO reports**, Chichester, v. 7, n. 3, p. 341-345, Mar. 2006.

HUMPHREY, D. M. *et al.* Alternative oxidase rescues mitochondria-mediated dopaminergic cell loss in *Drosophila*. **Human Molecular Genetics**, Oxford, v. 21, n. 12, p. 2698-2712, Mar. 2012.

JÖERS, P. *et al.* Mitochondrial Transcription Terminator Family Members mTTF and mTerf5 Have Opposing Roles in Coordination of mtDNA Synthesis. **PLoS Genetics**, San Francisco, v. 9, n. 9, p. e1003800, 19 Sept. 2013.

KEMPPAINEN, K. K. *et al.* Expression of alternative oxidase in *Drosophila* ameliorates diverse phenotypes due to cytochrome oxidase deficiency. **Human Molecular Genetics**, Oxford, v. 23, n. 8, p. 2078-2093, Oct. 2014.

LEWIS, A.; TSAI, S.Y.; SU, T.P. Detection of Isolated Mitochondria-Associated ER Membranes Using the Sigma-1 Receptor. **Methods in Molecular Biology**. New York, v. 1376, p. 133–140, 2016.

MARZZOCO, A.; TORRES, B. B. **Bioquímica básica**. 2 ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 1999. 360 p.

MCDONALD, A. E.; GOSPODARYOV, D. V. Alternative NAD(P)H dehydrogenase and alternative oxidase: Proposed physiological roles in animals. **Mitochondrion**, Amsterdam, v. 45, p. 7-17, 6 Feb. 2018.

MCDONALD, A. E.; VANLERBERGHE, G. C.; STAPLES, J. F. Alternative oxidase in animals: unique characteristics and taxonomic distribution. **The Journal of Experimental Biology**, Cambridge, v. 212, n. 16, p. 2627-2634, July 2009.

MCFARLAND, R.; TAYLOR, R. W.; TURNBULL, D. M. Mitochondrial Disease—Its Impact, Etiology, and Pathology. **Current Topics in Developmental Biology**, Maryland Heights, v. 77, p. 113-155, Jan. 2007.

MCINERNEY, J. O.; O'CONNELL, M. J.; PISANI, D. The hybrid nature of the Eukaryota and a consilient view of life on Earth. **Nature Reviews. Microbiology**, London, v. 12, p. 449-455, May 2014.

MEHMOOD, S. *et al.* Charge Reduction Stabilizes Intact Membrane Protein Complexes for Mass Spectrometry. **Journal of the American Chemical Society**, Washington, v. 136, n. 49, p. 17010-17012, Nov. 2014.

MERKEY, A. B. *et al.* Energetics of metamorphosis in *Drosophila melanogaster*. **Journal of Insect Physiology**, Oxford, v. 57, n. 10, p. 1437-1445, Nov. 2011.

MISHRA, P.; CHAN, D. C. Mitochondrial dynamics and inheritance during cell division, development and disease. **Nature Reviews. Molecular Cell Biology**, London, v. 15, n. 10, p. 634–646, Oct. 2014.

NELSON, D. L.; COX, M. M. **Princípios de bioquímica de Lehninger**. 6 ed. Porto Alegre: ARTMED, 2014. 1220 p.

PAOLETTI, A. C. *et al.* Quantitative proteomic analysis of distinct mammalian Mediator complexes using normalized spectral abundance factors. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, Washington, v. 103, n. 50, p. 18928–18933, Dec. 2006.

RAJENDRAN, J. *et al.* Alternative oxidase-mediated respiration prevents lethal mitochondrial cardiomyopathy. **EMBO Molecular Medicine**, Weinheim, v. 11, n. 1, p. e9456, Jan. 2019.

RODRIGUES, A. P. C. *et al.* Developmental arrest in *Drosophila melanogaster* caused by mitochondrial DNA replication defects cannot be rescued by the alternative oxidase. **Scientific Reports**, London, v. 8, n. 1, p. 10882, July 2018.

RODRÍGUEZ-VÁZQUEZ, M. *et al.* *Drosophila* lipophorin receptors recruit the lipoprotein LTP to the plasma membrane to mediate lipid uptake. **PLoS Genetics**, San Francisco, v. 11, n. 6, p. e1005356, June 2015.

ROOTE, J.; PROKOP, A. How to Design a Genetic Mating Scheme: A Basic Training Package for *Drosophila* Genetics. **G3: Genes, Genomes, Genetics**, Bethesda, v. 3, n. 2, p. 353–358, 1 Feb. 2013.

ROSTOVTSEVA, T.; COLOMBINI, M. ATP flux is controlled by a voltage-gated channel from the mitochondrial outer membrane. **Journal of Biological Chemistry**, Rockville, v. 271, n. 45, p. 28006-28008, Nov. 1996.

RUSTIN, P.; JACOBS, H. T. Respiratory chain alternative enzymes as tools to better understand and counteract respiratory chain deficiencies in human cells and animals. **Physiologia Plantarum**, Hoboken, v. 137, n. 4, p. 362-370, May 2009.

SAARI, S. *et al.* Alternative respiratory chain enzymes: therapeutic potential and possible pitfalls. **Molecular Basis of Disease**, Amsterdam, Oct. 2018. In press.

SAHA, B.; BOROVSKII, G.; PANDA, S. K. Alternative oxidase and plant stress tolerance. **Plant Signaling & Behavior**, Philadelphia, v. 11, n. 12, p. e1256530, Nov. 2016.

SAZANOV, L. A. A. Giant molecular proton pump: structure and mechanism of respiratory complex I. **Nature Reviews. Molecular Cell Biology**, London, v. 16, p. 375–388, May 2015.

SZIBOR, M. *et al.* Broad AOX expression in a genetically tractable mouse model does not disturb normal physiology. **Disease Models & Mechanisms**, Cambridge, v. 10, n. 2, p. 163-171, Feb. 2017.

VARTIAINEN, S. *et al.* Phenotypic rescue of a Drosophila model of mitochondrial ANT1 disease. **Disease Models & Mechanisms**, Cambridge, v. 7, n. 6, p. 635-648, Apr. 2014.

ZHANG, Y. Q. *et al.* stress sensitive B Encodes an Adenine Nucleotide Translocase in Drosophila melanogaster. **Genetics**, Bethesda, v. 153, n. 2, p. 891-903, Oct. 1999.

APÊNDICE A – Lista de todas as proteínas identificadas para as moscas mantidas em dieta padrão

Accesso	Descrição	Σ Cobertura	Σ Proteínas	Σ Peptídeos únicos	Σ Peptídeos	Σ PSMs	AAs	MW [kDa]	calc. pI
P48375	12 kDa FK506-binding protein OS=Drosophila melanogaster GN=FK506-bp2 PE=3 SV=2 - [FKB12_DROME]	24,07	1	1	2	4	108	11,7	8,13
P29310	14-3-3 protein zeta OS=Drosophila melanogaster GN=14-3-3zeta PE=1 SV=1 - [1433Z_DROME]	22,58	3	2	4	22	248	28,2	4,88
Q9V3U6	26-29kD-proteinase OS=Drosophila melanogaster GN=26-29-p PE=1 SV=1 - [Q9V3U6_DROME]	31,51	1	9	11	129	549	62,1	6,74
Q9V436	26S proteasome regulatory complex subunit p30 OS=Drosophila melanogaster GN=Rpn12 PE=1 SV=1 - [Q9V436_DROME]	6,44	1	1	1	1	264	30,2	6,06
Q9VFJ2	39S ribosomal protein L11, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=mRpL11 PE=1 SV=1 - [RM11_DROME]	7,14	1	1	1	1	196	21,6	9,63
Q9VLJ9	39S ribosomal protein L51, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=mRpL51 PE=2 SV=2 - [RM51_DROME]	16,09	1	1	2	2	174	20,2	10,54
Q9VF89	39S ribosomal protein L9, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=mRpL9 PE=2 SV=1 - [RM09_DROME]	6,85	1	1	1	4	248	28,8	9,26
O18404	3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase type-2 OS=Drosophila melanogaster GN=scu PE=1 SV=1 - [HCD2_DROME]	65,88	2	9	11	150	255	26,9	9,03
Q9VWG3	40S ribosomal protein S10b OS=Drosophila melanogaster GN=RpS10b PE=1 SV=2 - [RS10B_DROME]	8,13	1	1	1	10	160	17,9	9,80
Q0E9B6	40S ribosomal protein S11 OS=Drosophila melanogaster GN=RpS11 PE=1 SV=1 - [RS11_DROME]	18,71	2	1	2	10	155	18,1	10,93
P80455	40S ribosomal protein S12 OS=Drosophila melanogaster GN=RpS12 PE=1 SV=2 - [RS12_DROME]	23,74	1	1	2	5	139	15,2	6,38
C0HKA1	40S ribosomal protein S14b OS=Drosophila melanogaster GN=RpS14b PE=2 SV=1 - [RS14B_DROME]	23,84	1	1	3	14	151	16,3	10,35
Q9W237	40S ribosomal protein S16 OS=Drosophila melanogaster GN=RpS16 PE=1 SV=1 - [RS16_DROME]	15,54	1	1	2	4	148	16,8	10,17
P17704	40S ribosomal protein S17 OS=Drosophila melanogaster GN=RpS17 PE=1 SV=2 - [RS17_DROME]	21,37	1	2	2	11	131	15,3	9,94
P41094	40S ribosomal protein S18 OS=Drosophila melanogaster GN=RpS18 PE=1 SV=1 - [RS18_DROME]	23,03	1	1	3	14	152	17,6	10,48
P39018	40S ribosomal protein S19a OS=Drosophila melanogaster GN=RpS19a PE=1 SV=3 - [RS19A_DROME]	9,62	1	2	2	10	156	17,3	10,11
P31009	40S ribosomal protein S2 OS=Drosophila melanogaster GN=RpS2 PE=1 SV=2 - [RS2_DROME]	8,99	1	1	2	3	267	28,9	10,15
Q9W229	40S ribosomal protein S24 OS=Drosophila melanogaster GN=RpS24 PE=1 SV=1 - [Q9W229_DROME]	20,61	1	1	2	8	131	15,0	11,22
P48588	40S ribosomal protein S25 OS=Drosophila melanogaster GN=RpS25 PE=1 SV=3 - [RS25_DROME]	17,95	1	1	2	9	117	13,2	10,27
P13008	40S ribosomal protein S26 OS=Drosophila melanogaster GN=RpS26 PE=1 SV=1 - [RS26_DROME]	21,05	1	1	2	4	114	13,3	11,15
Q9W334	40S ribosomal protein S28 OS=Drosophila melanogaster GN=RpS28b PE=1 SV=2 - [RS28_DROME]	24,62	1	1	2	15	65	7,5	10,37
Q06559	40S ribosomal protein S3 OS=Drosophila melanogaster GN=RpS3 PE=1 SV=1 - [RS3_DROME]	28,05	1	2	5	20	246	27,5	9,39
Q24186	40S ribosomal protein S5a OS=Drosophila melanogaster GN=RpS5a PE=1 SV=1 - [RS5A_DROME]	24,56	2	3	3	26	228	25,4	8,63
Q9VA91	40S ribosomal protein S7 OS=Drosophila melanogaster GN=RpS7 PE=1 SV=1 - [RS7_DROME]	22,16	1	3	3	15	194	22,2	9,80
Q8MLY8	40S ribosomal protein S8 OS=Drosophila melanogaster GN=RpS8 PE=1 SV=1 - [RS8_DROME]	26,44	1	4	4	41	208	23,7	10,48
P38979	40S ribosomal protein SA OS=Drosophila melanogaster GN=sta PE=1 SV=3 - [RSSA_DROME]	23,33	1	3	5	32	270	30,2	4,87
Q9VPS5	60 kDa heat shock protein homolog 1, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=Hsp60B PE=2 SV=1 - [CH60B_DROME]	2,62	1	1	1	8	648	68,6	5,64

Q9VMN5	60 kDa heat shock protein homolog 2, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=Hsp60C PE=2 SV=2 - [CH60C_DROME]	18,06	1	1	6	80	576	61,5	7,06
O02649	60 kDa heat shock protein, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=Hsp60 PE=1 SV=3 - [CH60_DROME]	43,80	1	11	21	218	573	60,8	5,49
P19889	60S acidic ribosomal protein P0 OS=Drosophila melanogaster GN=RpLP0 PE=1 SV=1 - [RLA0_DROME]	23,97	1	3	5	50	317	34,2	6,95
P08570	60S acidic ribosomal protein P1 OS=Drosophila melanogaster GN=RpLP1 PE=1 SV=2 - [RLA1_DROME]	64,29	1	3	4	39	112	11,5	4,41
P05389	60S acidic ribosomal protein P2 OS=Drosophila melanogaster GN=RpLP2 PE=1 SV=1 - [RLA2_DROME]	36,28	1	1	2	9	113	11,7	4,70
Q9VTP4	60S ribosomal protein L10a-2 OS=Drosophila melanogaster GN=RpL10Ab PE=1 SV=2 - [R10AB_DROME]	29,03	1	2	4	29	217	24,3	9,86
P46222	60S ribosomal protein L11 OS=Drosophila melanogaster GN=RpL11 PE=1 SV=2 - [RL11_DROME]	7,61	1	1	1	11	184	21,1	10,02
P41126	60S ribosomal protein L13 OS=Drosophila melanogaster GN=RpL13 PE=1 SV=1 - [RL13_DROME]	7,80	1	1	2	14	218	24,9	10,99
P55841	60S ribosomal protein L14 OS=Drosophila melanogaster GN=RpL14 PE=1 SV=1 - [RL14_DROME]	14,46	1	2	2	40	166	19,2	11,18
Q9VS34	60S ribosomal protein L18 OS=Drosophila melanogaster GN=RpL18 PE=1 SV=1 - [RL18_DROME]	30,32	1	3	4	30	188	21,7	11,53
P36241	60S ribosomal protein L19 OS=Drosophila melanogaster GN=RpL19 PE=1 SV=2 - [RL19_DROME]	8,37	1	1	1	12	203	24,0	11,00
P50887	60S ribosomal protein L22 OS=Drosophila melanogaster GN=RpL22 PE=1 SV=2 - [RL22_DROME]	12,71	1	2	2	14	299	30,6	10,11
O16797	60S ribosomal protein L3 OS=Drosophila melanogaster GN=RpL3 PE=1 SV=3 - [RL3_DROME]	6,49	1	1	2	4	416	46,9	10,24
P49630	60S ribosomal protein L36 OS=Drosophila melanogaster GN=RpL36 PE=1 SV=1 - [RL36_DROME]	11,30	1	1	2	7	115	13,5	11,37
P09180	60S ribosomal protein L4 OS=Drosophila melanogaster GN=RpL4 PE=1 SV=2 - [RL4_DROME]	35,91	1	4	10	69	401	45,0	11,47
Q9W5R8	60S ribosomal protein L5 OS=Drosophila melanogaster GN=RpL5 PE=1 SV=2 - [RL5_DROME]	17,73	1	2	3	10	299	34,0	9,77
P32100	60S ribosomal protein L7 OS=Drosophila melanogaster GN=RpL7 PE=1 SV=2 - [RL7_DROME]	23,81	1	3	5	36	252	29,5	10,89
P46223	60S ribosomal protein L7a OS=Drosophila melanogaster GN=RpL7A PE=1 SV=2 - [RL7A_DROME]	32,10	1	1	6	11	271	30,7	10,71
Q9V3G1	60S ribosomal protein L8 OS=Drosophila melanogaster GN=RpL8 PE=1 SV=1 - [RL8_DROME]	14,06	1	1	2	5	256	27,9	11,15
P50882	60S ribosomal protein L9 OS=Drosophila melanogaster GN=RpL9 PE=1 SV=2 - [RL9_DROME]	11,58	1	1	1	1	190	21,4	9,69
Q9VLL3	A kinase anchor protein 200, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Akap200 PE=1 SV=3 - [Q9VLL3_DROME]	10,89	3	2	5	25	753	79,0	4,16
Q9VIE8	Aconitate hydratase, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=Acon PE=1 SV=2 - [Q9VIE8_DROME]	44,35	1	17	24	201	787	85,3	8,24
P02572	Actin-42A OS=Drosophila melanogaster GN=Act42A PE=1 SV=3 - [ACT2_DROME]	34,84	6	5	10	222	376	41,8	5,48
F0JAN1	Ade5, isoform B OS=Drosophila melanogaster GN=ade5 PE=1 SV=1 - [F0JAN1_DROME]	14,02	2	2	5	15	428	47,1	8,38
Q9VVK5	Adenosine deaminase-related growth factor A OS=Drosophila melanogaster GN=Adgf-A PE=1 SV=1 - [Q9VVK5_DROME]	7,05	1	1	2	4	553	62,8	5,67
Q9U915	Adenylate kinase OS=Drosophila melanogaster GN=Adk2 PE=1 SV=1 - [KAD2_DROME]	8,33	1	1	1	4	240	26,5	7,88
Q9VHV5	ADP-ribosylation factor-like protein 8 OS=Drosophila melanogaster GN=Gie PE=1 SV=1 - [ARL8_DROME]	7,53	1	1	1	7	186	21,2	7,21
P00334	Alcohol dehydrogenase OS=Drosophila melanogaster GN=Adh PE=1 SV=2 - [ADH_DROME]	66,02	1	9	12	110	256	27,7	7,96
Q9VLC5	Aldehyde dehydrogenase OS=Drosophila melanogaster GN=Aldh PE=1 SV=1 - [Q9VLC5_DROME]	43,85	1	11	15	148	520	57,0	6,80

Q8IPB7	Alpha-mannosidase OS=Drosophila melanogaster GN=LManII PE=1 SV=1 - [Q8IPB7_DROME]	17,41	2	4	12	34	108 0	122,7	5,73
Q9VEH0	Aluminum tubes, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=alt PE=1 SV=1 - [Q9VEH0_DROME]	9,03	2	2	5	12	842	95,0	7,09
Q8SWX4	Aminopeptidase OS=Drosophila melanogaster GN=CG5839 PE=1 SV=1 - [Q8SWX4_DROME]	5,72	1	1	2	8	961	108,3	4,98
AOX	AOX	41,73	1	9	13	237	369	42,2	8,06
Q9V496	Apolipoporphins OS=Drosophila melanogaster GN=Rfabg PE=1 SV=2 - [APLP_DROME]	39,63	1	63	94	797	335 1	372,4	7,97
Q9VDT1	Arc42 OS=Drosophila melanogaster GN=Arc42 PE=1 SV=1 - [Q9VDT1_DROME]	13,33	1	1	4	8	405	43,6	7,88
P48610	Arginine kinase OS=Drosophila melanogaster GN=Argk PE=2 SV=2 - [KARG_DROME]	34,83	5	9	11	109	356	39,8	6,47
Q9VQ61	Aspartate aminotransferase OS=Drosophila melanogaster GN=Got2 PE=1 SV=1 - [Q9VQ61_DROME]	47,88	2	10	17	91	424	47,2	8,78
Q9VV75	AT02348p OS=Drosophila melanogaster GN=UQCR-C2 PE=1 SV=1 - [Q9VV75_DROME]	63,86	1	19	19	141	440	45,4	9,44
Q9VJZ4	AT12494p OS=Drosophila melanogaster GN=ND-B22 PE=1 SV=1 - [Q9VJZ4_DROME]	9,03	1	1	1	3	144	17,4	9,50
Q9VVH5	AT13736p OS=Drosophila melanogaster GN=UQCR-Q PE=1 SV=1 - [Q9VVH5_DROME]	24,72	1	1	1	3	89	10,1	10,08
Q9W041	AT18493p OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG15878 PE=2 SV=1 - [Q9W041_DROME]	5,16	1	1	1	11	446	51,3	4,68
Q9VFN5	AT30951p OS=Drosophila melanogaster GN=BEST:GH20473 PE=1 SV=1 - [Q9VFN5_DROME]	28,43	1	1	2	18	102	11,1	8,43
Q7KVB1	ATP binding cassette subfamily B member 7, isoform B OS=Drosophila melanogaster GN=ABCB7 PE=1 SV=1 - [Q7KVB1_DROME]	2,82	2	1	1	1	709	76,7	9,26
P35381	ATP synthase subunit alpha, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=blw PE=1 SV=2 - [ATPA_DROME]	39,31	1	14	18	409	552	59,4	9,01
Q94516	ATP synthase subunit b, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=ATPsynB PE=2 SV=2 - [AT5F1_DROME]	46,50	1	5	10	49	243	27,3	8,72
Q05825	ATP synthase subunit beta, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=ATPsynbeta PE=1 SV=3 - [ATPB_DROME]	77,03	3	17	26	497	505	54,1	5,27
Q24251	ATP synthase subunit d, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=ATPsynD PE=2 SV=2 - [ATP5H_DROME]	48,88	1	6	7	100	178	20,2	6,55
O01666	ATP synthase subunit gamma, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=ATPsyngamma PE=2 SV=2 - [ATPG_DROME]	36,03	1	3	8	72	297	32,9	9,22
Q24439	ATP synthase subunit O, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=ATPsynO PE=2 SV=2 - [ATPO_DROME]	50,24	1	5	10	65	209	22,4	9,63
Q9W2X6	ATP synthase, delta subunit, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=ATPsyndelta PE=1 SV=1 - [Q9W2X6_DROME]	64,33	1	4	6	76	157	16,7	5,99
Q9VKM3	ATP synthase, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=ATPsynG PE=1 SV=1 - [Q9VKM3_DROME]	54,55	1	2	3	50	99	10,9	9,76
Q24407	ATP synthase-coupling factor 6, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=ATPsynCf6 PE=3 SV=1 - [ATP5J_DROME]	46,23	1	2	5	60	106	11,9	9,04
E2QCF1	ATP-citrate synthase OS=Drosophila melanogaster GN=ATPCL PE=1 SV=1 - [E2QCF1_DROME]	16,44	3	5	10	22	109 5	119,7	7,12
Q9VLU0	Barrier-to-autointegration factor OS=Drosophila melanogaster GN=baf PE=1 SV=1 - [BAF_DROME]	16,67	1	1	1	6	90	10,1	5,16
Q8IPG9	Basigin, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Bsg PE=1 SV=1 - [Q8IPG9_DROME]	19,25	3	1	3	8	265	29,2	5,19
Q7KMM4	BcDNA.GH04962 OS=Drosophila melanogaster GN=GCS2alpha PE=1 SV=1 - [Q7KMM4_DROME]	1,73	1	1	1	1	924	105,7	6,51
Q9Y125	BcDNA.GH08312 OS=Drosophila melanogaster GN=Sap-r PE=1 SV=1 - [Q9Y125_DROME]	13,01	2	4	9	21	953	105,9	4,97
M9PCA6	Beta galactosidase, isoform B OS=Drosophila melanogaster GN=Gal PE=1 SV=1 - [M9PCA6_DROME]	18,81	2	4	10	77	670	75,1	5,06

Q9VGE7	Beta-galactosidase OS=Drosophila melanogaster GN=Ect3 PE=1 SV=1 - [Q9VGE7_DROME]	9,58	1	2	4	12	637	71,9	7,78
Q9VJ86	Bicoid stability factor OS=Drosophila melanogaster GN=bsf PE=1 SV=2 - [Q9VJ86_DROME]	12,75	1	9	11	54	141 2	157,2	7,14
M9PHL6	Bifocal, isoform E OS=Drosophila melanogaster GN=bif PE=1 SV=1 - [M9PHL6_DROME]	2,26	5	1	1	1	110 7	117,3	6,44
P05990	CAD protein OS=Drosophila melanogaster GN=r PE=1 SV=3 - [PYR1_DROME]	1,66	1	1	1	1	222 4	246,5	6,64
A0A0B4LGB7	Calcium-transporting ATPase OS=Drosophila melanogaster GN=SERCA PE=1 SV=1 - [A0A0B4LGB7_DROME]	13,51	3	4	10	57	999	109,3	5,45
P62152	Calmodulin OS=Drosophila melanogaster GN=Cam PE=1 SV=2 - [CALM_DROME]	22,15	1	1	2	2	149	16,8	4,22
P29413	Calreticulin OS=Drosophila melanogaster GN=Crc PE=1 SV=2 - [CALR_DROME]	35,47	1	8	11	68	406	46,8	4,58
Q9VIB5	Carboxylic ester hydrolase OS=Drosophila melanogaster GN=alpha-Est7 PE=1 SV=1 - [Q9VIB5_DROME]	2,27	1	1	1	1	572	65,4	6,49
Q9VDT5	Carboxypeptidase OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG4572 PE=1 SV=1 - [Q9VDT5_DROME]	12,45	1	1	3	6	482	54,4	6,42
Q9VZW7	Carnitine palmitoyltransferase 2 OS=Drosophila melanogaster GN=CPT2 PE=1 SV=1 - [Q9VZW7_DROME]	9,45	1	1	4	5	667	75,1	8,35
P17336	Catalase OS=Drosophila melanogaster GN=Cat PE=1 SV=2 - [CATA_DROME]	39,33	1	7	12	84	506	57,1	8,18
Q7K485	CathD OS=Drosophila melanogaster GN=cathD PE=1 SV=1 - [Q7K485_DROME]	42,09	1	8	10	113	392	42,4	6,32
Q9VY87	Cathepsin B1, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=CtsB1 PE=1 SV=1 - [Q9VY87_DROME]	13,53	1	1	4	5	340	37,4	6,61
O97062	Ccp84Ae OS=Drosophila melanogaster GN=Ccp84Ae PE=2 SV=1 - [O97062_DROME]	9,62	1	1	1	2	208	21,3	7,50
Q9VHX9	CD98 heavy chain, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=CD98hc PE=1 SV=1 - [Q9VHX9_DROME]	6,19	2	1	2	2	565	62,6	5,69
Q9W0R0	Cell division cycle 5, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Cdc5 PE=1 SV=2 - [Q9W0R0_DROME]	1,97	1	1	1	1	814	93,0	8,19
Q9VEK7	Cellular repressor of E1A-stimulated genes, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=CREG PE=1 SV=1 - [Q9VEK7_DROME]	26,07	2	4	5	38	211	24,0	8,25
Q9W3F6	CG1440, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG1440 PE=1 SV=2 - [Q9W3F6_DROME]	7,38	3	1	3	7	488	55,1	6,01
Q7KV27	CG1640, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG1640 PE=1 SV=1 - [Q7KV27_DROME]	13,56	2	2	5	10	568	63,1	8,94
Q9VAJ9	CG1907 OS=Drosophila melanogaster GN=CG 1907 PE=1 SV=1 - [Q9VAJ9_DROME]	12,30	1	1	3	7	317	34,6	9,79
Q9VZ34	CG2076, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG2076 PE=1 SV=1 - [Q9VZ34_DROME]	6,16	1	1	1	1	341	35,8	9,96
Q8I0S9	CG2118, isoform B OS=Drosophila melanogaster GN=mcc PE=1 SV=1 - [Q8I0S9_DROME]	4,57	2	1	2	2	634	69,4	5,52
Q9W3L4	CG2233 OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG2233 PE=1 SV=1 - [Q9W3L4_DROME]	9,66	1	1	2	4	414	46,5	6,38
Q9W3K9	CG2254 OS=Drosophila melanogaster GN=Ldsdh1 PE=1 SV=1 - [Q9W3K9_DROME]	5,00	1	1	1	3	320	35,6	7,43
O46067	CG2918, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=CT9894 PE=1 SV=1 - [O46067_DROME]	3,79	1	1	2	4	923	103,4	5,12
Q9VGF1	CG3397 OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG3397 PE=1 SV=1 - [Q9VGF1_DROME]	9,94	1	1	2	2	342	38,1	6,57
Q8SY77	CG3566, isoform C OS=Drosophila melanogaster GN=BcDNA:RH45308 PE=1 SV=1 - [Q8SY77_DROME]	33,71	3	1	2	2	89	10,0	6,80
Q9W4U2	CG3603, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=BcDNA:RH09070 PE=1 SV=2 - [Q9W4U2_DROME]	16,87	1	2	3	7	249	26,2	7,80
Q7K511	CG3835-RA OS=Drosophila melanogaster GN=D2hgdh PE=1 SV=1 - [Q7K511_DROME]	15,95	1	2	5	12	533	58,3	6,93

Q9VVU1	CG3902 OS=Drosophila melanogaster GN=GH07925p PE=1 SV=1 - [Q9VVU1_DROME]	22,95	1	3	8	44	414	45,3	6,71
Q9VH26	CG3940, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG3940 PE=4 SV=2 - [Q9VH26_DROME]	3,62	1	1	1	10	304	33,9	5,16
Q9W4B7	CG4151, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG4151 PE=2 SV=1 - [Q9W4B7_DROME]	13,74	1	2	2	11	182	20,5	10,13
Q9VL68	CG4598, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG4598 PE=1 SV=2 - [Q9VL68_DROME]	23,49	1	1	4	11	281	31,0	9,23
A8JRB8	CG5028, isoform C OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG5028 PE=1 SV=1 - [A8JRB8_DROME]	22,70	3	4	6	41	392	43,2	6,76
Q7K3E2	CG5080, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=CT16297 PE=1 SV=1 - [Q7K3E2_DROME]	12,82	1	2	4	8	554	61,2	5,62
Q9VGQ1	CG5214 OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG5214 PE=1 SV=1 - [Q9VGQ1_DROME]	16,88	1	4	4	30	468	49,9	9,47
Q9VL01	CG5390, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=SPH PE=1 SV=1 - [Q9VL01_DROME]	16,01	1	1	4	10	406	44,8	5,52
Q9VB10	CG5590 OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG5590 PE=1 SV=1 - [Q9VB10_DROME]	6,55	1	2	3	24	412	44,3	8,02
Q9VG69	CG5844 OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG5844 PE=1 SV=1 - [Q9VG69_DROME]	11,64	1	2	2	8	378	41,6	5,68
Q9VL69	CG5885, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=AI945207 PE=1 SV=1 - [Q9VL69_DROME]	10,00	1	1	2	8	190	21,6	9,57
Q9VM12	CG5958 OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG5958 PE=1 SV=1 - [Q9VM12_DROME]	8,16	1	1	2	15	294	33,9	7,44
Q95SI7	CG6028 OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG6028 PE=1 SV=1 - [Q95SI7_DROME]	22,87	1	2	4	27	293	32,3	6,57
M9PI17	CG6084, isoform D OS=Drosophila melanogaster GN=34F4T PE=1 SV=1 - [M9PI17_DROME]	22,78	4	3	5	20	316	35,9	6,80
Q9VK60	CG6180 OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG6180 PE=1 SV=2 - [Q9VK60_DROME]	16,73	1	1	2	4	257	28,7	8,82
Q9VD58	CG6439, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Idh3b PE=1 SV=1 - [Q9VD58_DROME]	30,81	1	6	9	35	370	40,4	8,54
Q7JXC4	CG6459 protein OS=Drosophila melanogaster GN=P32 PE=1 SV=1 - [Q7JXC4_DROME]	34,22	1	2	6	26	263	29,0	5,08
Q7JR58	CG6543, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=CG6543 PE=1 SV=1 - [Q7JR58_DROME]	33,22	1	4	8	102	295	31,6	8,63
A0A0B4KHX6	CG7029, isoform I OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG7029 PE=4 SV=1 - [A0A0B4KHX6_DROME]	1,26	3	1	1	4	150	165,3	8,34
A1ZBJ2	CG7461, isoform B OS=Drosophila melanogaster GN=CG7461 PE=1 SV=2 - [A1ZBJ2_DROME]	19,78	1	3	8	56	627	68,3	7,77
Q9VVG5	CG7630 OS=Drosophila melanogaster GN=BcDNA:RH19679 PE=1 SV=2 - [Q9VVG5_DROME]	36,67	1	2	2	5	90	9,6	9,70
Q8T0J5	CG7675, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG7675 PE=1 SV=1 - [Q8T0J5_DROME]	13,94	2	1	3	7	287	31,4	9,32
A1Z8L7	CG7763, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=CG7763 PE=4 SV=1 - [A1Z8L7_DROME]	6,95	1	1	1	1	187	21,4	5,27
Q0KHZ6	CG7834, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=CG 7834 PE=1 SV=1 - [Q0KHZ6_DROME]	38,74	1	4	8	63	253	27,2	8,05
Q9VAC1	CG7920, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=BEST:GH02390 PE=1 SV=1 - [Q9VAC1_DROME]	23,90	1	4	6	66	477	51,8	8,12
Q7K127	CG7997, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=CG7997 PE=1 SV=1 - [Q7K127_DROME]	7,19	1	1	2	7	417	47,4	5,41
Q7KSU6	CG8036, isoform D OS=Drosophila melanogaster GN=anon-WO0118547.344 PE=1 SV=1 - [Q7KSU6_DROME]	21,72	2	5	7	40	580	63,0	6,80
Q9VHB8	CG8199 OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG8199 PE=1 SV=1 - [Q9VHB8_DROME]	3,64	1	1	1	1	439	49,7	6,65
Q7K3W2	CG8728 OS=Drosophila melanogaster GN=CG8728-RA PE=1 SV=1 - [Q7K3W2_DROME]	10,97	1	2	4	5	556	61,0	7,12
A1Z934	CG8778 OS=Drosophila melanogaster GN=CG8778 PE=1 SV=1 - [A1Z934_DROME]	19,40	1	1	4	6	299	31,9	8,22
Q9VML5	CG9021, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG9021 PE=1 SV=1 - [Q9VML5_DROME]	9,49	1	1	2	3	316	35,9	6,13
Q7KT11	CG9331, isoform B OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG9331 PE=1 SV=1 - [Q7KT11_DROME]	26,69	3	2	4	9	326	35,7	6,74

Q8MLN4	CG9380, isoform D OS=Drosophila melanogaster GN=CG9380 PE=1 SV=2 - [Q8MLN4_DROME]	2,62	2	1	1	1	840	92,6	6,77
Q9W5W8	CG9577 OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG9577 PE=1 SV=2 - [Q9W5W8_DROME]	44,87	1	5	8	23	312	33,8	7,46
Q8SXQ1	CG9629 OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG9629 PE=1 SV=1 - [Q8SXQ1_DROME]	32,22	1	9	10	44	540	58,3	7,44
Q9VS02	CG9953 OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG9953 PE=1 SV=1 - [Q9VS02_DROME]	3,35	1	1	1	1	508	56,8	6,60
Q23997	Chitinase-like protein CG5210 OS=Drosophila melanogaster GN=CG5210 PE=1 SV=2 - [C5210_DROME]	13,50	1	1	4	12	452	50,3	7,90
Q8MLZ7	Chitinase-like protein Idgf3 OS=Drosophila melanogaster GN=Idgf3 PE=1 SV=3 - [IDGF3_DROME]	3,63	2	1	1	1	441	49,2	7,55
Q9W303	Chitinase-like protein Idgf4 OS=Drosophila melanogaster GN=Idgf4 PE=2 SV=1 - [IDGF4_DROME]	9,73	1	1	3	9	442	48,6	7,83
P22058	Chromosomal protein D1 OS=Drosophila melanogaster GN=D1 PE=1 SV=3 - [CPD1_DROME]	13,24	1	2	3	6	355	37,0	6,64
O97428	Ciboulot, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=cib PE=1 SV=1 - [O97428_DROME]	54,26	1	4	6	63	129	14,4	5,21
O76879	Circadian clock-controlled protein OS=Drosophila melanogaster GN=anon-3B1.2 PE=2 SV=2 - [CCCP_DROME]	10,77	1	1	1	1	260	29,2	7,36
P29742	Clathrin heavy chain OS=Drosophila melanogaster GN=Chc PE=1 SV=1 - [CLH_DROME]	8,46	1	3	10	17	167 8	191,1	5,72
P08120	Collagen alpha-1(IV) chain OS=Drosophila melanogaster GN=Cg25C PE=1 SV=3 - [CO4A1_DROME]	4,72	1	2	4	14	177 9	174,2	8,60
Q9VQG4	Congested-like trachea protein OS=Drosophila melanogaster GN=colt PE=2 SV=1 - [COLT_DROME]	11,76	1	1	2	7	306	32,9	9,51
Q9VN14	Contactin OS=Drosophila melanogaster GN=Cont PE=1 SV=2 - [CONT_DROME]	1,94	1	1	2	3	139 0	158,1	6,79
Q8SZK9	C-type lectin 27kD, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Clect27 PE=1 SV=1 - [Q8SZK9_DROME]	6,49	1	1	1	4	231	26,3	8,16
Q9VZF9	Cuticular protein 64Ad OS=Drosophila melanogaster GN=Cpr64Ad PE=1 SV=2 - [Q9VZF9_DROME]	22,67	1	3	3	9	247	24,3	5,45
A0A0B4JD48	Cysteine proteinase-1, isoform D OS=Drosophila melanogaster GN=Cp1 PE=1 SV=1 - [A0A0B4JD48_DROME]	45,38	3	5	9	86	249	27,0	5,44
A8Y535	Cytochrome b-c1 complex subunit 6 OS=Drosophila melanogaster GN=UQCR-11 PE=1 SV=2 - [A8Y535_DROME]	34,12	1	2	2	8	85	9,9	5,21
Q9VXI6	Cytochrome b-c1 complex subunit 7 OS=Drosophila melanogaster GN=UQCR-14 PE=1 SV=1 - [Q9VXI6_DROME]	19,82	1	1	2	15	111	13,6	8,10
Q9VQ29	Cytochrome b-c1 complex subunit Rieske, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=RFeSP PE=1 SV=3 - [Q9VQ29_DROME]	21,30	1	2	3	25	230	24,9	8,68
P00408	Cytochrome c oxidase subunit 2 OS=Drosophila melanogaster GN=mt:CoII PE=3 SV=1 - [COX2_DROME]	8,77	1	1	1	6	228	26,2	5,10
Q9VIQ8	Cytochrome c oxidase subunit 4, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=COX4 PE=1 SV=1 - [Q9VIQ8_DROME]	28,57	1	3	3	49	182	20,5	8,25
Q94514	Cytochrome c oxidase subunit 5A, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=COX5A PE=2 SV=2 - [COX5A_DROME]	30,87	1	2	5	32	149	16,6	5,68
Q9VMB9	Cytochrome c oxidase subunit 5B, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=COX5B PE=1 SV=1 - [Q9VMB9_DROME]	10,83	1	1	1	35	120	13,6	8,69
Q7JW00	Cytochrome c oxidase subunit 7C, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=COX7C PE=2 SV=1 - [Q7JW00_DROME]	31,82	1	1	1	2	66	7,2	11,47
Q9VRL0	Cytochrome c1, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Cyt-c1 PE=1 SV=1 - [Q9VRL0_DROME]	31,92	1	5	6	78	307	33,7	8,53
P84029	Cytochrome c-2 OS=Drosophila melanogaster GN=Cyt-c-p PE=1 SV=2 - [CYC2_DROME]	40,74	1	2	4	15	108	11,7	9,57

Q9VNX4	Delta-1-Pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase 1, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=P5CDh1 PE=1 SV=1 - [Q9VNX4_DROME]	21,43	1	5	8	26	574	63,6	8,22
Q9VNW6	Delta-1-pyrroline-5-carboxylate synthase OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG7470 PE=1 SV=1 - [Q9VNW6_DROME]	20,49	1	7	10	51	776	84,0	6,73
Q9VED8	Deoxyribonuclease II OS=Drosophila melanogaster GN=DNaseII PE=1 SV=1 - [Q9VED8_DROME]	12,84	1	1	3	7	366	41,3	6,52
Q9VVL7	Dihydrolipoyl dehydrogenase OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG7430 PE=1 SV=1 - [Q9VVL7_DROME]	32,94	1	8	11	82	504	53,1	6,87
Q9VFQ9	Dipeptidase B, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Dip-B PE=1 SV=2 - [Q9VFQ9_DROME]	13,39	1	2	3	12	508	55,5	6,76
Q24317	DNA primase small subunit OS=Drosophila melanogaster GN=DNApol-alpha50 PE=2 SV=2 - [PRI1_DROME]	6,62	1	1	1	3	438	50,2	7,50
P15348	DNA topoisomerase 2 OS=Drosophila melanogaster GN=Top2 PE=1 SV=1 - [TOP2_DROME]	5,67	1	1	5	10	144 7	164,3	8,22
Q24319	Dolichyl-diphosphooligosaccharide--protein glycosyltransferase 48 kDa subunit OS=Drosophila melanogaster GN=Ost48 PE=2 SV=2 - [OST48_DROME]	9,58	1	1	3	5	449	49,9	5,59
Q7JY2	Double parked, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=dup PE=1 SV=1 - [Q7JY2_DROME]	2,56	1	1	1	6	743	83,4	9,76
Q8STG9	DSec61alpha OS=Drosophila melanogaster GN=Sec61alpha PE=1 SV=1 - [Q8STG9_DROME]	4,20	1	1	1	3	476	52,2	8,24
Q9XZ57	Eb1, isoform E OS=Drosophila melanogaster GN=Eb1 PE=1 SV=1 - [Q9XZ57_DROME]	7,59	3	1	1	2	290	32,5	5,34
Q27364	Ecdysone-induced gene 71Eb, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Eig71Eb PE=4 SV=2 - [Q27364_DROME]	34,74	1	1	2	4	95	11,1	9,23
O97418	EG:152A3.7 protein OS=Drosophila melanogaster GN=ND-B14.5A PE=1 SV=1 - [O97418_DROME]	34,95	1	2	2	11	103	11,5	7,34
Q8T6I0	EH domain containing protein OS=Drosophila melanogaster GN=Past1 PE=1 SV=1 - [Q8T6I0_DROME]	14,23	2	1	5	19	534	61,0	6,51
Q7JWF1	Electron transfer flavoprotein-ubiquinone oxidoreductase, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Etf-QO PE=1 SV=1 - [Q7JWF1_DROME]	22,02	1	4	8	26	604	65,9	6,64
P08736	Elongation factor 1-alpha 1 OS=Drosophila melanogaster GN=Ef1alpha48D PE=1 SV=2 - [EF1A1_DROME]	32,61	1	5	8	140	463	50,3	9,07
Q9NJH0	Elongation factor 1-gamma OS=Drosophila melanogaster GN=Ef1gamma PE=2 SV=2 - [EF1G_DROME]	19,95	1	2	5	13	431	48,9	7,05
P13060	Elongation factor 2 OS=Drosophila melanogaster GN=EF2 PE=1 SV=4 - [EF2_DROME]	20,73	1	5	12	54	844	94,4	6,60
A1Z9E3	Elongation factor Tu OS=Drosophila melanogaster GN=mEFTu1 PE=1 SV=1 - [A1Z9E3_DROME]	18,00	1	3	5	27	489	54,0	8,03
Q9V6U9	Enoyl-[acyl-carrier-protein] reductase, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=CG16935 PE=3 SV=2 - [MECR_DROME]	4,76	1	1	1	9	357	39,1	9,11
Q9V3A8	Ergic53, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=ergic53 PE=1 SV=1 - [Q9V3A8_DROME]	8,79	1	1	3	3	512	57,5	6,07
P41374	Eukaryotic translation initiation factor 2 subunit 1 OS=Drosophila melanogaster GN=eIF2alpha PE=2 SV=1 - [IF2A_DROME]	7,04	1	1	2	3	341	38,6	4,94
Q9GU68	Eukaryotic translation initiation factor 5A OS=Drosophila melanogaster GN=eIF-5A PE=2 SV=2 - [IF5A_DROME]	16,35	1	1	3	12	159	17,6	5,15
Q59E30	Failed axon connections, isoform C OS=Drosophila melanogaster GN=fax PE=1 SV=1 - [Q59E30_DROME]	19,52	2	1	6	18	415	46,6	5,25
B7Z0L1	Fasciclin 1, isoform E OS=Drosophila melanogaster GN=Fas1 PE=1 SV=1 - [B7Z0L1_DROME]	9,78	7	1	2	3	624	69,4	6,92
Q8INK2	Fatty acid binding protein, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=fabp PE=1 SV=1 - [Q8INK2_DROME]	31,62	3	2	3	29	117	12,8	6,54
Q9VQL7	Fatty acid synthase 1, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=FASN1 PE=1 SV=1 - [Q9VQL7_DROME]	21,16	2	15	28	83	243 8	266,3	6,37

H1UUD2	Ferritin OS=Drosophila melanogaster GN=Fer1HCH PE=1 SV=1 - [H1UUD2_DROME]	38,46	4	1	4	33	169	19,2	6,11
Q9VA83	Ferritin OS=Drosophila melanogaster GN=Fer2LCH PE=1 SV=1 - [Q9VA83_DROME]	52,86	2	8	10	55	227	25,2	6,34
Q9V9S8	Ferrochelatase, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=FeCh PE=2 SV=1 - [HEMH_DROME]	22,40	2	4	5	23	384	43,6	8,40
Q0E8X8	FI01416p OS=Drosophila melanogaster GN=CG13551 PE=1 SV=1 - [Q0E8X8_DROME]	37,38	1	3	4	16	107	11,9	9,00
O18332	FI01544p OS=Drosophila melanogaster GN=Rab1 PE=1 SV=1 - [O18332_DROME]	22,44	1	1	3	6	205	22,7	5,47
Q9W499	FI02809p OS=Drosophila melanogaster GN=RpL35 PE=1 SV=2 - [Q9W499_DROME]	10,57	1	1	1	5	123	14,4	11,18
Q9V9S0	FI04419p OS=Drosophila melanogaster GN=Lamp1 PE=1 SV=3 - [Q9V9S0_DROME]	5,35	1	1	1	9	318	34,8	6,11
Q9VJ28	FI05204p OS=Drosophila melanogaster GN=L2HGDH PE=1 SV=1 - [Q9VJ28_DROME]	12,75	1	2	4	17	455	50,1	8,59
Q9VN44	FI07923p OS=Drosophila melanogaster GN=Karybeta3 PE=1 SV=1 - [Q9VN44_DROME]	10,41	1	1	5	7	110 5	123,5	4,73
Q9V9X0	FI18240p1 OS=Drosophila melanogaster GN=nyo PE=2 SV=2 - [Q9V9X0_DROME]	3,35	1	1	2	4	805	87,8	5,21
Q9VB46	FI18644p1 OS=Drosophila melanogaster GN=Hmu PE=1 SV=1 - [Q9VB46_DROME]	6,91	1	2	3	16	579	63,4	9,35
A1Z6L9	FI21274p1 OS=Drosophila melanogaster GN=Trap1 PE=1 SV=1 - [A1Z6L9_DROME]	11,00	1	1	6	45	691	77,9	7,59
Q9VJY1	FI21750p1 OS=Drosophila melanogaster GN=FBgn0032522 PE=2 SV=1 - [Q9VJY1_DROME]	7,48	1	1	1	2	254	29,7	6,42
Q9VEN1	Filamin-A OS=Drosophila melanogaster GN=cher PE=1 SV=2 - [FLNA_DROME]	1,40	5	1	2	5	221 0	239,0	6,11
Q8INW9	Fondue, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=fon PE=1 SV=1 - [Q8INW9_DROME]	7,08	3	2	2	5	565	56,6	6,46
P07764	Fructose-bisphosphate aldolase OS=Drosophila melanogaster GN=Ald PE=1 SV=5 - [ALF_DROME]	28,25	3	5	7	37	361	39,0	7,40
Q9VW68	Gamma-aminobutyric acid transaminase, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Gabat PE=1 SV=1 - [Q9VW68_DROME]	8,44	1	1	2	5	486	54,6	8,62
Q9VAI6	General odorant-binding protein 99b OS=Drosophila melanogaster GN=Obp99b PE=2 SV=1 - [OB99B_DROME]	39,60	1	2	4	33	149	17,2	6,60
Q7KLX3	GEO05407p1 OS=Drosophila melanogaster GN=Tapdelta PE=1 SV=1 - [Q7KLX3_DROME]	6,63	1	1	1	7	166	17,6	8,54
Q9VAI9	GEO07291p1 OS=Drosophila melanogaster GN=Obp99c PE=1 SV=1 - [Q9VAI9_DROME]	25,17	1	2	3	27	151	17,0	7,68
Q9W1B9	GEO07602p1 OS=Drosophila melanogaster GN=RpL12 PE=1 SV=1 - [Q9W1B9_DROME]	39,39	1	3	5	34	165	17,7	9,07
Q9VF15	GEO09476p1 OS=Drosophila melanogaster GN=glob1 PE=1 SV=1 - [Q9VF15_DROME]	37,91	2	3	3	22	153	17,1	5,20
Q6NP72	GEO09659p1 OS=Drosophila melanogaster GN=CG13220 PE=1 SV=1 - [Q6NP72_DROME]	22,88	1	1	2	3	153	16,4	9,44
B4ZJA4	GEO11793p1 OS=Drosophila melanogaster GN=Sfp77F PE=2 SV=1 - [B4ZJA4_DROME]	29,27	1	1	1	39	82	9,4	5,38
Q9W3N7	GEO13364p1 OS=Drosophila melanogaster GN=ND-MNLL PE=2 SV=1 - [Q9W3N7_DROME]	33,93	1	1	1	2	56	6,2	9,70
Q9VFF0	GH01077p OS=Drosophila melanogaster GN=UQCR-C1 PE=1 SV=2 - [Q9VFF0_DROME]	39,15	1	11	14	129	470	51,8	6,00
O18333	GH01619p OS=Drosophila melanogaster GN=Rab2 PE=1 SV=1 - [O18333_DROME]	6,57	1	1	1	4	213	23,5	6,39
Q9VPR1	GH02075p OS=Drosophila melanogaster GN=Tspo PE=1 SV=1 - [Q9VPR1_DROME]	21,08	1	1	2	12	185	20,1	9,45
Q7K2W6	GH04080p OS=Drosophila melanogaster GN=PPO1 PE=1 SV=1 - [Q7K2W6_DROME]	40,72	1	10	20	121	690	79,0	6,60
Q9VZF6	GH04863p OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG14997 PE=1 SV=1 - [Q9VZF6_DROME]	8,10	1	1	3	10	457	51,1	9,14
Q9VD14	GH07286p OS=Drosophila melanogaster GN=GH07286p PE=1 SV=3 - [Q9VD14_DROME]	8,69	1	1	3	9	564	61,8	9,13
Q9W1H8	GH13256p OS=Drosophila melanogaster GN=Thiolase PE=1 SV=1 - [Q9W1H8_DROME]	24,31	1	4	8	64	469	50,6	9,14

Q9W5B4	GH18858p OS=Drosophila melanogaster GN=EG:103E12.2 PE=1 SV=1 - [Q9W5B4_DROME]	9,72	1	1	2	5	319	35,0	5,38
Q9VAG2	GH22837p OS=Drosophila melanogaster GN=neo PE=2 SV=1 - [Q9VAG2_DROME]	5,78	1	2	3	4	744	83,0	5,16
Q95RA9	GILT-like protein 1 OS=Drosophila melanogaster GN=GILT1 PE=2 SV=1 - [GILT1_DROME]	30,80	1	1	5	26	250	27,7	7,33
P33438	Glutactin OS=Drosophila melanogaster GN=Glt PE=1 SV=2 - [GLT_DROME]	15,59	1	7	8	21	102 6	118,7	4,77
P54385	Glutamate dehydrogenase, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=Gdh PE=1 SV=2 - [DHE3_DROME]	21,35	2	1	9	60	562	62,5	8,27
P20477	Glutamine synthetase 1, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=Gsl PE=2 SV=3 - [GLNA1_DROME]	35,59	1	7	10	104	399	44,4	6,46
Q7K0B6	Glutathione S transferase T1 OS=Drosophila melanogaster GN=GstT1 PE=1 SV=1 - [Q7K0B6_DROME]	28,95	1	2	7	27	228	26,6	8,97
P41043	Glutathione S-transferase S1 OS=Drosophila melanogaster GN=GstS1 PE=1 SV=2 - [GSTS1_DROME]	23,29	2	3	6	30	249	27,6	4,65
P07486	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 1 OS=Drosophila melanogaster GN=Gapdh1 PE=2 SV=2 - [G3P1_DROME]	18,07	1	1	4	79	332	35,3	8,18
P07487	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 2 OS=Drosophila melanogaster GN=Gapdh2 PE=1 SV=2 - [G3P2_DROME]	26,20	1	2	5	85	332	35,3	8,44
Q7K569	Glycerol-3-phosphate dehydrogenase OS=Drosophila melanogaster GN=Gpo-1 PE=1 SV=1 - [Q7K569_DROME]	25,55	1	6	11	47	724	80,4	7,65
Q9VH09	Glycine cleavage system P protein OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG3999 PE=1 SV=1 - [Q9VH09_DROME]	11,37	1	4	9	24	985	109,6	7,06
Q9XTL9	Glycogen phosphorylase OS=Drosophila melanogaster GN=GlyP PE=2 SV=2 - [PYG_DROME]	1,66	1	1	1	4	844	96,9	6,52
Q9VAY2	Glycoprotein 93 OS=Drosophila melanogaster GN=Gp93 PE=1 SV=1 - [Q9VAY2_DROME]	15,12	1	8	11	61	787	90,2	5,02
Q9VF27	GM02062p OS=Drosophila melanogaster GN=ND-23 PE=1 SV=1 - [Q9VF27_DROME]	29,03	1	3	3	10	217	24,6	5,88
Q9VSR5	GM03767p OS=Drosophila melanogaster GN=mRpL12 PE=1 SV=1 - [Q9VSR5_DROME]	31,87	1	2	3	23	182	19,6	8,75
B7YZH7	GM12693p OS=Drosophila melanogaster GN=CG8446-RD PE=1 SV=1 - [B7YZH7_DROME]	21,43	2	1	1	8	70	7,4	9,70
Q9V3W2	GM23292p OS=Drosophila melanogaster GN=ND-B17 PE=1 SV=1 - [Q9V3W2_DROME]	16,77	1	1	2	10	167	19,0	9,82
A0A0B4LGB0	Gp150, isoform E OS=Drosophila melanogaster GN=Gp150 PE=1 SV=1 - [A0A0B4LGB0_DROME]	2,78	3	1	2	5	104 4	117,3	4,94
A1Z6H7	Gp210 ortholog, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Gp210 PE=1 SV=1 - [A1Z6H7_DROME]	0,91	1	1	1	1	187 6	209,7	6,47
P48604	GrpE protein homolog, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=Roe1 PE=2 SV=2 - [GRPE_DROME]	19,72	1	1	3	13	213	23,9	8,50
Q9VGU6	GTP:AMP phosphotransferase, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=Adk3 PE=1 SV=1 - [Q9VGU6_DROME]	13,89	1	1	2	7	216	24,1	9,32
P26308	Guanine nucleotide-binding protein subunit beta-1 OS=Drosophila melanogaster GN=Gbeta13F PE=1 SV=1 - [GBB1_DROME]	9,41	1	1	3	3	340	37,1	6,44
O18640	Guanine nucleotide-binding protein subunit beta-like protein OS=Drosophila melanogaster GN=Rack1 PE=1 SV=2 - [GBLP_DROME]	18,55	1	2	4	19	318	35,6	7,47
Q6IHY5	HDC00331 OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG34172 PE=1 SV=1 - [Q6IHY5_DROME]	20,97	1	1	1	11	62	6,5	9,55
P11146	Heat shock 70 kDa protein cognate 2 OS=Drosophila melanogaster GN=Hsc70-2 PE=1 SV=2 - [HSP7B_DROME]	8,53	1	1	4	35	633	69,7	7,18
P29844	Heat shock 70 kDa protein cognate 3 OS=Drosophila melanogaster GN=Hsc70-3 PE=2 SV=2 - [HSP7C_DROME]	37,96	1	11	19	229	656	72,2	5,36

P11147	Heat shock 70 kDa protein cognate 4 OS=Drosophila melanogaster GN=Hsc70-4 PE=1 SV=3 - [HSP7D_DROME]	37,17	5	8	18	198	651	71,1	5,52
P29845	Heat shock 70 kDa protein cognate 5 OS=Drosophila melanogaster GN=Hsc70-5 PE=1 SV=2 - [HSP7E_DROME]	24,64	1	7	13	119	686	74,0	6,35
P02515	Heat shock protein 22 OS=Drosophila melanogaster GN=Hsp22 PE=1 SV=4 - [HSP22_DROME]	42,53	1	3	5	18	174	19,8	5,27
P02516	Heat shock protein 23 OS=Drosophila melanogaster GN=Hsp23 PE=2 SV=2 - [HSP23_DROME]	58,06	1	8	10	105	186	20,6	5,85
P02518	Heat shock protein 27 OS=Drosophila melanogaster GN=Hsp27 PE=1 SV=2 - [HSP27_DROME]	33,80	1	3	5	20	213	23,6	7,44
P02828	Heat shock protein 83 OS=Drosophila melanogaster GN=Hsp83 PE=1 SV=1 - [HSP83_DROME]	20,08	1	4	13	75	717	81,8	5,02
M9PCE5	Hemolentin, isoform B OS=Drosophila melanogaster GN=Hml PE=1 SV=1 - [M9PCE5_DROME]	0,81	2	2	2	4	384 2	425,9	5,91
P48809	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein 27C OS=Drosophila melanogaster GN=Hrb27C PE=1 SV=2 - [RB27C_DROME]	9,26	1	1	2	5	421	44,7	6,80
P84051	Histone H2A OS=Drosophila melanogaster GN=His2A PE=1 SV=2 - [H2A_DROME]	37,10	2	3	4	36	124	13,4	10,73
P08985	Histone H2A.v OS=Drosophila melanogaster GN=His2Av PE=1 SV=2 - [H2AV_DROME]	34,04	1	1	3	11	141	15,0	10,24
P02283	Histone H2B OS=Drosophila melanogaster GN=His2B PE=1 SV=2 - [H2B_DROME]	30,08	1	1	4	7	123	13,7	10,35
P02299	Histone H3 OS=Drosophila melanogaster GN=His3 PE=1 SV=4 - [H3_DROME]	38,24	1	1	3	11	136	15,4	11,27
P84249	Histone H3.3 OS=Drosophila melanogaster GN=His3.3A PE=1 SV=2 - [H33_DROME]	38,24	1	1	3	15	136	15,3	11,27
P84040	Histone H4 OS=Drosophila melanogaster GN=His4 PE=1 SV=2 - [H4_DROME]	21,36	1	2	2	52	103	11,4	11,36
Q9V3Z9	HL02234p OS=Drosophila melanogaster GN=BG:DS00180.3 PE=2 SV=1 - [Q9V3Z9_DROME]	15,52	1	1	3	10	277	29,7	9,20
Q9VL70	HL08109p OS=Drosophila melanogaster GN=yip2 PE=1 SV=1 - [Q9VL70_DROME]	65,83	1	13	16	117	398	41,6	8,51
Q9VEB1	IP09655p OS=Drosophila melanogaster GN=Mdh2 PE=1 SV=1 - [Q9VEB1_DROME]	58,04	1	12	16	181	336	35,3	9,11
Q9W4C1	IP13321p OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG15784 PE=1 SV=1 - [Q9W4C1_DROME]	4,51	1	1	1	1	554	62,3	10,33
Q9W0H8	IP16409p OS=Drosophila melanogaster GN=scf PE=1 SV=2 - [Q9W0H8_DROME]	8,21	2	1	2	3	329	38,0	4,69
Q9VLT7	IP17351p OS=Drosophila melanogaster GN=RpL36A PE=1 SV=2 - [Q9VLT7_DROME]	12,50	1	1	1	1	104	12,5	10,80
Q7KUB0	Isocitrate dehydrogenase [NADP] OS=Drosophila melanogaster GN=Idh PE=1 SV=1 - [Q7KUB0_DROME]	28,85	5	7	8	27	416	46,6	6,74
P06754-3	Isoform 9A of Tropomyosin-1, isoforms 9A/A/B OS=Drosophila melanogaster GN=Tm1 - [TPM1_DROME]	32,04	8	5	10	48	284	32,6	4,81
Q26365-2	Isoform A of ADP,ATP carrier protein OS=Drosophila melanogaster GN=sesB - [ADT_DROME]	56,86	2	6	13	114	299	32,9	9,77
O96553-2	Isoform A of C-1-tetrahydrofolate synthase, cytoplasmic OS=Drosophila melanogaster GN=pug - [C1TC_DROME]	6,32	3	1	3	3	934	99,6	7,52
P15007-2	Isoform A of Enolase OS=Drosophila melanogaster GN=Eno - [ENO_DROME]	34,18	2	7	9	57	433	46,6	6,55
Q7KUT2-2	Isoform A of Lon protease homolog, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=Lon - [LONM_DROME]	6,46	2	1	3	3	100 6	112,8	7,30
Q9VWH4-2	Isoform A of Probable isocitrate dehydrogenase [NAD] subunit alpha, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=I(1)G0156 - [IDH3A_DROME]	38,70	2	7	11	98	354	38,6	7,36
Q7KW39-2	Isoform A of Probable methylmalonate-semialdehyde dehydrogenase [acylating], mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=CG17896 - [MMSA_DROME]	17,22	2	4	6	33	511	55,0	8,35
P91938-2	Isoform A of Thioredoxin reductase 1, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=Trxr-1 - [TRXR1_DROME]	6,52	4	1	2	6	491	53,2	6,33

Q04691-2	Isoform B of Fat-body protein 1 OS=Drosophila melanogaster GN=Fbp1 - [FBP1_DROME]	45,64	3	25	38	259	997	116,2	6,29
E1JH25-2	Isoform B of Protein telomere ends associated OS=Drosophila melanogaster GN=tea - [TEA_DROME]	0,89	3	1	1	2	169 1	190,8	6,33
Q9VN93-2	Isoform B of Putative cysteine proteinase CG12163 OS=Drosophila melanogaster GN=CG12163 - [CPR1_DROME]	7,37	2	1	2	4	475	53,5	8,05
O62619-2	Isoform B of Pyruvate kinase OS=Drosophila melanogaster GN=PyK - [KPYK_DROME]	17,77	2	2	5	8	512	55,0	7,85
P92177-4	Isoform C of 14-3-3 protein epsilon OS=Drosophila melanogaster GN=14-3-3epsilon - [1433E_DROME]	21,09	4	1	4	6	256	29,2	4,84
P54385-2	Isoform C of Glutamate dehydrogenase, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=Gdh - [DHE3_DROME]	22,40	2	1	9	59	549	61,0	8,40
Q6NNF2-3	Isoform C of High affinity cAMP-specific and IBMX-insensitive 3',5'-cyclic phosphodiesterase 8 OS=Drosophila melanogaster GN=Pde8 - [PDE8_DROME]	4,00	7	1	1	20	400	45,7	5,59
Q9VXG4-3	Isoform D of Annexin B11 OS=Drosophila melanogaster GN=AnxB11 - [ANX11_DROME]	5,08	3	1	1	2	295	33,4	6,33
P19109-3	Isoform D of ATP-dependent RNA helicase p62 OS=Drosophila melanogaster GN=Rm62 - [DDX17_DROME]	8,35	4	1	3	4	575	62,4	9,57
P05661-17	Isoform D of Myosin heavy chain, muscle OS=Drosophila melanogaster GN=Mhc - [MYSA_DROME]	42,81	33	53	84	644	196 2	224,4	6,16
Q02645-4	Isoform D of Protein hu-li tai shao OS=Drosophila melanogaster GN=hts - [HTS_DROME]	11,08	6	2	4	10	668	73,6	6,18
Q7KN62-2	Isoform D of Transitional endoplasmic reticulum ATPase TER94 OS=Drosophila melanogaster GN=TER94 - [TERA_DROME]	10,67	4	3	5	19	759	84,2	5,35
P18091-2	Isoform Non-muscle of Alpha-actinin, sarcomeric OS=Drosophila melanogaster GN=Actn - [ACTN_DROME]	7,96	6	3	5	10	892	103,4	5,69
Q24372	Lachesin OS=Drosophila melanogaster GN=Lac PE=1 SV=2 - [LACH_DROME]	13,93	1	1	3	6	359	39,9	5,45
P08928	Lamin Dm0 OS=Drosophila melanogaster GN=Lam PE=1 SV=4 - [LAM0_DROME]	31,83	1	10	17	119	622	71,3	6,47
Q03427	Lamin-C OS=Drosophila melanogaster GN=LamC PE=1 SV=2 - [LAMC_DROME]	13,69	2	3	7	12	621	69,8	6,84
Q00174	Laminin subunit alpha OS=Drosophila melanogaster GN=LanA PE=1 SV=2 - [LAMA_DROME]	3,88	1	4	10	21	371 2	410,9	5,22
P11046	Laminin subunit beta-1 OS=Drosophila melanogaster GN=LanB1 PE=1 SV=4 - [LAMB1_DROME]	2,01	1	1	2	3	178 8	198,2	5,33
P15215	Laminin subunit gamma-1 OS=Drosophila melanogaster GN=LanB2 PE=2 SV=2 - [LAMC1_DROME]	5,55	1	2	5	16	163 9	182,2	5,38
P92201	Larval cuticle protein 8 OS=Drosophila melanogaster GN=Lcp65Ag1 PE=1 SV=1 - [LCP8_DROME]	16,19	2	1	1	1	105	11,2	4,30
P11995	Larval serum protein 1 alpha chain OS=Drosophila melanogaster GN=Lsp1alpha PE=2 SV=3 - [LSP1A_DROME]	4,66	1	1	3	8	816	98,8	6,14
P11996	Larval serum protein 1 beta chain OS=Drosophila melanogaster GN=Lsp1beta PE=2 SV=3 - [LSP1B_DROME]	6,59	1	2	4	15	789	95,8	5,64
P11997	Larval serum protein 1 gamma chain OS=Drosophila melanogaster GN=Lsp1gamma PE=2 SV=2 - [LSP1G_DROME]	16,71	1	4	9	31	772	93,3	5,44
Q24388	Larval serum protein 2 OS=Drosophila melanogaster GN=Lsp2 PE=2 SV=2 - [LSP2_DROME]	19,12	1	5	9	56	701	83,3	6,35
A1Z892	LD11278p OS=Drosophila melanogaster GN=Prx2540-1 PE=2 SV=1 - [A1Z892_DROME]	12,27	3	1	2	3	220	24,8	6,43
Q9VXM4	LD12946p OS=Drosophila melanogaster GN=MSBP PE=1 SV=1 - [Q9VXM4_DROME]	5,65	1	1	1	6	248	27,9	4,74
Q9W0S7	LD20211p OS=Drosophila melanogaster GN=Tudor-SN PE=1 SV=1 - [Q9W0S7_DROME]	11,88	1	5	6	19	926	103,0	8,05

Q9W3N9	LD24105p OS=Drosophila melanogaster GN=154229_at PE=1 SV=1 - [Q9W3N9_DROME]	20,73	1	2	5	41	410	43,4	8,68
Q9VZU4	LD25561p OS=Drosophila melanogaster GN=ND-30 PE=1 SV=1 - [Q9VZU4_DROME]	37,36	1	5	8	34	265	30,0	7,84
Q9W335	LD26546p OS=Drosophila melanogaster GN=l(1)G0320 PE=1 SV=1 - [Q9W335_DROME]	4,97	1	1	1	7	302	33,0	4,84
Q9VN21	LD30155p OS=Drosophila melanogaster GN=lost PE=1 SV=1 - [Q9VN21_DROME]	2,94	1	1	1	4	545	59,7	9,06
Q9V3D0	LD33485p OS=Drosophila melanogaster GN=mRpL4 PE=1 SV=1 - [Q9V3D0_DROME]	5,74	1	1	1	2	296	32,8	9,22
Q95RF6	LD34461p OS=Drosophila melanogaster GN=Tom20 PE=1 SV=1 - [Q95RF6_DROME]	21,05	1	1	2	4	171	18,8	7,24
Q9VWG1	LD37169p OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG14207 PE=1 SV=1 - [Q9VWG1_DROME]	29,51	2	1	3	17	183	20,8	5,94
Q7K3B7	LD40177p OS=Drosophila melanogaster GN=CG11208 PE=1 SV=1 - [Q7K3B7_DROME]	10,39	1	1	3	4	568	62,2	7,47
Q9VDL2	LD40493p OS=Drosophila melanogaster GN=TFAM PE=1 SV=1 - [Q9VDL2_DROME]	5,06	2	1	1	9	257	29,9	9,99
Q9V3Y4	LD43650p OS=Drosophila melanogaster GN=Mtch PE=1 SV=1 - [Q9V3Y4_DROME]	19,30	1	3	4	30	316	35,0	9,06
Q960M4	LD45324p OS=Drosophila melanogaster GN=Prx5 PE=1 SV=1 - [Q960M4_DROME]	36,32	1	3	4	32	190	19,9	8,68
Q0E924	LD46344p OS=Drosophila melanogaster GN=Phb2 PE=1 SV=2 - [Q0E924_DROME]	37,46	3	3	8	35	299	33,0	9,54
Q9V4E0	LD47962p OS=Drosophila melanogaster GN=ND-49 PE=1 SV=2 - [Q9V4E0_DROME]	19,87	1	2	6	18	468	52,9	6,67
Q8T9B6	LDLR chaperone boca OS=Drosophila melanogaster GN=boca PE=1 SV=2 - [MESD_DROME]	14,44	1	1	1	1	180	21,0	4,91
A4V0U4	Leukotriene A(4) hydrolase OS=Drosophila melanogaster GN=mRpL13 PE=1 SV=1 - [A4V0U4_DROME]	2,77	2	1	1	5	613	68,4	5,50
Q9W1N3	Levy, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=levy PE=1 SV=1 - [Q9W1N3_DROME]	23,85	1	1	2	15	109	12,5	9,70
Q9W0H3	Lipid droplet-associated hydrolase OS=Drosophila melanogaster GN=CG9186 PE=2 SV=1 - [LDAH_DROME]	3,58	1	1	1	2	307	35,7	6,80
Q8IRQ5	LP02262p OS=Drosophila melanogaster GN=l(1)G0255 PE=1 SV=1 - [Q8IRQ5_DROME]	15,20	2	5	6	36	467	50,4	7,53
Q9VB86	LP07342p OS=Drosophila melanogaster GN=TwlT PE=2 SV=1 - [Q9VB86_DROME]	5,24	1	1	1	3	286	27,0	9,03
Q5U124	LP11544p OS=Drosophila melanogaster GN=Mal-A5 PE=1 SV=1 - [Q5U124_DROME]	14,29	3	3	6	11	630	72,3	5,81
Q5BI62	LP14331p OS=Drosophila melanogaster GN=Mdr50 PE=1 SV=1 - [Q5BI62_DROME]	1,14	1	1	1	1	131 3	145,2	7,12
Q4QQB9	LP21121p OS=Drosophila melanogaster GN=CG15098 PE=1 SV=1 - [Q4QQB9_DROME]	11,83	1	1	1	1	186	20,6	9,26
Q9VLX0	Lysine ketoglutarate reductase/saccharopine dehydrogenase, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=LKRS DH PE=1 SV=2 - [Q9VLX0_DROME]	3,88	1	1	2	4	928	103,1	6,79
Q2QBM1	Malic enzyme OS=Drosophila melanogaster GN=Men PE=1 SV=1 - [Q2QBM1_DROME]	5,36	3	1	2	5	578	63,9	6,48
P91928	MICOS complex subunit Mic60 OS=Drosophila melanogaster GN=Mitofilin PE=1 SV=4 - [MIC60_DROME]	14,75	2	3	6	17	739	82,0	8,94
Q9VEY5	MICOS complex subunit OS=Drosophila melanogaster GN=anon-EST:Posey87 PE=1 SV=1 - [Q9VEY5_DROME]	21,24	1	2	2	5	226	24,5	8,78
Q7KTK9	Midline uncoordinated, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=muc PE=1 SV=1 - [Q7KTK9_DROME]	3,09	5	2	2	14	421	44,1	8,82
Q0E8E8	MIP08013p1 OS=Drosophila melanogaster GN=Mpcp2 PE=1 SV=1 - [Q0E8E8_DROME]	23,31	1	3	5	20	356	38,8	8,88
C9QP70	MIP12608p OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG43402 PE=2 SV=1 - [C9QP70_DROME]	9,76	1	1	1	1	164	19,1	5,16
D3DMM4	MIP15217p OS=Drosophila melanogaster GN=mfas PE=1 SV=1 - [D3DMM4_DROME]	2,01	7	1	1	4	796	88,4	5,66

Q9Y1A3	Mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim8 OS=Drosophila melanogaster GN=Tim8 PE=3 SV=1 - [TIM8_DROME]	29,55	1	1	2	10	88	10,1	5,16
Q9VNC1	Mitochondrial ribosomal protein L44 OS=Drosophila melanogaster GN=mRpL44 PE=1 SV=1 - [Q9VNC1_DROME]	16,20	1	1	3	7	321	36,2	8,25
Q9VQ35	Mitochondrial ribosomal protein L48, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=mRpL48 PE=1 SV=1 - [Q9VQ35_DROME]	9,39	1	1	1	3	181	20,9	5,47
Q8IP62	Mitochondrial ribosomal protein S23 OS=Drosophila melanogaster GN=mRpS23 PE=1 SV=1 - [Q8IP62_DROME]	14,81	1	1	2	4	189	21,5	5,73
Q8IPE8	Mitochondrial trifunctional protein alpha subunit, isoform B OS=Drosophila melanogaster GN=Mtpalpha PE=1 SV=1 - [Q8IPE8_DROME]	36,69	2	12	19	138	744	79,6	8,85
Q9V9X1	Morpheus, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=mey PE=4 SV=3 - [Q9V9X1_DROME]	1,94	1	1	1	3	774	83,8	5,17
A0A0B4K G65	Myofilin, isoform O OS=Drosophila melanogaster GN=Mf PE=1 SV=1 - [A0A0B4KG65_DROME]	23,87	5	3	5	14	310	36,0	9,82
P06742	Myosin light chain alkali OS=Drosophila melanogaster GN=Mlc1 PE=1 SV=4 - [MLC1_DROME]	17,42	2	3	3	52	155	17,5	4,39
P18432	Myosin regulatory light chain 2 OS=Drosophila melanogaster GN=Mlc2 PE=1 SV=2 - [MLR_DROME]	36,49	1	2	5	21	222	23,7	4,81
P54357	Myosin-2 essential light chain OS=Drosophila melanogaster GN=Mlc-c PE=1 SV=1 - [MLC2_DROME]	26,53	2	2	3	16	147	16,6	4,59
Q9VTB4	NADH dehydrogenase (Ubiquinone) 13 kDa B subunit OS=Drosophila melanogaster GN=ND-13B PE=1 SV=2 - [Q9VTB4_DROME]	37,10	1	2	2	14	124	13,8	9,39
Q9VWI0	NADH dehydrogenase (Ubiquinone) 18 kDa subunit OS=Drosophila melanogaster GN=ND-18 PE=1 SV=2 - [Q9VWI0_DROME]	18,03	1	2	2	24	183	20,7	9,80
Q9VX36	NADH dehydrogenase (Ubiquinone) 24 kDa subunit, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=ND-24 PE=1 SV=1 - [Q9VX36_DROME]	7,44	1	1	1	5	242	26,8	6,90
Q9VPE2	NADH dehydrogenase (Ubiquinone) 39 kDa subunit, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=ND-39 PE=1 SV=1 - [Q9VPE2_DROME]	25,72	1	3	6	29	416	46,8	9,39
Q6IDF5	NADH dehydrogenase (Ubiquinone) B15 subunit OS=Drosophila melanogaster GN=ND-B15 PE=1 SV=1 - [Q6IDF5_DROME]	30,09	1	2	2	4	113	13,1	9,82
Q9W402	NADH dehydrogenase (Ubiquinone) B16.6 subunit, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=ND-B16.6 PE=1 SV=1 - [Q9W402_DROME]	28,57	1	3	3	40	154	17,7	9,39
Q9VTU2	NADH dehydrogenase (Ubiquinone) SGD subunit, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=ND-SGDH PE=1 SV=1 - [Q9VTU2_DROME]	20,43	1	2	3	12	186	22,0	8,51
P91929	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha subcomplex subunit 10, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=ND-42 PE=2 SV=2 - [NDUAA_DROME]	17,94	1	2	5	24	407	46,9	6,80
Q9W125	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha subcomplex subunit 8 OS=Drosophila melanogaster GN=ND-19 PE=1 SV=1 - [Q9W125_DROME]	26,29	1	1	3	22	175	19,8	6,87
Q9VQM2	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 subunit C2 OS=Drosophila melanogaster GN=ND-B14.5B PE=1 SV=1 - [Q9VQM2_DROME]	12,07	1	1	2	17	116	12,9	8,72
Q9VMI3	NADH dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein 1, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=ND-51 PE=1 SV=1 - [Q9VMI3_DROME]	26,79	1	4	6	11	474	51,8	8,47
Q94511	NADH-ubiquinone oxidoreductase 75 kDa subunit, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=ND-75 PE=2 SV=3 - [NDUS1_DROME]	25,44	1	7	11	50	731	78,6	6,84
Q9VVC5	Neural conserved at 73EF, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Nc73EF PE=1 SV=2 - [Q9VVC5_DROME]	20,44	3	6	14	52	100 8	112,5	6,89
Q9VU58	Neuropeptide-like 2 OS=Drosophila melanogaster GN=Nplp2 PE=1 SV=1 - [NPLP2_DROME]	40,70	2	1	3	19	86	9,4	5,40
Q9VJU4	Nimrod C2, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=NimC2 PE=4 SV=2 - [Q9VJU4_DROME]	6,17	2	1	3	6	648	69,4	6,24

A0A0B4K7G9	Nucleosome remodeling factor-38kD, isoform C OS=Drosophila melanogaster GN=Nurf-38 PE=1 SV=1 - [A0A0B4K7G9_DROME]	10,00	3	1	2	3	290	32,5	5,86
Q9VW26	Ornithine aminotransferase, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=Oat PE=2 SV=1 - [OAT_DROME]	4,18	1	1	1	2	431	47,3	7,05
P35415	Paramyosin, long form OS=Drosophila melanogaster GN=Prm PE=1 SV=1 - [MYSP1_DROME]	21,96	1	3	14	28	879	102,3	5,58
Q9W227	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase OS=Drosophila melanogaster GN=CG2852 PE=1 SV=1 - [Q9W227_DROME]	34,15	1	3	5	46	205	22,2	8,75
P25007	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase OS=Drosophila melanogaster GN=Cyp1 PE=1 SV=2 - [PPIA_DROME]	13,22	1	2	2	18	227	24,7	9,22
Q9VGK3	Peptidylprolyl isomerase OS=Drosophila melanogaster GN=BcDNA:GM09283 PE=1 SV=1 - [Q9VGK3_DROME]	10,87	1	1	1	6	138	14,8	8,59
Q9V3P0	Peroxiredoxin 1 OS=Drosophila melanogaster GN=Jafrac1 PE=1 SV=1 - [PRDX1_DROME]	12,89	1	1	2	3	194	21,7	5,71
Q9VEJ0	Peroxiredoxin 3 OS=Drosophila melanogaster GN=Prx3 PE=1 SV=2 - [Q9VEJ0_DROME]	41,45	1	3	7	30	234	26,4	7,49
Q9VXJ0	Peroxisomal multifunctional enzyme type 2 OS=Drosophila melanogaster GN=Mfe2 PE=1 SV=1 - [DHB4_DROME]	21,24	1	3	9	25	598	64,0	6,57
Q9V521	Phenoloxidase 2 OS=Drosophila melanogaster GN=PPO2 PE=1 SV=1 - [PPO2_DROME]	7,75	1	1	4	8	684	79,2	6,98
Q9VZ49	Poly(U)-specific endoribonuclease homolog OS=Drosophila melanogaster GN=CG2145 PE=2 SV=1 - [ENDOU_DROME]	5,74	1	2	2	5	592	63,6	8,88
P21187	Polyadenylate-binding protein OS=Drosophila melanogaster GN=pAbp PE=1 SV=3 - [PABP_DROME]	4,57	1	1	2	7	634	69,9	9,31
Q9VA02	Probable 2-oxoglutarate dehydrogenase E1 component DHKTD1 homolog, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=CG1544 PE=2 SV=2 - [DHTK1_DROME]	3,92	1	1	2	3	919	103,6	6,54
Q9V8M5	Probable 3-hydroxyisobutyrate dehydrogenase, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=CG15093 PE=2 SV=2 - [3HIDH_DROME]	21,60	1	2	4	26	324	33,9	8,13
Q9W401	Probable citrate synthase, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=kdn PE=2 SV=1 - [CISY_DROME]	37,28	2	7	12	194	464	51,5	8,81
Q9V419	Probable cytochrome P450 28a5 OS=Drosophila melanogaster GN=Cyp28a5 PE=2 SV=1 - [C28A5_DROME]	2,57	1	1	1	7	505	57,7	8,22
O96827	Probable elongation factor 1-beta OS=Drosophila melanogaster GN=eEF1beta PE=1 SV=3 - [EF1B_DROME]	13,51	1	2	2	4	222	24,2	4,58
Q9VSA3	Probable medium-chain specific acyl-CoA dehydrogenase, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=CG12262 PE=2 SV=1 - [ACADM_DROME]	28,64	1	6	8	83	419	45,8	7,94
Q9V9A7	Probable methylcrotonoyl-CoA carboxylase beta chain, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=(2)04524 PE=2 SV=1 - [MCCB_DROME]	2,77	1	1	1	1	578	62,6	7,49
P25843	Profilin OS=Drosophila melanogaster GN=chic PE=1 SV=1 - [PROF_DROME]	37,30	1	2	2	7	126	13,7	5,41
Q3YMU0	Protein disulfide-isomerase (Fragment) OS=Drosophila melanogaster GN=ERp60 PE=1 SV=1 - [Q3YMU0_DROME]	40,08	1	6	14	77	489	55,3	5,87
P54399	Protein disulfide-isomerase OS=Drosophila melanogaster GN=Pdi PE=2 SV=1 - [PDI_DROME]	66,13	1	19	29	264	496	55,7	4,82
P24156	Protein I(2)37Cc OS=Drosophila melanogaster GN=I(2)37Cc PE=2 SV=2 - [L2CC_DROME]	54,71	1	8	11	139	276	30,4	5,73
Q9VXK0	Protein NipSnap OS=Drosophila melanogaster GN=Nipsnap PE=2 SV=2 - [NIPSN_DROME]	5,86	1	1	1	11	273	31,9	9,17
Q9VQ62	Protein NPC2 homolog OS=Drosophila melanogaster GN=Npc2a PE=2 SV=1 - [NPC2_DROME]	12,84	1	1	1	4	148	16,0	5,31
P40797	Protein peanut OS=Drosophila melanogaster GN=pnut PE=1 SV=2 - [PNUT_DROME]	2,97	1	1	1	1	539	60,1	8,75
A1Z9A8	Protein PTCD3 homolog, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=CG4679 PE=2 SV=1 - [PTCD3_DROME]	3,22	1	1	1	1	652	74,2	5,92

Q7JXF7	Protein seele OS=Drosophila melanogaster GN=sel PE=1 SV=1 - [SEELE_DROME]	17,46	1	2	3	8	189	21,3	4,70
Q9VXN2	Protein stunted OS=Drosophila melanogaster GN=sun PE=1 SV=1 - [SUN_DROME]	44,26	2	1	2	14	61	6,8	10,59
Q9W141	Putative ATP synthase subunit f, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=CG4692 PE=3 SV=1 - [ATPK_DROME]	29,91	2	1	5	9	107	12,5	10,10
Q8IN96	Pyrroline-5-carboxylate reductase-like 2, isoform B OS=Drosophila melanogaster GN=P5cr-2 PE=1 SV=1 - [Q8IN96_DROME]	16,09	3	2	2	9	174	18,0	7,31
Q7KN97	Pyruvate carboxylase OS=Drosophila melanogaster GN=PCB PE=1 SV=1 - [Q7KN97_DROME]	27,94	2	15	23	127	118 1	130,8	6,81
Q7YU05	Pyruvate dehydrogenase E1 component subunit alpha OS=Drosophila melanogaster GN=I(1)G0334 PE=1 SV=1 - [Q7YU05_DROME]	17,07	3	2	4	25	328	35,9	6,54
Q7K5K3	Pyruvate dehydrogenase E1 component subunit beta OS=Drosophila melanogaster GN=CG 11876 PE=1 SV=1 - [Q7K5K3_DROME]	36,16	1	6	10	61	365	39,3	7,80
Q9VNF3	RE01652p OS=Drosophila melanogaster GN=anon-WO0118547.83 PE=1 SV=1 - [Q9VNF3_DROME]	10,89	1	1	2	4	257	26,9	7,50
Q7JXB5	RE12569p OS=Drosophila melanogaster GN=CG10924 PE=1 SV=1 - [Q7JXB5_DROME]	32,92	2	8	13	48	638	70,6	7,56
Q8MS37	RE15579p OS=Drosophila melanogaster GN=tyn PE=2 SV=1 - [Q8MS37_DROME]	15,80	1	6	7	36	715	80,6	5,91
Q9VJ19	RE25263p OS=Drosophila melanogaster GN=RpL30 PE=1 SV=1 - [Q9VJ19_DROME]	25,23	1	2	2	17	111	12,2	9,58
Q9VC18	RE29555p OS=Drosophila melanogaster GN=atic PE=1 SV=1 - [Q9VC18_DROME]	21,86	1	4	8	22	590	63,3	7,87
Q9V9M7	RE62581p OS=Drosophila melanogaster GN=RpL21 PE=1 SV=1 - [Q9V9M7_DROME]	10,69	1	1	1	3	159	18,5	10,55
Q9VE24	RE63280p OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG14291 PE=1 SV=1 - [Q9VE24_DROME]	8,40	1	1	3	8	524	59,9	7,08
Q9VYR1	Regucalcin homologue OS=Drosophila melanogaster GN=regucalcin PE=1 SV=1 - [Q9VYR1_DROME]	59,08	2	12	14	161	303	33,6	6,40
Q9W414	Regulatory particle triple-A ATPase 4 OS=Drosophila melanogaster GN=Rpt4 PE=1 SV=3 - [Q9W414_DROME]	3,78	1	1	1	1	397	44,9	8,07
Q9VMV9	Reticulon-like protein OS=Drosophila melanogaster GN=Rtnl1 PE=1 SV=2 - [Q9VMV9_DROME]	8,07	2	1	3	10	595	63,9	4,83
Q9VU35	RH34413p OS=Drosophila melanogaster GN=anon-WO0118547.175 PE=1 SV=1 - [Q9VU35_DROME]	35,92	1	2	3	39	103	11,0	9,09
Q9VKM8	RH51633p OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG33129 PE=1 SV=1 - [Q9VKM8_DROME]	24,05	2	3	4	29	237	25,8	9,74
Q94915	Rhythmically expressed gene 2 protein OS=Drosophila melanogaster GN=Reg-2 PE=2 SV=1 - [REG2_DROME]	42,69	1	3	7	15	260	30,1	7,78
P02840	Salivary glue protein Sgs-3 OS=Drosophila melanogaster GN=Sgs3 PE=2 SV=1 - [SGS3_DROME]	3,91	1	1	1	18	307	32,2	9,89
P07701	Salivary glue protein Sgs-5 OS=Drosophila melanogaster GN=Sgs5 PE=2 SV=1 - [SGS5_DROME]	14,72	1	2	2	29	163	18,8	7,72
P02841	Salivary glue protein Sgs-7 OS=Drosophila melanogaster GN=Sgs7 PE=2 SV=1 - [SGS7_DROME]	27,03	1	1	1	28	74	7,9	7,83
A1ZAZ2	Sarcosine dehydrogenase OS=Drosophila melanogaster GN=Sardh PE=1 SV=1 - [A1ZAZ2_DROME]	6,15	1	2	3	7	894	99,0	7,02
Q9VZL3	Sc2 OS=Drosophila melanogaster GN=Sc2 PE=1 SV=1 - [Q9VZL3_DROME]	4,64	1	1	1	1	302	34,2	9,61
Q9VNF8	Secretory 23, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Sec23 PE=1 SV=2 - [Q9VNF8_DROME]	4,92	3	1	2	2	773	86,7	6,79
O18373	Selenide, water dikinase OS=Drosophila melanogaster GN=SeID PE=2 SV=1 - [SPS1_DROME]	6,78	1	1	2	6	398	43,4	6,93
B7Z0X1	Serine hydroxymethyltransferase OS=Drosophila melanogaster GN=Shmt PE=1 SV=1 - [B7Z0X1_DROME]	25,91	2	5	8	39	467	51,0	7,72
Q9VN13	Sideroflexin OS=Drosophila melanogaster GN=Sfxn1-3 PE=1 SV=1 - [Q9VN13_DROME]	11,21	1	1	3	5	321	35,7	9,41
P54622	Single-stranded DNA-binding protein, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=mtSSB PE=1 SV=2 - [SSBP_DROME]	19,18	1	1	2	2	146	16,4	9,85

E1JIR4	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit alpha OS=Drosophila melanogaster GN=Atpalpha PE=1 SV=1 - [E1JIR4_DROME]	13,77	8	5	10	36	100 2	111,1	5,49
P13395	Spectrin alpha chain OS=Drosophila melanogaster GN=alpha-Spec PE=1 SV=2 - [SPTCA_DROME]	6,75	4	5	12	23	241 5	278,1	5,20
M9PHG4	Spectrin beta chain OS=Drosophila melanogaster GN=beta-Spec PE=3 SV=1 - [M9PHG4_DROME]	3,31	3	1	5	11	214 7	249,4	5,22
Q94523	Succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=SdhA PE=2 SV=3 - [SDHA_DROME]	28,90	1	9	12	65	661	72,3	7,12
Q94522	Succinate--CoA ligase [ADP/GDP-forming] subunit alpha, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=Scsalpha PE=2 SV=3 - [SUCA_DROME]	28,96	1	4	6	60	328	34,4	8,98
A0A126GUR6	Succinate--CoA ligase [ADP-forming] subunit beta, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=skap PE=1 SV=1 - [A0A126GUR6_DROME]	21,90	4	5	7	38	452	49,1	6,81
Q9V470	Succinate--CoA ligase [GDP-forming] subunit beta, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=Sucb PE=1 SV=1 - [Q9V470_DROME]	22,12	1	3	5	23	416	45,0	6,01
P61851	Superoxide dismutase [Cu-Zn] OS=Drosophila melanogaster GN=Sod PE=1 SV=2 - [SODC_DROME]	30,72	1	1	3	9	153	15,7	6,11
A0A0B4LQG1	Superoxide dismutase OS=Drosophila melanogaster GN=Sod2 PE=3 SV=1 - [A0A0B4LQG1_DROME]	36,41	2	3	4	28	217	24,6	7,93
M9NET2	Terribly reduced optic lobes, isoform AI OS=Drosophila melanogaster GN=trol PE=1 SV=2 - [M9NET2_DROME]	5,93	22	6	14	42	389 7	431,4	5,02
Q9VMD9	Tiggrin OS=Drosophila melanogaster GN=Tig PE=1 SV=2 - [TIG_DROME]	2,47	1	1	3	3	218 8	257,3	5,96
M9PE30	Transgelin OS=Drosophila melanogaster GN=Chd64 PE=1 SV=1 - [M9PE30_DROME]	30,29	2	2	3	3	175	19,4	7,75
Q9W5C2	Translocating chain-associated membrane protein OS=Drosophila melanogaster GN=TRAM PE=1 SV=1 - [Q9W5C2_DROME]	4,35	1	1	1	1	368	41,8	9,57
Q9VUZ0	Translocon-associated protein subunit beta OS=Drosophila melanogaster GN=SsRbeta PE=1 SV=2 - [Q9VUZ0_DROME]	19,47	1	1	2	13	190	21,2	8,72
Q8SXY6	Transmembrane emp24 domain-containing protein bai OS=Drosophila melanogaster GN=bai PE=2 SV=1 - [TMEDA_DROME]	5,34	1	1	1	4	206	23,7	8,22
Q9VM18	Trehalose 6-phosphate phosphatase OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG5177 PE=1 SV=1 - [Q9VM18_DROME]	13,41	1	2	2	6	276	31,2	7,12
P29613	Triosephosphate isomerase OS=Drosophila melanogaster GN=Tpi PE=1 SV=3 - [TPIS_DROME]	27,53	2	2	4	21	247	26,6	6,00
P09491	Tropomyosin-2 OS=Drosophila melanogaster GN=Tm2 PE=2 SV=1 - [TPM2_DROME]	15,85	2	1	3	4	284	33,0	4,83
P06603	Tubulin alpha-1 chain OS=Drosophila melanogaster GN=alphaTub84B PE=1 SV=1 - [TBA1_DROME]	36,00	2	9	11	162	450	49,9	5,14
A0A0B4LGH1	Tubulin beta chain OS=Drosophila melanogaster GN=betaTub60D PE=1 SV=1 - [A0A0B4LGH1_DROME]	11,04	2	1	3	18	453	50,7	4,88
Q24560	Tubulin beta-1 chain OS=Drosophila melanogaster GN=betaTub56D PE=1 SV=2 - [TBB1_DROME]	27,29	2	1	9	51	447	50,1	4,86
P61857	Tubulin beta-2 chain OS=Drosophila melanogaster GN=betaTub85D PE=1 SV=1 - [TBB2_DROME]	23,99	1	1	8	49	446	49,8	4,83
P35122	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase OS=Drosophila melanogaster GN=Uch PE=2 SV=2 - [UCHL_DROME]	18,50	2	1	2	7	227	25,8	5,49
P15357	Ubiquitin-40S ribosomal protein S27a OS=Drosophila melanogaster GN=RpS27A PE=1 SV=2 - [RS27A_DROME]	28,21	5	2	4	28	156	17,9	9,77
C0HK92	Uncharacterized protein CG45076 OS=Drosophila melanogaster GN=CG45076 PE=1 SV=1 - [Y5076_DROME]	7,75	2	1	3	3	619	68,6	5,06
Q8IQH6	Uncharacterized protein, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG10960 PE=1 SV=1 - [Q8IQH6_DROME]	5,73	2	2	2	6	471	51,3	7,01

M9PFU6	Uncharacterized protein, isoform C OS=Drosophila melanogaster GN=bg:ds01368 PE=4 SV=1 - [M9PFU6_DROME]	7,01	5	1	1	6	499	54,2	7,80
A0A0B4LEQ0	Uncharacterized protein, isoform C OS=Drosophila melanogaster GN=CG17337 PE=1 SV=1 - [A0A0B4LEQ0_DROME]	3,94	2	1	1	3	431	47,9	5,63
Q7PLE6	Uncharacterized protein, isoform C OS=Drosophila melanogaster GN=CG17691 PE=1 SV=3 - [Q7PLE6_DROME]	14,84	1	2	3	7	364	40,2	7,42
E2QD66	Uncharacterized protein, isoform D OS=Drosophila melanogaster GN=BcDNA:AT04622 PE=4 SV=1 - [E2QD66_DROME]	2,88	3	1	2	3	198 1	222,1	6,77
Q0KIB1	Uncharacterized protein, isoform P OS=Drosophila melanogaster GN=34113 PE=4 SV=1 - [Q0KIB1_DROME]	2,46	2	1	1	2	105 6	112,2	6,29
Q7K VX5	VAMP-associated protein 33kDa, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Vap33 PE=1 SV=1 - [Q7K VX5_DROME]	6,81	2	1	1	3	235	26,8	8,38
Q9VMV5	Viking, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=vkg PE=1 SV=1 - [Q9VMV5_DROME]	4,33	1	2	4	7	194 0	193,7	6,43
Q94920	Voltage-dependent anion-selective channel OS=Drosophila melanogaster GN=porin PE=1 SV=3 - [VDAC_DROME]	70,92	1	9	13	305	282	30,5	6,96
P31409	V-type proton ATPase subunit B OS=Drosophila melanogaster GN=Vha55 PE=2 SV=1 - [VATB_DROME]	13,67	1	2	4	26	490	54,5	5,40
Q9V7D2	V-type proton ATPase subunit D 1 OS=Drosophila melanogaster GN=Vha36-1 PE=2 SV=1 - [VATD1_DROME]	11,38	1	1	1	2	246	27,6	9,54
P54611	V-type proton ATPase subunit E OS=Drosophila melanogaster GN=Vha26 PE=2 SV=1 - [VATE_DROME]	5,75	1	1	1	6	226	26,1	6,15
Q7KN94	Walrus, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=wal PE=1 SV=1 - [Q7KN94_DROME]	38,18	1	6	8	54	330	34,2	8,32
Q59E58	Zipper, isoform C OS=Drosophila melanogaster GN=zip PE=1 SV=1 - [Q59E58_DROME]	12,13	9	8	14	29	197 1	226,8	5,47

APÊNDICE B – Lista de proteínas diferencialmente expressas para as moscas mantidas em dieta padrão

Acesso	Descrição
Q9VIE8	Aconitate hydratase, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=Acon PE=1 SV=2 - [Q9VIE8_DROME]
Q9VLC5	Aldehyde dehydrogenase OS=Drosophila melanogaster GN=Aldh PE=1 SV=1 - [Q9VLC5_DROME]
AOX	AOX
Q94516	ATP synthase subunit b, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=ATPsynB PE=2 SV=2 - [AT5F1_DROME]
Q24439	ATP synthase subunit O, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=ATPsynO PE=2 SV=2 - [ATPO_DROME]
Q9VJ86	Bicoid stability factor OS=Drosophila melanogaster GN=bsf PE=1 SV=2 - [Q9VJ86_DROME]
Q9VD58	CG6439, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Idh3b PE=1 SV=1 - [Q9VD58_DROME]
Q9VNX4	Delta-1-Pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase 1, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=P5CDh1 PE=1 SV=1 - [Q9VNX4_DROME]
Q9VNW6	Delta-1-pyrroline-5-carboxylate synthase OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG7470 PE=1 SV=1 - [Q9VNW6_DROME]
Q9VL70	HL08109p OS=Drosophila melanogaster GN=yip2 PE=1 SV=1 - [Q9VL70_DROME]
Q26365-2	Isoform A of ADP,ATP carrier protein OS=Drosophila melanogaster GN=sesB - [ADT_DROME]
Q9W3N9	LD24105p OS=Drosophila melanogaster GN=154229_at PE=1 SV=1 - [Q9W3N9_DROME]
Q0E924	LD46344p OS=Drosophila melanogaster GN=Phb2 PE=1 SV=2 - [Q0E924_DROME]
Q8IPE8	Mitochondrial trifunctional protein alpha subunit, isoform B OS=Drosophila melanogaster GN=Mtpalpha PE=1 SV=1 - [Q8IPE8_DROME]
Q9W401	Probable citrate synthase, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=kdn PE=2 SV=1 - [CISY_DROME]
Q7KN97	Pyruvate carboxylase OS=Drosophila melanogaster GN=PCB PE=1 SV=1 - [Q7KN97_DROME]
Q7K5K3	Pyruvate dehydrogenase E1 component subunit beta OS=Drosophila melanogaster GN=CG 11876 PE=1 SV=1 - [Q7K5K3_DROME]
B7Z0X1	Serine hydroxymethyltransferase OS=Drosophila melanogaster GN=Shmt PE=1 SV=1 - [B7Z0X1_DROME]
Q94523	Succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=SdhA PE=2 SV=3 - [SDHA_DROME]
Q94920	Voltage-dependent anion-selective channel OS=Drosophila melanogaster GN=porin PE=1 SV=3 - [VDAC_DROME]
Q7KN94	Walrus, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=wal PE=1 SV=1 - [Q7KN94_DROME]
Q9V496	Apolipoporphins OS=Drosophila melanogaster GN=Rfabg PE=1 SV=2 - [APLP_DROME]
A0A0B4LGB7	Calcium-transporting ATPase OS=Drosophila melanogaster GN=SERCA PE=1 SV=1 - [A0A0B4LGB7_DROME]
P08120	Collagen alpha-1(IV) chain OS=Drosophila melanogaster GN=Cg25C PE=1 SV=3 - [CO4A1_DROME]
Q9VQL7	Fatty acid synthase 1, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=FASN1 PE=1 SV=1 - [Q9VQL7_DROME]
P05661-17	Isoform D of Myosin heavy chain, muscle OS=Drosophila melanogaster GN=Mhc - [MYSA_DROME]

Q00174	Laminin subunit alpha OS=Drosophila melanogaster GN=LanA PE=1 SV=2 - [LAMA_DROME]
Q9W335	LD26546p OS=Drosophila melanogaster GN=l(1)G0320 PE=1 SV=1 - [Q9W335_DROME]
Q9V419	Probable cytochrome P450 28a5 OS=Drosophila melanogaster GN=Cyp28a5 PE=2 SV=1 - [C28A5_DROME]
P54399	Protein disulfide-isomerase OS=Drosophila melanogaster GN=Pdi PE=2 SV=1 - [PDI_DROME]
Q9VYR1	Regucalcin homologue OS=Drosophila melanogaster GN=regucalcin PE=1 SV=1 - [Q9VYR1_DROME]

APÊNDICE C – Lista de proteínas identificadas para linhagem que expressa AOX mantida em dieta restrita

Accesso	Descrição	Cobertura	Proteínas	Peptídeos únicos	Peptídeos	PSMs	AAs	MW [kDa]	calc. pI
Q05825	ATP synthase subunit beta, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=ATPsynbeta PE=1 SV=3 - [ATPB_DROME]	50,69	2	12	18	173	505	54,1	5,27
P35381	ATP synthase subunit alpha, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=blw PE=1 SV=2 - [ATPA_DROME]	36,59	1	11	18	149	552	59,4	9,01
Q9W2X6	ATP synthase, delta subunit, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=ATPsyndelta PE=1 SV=1 - [Q9W2X6_DROME]	42,04	1	3	4	38	157	16,7	5,99
Q9VKM3	ATP synthase, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=ATPsynG PE=1 SV=1 - [Q9VKM3_DROME]	29,29	1	2	2	23	99	10,9	9,76
Q94920	Voltage-dependent anion-selective channel OS=Drosophila melanogaster GN=porin PE=1 SV=3 - [VDAC_DROME]	64,18	1	8	12	63	282	30,5	6,96
Q9VLC5	Aldehyde dehydrogenase OS=Drosophila melanogaster GN=Aldh PE=1 SV=1 - [Q9VLC5_DROME]	45,38	1	12	17	103	520	57,0	6,80
O18404	3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase type-2 OS=Drosophila melanogaster GN=scu PE=1 SV=1 - [HCD2_DROME]	43,53	1	8	8	50	255	26,9	9,03
Q24251	ATP synthase subunit d, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=ATPsynD PE=2 SV=2 - [ATP5H_DROME]	33,15	1	4	6	33	178	20,2	6,55
Q9VEB1	IP09655p OS=Drosophila melanogaster GN=Mdh2 PE=1 SV=1 - [Q9VEB1_DROME]	57,74	1	8	14	56	336	35,3	9,11
Q26365-2	Isoform A of ADP/ATP carrier protein OS=Drosophila melanogaster GN=sesB - [ADT_DROME]	34,45	2	3	10	46	299	32,9	9,77
Q7JR58	CG6543, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=CG6543 PE=1 SV=1 - [Q7JR58_DROME]	33,22	1	4	8	44	295	31,6	8,63
Q24407	ATP synthase-coupling factor 6, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=ATPsynCf6 PE=3 SV=1 - [ATP5J_DROME]	20,75	1	2	2	15	106	11,9	9,04
Q9VIQ8	Cytochrome c oxidase subunit 4, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=COX4 PE=1 SV=1 - [Q9VIQ8_DROME]	28,57	1	2	3	23	182	20,5	8,25
P02516	Heat shock protein 23 OS=Drosophila melanogaster GN=Hsp23 PE=2 SV=2 - [HSP23_DROME]	41,94	1	2	5	23	186	20,6	5,85
P07487	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 2 OS=Drosophila melanogaster GN=Gapdh2 PE=1 SV=2 - [G3P2_DROME]	30,42	1	2	7	39	332	35,3	8,44
Q9VMB9	Cytochrome c oxidase subunit 5B, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=COX5B PE=1 SV=1 - [Q9VMB9_DROME]	10,83	1	1	1	14	120	13,6	8,69
Q24439	ATP synthase subunit O, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=ATPsynO PE=2 SV=2 - [ATPO_DROME]	50,24	1	4	9	24	209	22,4	9,63
Q9W401	Probable citrate synthase, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=kdn PE=2 SV=1 - [CISY_DROME]	31,47	2	5	10	48	464	51,5	8,81
P07486	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 1 OS=Drosophila melanogaster GN=Gapdh1 PE=2 SV=2 - [G3P1_DROME]	18,07	1	1	4	34	332	35,3	8,18
Q960M4	LD45324p OS=Drosophila melanogaster GN=Prx5 PE=1 SV=1 - [Q960M4_DROME]	36,32	1	1	4	19	190	19,9	8,68
Q0KHZ6	CG7834, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=CG 7834 PE=1 SV=1 - [Q0KHZ6_DROME]	31,23	1	1	7	25	253	27,2	8,05

Q9VL70	HL08109p OS=Drosophila melanogaster GN=yip2 PE=1 SV=1 - [Q9VL70_DROME]	54,77	1	6	14	38	398	41,6	8,51
P20477	Glutamine synthetase 1, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=Gsl PE=2 SV=3 - [GLNA1_DROME]	28,82	1	5	6	38	399	44,4	6,46
P48610	Arginine kinase OS=Drosophila melanogaster GN=Argk PE=2 SV=2 - [KARG_DROME]	35,11	5	6	11	33	356	39,8	6,47
Q9V8M5	Probable 3-hydroxyisobutyrate dehydrogenase, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=CG15093 PE=2 SV=2 - [3HIDH_DROME]	28,09	1	3	5	30	324	33,9	8,13
O01666	ATP synthase subunit gamma, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=ATPsyngamma PE=2 SV=2 - [ATPG_DROME]	33,67	1	4	7	27	297	32,9	9,22
Q9VWH4-2	Isoform A of Probable isocitrate dehydrogenase [NAD] subunit alpha, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=I(1)G0156 - [IDH3A_DROME]	23,45	2	6	7	32	354	38,6	7,36
O02649	60 kDa heat shock protein, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=Hsp60 PE=1 SV=3 - [CH60_DROME]	29,49	1	7	12	51	573	60,8	5,49
P06603	Tubulin alpha-1 chain OS=Drosophila melanogaster GN=alphaTub84B PE=1 SV=1 - [TBA1_DROME]	29,11	2	7	9	40	450	49,9	5,14
Q9VFF0	GH01077p OS=Drosophila melanogaster GN=UQCR-C1 PE=1 SV=2 - [Q9VFF0_DROME]	24,68	1	3	8	41	470	51,8	6,00
P29844	Heat shock 70 kDa protein cognate 3 OS=Drosophila melanogaster GN=Hsc70-3 PE=2 SV=2 - [HSP7C_DROME]	27,59	1	6	14	55	656	72,2	5,36
Q9VJW9	Kuzbanian, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=kuz PE=1 SV=1 - [Q9VJW9_DROME]	10,14	1	7	14	134	1607	178,5	8,53
Q04691-2	Isoform B of Fat-body protein 1 OS=Drosophila melanogaster GN=Fbp1 - [FBP1_DROME]	38,11	3	20	31	82	997	116,2	6,29
Q9VXN2	Protein stunted OS=Drosophila melanogaster GN=sun PE=1 SV=1 - [SUN_DROME]	44,26	1	1	2	5	61	6,8	10,59
Q7K485	CathD OS=Drosophila melanogaster GN=cathD PE=1 SV=1 - [Q7K485_DROME]	32,65	1	7	7	32	392	42,4	6,32
Q9VRL0	Cytochrome c1, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Cyt-c1 PE=1 SV=1 - [Q9VRL0_DROME]	34,85	1	3	6	25	307	33,7	8,53
Q9VVU1	CG3902 OS=Drosophila melanogaster GN=GH07925p PE=1 SV=1 - [Q9VVU1_DROME]	22,95	1	4	8	33	414	45,3	6,71
Q9VA83	Ferritin OS=Drosophila melanogaster GN=Fer2LCH PE=1 SV=1 - [Q9VA83_DROME]	48,02	2	4	6	18	227	25,2	6,34
P09491-2	Isoform Embryonic of Tropomyosin-2 OS=Drosophila melanogaster GN=Tm2 - [TPM2_DROME]	26,06	1	5	10	22	284	32,8	4,79
Q9VGM2	Fatty acid binding protein, isoform B OS=Drosophila melanogaster GN=fabp PE=1 SV=1 - [Q9VGM2_DROME]	35,38	1	2	4	10	130	14,5	5,66
Q7KN94	Walrus, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=wal PE=1 SV=1 - [Q7KN94_DROME]	43,33	1	5	7	25	330	34,2	8,32
P35415	Paramyosin, long form OS=Drosophila melanogaster GN=Prm PE=1 SV=1 - [MYSP1_DROME]	36,75	1	13	24	65	879	102,3	5,58
Q9W402	NADH dehydrogenase (Ubiquinone) B16.6 subunit, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=ND-B16.6 PE=1 SV=1 - [Q9W402_DROME]	28,57	1	2	3	11	154	17,7	9,39
H1UUD2	Ferritin OS=Drosophila melanogaster GN=Fer1HCH PE=1 SV=1 - [H1UUD2_DROME]	18,93	4	1	2	12	169	19,2	6,11
Q9VSA3	Probable medium-chain specific acyl-CoA dehydrogenase, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=CG12262 PE=2 SV=1 - [ACADM_DROME]	23,63	1	4	6	29	419	45,8	7,94
P11147	Heat shock 70 kDa protein cognate 4 OS=Drosophila melanogaster GN=Hsc70-4 PE=1 SV=3 - [HSP7D_DROME]	26,73	5	6	12	42	651	71,1	5,52
Q9W3N9	LD24105p OS=Drosophila melanogaster GN=154229_at PE=1 SV=1 - [Q9W3N9_DROME]	27,56	1	3	7	26	410	43,4	8,68

Q9W227	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase OS=Drosophila melanogaster GN=CG2852 PE=1 SV=1 - [Q9W227_DROME]	19,02	1	2	3	13	205	22,2	8,75
Q7K5K3	Pyruvate dehydrogenase E1 component subunit beta OS=Drosophila melanogaster GN=CG11876 PE=1 SV=1 - [Q7K5K3_DROME]	32,88	1	5	8	23	365	39,3	7,80
Q9V496	Apolipoporphins OS=Drosophila melanogaster GN=Rfabg PE=1 SV=2 - [APLP_DROME]	23,72	1	36	55	209	3351	372,4	7,97
Q7K2W6	GH04080p OS=Drosophila melanogaster GN=PPO1 PE=1 SV=1 - [Q7K2W6_DROME]	30,58	1	7	16	42	690	79,0	6,60
Q9VA16	General odorant-binding protein 99b OS=Drosophila melanogaster GN=Obp99b PE=2 SV=1 - [OB99B_DROME]	26,85	1	2	2	9	149	17,2	6,60
Q9VQM2	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 subunit C2 OS=Drosophila melanogaster GN=ND-B14.5B PE=1 SV=1 - [Q9VQM2_DROME]	12,07	1	2	2	7	116	12,9	8,72
Q7KN97	Pyruvate carboxylase OS=Drosophila melanogaster GN=PCB PE=1 SV=1 - [Q7KN97_DROME]	24,56	2	12	20	70	1181	130,8	6,81
Q9VU58	Neuropeptide-like 2 OS=Drosophila melanogaster GN=Nplp2 PE=1 SV=1 - [NPLP2_DROME]	27,91	2	1	2	5	86	9,4	5,40
Q9VAC1	CG7920, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=BEST:GH02390 PE=1 SV=1 - [Q9VAC1_DROME]	17,19	1	4	5	27	477	51,8	8,12
Q0E8X8	FI01416p OS=Drosophila melanogaster GN=CG13551 PE=1 SV=1 - [Q0E8X8_DROME]	28,04	1	2	3	6	107	11,9	9,00
Q9VIE8	Aconitate hydratase, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=Acon PE=1 SV=2 - [Q9VIE8_DROME]	24,14	1	10	13	43	787	85,3	8,24
Q9W1B9	GEO07602p1 OS=Drosophila melanogaster GN=RpL12 PE=1 SV=1 - [Q9W1B9_DROME]	30,30	1	2	3	9	165	17,7	9,07
Q9VVL7	Dihydrolipoyl dehydrogenase OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG7430 PE=1 SV=1 - [Q9VVL7_DROME]	32,54	1	5	10	27	504	53,1	6,87
Q7KW39-2	Isoform A of Probable methylmalonate-semialdehyde dehydrogenase [acylating], mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=CG17896 - [MMSA_DROME]	28,96	2	3	10	27	511	55,0	8,35
P09180	60S ribosomal protein L4 OS=Drosophila melanogaster GN=RpL4 PE=1 SV=2 - [RL4_DROME]	24,44	1	4	6	21	401	45,0	11,47
P32100	60S ribosomal protein L7 OS=Drosophila melanogaster GN=RpL7 PE=1 SV=2 - [RL7_DROME]	23,81	1	3	4	13	252	29,5	10,89
P08928	Lamin Dm0 OS=Drosophila melanogaster GN=Lam PE=1 SV=4 - [LAM0_DROME]	25,88	1	6	12	32	622	71,3	6,47
Q94522	Succinate--CoA ligase [ADP/GDP-forming] subunit alpha, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=Scsalpha PE=2 SV=3 - [SUCA_DROME]	24,39	1	5	5	16	328	34,4	8,98
Q9W499	FI02809p OS=Drosophila melanogaster GN=RpL35 PE=1 SV=2 - [Q9W499_DROME]	10,57	1	1	1	6	123	14,4	11,18
Q7K0B6	Glutathione S transferase T1 OS=Drosophila melanogaster GN=GstT1 PE=1 SV=1 - [Q7K0B6_DROME]	23,68	1	1	5	11	228	26,6	8,97
A0A0B4JD48	Cysteine proteinase-1, isoform D OS=Drosophila melanogaster GN=Cp1 PE=1 SV=1 - [A0A0B4JD48_DROME]	40,56	3	4	6	12	249	27,0	5,44
Q8MLY8	40S ribosomal protein S8 OS=Drosophila melanogaster GN=RpS8 PE=1 SV=1 - [RS8_DROME]	25,48	1	4	4	10	208	23,7	10,48
Q9VS34	60S ribosomal protein L18 OS=Drosophila melanogaster GN=RpL18 PE=1 SV=1 - [RL18_DROME]	20,74	1	2	3	9	188	21,7	11,53
Q95SI7	CG6028 OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG6028 PE=1 SV=1 - [Q95SI7_DROME]	30,03	1	4	5	14	293	32,3	6,57
P54385-2	Isoform C of Glutamate dehydrogenase, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=Gdh - [DHE3_DROME]	24,59	1	1	10	26	549	61,0	8,40

Q94514	Cytochrome c oxidase subunit 5A, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=COX5A PE=2 SV=2 - [COX5A_DROME]	24,16	1	2	3	7	149	16,6	5,68
P29413	Calreticulin OS=Drosophila melanogaster GN=Crc PE=1 SV=2 - [CALR_DROME]	19,46	1	4	5	19	406	46,8	4,58
A0A0B4LGQ1	Superoxide dismutase OS=Drosophila melanogaster GN=Sod2 PE=3 SV=1 - [A0A0B4LGQ1_DROME]	15,67	2	2	2	10	217	24,6	7,93
Q94516	ATP synthase subunit b, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=ATPsynB PE=2 SV=2 - [AT5F1_DROME]	21,81	1	2	4	11	243	27,3	8,72
B7Z0X1	Serine hydroxymethyltransferase OS=Drosophila melanogaster GN=Shmt PE=1 SV=1 - [B7Z0X1_DROME]	31,48	2	3	9	21	467	51,0	7,72
P15007-2	Isoform A of Enolase OS=Drosophila melanogaster GN=Eno - [ENO_DROME]	31,64	2	5	8	19	433	46,6	6,55
Q9VWG1	LD37169p OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG14207 PE=1 SV=1 - [Q9VWG1_DROME]	15,85	2	1	2	8	183	20,8	5,94
Q9VQ29	Cytochrome b-c1 complex subunit Rieske, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=RFeSP PE=1 SV=3 - [Q9VQ29_DROME]	21,30	1	1	3	10	230	24,9	8,68
Q3YMU0	Protein disulfide-isomerase (Fragment) OS=Drosophila melanogaster GN=ERp60 PE=1 SV=1 - [Q3YMU0_DROME]	30,06	1	1	9	21	489	55,3	5,87
P31409	V-type proton ATPase subunit B OS=Drosophila melanogaster GN=Vha55 PE=2 SV=1 - [VATB_DROME]	21,43	1	2	7	21	490	54,5	5,40
B7YZH7	GM12693p OS=Drosophila melanogaster GN=CG8446-RD PE=1 SV=1 - [B7YZH7_DROME]	21,43	2	1	1	3	70	7,4	9,70
P54385	Glutamate dehydrogenase, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=Gdh PE=1 SV=2 - [DHE3_DROME]	23,49	1	1	10	24	562	62,5	8,27
Q8SXQ1	CG9629 OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG9629 PE=1 SV=1 - [Q8SXQ1_DROME]	32,22	1	7	10	23	540	58,3	7,44
P07764	Fructose-bisphosphate aldolase OS=Drosophila melanogaster GN=Ald PE=1 SV=5 - [ALF_DROME]	14,40	3	2	3	15	361	39,0	7,40
P54357	Myosin-2 essential light chain OS=Drosophila melanogaster GN=Mlc-c PE=1 SV=1 - [MLC2_DROME]	19,05	2	2	2	6	147	16,6	4,59
Q0E924	LD46344p OS=Drosophila melanogaster GN=Phb2 PE=1 SV=2 - [Q0E924_DROME]	25,08	3	2	5	12	299	33,0	9,54
R9PY16	Uncharacterized protein OS=Drosophila melanogaster GN=Ubi-p5E5 PE=4 SV=1 - [R9PY16_DROME]	17,61	5	1	2	12	301	34,3	8,24
Q9VU35	RH34413p OS=Drosophila melanogaster GN=anon-WO0118547.175 PE=1 SV=1 - [Q9VU35_DROME]	13,59	1	1	1	4	103	11,0	9,09
M9PJQ5	Wings up A, isoform K OS=Drosophila melanogaster GN=wupA PE=1 SV=1 - [M9PJQ5_DROME]	14,13	3	1	2	7	184	21,6	9,69
Q9V3Y4	LD43650p OS=Drosophila melanogaster GN=Mtch PE=1 SV=1 - [Q9V3Y4_DROME]	14,56	1	2	3	12	316	35,0	9,06
P84249	Histone H3.3 OS=Drosophila melanogaster GN=His3.3A PE=1 SV=2 - [H33_DROME]	30,15	1	1	2	5	136	15,3	11,27
Q9VXK0	Protein NipSnap OS=Drosophila melanogaster GN=Nipsnap PE=2 SV=2 - [NIPSN_DROME]	11,36	1	2	2	10	273	31,9	9,17
Q8IPE8	Mitochondrial trifunctional protein alpha subunit, isoform B OS=Drosophila melanogaster GN=Mtpalpha PE=1 SV=1 - [Q8IPE8_DROME]	25,40	2	7	12	27	744	79,6	8,85
P17336	Catalase OS=Drosophila melanogaster GN=Cat PE=1 SV=2 - [CATA_DROME]	22,92	1	5	7	18	506	57,1	8,18
A8Y535	Cytochrome b-c1 complex subunit 6 OS=Drosophila melanogaster GN=UQCR-11 PE=1 SV=2 - [A8Y535_DROME]	34,12	1	1	2	3	85	9,9	5,21

P29845	Heat shock 70 kDa protein cognate 5 OS=Drosophila melanogaster GN=Hsc70-5 PE=1 SV=2 - [HSP7E_DROME]	12,10	1	4	6	24	686	74,0	6,35
Q9W1H8	GH13256p OS=Drosophila melanogaster GN=Thiolase PE=1 SV=1 - [Q9W1H8_DROME]	21,11	1	4	6	16	469	50,6	9,14
Q9VKM8	RH51633p OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG33129 PE=1 SV=1 - [Q9VKM8_DROME]	16,46	2	2	3	8	237	25,8	9,74
Q7YU05	Pyruvate dehydrogenase E1 component subunit alpha OS=Drosophila melanogaster GN=(1)G0334 PE=1 SV=1 - [Q7YU05_DROME]	10,67	3	2	2	11	328	35,9	6,54
P38979	40S ribosomal protein SA OS=Drosophila melanogaster GN=sta PE=1 SV=3 - [RSSA_DROME]	14,81	1	1	3	9	270	30,2	4,87
Q9VLU0	Barrier-to-autointegration factor OS=Drosophila melanogaster GN=baf PE=1 SV=1 - [BAF_DROME]	16,67	1	1	1	3	90	10,1	5,16
Q9VEK7	Cellular repressor of E1A-stimulated genes, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=CREG PE=1 SV=1 - [Q9VEK7_DROME]	19,43	1	1	4	7	211	24,0	8,25
COHKA1	40S ribosomal protein S14b OS=Drosophila melanogaster GN=RpS14b PE=2 SV=1 - [RS14B_DROME]	23,84	1	1	3	5	151	16,3	10,35
P11997	Larval serum protein 1 gamma chain OS=Drosophila melanogaster GN=Lsp1gamma PE=2 SV=2 - [LSP1G_DROME]	20,34	1	5	12	25	772	93,3	5,44
A8DYI3	Uncharacterized protein, isoform B OS=Drosophila melanogaster GN=CG10924 PE=1 SV=1 - [A8DYI3_DROME]	20,96	2	2	7	18	563	62,2	7,02
P19889	60S acidic ribosomal protein P0 OS=Drosophila melanogaster GN=RpLP0 PE=1 SV=1 - [RLA0_DROME]	23,34	1	2	4	10	317	34,2	6,95
Q9GU68	Eukaryotic translation initiation factor 5A OS=Drosophila melanogaster GN=eIF-5A PE=2 SV=2 - [IF5A_DROME]	16,35	1	1	2	5	159	17,6	5,15
Q24186	40S ribosomal protein S5a OS=Drosophila melanogaster GN=RpS5a PE=1 SV=1 - [RS5A_DROME]	12,28	2	2	2	7	228	25,4	8,63
P17704	40S ribosomal protein S17 OS=Drosophila melanogaster GN=RpS17 PE=1 SV=2 - [RS17_DROME]	21,37	1	2	2	4	131	15,3	9,94
Q9VQL7	Fatty acid synthase 1, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=FASN1 PE=1 SV=1 - [Q9VQL7_DROME]	16,82	2	14	24	74	2438	266,3	6,37
Q9VZU4	LD25561p OS=Drosophila melanogaster GN=ND-30 PE=1 SV=1 - [Q9VZU4_DROME]	10,57	1	2	2	8	265	30,0	7,84
P02828	Heat shock protein 83 OS=Drosophila melanogaster GN=Hsp83 PE=1 SV=1 - [HSP83_DROME]	16,46	2	4	9	21	717	81,8	5,02
P84029	Cytochrome c-2 OS=Drosophila melanogaster GN=Cyt-c-p PE=1 SV=2 - [CYC2_DROME]	29,63	1	1	2	3	108	11,7	9,57
Q9W4B7	CG4151, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG4151 PE=2 SV=1 - [Q9W4B7_DROME]	13,74	1	1	2	5	182	20,5	10,13
Q9V3U6	26-29kD-proteinase OS=Drosophila melanogaster GN=26-29-p PE=1 SV=1 - [Q9V3U6_DROME]	17,49	1	5	7	15	549	62,1	6,74
Q9VNW6	Delta-1-pyrroline-5-carboxylate synthase OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG7470 PE=1 SV=1 - [Q9VNW6_DROME]	13,66	1	5	7	21	776	84,0	6,73
Q94915	Rhythmically expressed gene 2 protein OS=Drosophila melanogaster GN=Reg-2 PE=2 SV=1 - [REG2_DROME]	29,62	1	4	5	7	260	30,1	7,78
Q9VB10	CG5590 OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG5590 PE=1 SV=1 - [Q9VB10_DROME]	6,55	1	2	2	11	412	44,3	8,02
P25007	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase OS=Drosophila melanogaster GN=Cyp1 PE=1 SV=2 - [PPIA_DROME]	13,22	1	1	2	6	227	24,7	9,22

Q9VUZ0	Translocon-associated protein subunit beta OS=Drosophila melanogaster GN=SsRbeta PE=1 SV=2 - [Q9VUZ0_DROME]	12,63	1	1	1	5	190	21,2	8,72
P47949	Troponin C, isoform 3 OS=Drosophila melanogaster GN=TpnC73F PE=2 SV=2 - [TNNC3_DROME]	18,06	1	1	2	4	155	17,7	4,18
Q94523	Succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=SdhA PE=2 SV=3 - [SDHA_DROME]	21,63	1	4	8	17	661	72,3	7,12
Q0E8E8	MIP08013p1 OS=Drosophila melanogaster GN=Mpcp2 PE=1 SV=1 - [Q0E8E8_DROME]	22,75	1	2	5	9	356	38,8	8,88
Q9V9S8-3	Isoform C of Ferrochelatase, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=FeCh - [HEMH_DROME]	15,30	2	1	2	7	281	31,8	9,20
P29310	14-3-3 protein zeta OS=Drosophila melanogaster GN=14-3-3zeta PE=1 SV=1 - [1433Z_DROME]	18,15	1	2	3	6	248	28,2	4,88
Q9VJ28	FI05204p OS=Drosophila melanogaster GN=L2HGDH PE=1 SV=1 - [Q9VJ28_DROME]	16,92	1	2	5	11	455	50,1	8,59
Q8IRQ5	LP02262p OS=Drosophila melanogaster GN=I(1)G0255 PE=1 SV=1 - [Q8IRQ5_DROME]	15,20	2	3	5	11	467	50,4	7,53
Q9VTP4	60S ribosomal protein L10a-2 OS=Drosophila melanogaster GN=RpL10Ab PE=1 SV=2 - [R10AB_DROME]	19,82	1	1	3	5	217	24,3	9,86
Q8IN96	Pyrroline-5-carboxylate reductase-like 2, isoform B OS=Drosophila melanogaster GN=P5cr-2 PE=1 SV=1 - [Q8IN96_DROME]	16,09	3	2	2	4	174	18,0	7,31
Q7JXC4	CG6459 protein OS=Drosophila melanogaster GN=P32 PE=1 SV=1 - [Q7JXC4_DROME]	17,11	1	1	3	6	263	29,0	5,08
P02840	Salivary glue protein Sgs-3 OS=Drosophila melanogaster GN=Sgs3 PE=2 SV=1 - [SGS3_DROME]	3,91	1	1	1	7	307	32,2	9,89
Q8IQQ0	Neural conserved at 73EF, isoform F OS=Drosophila melanogaster GN=Nc73EF PE=1 SV=1 - [Q8IQQ0_DROME]	14,06	1	5	9	23	1017	113,6	6,99
P54611	V-type proton ATPase subunit E OS=Drosophila melanogaster GN=Vha26 PE=2 SV=1 - [VATE_DROME]	5,75	1	1	1	5	226	26,1	6,15
Q7KUB0	Isocitrate dehydrogenase [NADP] OS=Drosophila melanogaster GN=Idh PE=1 SV=1 - [Q7KUB0_DROME]	19,95	5	3	6	9	416	46,6	6,74
Q9VPR1	GH02075p OS=Drosophila melanogaster GN=Tspo PE=1 SV=1 - [Q9VPR1_DROME]	9,19	1	1	1	4	185	20,1	9,45
Q7KT11	CG9331, isoform B OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG9331 PE=1 SV=1 - [Q7KT11_DROME]	23,01	3	1	3	7	326	35,7	6,74
Q9VGQ1	CG5214 OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG5214 PE=1 SV=1 - [Q9VGQ1_DROME]	13,89	1	1	3	10	468	49,9	9,47
P13060	Elongation factor 2 OS=Drosophila melanogaster GN=EF2 PE=1 SV=4 - [EF2_DROME]	10,07	1	2	6	18	844	94,4	6,60
E2QCF1	ATP-citrate synthase OS=Drosophila melanogaster GN=ATPCL PE=1 SV=1 - [E2QCF1_DROME]	13,42	3	4	8	23	1095	119,7	7,12
C0HK92	Uncharacterized protein CG45076 OS=Drosophila melanogaster GN=CG45076 PE=1 SV=1 - [Y5076_DROME]	11,63	1	2	5	13	619	68,6	5,06
A1ZBJ2	CG7461, isoform B OS=Drosophila melanogaster GN=CG7461 PE=1 SV=2 - [A1ZBJ2_DROME]	13,08	1	2	4	13	627	68,3	7,77
Q9VAY2	Glycoprotein 93 OS=Drosophila melanogaster GN=Gp93 PE=1 SV=1 - [Q9VAY2_DROME]	16,52	1	4	8	16	787	90,2	5,02
Q9VZF9	Cuticular protein 64Ad OS=Drosophila melanogaster GN=Cpr64Ad PE=1 SV=2 - [Q9VZF9_DROME]	22,67	1	2	3	5	247	24,3	5,45
P29613	Triosephosphate isomerase OS=Drosophila melanogaster GN=Tpi PE=1 SV=3 - [TPIS_DROME]	12,15	2	2	2	5	247	26,6	6,00

P50887	60S ribosomal protein L22 OS=Drosophila melanogaster GN=Rpl22 PE=1 SV=2 - [RL22_DROME]	12,71	1	1	2	6	299	30,6	10,11
P36241	60S ribosomal protein L19 OS=Drosophila melanogaster GN=Rpl19 PE=1 SV=2 - [RL19_DROME]	8,37	1	1	1	4	203	24,0	11,00
O97418	EG:152A3.7 protein OS=Drosophila melanogaster GN=ND-B14.5A PE=1 SV=1 - [O97418_DROME]	12,62	1	1	1	2	103	11,5	7,34
Q9W5W8	CG9577 OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG9577 PE=1 SV=2 - [Q9W5W8_DROME]	20,83	1	2	4	6	312	33,8	7,46
O18640	Guanine nucleotide-binding protein subunit beta-like protein OS=Drosophila melanogaster GN=Rack1 PE=1 SV=2 - [GBLP_DROME]	14,78	1	2	3	6	318	35,6	7,47
P02518	Heat shock protein 27 OS=Drosophila melanogaster GN=Hsp27 PE=1 SV=2 - [HSP27_DROME]	15,02	1	1	2	4	213	23,6	7,44
P07701	Salivary glue protein Sgs-5 OS=Drosophila melanogaster GN=Sgs5 PE=2 SV=1 - [SGS5_DROME]	7,36	1	1	1	3	163	18,8	7,72
Q24560	Tubulin beta-1 chain OS=Drosophila melanogaster GN=betaTub56D PE=1 SV=2 - [TBB1_DROME]	11,63	2	1	3	8	447	50,1	4,86
A8JRB8	CG5028, isoform C OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG5028 PE=1 SV=1 - [A8JRB8_DROME]	12,24	3	1	3	7	392	43,2	6,76
M9PE30	Transgelin OS=Drosophila melanogaster GN=Chd64 PE=1 SV=1 - [M9PE30_DROME]	16,57	2	1	2	3	175	19,4	7,75
A0A0B4LGB7	Calcium-transporting ATPase OS=Drosophila melanogaster GN=SERCA PE=1 SV=1 - [A0A0B4LGB7_DROME]	12,01	3	4	8	17	999	109,3	5,45
Q7K511	CG3835-RA OS=Drosophila melanogaster GN=D2hgdh PE=1 SV=1 - [Q7K511_DROME]	7,50	1	1	3	9	533	58,3	6,93
Q9U915	Adenylate kinase OS=Drosophila melanogaster GN=Adk2 PE=1 SV=1 - [KAD2_DROME]	8,33	1	1	1	4	240	26,5	7,88
Q9VSR5	GM03767p OS=Drosophila melanogaster GN=mRpl12 PE=1 SV=1 - [Q9VSR5_DROME]	23,08	1	2	2	3	182	19,6	8,75
P02283	Histone H2B OS=Drosophila melanogaster GN=His2B PE=1 SV=2 - [H2B_DROME]	12,20	1	1	1	2	123	13,7	10,35
Q9VTB4	NADH dehydrogenase (Ubiquinone) 13 kDa B subunit OS=Drosophila melanogaster GN=ND-13B PE=1 SV=2 - [Q9VTB4_DROME]	17,74	1	1	1	2	124	13,8	9,39
Q9W4U2	CG3603, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=BcDNA:RH09070 PE=1 SV=2 - [Q9W4U2_DROME]	11,65	1	1	2	4	249	26,2	7,80
Q9W303	Chitinase-like protein Idgf4 OS=Drosophila melanogaster GN=Idgf4 PE=2 SV=1 - [IDGF4_DROME]	12,22	1	1	4	7	442	48,6	7,83
A0A0B4JCW4	Succinate--CoA ligase [ADP-forming] subunit beta, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=skap PE=1 SV=1 - [A0A0B4JCW4_DROME]	13,97	4	2	4	7	451	49,0	6,83
Q9VA91	40S ribosomal protein S7 OS=Drosophila melanogaster GN=RpS7 PE=1 SV=1 - [RS7_DROME]	21,65	1	2	2	3	194	22,2	9,80
Q9W229	40S ribosomal protein S24 OS=Drosophila melanogaster GN=RpS24 PE=1 SV=1 - [Q9W229_DROME]	11,45	1	1	1	2	131	15,0	11,22
Q9VE00	Probable cytochrome P450 12a4, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=Cyp12a4 PE=2 SV=2 - [C12A4_DROME]	12,69	1	2	4	8	536	61,7	8,60
P80455	40S ribosomal protein S12 OS=Drosophila melanogaster GN=RpS12 PE=1 SV=2 - [RS12_DROME]	10,79	1	1	1	2	139	15,2	6,38
P11996	Larval serum protein 1 beta chain OS=Drosophila melanogaster GN=Lsp1beta PE=2 SV=3 - [LSP1B_DROME]	7,22	1	1	4	11	789	95,8	5,64

Q7KSU6	CG8036, isoform D OS=Drosophila melanogaster GN=anon-W00118547.344 PE=1 SV=1 - [Q7KSU6_DROME]	11,90	2	3	4	8	580	63,0	6,80
Q7PLE6	Uncharacterized protein, isoform C OS=Drosophila melanogaster GN=CG17691 PE=1 SV=3 - [Q7PLE6_DROME]	14,84	1	1	3	5	364	40,2	7,42
P33438	Glutactin OS=Drosophila melanogaster GN=Glt PE=1 SV=2 - [GLT_DROME]	12,77	1	2	7	14	1026	118,7	4,77
Q8IPF5	A kinase anchor protein 200, isoform B OS=Drosophila melanogaster GN=Akap200 PE=1 SV=1 - [Q8IPF5_DROME]	10,75	3	1	2	5	372	38,1	4,54
M9PGX7	Succinyl-CoA:3-ketoacid-coenzyme A transferase OS=Drosophila melanogaster GN=SCOT PE=1 SV=1 - [M9PGX7_DROME]	9,11	3	2	2	6	450	47,9	7,88
Q23997	Chitinase-like protein CG5210 OS=Drosophila melanogaster GN=CG5210 PE=1 SV=2 - [C5210_DROME]	9,51	1	1	3	6	452	50,3	7,90
Q7JWF1	Electron transfer flavoprotein-ubiquinone oxidoreductase, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Etf-QO PE=1 SV=1 - [Q7JWF1_DROME]	10,26	1	2	4	8	604	65,9	6,64
Q9VF15	GEO09476p1 OS=Drosophila melanogaster GN=glob1 PE=1 SV=1 - [Q9VF15_DROME]	22,88	1	1	2	2	153	17,1	5,20
P61851	Superoxide dismutase [Cu-Zn] OS=Drosophila melanogaster GN=Sod PE=1 SV=2 - [SODC_DROME]	22,88	1	1	2	2	153	15,7	6,11
Q27331	V-type proton ATPase catalytic subunit A isoform 2 OS=Drosophila melanogaster GN=Vha68-2 PE=1 SV=2 - [VATA2_DROME]	5,05	1	1	2	8	614	68,3	5,34
Q24388	Larval serum protein 2 OS=Drosophila melanogaster GN=Lsp2 PE=2 SV=2 - [LSP2_DROME]	7,70	1	1	4	9	701	83,3	6,35
Q9VEJ0	Peroxiredoxin 3 OS=Drosophila melanogaster GN=Prx3 PE=1 SV=2 - [Q9VEJ0_DROME]	12,82	1	1	2	3	234	26,4	7,49
Q7KVX5	VAMP-associated protein 33kDa, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Vap33 PE=1 SV=1 - [Q7KVX5_DROME]	6,81	2	1	1	3	235	26,8	8,38
Q9VAJ9	CG1907 OS=Drosophila melanogaster GN=CG 1907 PE=1 SV=1 - [Q9VAJ9_DROME]	12,30	1	1	3	4	317	34,6	9,79
Q7KV27	CG1640, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG1640 PE=1 SV=1 - [Q7KV27_DROME]	5,11	2	1	2	7	568	63,1	8,94
Q8IRN0	FI06485p OS=Drosophila melanogaster GN=BcDNA:RE29909 PE=1 SV=1 - [Q8IRN0_DROME]	7,63	1	1	1	3	249	27,1	6,55
Q9NJH0	Elongation factor 1-gamma OS=Drosophila melanogaster GN=Ef1gamma PE=2 SV=2 - [EF1G_DROME]	16,94	1	2	4	5	431	48,9	7,05
Q9VHB8	CG8199 OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG8199 PE=1 SV=1 - [Q9VHB8_DROME]	3,64	1	1	1	5	439	49,7	6,65
Q9V6U9	Enoyl-[acyl-carrier-protein] reductase, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=CG16935 PE=3 SV=2 - [MECR_DROME]	4,76	1	1	1	4	357	39,1	9,11
P46222	60S ribosomal protein L11 OS=Drosophila melanogaster GN=Rpl11 PE=1 SV=2 - [RL11_DROME]	7,61	1	1	1	2	184	21,1	10,02
P91928	MICOS complex subunit Mic60 OS=Drosophila melanogaster GN=Mitofilin PE=1 SV=4 - [MIC60_DROME]	7,17	2	2	3	8	739	82,0	8,94
Q9VD58	CG6439, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Idh3b PE=1 SV=1 - [Q9VD58_DROME]	12,70	1	2	2	4	370	40,4	8,54
Q7JWE2	GH09427p OS=Drosophila melanogaster GN=CG6183 PE=2 SV=1 - [Q7JWE2_DROME]	9,35	1	1	2	3	278	31,0	7,77
M9PCA6	Beta galactosidase, isoform B OS=Drosophila melanogaster GN=Gal PE=1 SV=1 - [M9PCA6_DROME]	3,88	2	1	2	7	670	75,1	5,06

Q9VMR6	MIP06029p OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG12512 PE=1 SV=1 - [Q9VMR6_DROME]	9,44	1	1	4	6	593	65,2	7,69
P18091-2	Isoform Non-muscle of Alpha-actinin, sarcomeric OS=Drosophila melanogaster GN=Actn - [ACTN_DROME]	9,42	6	2	6	9	892	103,4	5,69
Q9W335	LD26546p OS=Drosophila melanogaster GN=(1)G0320 PE=1 SV=1 - [Q9W335_DROME]	12,91	1	1	2	3	302	33,0	4,84
P91929	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha subcomplex subunit 10, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=ND-42 PE=2 SV=2 - [NDUAA_DROME]	6,39	1	1	2	4	407	46,9	6,80
Q9W0S7	LD20211p OS=Drosophila melanogaster GN=Tudor-SN PE=1 SV=1 - [Q9W0S7_DROME]	10,69	1	4	5	9	926	103,0	8,05
Q9W3L4	CG2233 OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG2233 PE=1 SV=1 - [Q9W3L4_DROME]	9,90	1	1	2	4	414	46,5	6,38
Q9VML5	CG9021, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG9021 PE=1 SV=1 - [Q9VML5_DROME]	5,38	1	1	1	3	316	35,9	6,13
Q9Y125	BcDNA.GH08312 OS=Drosophila melanogaster GN=Sap-r PE=1 SV=1 - [Q9Y125_DROME]	6,51	1	2	4	9	953	105,9	4,97
Q9W3K9	CG2254 OS=Drosophila melanogaster GN=Ldsdh1 PE=1 SV=1 - [Q9W3K9_DROME]	5,00	1	1	1	3	320	35,6	7,43
F0JAN1	Ade5, isoform B OS=Drosophila melanogaster GN=ade5 PE=1 SV=1 - [F0JAN1_DROME]	10,98	2	1	3	4	428	47,1	8,38
M9NET2	Terribly reduced optic lobes, isoform AI OS=Drosophila melanogaster GN=trol PE=1 SV=2 - [M9NET2_DROME]	6,11	1	6	16	36	3897	431,4	5,02
Q7KN62-2	Isoform D of Transitional endoplasmic reticulum ATPase TER94 OS=Drosophila melanogaster GN=TER94 - [TERA_DROME]	9,09	4	2	4	7	759	84,2	5,35
Q9VH09	Glycine cleavage system P protein OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG3999 PE=1 SV=1 - [Q9VH09_DROME]	8,93	1	2	5	9	985	109,6	7,06
O96827	Probable elongation factor 1-beta OS=Drosophila melanogaster GN=eEF1beta PE=1 SV=3 - [EF1B_DROME]	8,56	1	1	1	2	222	24,2	4,58
Q9VJ19	RE25263p OS=Drosophila melanogaster GN=RpL30 PE=1 SV=1 - [Q9VJ19_DROME]	14,41	1	1	1	1	111	12,2	9,58
P00408	Cytochrome c oxidase subunit 2 OS=Drosophila melanogaster GN=mt:CoII PE=3 SV=1 - [COX2_DROME]	8,77	1	1	1	2	228	26,2	5,10
Q9VZF6	GH04863p OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG14997 PE=1 SV=1 - [Q9VZF6_DROME]	5,91	1	1	2	4	457	51,1	9,14
P19109-3	Isoform D of ATP-dependent RNA helicase p62 OS=Drosophila melanogaster GN=Rm62 - [DDX17_DROME]	9,57	4	1	3	5	575	62,4	9,57
P11995	Larval serum protein 1 alpha chain OS=Drosophila melanogaster GN=Lsp1alpha PE=2 SV=3 - [LSP1A_DROME]	3,31	1	1	2	7	816	98,8	6,14
P13607-3	Isoform 3 of Sodium/potassium-transporting ATPase subunit alpha OS=Drosophila melanogaster GN=Atpalpha - [ATNA_DROME]	8,10	8	3	5	7	839	91,9	5,63
Q94511	NADH-ubiquinone oxidoreductase 75 kDa subunit, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=ND-75 PE=2 SV=3 - [NDUS1_DROME]	5,06	1	1	2	6	731	78,6	6,84
Q9VXM4	LD12946p OS=Drosophila melanogaster GN=MSBP PE=1 SV=1 - [Q9VXM4_DROME]	5,65	1	1	1	2	248	27,9	4,74
Q95RA9	GILT-like protein 1 OS=Drosophila melanogaster GN=GILT1 PE=2 SV=1 - [GILT1_DROME]	14,40	1	1	2	2	250	27,7	7,33
A0A0B4KFY9	Lamin C, isoform B OS=Drosophila melanogaster GN=LamC PE=3 SV=1 - [A0A0B4KFY9_DROME]	12,34	1	2	5	5	640	72,1	6,67
A1Z6V5	FI01422p OS=Drosophila melanogaster GN=Spn43Ab PE=1 SV=1 - [A1Z6V5_DROME]	8,14	1	1	2	3	393	43,4	8,41
Q9VLX0	Lysine ketoglutarate reductase/saccharopine dehydrogenase, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=LKRSDH PE=1 SV=2 - [Q9VLX0_DROME]	9,16	1	3	4	7	928	103,1	6,79

Q9VDT1	Arc42 OS=Drosophila melanogaster GN=Arc42 PE=1 SV=1 - [Q9VDT1_DROME]	10,12	1	1	2	3	405	43,6	7,88
O16797-5	Isoform G of 60S ribosomal protein L3 OS=Drosophila melanogaster GN=RpL3 - [RL3_DROME]	10,87	3	1	1	1	138	15,6	10,14
Q8INW9	Fondue, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=fon PE=1 SV=1 - [Q8INW9_DROME]	7,08	3	1	2	4	565	56,6	6,46
Q8T0J5	CG7675, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG7675 PE=1 SV=1 - [Q8T0J5_DROME]	9,41	2	1	2	2	287	31,4	9,32
Q9VXJ0	Peroxisomal multifunctional enzyme type 2 OS=Drosophila melanogaster GN=Mfe2 PE=1 SV=1 - [DHB4_DROME]	5,02	1	1	2	4	598	64,0	6,57
Q8I0S9	CG2118, isoform B OS=Drosophila melanogaster GN=mcc PE=1 SV=1 - [Q8I0S9_DROME]	7,10	2	1	3	4	634	69,4	5,52
Q9V9S0	FI04419p OS=Drosophila melanogaster GN=Lamp1 PE=1 SV=3 - [Q9V9S0_DROME]	5,35	1	1	1	2	318	34,8	6,11
Q9VHV5	ADP-ribosylation factor-like protein 8 OS=Drosophila melanogaster GN=Gie PE=1 SV=1 - [ARL8_DROME]	7,53	1	1	1	1	186	21,2	7,21
Q9VG69	CG5844 OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG5844 PE=1 SV=1 - [Q9VG69_DROME]	5,29	1	1	1	2	378	41,6	5,68
Q9VB46	FI18644p1 OS=Drosophila melanogaster GN=Hmu PE=1 SV=1 - [Q9VB46_DROME]	4,49	1	2	2	3	579	63,4	9,35
P08120	Collagen alpha-1(IV) chain OS=Drosophila melanogaster GN=Cg25C PE=1 SV=3 - [CO4A1_DROME]	2,08	1	2	2	9	1779	174,2	8,60
Q9VJ86	Bicoid stability factor OS=Drosophila melanogaster GN=bsf PE=1 SV=2 - [Q9VJ86_DROME]	3,19	1	2	3	7	1412	157,2	7,14
P48809	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein 27C OS=Drosophila melanogaster GN=Hrb27C PE=1 SV=2 - [RB27C_DROME]	3,80	1	1	1	2	421	44,7	6,80
A0A0B4LEQ0	Uncharacterized protein, isoform C OS=Drosophila melanogaster GN=CG17337 PE=1 SV=1 - [A0A0B4LEQ0_DROME]	3,94	2	1	1	2	431	47,9	5,63
Q9VF27	GM02062p OS=Drosophila melanogaster GN=ND-23 PE=1 SV=1 - [Q9VF27_DROME]	8,29	1	1	1	1	217	24,6	5,88
A0A0B4JD95	Zipper, isoform H OS=Drosophila melanogaster GN=zip PE=1 SV=1 - [A0A0B4JD95_DROME]	5,70	9	4	7	9	1964	226,6	5,52
Q9V4E0	LD47962p OS=Drosophila melanogaster GN=ND-49 PE=1 SV=2 - [Q9V4E0_DROME]	3,42	1	1	1	2	468	52,9	6,67
Q9W092	Probable chitinase 2 OS=Drosophila melanogaster GN=Cht2 PE=1 SV=1 - [CHIT2_DROME]	8,06	1	1	2	2	484	54,1	5,90
A1Z9E3	Elongation factor Tu OS=Drosophila melanogaster GN=mEFTu1 PE=1 SV=1 - [A1Z9E3_DROME]	4,70	1	1	1	2	489	54,0	8,03
Q02645-3	Isoform C of Protein hu-li tai shao OS=Drosophila melanogaster GN=hts - [HTS_DROME]	4,65	7	1	1	2	495	54,5	5,97
Q9VK60	CG6180 OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG6180 PE=1 SV=2 - [Q9VK60_DROME]	13,23	1	1	1	1	257	28,7	8,82
Q7K3E2	CG5080, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=CT16297 PE=1 SV=1 - [Q7K3E2_DROME]	5,23	1	1	1	2	554	61,2	5,62
Q9VIB5	Carboxylic ester hydrolase OS=Drosophila melanogaster GN=alpha-Est7 PE=1 SV=1 - [Q9VIB5_DROME]	2,27	1	1	1	2	572	65,4	6,49
Q9VNX4	Delta-1-Pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase 1, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=P5CDh1 PE=1 SV=1 - [Q9VNX4_DROME]	5,05	1	1	2	2	574	63,6	8,22
Q9V9A7	Probable methylcrotonoyl-CoA carboxylase beta chain, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=l(2)04524 PE=2 SV=1 - [MCCB_DROME]	5,02	1	1	2	2	578	62,6	7,49
Q9VWD4	Probable RNA-binding protein CG14230 OS=Drosophila melanogaster GN=CG14230 PE=1 SV=2 - [Y4230_DROME]	4,31	1	1	1	2	580	66,2	8,56

Q9VZ49	Poly(U)-specific endoribonuclease homolog OS=Drosophila melanogaster GN=CG2145 PE=2 SV=1 - [ENDOU_DROME]	3,04	1	1	1	2	592	63,6	8,88
Q9V7N5-2	Isoform A of V-type proton ATPase subunit C OS=Drosophila melanogaster GN=Vha44 - [VATC_DROME]	6,70	3	1	1	1	388	44,5	7,80
Q7K127	CG7997, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=CG7997 PE=1 SV=1 - [Q7K127_DROME]	3,60	1	1	1	1	417	47,4	5,41
Q9XTL9	Glycogen phosphorylase OS=Drosophila melanogaster GN=GlyP PE=2 SV=2 - [PYG_DROME]	1,66	1	1	1	2	844	96,9	6,52
Q9VMV5	Viking, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=vkg PE=1 SV=1 - [Q9VMV5_DROME]	2,58	1	1	3	4	1940	193,7	6,43
Q9VFAQ9	Dipeptidase B, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Dip-B PE=1 SV=2 - [Q9VFAQ9_DROME]	3,15	1	1	1	1	508	55,5	6,76
Q9VFH4	LD12755p OS=Drosophila melanogaster GN=(3)L1231 PE=2 SV=1 - [Q9VFH4_DROME]	1,58	1	1	1	2	1200	126,9	8,78
P13395	Spectrin alpha chain OS=Drosophila melanogaster GN=alpha-Spec PE=1 SV=2 - [SPTCA_DROME]	3,23	4	1	4	4	2415	278,1	5,20
A0A0B4LEU9	Maltase A5, isoform C OS=Drosophila melanogaster GN=Mal-A5 PE=1 SV=1 - [A0A0B4LEU9_DROME]	2,13	2	1	1	1	611	70,0	5,66
A0A0B4LGN1	Inositol 1,4,5,-tris-phosphate receptor, isoform C OS=Drosophila melanogaster GN=Itp-r83A PE=4 SV=1 - [A0A0B4LGN1_DROME]	1,63	3	1	3	4	2828	318,0	5,96
M9PHG4	Spectrin beta chain OS=Drosophila melanogaster GN=beta-Spec PE=3 SV=1 - [M9PHG4_DROME]	1,16	3	1	2	3	2147	249,4	5,22
A0A0B4KHX6	CG7029, isoform I OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG7029 PE=4 SV=1 - [A0A0B4KHX6_DROME]	1,26	3	1	1	2	1506	165,3	8,34
Q9VNF8	Secretory 23, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Sec23 PE=1 SV=2 - [Q9VNF8_DROME]	2,20	3	1	1	1	773	86,7	6,79
M9PDS8	Sallimus, isoform Y OS=Drosophila melanogaster GN=sls PE=4 SV=1 - [M9PDS8_DROME]	1,41	12	2	7	13	10625	1206,5	5,15
Q9VGZ3	Iron regulatory protein 1B OS=Drosophila melanogaster GN=Irp-1B PE=1 SV=1 - [Q9VGZ3_DROME]	2,00	2	1	1	1	899	98,5	5,95
O46067	CG2918, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=CT9894 PE=1 SV=1 - [O46067_DROME]	1,63	1	1	1	1	923	103,4	5,12
P15215	Laminin subunit gamma-1 OS=Drosophila melanogaster GN=LanB2 PE=2 SV=2 - [LAMC1_DROME]	1,16	1	1	1	1	1639	182,2	5,38

APÊNDICE D – Lista de proteínas identificadas para linhagem controle mantida em dieta restrita

Accesso	Descrição	Cobertura	Proteínas	Peptídeos únicos	Peptídeos	PSMs	AAs	MW [kDa]	calc. pI
P84040	Histone H4 OS=Drosophila melanogaster GN=His4 PE=1 SV=2 - [H4_DROME]	22,33	1	3	3	36	103	11,4	11,36
B4ZJA4	GEO11793p1 OS=Drosophila melanogaster GN=Sfp77F PE=2 SV=1 - [B4ZJA4_DROME]	29,27	1	1	1	28	82	9,4	5,38
P53501	Actin-57B OS=Drosophila melanogaster GN=Act57B PE=1 SV=1 - [ACT3_DROME]	31,91	1	1	8	107	376	41,8	5,39
P02572	Actin-42A OS=Drosophila melanogaster GN=Act42A PE=1 SV=3 - [ACT2_DROME]	28,99	2	1	7	97	376	41,8	5,48
P05661-17	Isoform D of Myosin heavy chain, muscle OS=Drosophila melanogaster GN=Mhc - [MYSA_DROME]	39,30	4	1	80	485	1962	224,4	6,16
P54399	Protein disulfide-isomerase OS=Drosophila melanogaster GN=Pdi PE=2 SV=1 - [PDI_DROME]	59,68	1	17	23	122	496	55,7	4,82
Q05825	ATP synthase subunit beta, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=ATPsynbeta PE=1 SV=3 - [ATPB_DROME]	46,73	2	11	15	124	505	54,1	5,27
P05661-19	Isoform F of Myosin heavy chain, muscle OS=Drosophila melanogaster GN=Mhc - [MYSA_DROME]	39,30	3	1	80	480	1962	224,4	6,18
P08570	60S acidic ribosomal protein P1 OS=Drosophila melanogaster GN=RpLP1 PE=1 SV=2 - [RLA1_DROME]	42,86	1	2	2	24	112	11,5	4,41
P35381	ATP synthase subunit alpha, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=blw PE=1 SV=2 - [ATPA_DROME]	32,07	1	12	14	111	552	59,4	9,01
P06754-1	Isoform D of Tropomyosin-1, isoforms 9A/A/B OS=Drosophila melanogaster GN=Tm1 - [TPM1_DROME]	41,40	1	7	11	57	285	32,7	4,73
P00334	Alcohol dehydrogenase OS=Drosophila melanogaster GN=Adh PE=1 SV=2 - [ADH_DROME]	63,28	1	7	11	49	256	27,7	7,96
P06742	Myosin light chain alkali OS=Drosophila melanogaster GN=Mlc1 PE=1 SV=4 - [MLC1_DROME]	17,42	2	3	3	28	155	17,5	4,39
P02516	Heat shock protein 23 OS=Drosophila melanogaster GN=Hsp23 PE=2 SV=2 - [HSP23_DROME]	34,41	1	5	5	33	186	20,6	5,85
O18404	3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase type-2 OS=Drosophila melanogaster GN=scu PE=1 SV=1 - [HCD2_DROME]	41,57	1	7	7	43	255	26,9	9,03
Q94920	Voltage-dependent anion-selective channel OS=Drosophila melanogaster GN=porin PE=1 SV=3 - [VDAC_DROME]	55,67	1	7	11	46	282	30,5	6,96
Q9VYR1	Regucalcin homologue OS=Drosophila melanogaster GN=regucalcin PE=1 SV=1 - [Q9VYR1_DROME]	48,51	2	8	11	47	303	33,6	6,40
O97428	Ciboulot, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=cib PE=1 SV=1 - [O97428_DROME]	34,11	1	3	3	20	129	14,4	5,21
Q24407	ATP synthase-coupling factor 6, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=ATPsynCf6 PE=3 SV=1 - [ATP5_DROME]	30,19	1	1	3	16	106	11,9	9,04
P02841	Salivary glue protein Sgs-7 OS=Drosophila melanogaster GN=Sgs7 PE=2 SV=1 - [SGS7_DROME]	27,03	1	1	1	11	74	7,9	7,83
Q7JR58	CG6543, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=CG6543 PE=1 SV=1 - [Q7JR58_DROME]	28,47	1	5	6	43	295	31,6	8,63
Q9V496	Apolipophorins OS=Drosophila melanogaster GN=Rfabg PE=1 SV=2 - [APLP_DROME]	38,32	1	61	87	483	3351	372,4	7,97

Q9VKM3	ATP synthase, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=ATPsynG PE=1 SV=1 - [Q9VKM3_DROME]	15,15	1	1	1	14	99	10,9	9,76
Q9VA83	Ferritin OS=Drosophila melanogaster GN=Fer2LCH PE=1 SV=1 - [Q9VA83_DROME]	48,02	2	8	8	32	227	25,2	6,34
Q24251	ATP synthase subunit d, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=ATPsynD PE=2 SV=2 - [ATP5H_DROME]	41,57	1	4	6	25	178	20,2	6,55
Q9W2X6	ATP synthase, delta subunit, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=ATPsyndelta PE=1 SV=1 - [Q9W2X6_DROME]	33,12	1	2	3	22	157	16,7	5,99
Q9VEB1	IP09655p OS=Drosophila melanogaster GN=Mdh2 PE=1 SV=1 - [Q9VEB1_DROME]	39,58	1	6	9	46	336	35,3	9,11
P29844	Heat shock 70 kDa protein cognate 3 OS=Drosophila melanogaster GN=Hsc70-3 PE=2 SV=2 - [HSP7C_DROME]	27,90	2	10	14	89	656	72,2	5,36
Q70VI1	Mf4 protein OS=Drosophila melanogaster GN=Mf PE=1 SV=1 - [Q70VI1_DROME]	37,36	2	6	9	49	364	41,5	9,70
Q9VLC5	Aldehyde dehydrogenase OS=Drosophila melanogaster GN=Aldh PE=1 SV=1 - [Q9VLC5_DROME]	35,00	1	10	10	69	520	57,0	6,80
P18432	Myosin regulatory light chain 2 OS=Drosophila melanogaster GN=Mlc2 PE=1 SV=2 - [MLR_DROME]	68,47	1	5	8	29	222	23,7	4,81
Q26365-2	Isoform A of ADP,ATP carrier protein OS=Drosophila melanogaster GN=sesB - [ADT_DROME]	46,15	2	6	9	39	299	32,9	9,77
H1UUD2	Ferritin OS=Drosophila melanogaster GN=Fer1HCH PE=1 SV=1 - [H1UUD2_DROME]	49,70	4	5	5	22	169	19,2	6,11
Q04691-2	Isoform B of Fat-body protein 1 OS=Drosophila melanogaster GN=Fbp1 - [FBP1_DROME]	28,49	3	21	23	124	997	116,2	6,29
Q9W334	40S ribosomal protein S28 OS=Drosophila melanogaster GN=RpS28b PE=1 SV=2 - [RS28_DROME]	18,46	1	1	1	8	65	7,5	10,37
P84051	Histone H2A OS=Drosophila melanogaster GN=His2A PE=1 SV=2 - [H2A_DROME]	37,10	2	3	5	15	124	13,4	10,73
P08736	Elongation factor 1-alpha 1 OS=Drosophila melanogaster GN=Ef1alpha48D PE=1 SV=2 - [EF1A1_DROME]	30,45	1	5	7	56	463	50,3	9,07
P48610	Arginine kinase OS=Drosophila melanogaster GN=Argk PE=2 SV=2 - [KARG_DROME]	35,96	5	9	11	42	356	39,8	6,47
Q9W1B9	GEO07602p1 OS=Drosophila melanogaster GN=RpL12 PE=1 SV=1 - [Q9W1B9_DROME]	39,39	1	3	4	18	165	17,7	9,07
P08928	Lamin Dm0 OS=Drosophila melanogaster GN=Lam PE=1 SV=4 - [LAM0_DROME]	31,51	1	11	16	66	622	71,3	6,47
P35415	Paramyosin, long form OS=Drosophila melanogaster GN=Prm PE=1 SV=1 - [MYSPI_DROME]	46,08	1	19	31	91	879	102,3	5,58
P06603	Tubulin alpha-1 chain OS=Drosophila melanogaster GN=alphaTub84B PE=1 SV=1 - [TBA1_DROME]	27,11	2	6	8	46	450	49,9	5,14
P55841	60S ribosomal protein L14 OS=Drosophila melanogaster GN=RpL14 PE=1 SV=1 - [RL14_DROME]	14,46	1	2	2	16	166	19,2	11,18
P09491-2	Isoform Embryonic of Tropomyosin-2 OS=Drosophila melanogaster GN=Tm2 - [TPM2_DROME]	25,35	1	7	11	27	284	32,8	4,79
P11147	Heat shock 70 kDa protein cognate 4 OS=Drosophila melanogaster GN=Hsc70-4 PE=1 SV=3 - [HSP7D_DROME]	29,95	6	7	14	61	651	71,1	5,52
Q9W227	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase OS=Drosophila melanogaster GN=CG2852 PE=1 SV=1 - [Q9W227_DROME]	22,44	1	2	3	19	205	22,2	8,75
Q9VMB9	Cytochrome c oxidase subunit 5B, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=COX5B PE=1 SV=1 - [Q9VMB9_DROME]	10,83	1	1	1	11	120	13,6	8,69
Q9VJ19	RE25263p OS=Drosophila melanogaster GN=RpL30 PE=1 SV=1 - [Q9VJ19_DROME]	25,23	1	2	2	10	111	12,2	9,58

Q9VIQ8	Cytochrome c oxidase subunit 4, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=COX4 PE=1 SV=1 - [Q9VIQ8_DROME]	14,84	1	2	2	16	182	20,5	8,25
P07487	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 2 OS=Drosophila melanogaster GN=Gapdh2 PE=1 SV=2 - [G3P2_DROME]	26,20	1	2	5	29	332	35,3	8,44
P07486	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 1 OS=Drosophila melanogaster GN=Gapdh1 PE=2 SV=2 - [G3P1_DROME]	18,07	1	1	4	29	332	35,3	8,18
P24156	Protein I(2)37Cc OS=Drosophila melanogaster GN=I(2)37Cc PE=2 SV=2 - [L2CC_DROME]	34,06	1	5	7	24	276	30,4	5,73
Q8MLY8	40S ribosomal protein S8 OS=Drosophila melanogaster GN=RpS8 PE=1 SV=1 - [RS8_DROME]	32,69	1	5	5	18	208	23,7	10,48
P29413	Calreticulin OS=Drosophila melanogaster GN=Crc PE=1 SV=2 - [CALR_DROME]	26,60	1	5	7	35	406	46,8	4,58
Q960M4	LD45324p OS=Drosophila melanogaster GN=Prx5 PE=1 SV=1 - [Q960M4_DROME]	23,68	1	2	3	16	190	19,9	8,68
Q9VVU1	CG3902 OS=Drosophila melanogaster GN=GH07925p PE=1 SV=1 - [Q9VVU1_DROME]	23,19	1	4	7	34	414	45,3	6,71
O01666	ATP synthase subunit gamma, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=ATPsyngamma PE=2 SV=2 - [ATPG_DROME]	24,92	1	3	5	23	297	32,9	9,22
P15357	Ubiquitin-40S ribosomal protein S27a OS=Drosophila melanogaster GN=RpS27A PE=1 SV=2 - [RS27A_DROME]	19,87	1	2	3	12	156	17,9	9,77
Q9VV75	AT02348p OS=Drosophila melanogaster GN=UQCR-C2 PE=1 SV=1 - [Q9VV75_DROME]	38,41	1	9	11	33	440	45,4	9,44
P09180	60S ribosomal protein L4 OS=Drosophila melanogaster GN=RpL4 PE=1 SV=2 - [RL4_DROME]	26,18	1	4	6	30	401	45,0	11,47
Q9VS34	60S ribosomal protein L18 OS=Drosophila melanogaster GN=RpL18 PE=1 SV=1 - [RL18_DROME]	19,68	1	2	3	14	188	21,7	11,53
Q9W401	Probable citrate synthase, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=kdn PE=2 SV=1 - [CISY_DROME]	23,71	2	3	7	34	464	51,5	8,81
Q9VQ61	Aspartate aminotransferase OS=Drosophila melanogaster GN=Got2 PE=1 SV=1 - [Q9VQ61_DROME]	32,08	2	7	9	31	424	47,2	8,78
Q9VFF0	GH01077p OS=Drosophila melanogaster GN=UQCR-C1 PE=1 SV=2 - [Q9VFF0_DROME]	20,43	1	5	6	34	470	51,8	6,00
Q7K485	CathD OS=Drosophila melanogaster GN=cathD PE=1 SV=1 - [Q7K485_DROME]	35,71	1	5	8	28	392	42,4	6,32
Q9VWH4-2	Isoform A of Probable isocitrate dehydrogenase [NAD] subunit alpha, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=I(1)G0156 - [IDH3A_DROME]	23,16	2	5	6	25	354	38,6	7,36
Q9VXN2-2	Isoform B of Protein stunted OS=Drosophila melanogaster GN=sun - [SUN_DROME]	26,32	2	1	1	4	57	6,3	10,59
O02649	60 kDa heat shock protein, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=Hsp60 PE=1 SV=3 - [CH60_DROME]	24,96	1	7	9	40	573	60,8	5,49
Q8INK2	Fatty acid binding protein, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=fabp PE=1 SV=1 - [Q8INK2_DROME]	25,64	2	2	2	8	117	12,8	6,54
P15007-2	Isoform A of Enolase OS=Drosophila melanogaster GN=Eno - [ENO_DROME]	27,48	2	6	7	29	433	46,6	6,55
P19889	60S acidic ribosomal protein P0 OS=Drosophila melanogaster GN=RpLP0 PE=1 SV=1 - [RLA0_DROME]	27,13	1	3	5	21	317	34,2	6,95
Q9W4B7	CG4151, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG4151 PE=2 SV=1 - [Q9W4B7_DROME]	22,53	1	3	3	12	182	20,5	10,13
Q3YMU0	Protein disulfide-isomerase (Fragment) OS=Drosophila melanogaster GN=ERp60 PE=1 SV=1 - [Q3YMU0_DROME]	28,02	1	5	10	32	489	55,3	5,87

Q9VTP4	60S ribosomal protein L10a-2 OS=Drosophila melanogaster GN=Rpl10Ab PE=1 SV=2 - [R10AB_DROME]	19,82	1	2	3	14	217	24,3	9,86
Q7KN94	Walrus, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=wal PE=1 SV=1 - [Q7KN94_DROME]	30,61	1	5	6	21	330	34,2	8,32
P32100	60S ribosomal protein L7 OS=Drosophila melanogaster GN=Rpl7 PE=1 SV=2 - [RL7_DROME]	23,81	1	4	5	16	252	29,5	10,89
Q27364	Ecdysone-induced gene 71Eb, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Eig71Eb PE=4 SV=2 - [Q27364_DROME]	34,74	1	1	2	6	95	11,1	9,23
Q7K2W6	GH04080p OS=Drosophila melanogaster GN=PPO1 PE=1 SV=1 - [Q7K2W6_DROME]	25,94	1	7	11	43	690	79,0	6,60
P05389	60S acidic ribosomal protein P2 OS=Drosophila melanogaster GN=RplP2 PE=1 SV=1 - [RLA2_DROME]	11,50	1	1	1	7	113	11,7	4,70
P07701	Salivary glue protein Sgs-5 OS=Drosophila melanogaster GN=Sgs5 PE=2 SV=1 - [SGS5_DROME]	14,72	1	2	2	10	163	18,8	7,72
Q95SI7	CG6028 OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG6028 PE=1 SV=1 - [Q95SI7_DROME]	33,11	1	4	6	17	293	32,3	6,57
Q0KHZ6	CG7834, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=CG 7834 PE=1 SV=1 - [Q0KHZ6_DROME]	18,97	1	3	3	14	253	27,2	8,05
P17704	40S ribosomal protein S17 OS=Drosophila melanogaster GN=RpS17 PE=1 SV=2 - [RS17_DROME]	21,37	1	2	2	7	131	15,3	9,94
Q9VQL7	Fatty acid synthase 1, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=FASN1 PE=1 SV=1 - [Q9VQL7_DROME]	26,21	2	29	35	130	2438	266,3	6,37
P11997	Larval serum protein 1 gamma chain OS=Drosophila melanogaster GN=Lsp1gamma PE=2 SV=2 - [LSP1G_DROME]	24,48	1	9	13	41	772	93,3	5,44
Q06559	40S ribosomal protein S3 OS=Drosophila melanogaster GN=RpS3 PE=1 SV=1 - [RS3_DROME]	28,05	1	3	6	13	246	27,5	9,39
Q9V8M5	Probable 3-hydroxyisobutyrate dehydrogenase, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=CG15093 PE=2 SV=2 - [3HIDH_DROME]	22,84	1	2	4	17	324	33,9	8,13
Q9VRL0	Cytochrome c1, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Cyt-c1 PE=1 SV=1 - [Q9VRL0_DROME]	27,69	1	4	5	16	307	33,7	8,53
Q9VIE8	Aconitate hydratase, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=Acon PE=1 SV=2 - [Q9VIE8_DROME]	20,97	1	8	11	41	787	85,3	8,24
P20477	Glutamine synthetase 1, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=Gsl PE=2 SV=3 - [GLNA1_DROME]	26,57	1	5	5	20	399	44,4	6,46
Q9VWG1	LD37169p OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG14207 PE=1 SV=1 - [Q9VWG1_DROME]	15,85	2	1	2	9	183	20,8	5,94
Q9W499	FI02809p OS=Drosophila melanogaster GN=Rpl35 PE=1 SV=2 - [Q9W499_DROME]	10,57	1	1	1	6	123	14,4	11,18
Q9VU35	RH34413p OS=Drosophila melanogaster GN=anon-WO0118547.175 PE=1 SV=1 - [Q9VU35_DROME]	13,59	1	1	1	5	103	11,0	9,09
Q9V597	60S ribosomal protein L31 OS=Drosophila melanogaster GN=Rpl31 PE=1 SV=1 - [RL31_DROME]	11,29	1	1	1	6	124	14,5	10,20
Q24439	ATP synthase subunit O, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=ATPsynO PE=2 SV=2 - [ATPO_DROME]	36,36	1	1	6	10	209	22,4	9,63
Q7K5K3	Pyruvate dehydrogenase E1 component subunit beta OS=Drosophila melanogaster GN=CG 11876 PE=1 SV=1 - [Q7K5K3_DROME]	33,42	1	2	7	17	365	39,3	7,80
P41094	40S ribosomal protein S18 OS=Drosophila melanogaster GN=RpS18 PE=1 SV=1 - [RS18_DROME]	23,03	1	1	3	7	152	17,6	10,48

Q9W1N3	Levy, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=levy PE=1 SV=1 - [Q9W1N3_DROME]	15,60	1	1	1	5	109	12,5	9,70
Q9VF15	GEO09476p1 OS=Drosophila melanogaster GN=glob1 PE=1 SV=1 - [Q9VF15_DROME]	30,07	1	2	2	7	153	17,1	5,20
Q94522	Succinate--CoA ligase [ADP/GDP-forming] subunit alpha, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=Scsalpha PE=2 SV=3 - [SUCA_DROME]	19,82	1	4	4	15	328	34,4	8,98
Q9VL70	HL08109p OS=Drosophila melanogaster GN=yip2 PE=1 SV=1 - [Q9VL70_DROME]	28,64	1	5	7	18	398	41,6	8,51
P29613	Triosephosphate isomerase OS=Drosophila melanogaster GN=Tpi PE=1 SV=3 - [TPIS_DROME]	27,53	2	2	4	11	247	26,6	6,00
Q9VLU0	Barrier-to-autointegration factor OS=Drosophila melanogaster GN=baf PE=1 SV=1 - [BAF_DROME]	16,67	1	1	1	4	90	10,1	5,16
P07764	Fructose-bisphosphate aldolase OS=Drosophila melanogaster GN=Ald PE=1 SV=5 - [ALF_DROME]	17,73	3	3	4	16	361	39,0	7,40
O18640	Guanine nucleotide-binding protein subunit beta-like protein OS=Drosophila melanogaster GN=Rack1 PE=1 SV=2 - [GBLP_DROME]	20,13	1	2	4	14	318	35,6	7,47
P54385-2	Isoform C of Glutamate dehydrogenase, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=Gdh - [DHE3_DROME]	21,31	1	1	8	24	549	61,0	8,40
Q7KN97	Pyruvate carboxylase OS=Drosophila melanogaster GN=PCB PE=1 SV=1 - [Q7KN97_DROME]	19,56	2	12	16	51	1181	130,8	6,81
P80455	40S ribosomal protein S12 OS=Drosophila melanogaster GN=RpS12 PE=1 SV=2 - [RS12_DROME]	33,09	1	1	3	6	139	15,2	6,38
Q9VQM2	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 subunit C2 OS=Drosophila melanogaster GN=ND-B14.5B PE=1 SV=1 - [Q9VQM2_DROME]	12,07	1	1	2	5	116	12,9	8,72
P54385	Glutamate dehydrogenase, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=Gdh PE=1 SV=2 - [DHE3_DROME]	20,28	1	1	8	24	562	62,5	8,27
P08985	Histone H2A.v OS=Drosophila melanogaster GN=His2Av PE=1 SV=2 - [H2AV_DROME]	41,84	1	1	4	6	141	15,0	10,24
P54357	Myosin-2 essential light chain OS=Drosophila melanogaster GN=Mlc-c PE=1 SV=1 - [MLC2_DROME]	19,05	2	1	2	6	147	16,6	4,59
P02283	Histone H2B OS=Drosophila melanogaster GN=His2B PE=1 SV=2 - [H2B_DROME]	20,33	1	1	2	5	123	13,7	10,35
Q9VSA3	Probable medium-chain specific acyl-CoA dehydrogenase, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=CG12262 PE=2 SV=1 - [ACADM_DROME]	15,27	1	2	4	17	419	45,8	7,94
Q27241	Ecdysone-induced gene 71Ed OS=Drosophila melanogaster GN=Eig71Ed PE=2 SV=1 - [Q27241_DROME]	10,10	1	1	1	4	99	11,4	8,66
Q9V3U6	26-29kD-proteinase OS=Drosophila melanogaster GN=26-29-p PE=1 SV=1 - [Q9V3U6_DROME]	16,58	1	4	6	22	549	62,1	6,74
C0HKA1	40S ribosomal protein S14b OS=Drosophila melanogaster GN=RpS14b PE=2 SV=1 - [RS14B_DROME]	16,56	1	1	2	6	151	16,3	10,35
P17336	Catalase OS=Drosophila melanogaster GN=Cat PE=1 SV=2 - [CATA_DROME]	21,94	1	5	6	20	506	57,1	8,18
Q9W3N9	LD24105p OS=Drosophila melanogaster GN=154229_at PE=1 SV=1 - [Q9W3N9_DROME]	16,10	1	2	4	16	410	43,4	8,68
Q9W402	NADH dehydrogenase (Ubiquinone) B16.6 subunit, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=ND-B16.6 PE=1 SV=1 - [Q9W402_DROME]	28,57	1	2	3	6	154	17,7	9,39
P39018	40S ribosomal protein S19a OS=Drosophila melanogaster GN=RpS19a PE=1 SV=3 - [RS19A_DROME]	8,33	1	1	1	6	156	17,3	10,11
M9PJQ5	Wings up A, isoform K OS=Drosophila melanogaster GN=wupA PE=1 SV=1 - [M9PJQ5_DROME]	17,93	3	2	3	7	184	21,6	9,69

Q9V3Y4	LD43650p OS=Drosophila melanogaster GN=Mtch PE=1 SV=1 - [Q9V3Y4_DROME]	14,56	1	2	3	12	316	35,0	9,06
Q9VWG3	40S ribosomal protein S10b OS=Drosophila melanogaster GN=RpS10b PE=1 SV=2 - [RS10B_DROME]	17,50	1	1	2	6	160	17,9	9,80
P38979	40S ribosomal protein SA OS=Drosophila melanogaster GN=sta PE=1 SV=3 - [RSSA_DROME]	15,19	1	1	4	10	270	30,2	4,87
Q9VUZ0	Translocon-associated protein subunit beta OS=Drosophila melanogaster GN=SsRbeta PE=1 SV=2 - [Q9VUZ0_DROME]	19,47	1	1	2	7	190	21,2	8,72
P13060	Elongation factor 2 OS=Drosophila melanogaster GN=EF2 PE=1 SV=4 - [EF2_DROME]	13,74	1	4	9	31	844	94,4	6,60
P29310	14-3-3 protein zeta OS=Drosophila melanogaster GN=14-3-3zeta PE=1 SV=1 - [1433Z_DROME]	22,58	1	2	4	9	248	28,2	4,88
P02828	Heat shock protein 83 OS=Drosophila melanogaster GN=Hsp83 PE=1 SV=1 - [HSP83_DROME]	15,06	2	3	8	26	717	81,8	5,02
Q9VVL7	Dihydrolipoyl dehydrogenase OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG7430 PE=1 SV=1 - [Q9VVL7_DROME]	19,25	1	3	6	18	504	53,1	6,87
Q9VBU9	40S ribosomal protein S27 OS=Drosophila melanogaster GN=RpS27 PE=1 SV=1 - [Q9VBU9_DROME]	13,10	1	1	1	3	84	9,4	9,52
Q9VEI6	CG7587 OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG7587 PE=4 SV=1 - [Q9VEI6_DROME]	9,15	1	1	1	5	142	16,1	8,40
Q9VQ29	Cytochrome b-c1 complex subunit Rieske, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=RFeSP PE=1 SV=3 - [Q9VQ29_DROME]	10,43	1	1	1	8	230	24,9	8,68
Q8IN97	Cellular repressor of E1A-stimulated genes, isoform C OS=Drosophila melanogaster GN=CREG PE=4 SV=1 - [Q8IN97_DROME]	23,70	2	2	3	6	173	19,7	9,23
Q7KUB0	Isocitrate dehydrogenase [NADP] OS=Drosophila melanogaster GN=Idh PE=1 SV=1 - [Q7KUB0_DROME]	25,24	5	5	7	14	416	46,6	6,74
Q9VVG5	CG7630 OS=Drosophila melanogaster GN=BcDNA:RH19679 PE=1 SV=2 - [Q9VVG5_DROME]	36,67	1	2	2	3	90	9,6	9,70
Q7KW39-2	Isoform A of Probable methylmalonate-semialdehyde dehydrogenase [acylating], mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=CG17896 - [MMSA_DROME]	18,20	2	3	6	17	511	55,0	8,35
Q9VAY2	Glycoprotein 93 OS=Drosophila melanogaster GN=Gp93 PE=1 SV=1 - [Q9VAY2_DROME]	13,85	1	5	8	26	787	90,2	5,02
A0A0B4LGQ1	Superoxide dismutase OS=Drosophila melanogaster GN=Sod2 PE=3 SV=1 - [A0A0B4LGQ1_DROME]	15,67	2	2	2	7	217	24,6	7,93
P47949	Troponin C, isoform 3 OS=Drosophila melanogaster GN=TpnC73F PE=2 SV=2 - [TNNC3_DROME]	18,06	1	1	2	5	155	17,7	4,18
Q24186	40S ribosomal protein S5a OS=Drosophila melanogaster GN=RpS5a PE=1 SV=1 - [RS5A_DROME]	12,28	2	2	2	7	228	25,4	8,63
Q9W229	40S ribosomal protein S24 OS=Drosophila melanogaster GN=RpS24 PE=1 SV=1 - [Q9W229_DROME]	20,61	1	1	2	4	131	15,0	11,22
P36241	60S ribosomal protein L19 OS=Drosophila melanogaster GN=RpL19 PE=1 SV=2 - [RL19_DROME]	8,37	1	1	1	6	203	24,0	11,00
P19351-6	Isoform 6 of Troponin T, skeletal muscle OS=Drosophila melanogaster GN=up - [TNNT_DROME]	14,97	10	1	4	11	374	44,8	4,70
P84249	Histone H3.3 OS=Drosophila melanogaster GN=His3.3A PE=1 SV=2 - [H33_DROME]	23,53	1	1	1	4	136	15,3	11,27
Q94516	ATP synthase subunit b, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=ATPsynB PE=2 SV=2 - [AT5F1_DROME]	24,28	1	3	4	7	243	27,3	8,72

B7YZH7	GM12693p OS=Drosophila melanogaster GN=CG8446-RD PE=1 SV=1 - [B7YZH7_DROME]	21,43	2	1	1	2	70	7,4	9,70
A8DYI3	Uncharacterized protein, isoform B OS=Drosophila melanogaster GN=CG10924 PE=1 SV=1 - [A8DYI3_DROME]	18,65	2	4	6	16	563	62,2	7,02
Q9W1H8	GH13256p OS=Drosophila melanogaster GN=Thiolase PE=1 SV=1 - [Q9W1H8_DROME]	19,19	1	4	5	13	469	50,6	9,14
Q03427	Lamin-C OS=Drosophila melanogaster GN=LamC PE=1 SV=2 - [LAMC_DROME]	13,85	2	4	6	17	621	69,8	6,84
Q9VAC1	CG7920, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=BEST:GH02390 PE=1 SV=1 - [Q9VAC1_DROME]	10,06	1	2	3	13	477	51,8	8,12
Q94915	Rhythmically expressed gene 2 protein OS=Drosophila melanogaster GN=Reg-2 PE=2 SV=1 - [REG2_DROME]	23,85	1	2	4	7	260	30,1	7,78
Q8IPE8	Mitochondrial trifunctional protein alpha subunit, isoform B OS=Drosophila melanogaster GN=Mtpalpha PE=1 SV=1 - [Q8IPE8_DROME]	23,66	2	5	10	20	744	79,6	8,85
Q94514	Cytochrome c oxidase subunit 5A, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=COX5A PE=2 SV=2 - [COX5A_DROME]	6,71	1	1	1	4	149	16,6	5,68
E2QCF1	ATP-citrate synthase OS=Drosophila melanogaster GN=ATPCL PE=1 SV=1 - [E2QCF1_DROME]	18,17	3	9	11	29	1095	119,7	7,12
Q9VL69	CG5885, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=AI945207 PE=1 SV=1 - [Q9VL69_DROME]	10,00	1	2	2	5	190	21,6	9,57
P02840	Salivary glue protein Sgs-3 OS=Drosophila melanogaster GN=Sgs3 PE=2 SV=1 - [SGS3_DROME]	3,91	1	1	1	8	307	32,2	9,89
A0A0B4LGB7	Calcium-transporting ATPase OS=Drosophila melanogaster GN=SERCA PE=1 SV=1 - [A0A0B4LGB7_DROME]	12,31	3	5	9	26	999	109,3	5,45
Q9VM18	Trehalose 6-phosphate phosphatase OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG5177 PE=1 SV=1 - [Q9VM18_DROME]	13,41	1	2	2	7	276	31,2	7,12
Q7KT11	CG9331, isoform B OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG9331 PE=1 SV=1 - [Q7KT11_DROME]	26,69	3	3	4	8	326	35,7	6,74
A0A0B4JCW4	Succinate--CoA ligase [ADP-forming] subunit beta, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=skap PE=1 SV=1 - [A0A0B4JCW4_DROME]	10,86	4	2	3	11	451	49,0	6,83
C0HK92	Uncharacterized protein CG45076 OS=Drosophila melanogaster GN=CG45076 PE=1 SV=1 - [Y5076_DROME]	10,99	1	4	5	15	619	68,6	5,06
P11996	Larval serum protein 1 beta chain OS=Drosophila melanogaster GN=Lsp1beta PE=2 SV=3 - [LSP1B_DROME]	8,75	1	4	6	19	789	95,8	5,64
Q8IIQ0	Neural conserved at 73EF, isoform F OS=Drosophila melanogaster GN=Nc73EF PE=1 SV=1 - [Q8IIQ0_DROME]	14,16	1	4	9	24	1017	113,6	6,99
A8Y535	Cytochrome b-c1 complex subunit 6 OS=Drosophila melanogaster GN=UQCR-11 PE=1 SV=2 - [A8Y535_DROME]	31,76	1	1	1	2	85	9,9	5,21
Q9VZU4	LD25561p OS=Drosophila melanogaster GN=ND-30 PE=1 SV=1 - [Q9VZU4_DROME]	4,91	1	1	1	6	265	30,0	7,84
Q24560	Tubulin beta-1 chain OS=Drosophila melanogaster GN=betaTub56D PE=1 SV=2 - [TBB1_DROME]	15,44	1	2	4	10	447	50,1	4,86
P29845	Heat shock 70 kDa protein cognate 5 OS=Drosophila melanogaster GN=Hsc70-5 PE=1 SV=2 - [HSP7E_DROME]	10,35	1	3	5	15	686	74,0	6,35
Q9VPR1	GH02075p OS=Drosophila melanogaster GN=Tspo PE=1 SV=1 - [Q9VPR1_DROME]	9,19	1	1	1	4	185	20,1	9,45
Q7JWE2	GH09427p OS=Drosophila melanogaster GN=CG6183 PE=2 SV=1 - [Q7JWE2_DROME]	23,02	1	2	4	6	278	31,0	7,77

Q7YU05	Pyruvate dehydrogenase E1 component subunit alpha OS=Drosophila melanogaster GN=I(1)G0334 PE=1 SV=1 - [Q7YU05_DROME]	10,67	3	2	2	7	328	35,9	6,54
Q9NJH0	Elongation factor 1-gamma OS=Drosophila melanogaster GN=Ef1gamma PE=2 SV=2 - [EF1G_DROME]	16,94	1	2	5	9	431	48,9	7,05
P11995	Larval serum protein 1 alpha chain OS=Drosophila melanogaster GN=Lsp1alpha PE=2 SV=3 - [LSP1A_DROME]	8,95	1	1	6	17	816	98,8	6,14
Q9VA91	40S ribosomal protein S7 OS=Drosophila melanogaster GN=RpS7 PE=1 SV=1 - [RS7_DROME]	21,65	1	2	2	4	194	22,2	9,80
Q9VUT0	Ecdysone-induced gene 71Eg OS=Drosophila melanogaster GN=Eig71Eg PE=4 SV=1 - [Q9VUT0_DROME]	13,27	1	1	1	2	98	11,2	8,35
Q0E924	LD46344p OS=Drosophila melanogaster GN=Phb2 PE=1 SV=2 - [Q0E924_DROME]	12,37	3	2	2	6	299	33,0	9,54
Q9VB10	CG5590 OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG5590 PE=1 SV=1 - [Q9VB10_DROME]	6,55	1	1	2	8	412	44,3	8,02
B7Z0X1	Serine hydroxymethyltransferase OS=Drosophila melanogaster GN=Shmt PE=1 SV=1 - [B7Z0X1_DROME]	13,49	2	3	3	9	467	51,0	7,72
Q9VLT7	IP17351p OS=Drosophila melanogaster GN=RpL36A PE=1 SV=2 - [Q9VLT7_DROME]	12,50	1	1	1	2	104	12,5	10,80
Q9VXI1	CG9914, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG9914 PE=1 SV=2 - [Q9VXI1_DROME]	16,51	1	1	3	6	315	34,8	7,81
Q7KSU6	CG8036, isoform D OS=Drosophila melanogaster GN=anon-W00118547.344 PE=1 SV=1 - [Q7KSU6_DROME]	15,34	2	4	5	11	580	63,0	6,80
Q9GU68	Eukaryotic translation initiation factor 5A OS=Drosophila melanogaster GN=eIF-5A PE=2 SV=2 - [IF5A_DROME]	9,43	1	1	1	3	159	17,6	5,15
Q8IPF5	A kinase anchor protein 200, isoform B OS=Drosophila melanogaster GN=Akap200 PE=1 SV=1 - [Q8IPF5_DROME]	10,75	3	2	2	7	372	38,1	4,54
P02518	Heat shock protein 27 OS=Drosophila melanogaster GN=Hsp27 PE=1 SV=2 - [HSP27_DROME]	16,43	1	2	2	4	213	23,6	7,44
P48375	12 kDa FK506-binding protein OS=Drosophila melanogaster GN=FK506-bp2 PE=3 SV=2 - [FKB12_DROME]	24,07	1	1	2	2	108	11,7	8,13
Q9VXK0	Protein NipSnap OS=Drosophila melanogaster GN=Nipsnap PE=2 SV=2 - [NIPSN_DROME]	5,86	1	1	1	5	273	31,9	9,17
P25007	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase OS=Drosophila melanogaster GN=Cyp1 PE=1 SV=2 - [PPIA_DROME]	6,61	1	1	1	4	227	24,7	9,22
O18373	Selenide, water dikinase OS=Drosophila melanogaster GN=SelD PE=2 SV=1 - [SPS1_DROME]	6,78	1	1	2	7	398	43,4	6,93
Q24388	Larval serum protein 2 OS=Drosophila melanogaster GN=Lsp2 PE=2 SV=2 - [LSP2_DROME]	8,70	1	2	4	12	701	83,3	6,35
Q8T6I0	EH domain containing protein OS=Drosophila melanogaster GN=Past1 PE=1 SV=1 - [Q8T6I0_DROME]	6,93	2	1	3	9	534	61,0	6,51
Q0E8E8	MIP08013p1 OS=Drosophila melanogaster GN=Mpcp2 PE=1 SV=1 - [Q0E8E8_DROME]	10,96	1	2	2	6	356	38,8	8,88
P50887	60S ribosomal protein L22 OS=Drosophila melanogaster GN=RpL22 PE=1 SV=2 - [RL22_DROME]	12,71	1	2	2	5	299	30,6	10,11
P52034	ATP-dependent 6-phosphofructokinase OS=Drosophila melanogaster GN=Pfk PE=2 SV=2 - [PFKA_DROME]	4,95	2	1	2	13	788	86,6	6,83
Q9V9W2	Ribosomal protein L6, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=RpL6 PE=1 SV=1 - [Q9V9W2_DROME]	18,93	2	1	3	4	243	27,7	10,68

F0JAN1	Ade5, isoform B OS=Drosophila melanogaster GN=ade5 PE=1 SV=1 - [F0JAN1_DROME]	10,51	2	3	3	7	428	47,1	8,38
Q9VZF9	Cuticular protein 64Ad OS=Drosophila melanogaster GN=Cpr64Ad PE=1 SV=2 - [Q9VZF9_DROME]	14,17	1	1	2	4	247	24,3	5,45
A0A0B4JD48	Cysteine proteinase-1, isoform D OS=Drosophila melanogaster GN=Cp1 PE=1 SV=1 - [A0A0B4JD48_DROME]	12,85	3	1	2	4	249	27,0	5,44
P18091-2	Isoform Non-muscle of Alpha-actinin, sarcomeric OS=Drosophila melanogaster GN=Actn - [ACTN_DROME]	11,21	6	2	7	14	892	103,4	5,69
Q7JXC4	CG6459 protein OS=Drosophila melanogaster GN=P32 PE=1 SV=1 - [Q7JXC4_DROME]	9,89	1	1	2	4	263	29,0	5,08
Q9W0S7	LD20211p OS=Drosophila melanogaster GN=Tudor-SN PE=1 SV=1 - [Q9W0S7_DROME]	8,42	1	5	5	14	926	103,0	8,05
Q8SXQ1	CG9629 OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG9629 PE=1 SV=1 - [Q8SXQ1_DROME]	14,44	1	3	5	8	540	58,3	7,44
P33438	Glutactin OS=Drosophila melanogaster GN=Glt PE=1 SV=2 - [GLT_DROME]	13,16	1	4	7	15	1026	118,7	4,77
Q7KN62-2	Isoform D of Transitional endoplasmic reticulum ATPase TER94 OS=Drosophila melanogaster GN=TER94 - [TERA_DROME]	10,94	4	2	5	11	759	84,2	5,35
A1ZBJ2	CG7461, isoform B OS=Drosophila melanogaster GN=CG7461 PE=1 SV=2 - [A1ZBJ2_DROME]	9,09	1	1	3	9	627	68,3	7,77
P41126	60S ribosomal protein L13 OS=Drosophila melanogaster GN=Rpl13 PE=1 SV=1 - [RL13_DROME]	7,80	1	1	1	3	218	24,9	10,99
Q94523	Succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=SdhA PE=2 SV=3 - [SDHA_DROME]	12,10	1	2	5	9	661	72,3	7,12
M9PCA6	Beta galactosidase, isoform B OS=Drosophila melanogaster GN=Gal PE=1 SV=1 - [M9PCA6_DROME]	7,76	2	2	4	9	670	75,1	5,06
Q9W5R8	60S ribosomal protein L5 OS=Drosophila melanogaster GN=Rpl5 PE=1 SV=2 - [RL5_DROME]	8,70	1	1	2	4	299	34,0	9,77
Q9VJ28	FI05204p OS=Drosophila melanogaster GN=L2HGDH PE=1 SV=1 - [Q9VJ28_DROME]	9,45	1	1	3	6	455	50,1	8,59
Q8IRQ5	LP02262p OS=Drosophila melanogaster GN=I(1)G0255 PE=1 SV=1 - [Q8IRQ5_DROME]	7,49	2	2	3	6	467	50,4	7,53
Q9W3K9	CG2254 OS=Drosophila melanogaster GN=Ldsdh1 PE=1 SV=1 - [Q9W3K9_DROME]	14,69	1	1	2	4	320	35,6	7,43
Q9VXM4	LD12946p OS=Drosophila melanogaster GN=MSBP PE=1 SV=1 - [Q9VXM4_DROME]	5,65	1	1	1	3	248	27,9	4,74
P48809	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein 27C OS=Drosophila melanogaster GN=Hrb27C PE=1 SV=2 - [RB27C_DROME]	9,26	1	1	2	5	421	44,7	6,80
Q9VC18	RE29555p OS=Drosophila melanogaster GN=atic PE=1 SV=1 - [Q9VC18_DROME]	13,56	1	4	5	7	590	63,3	7,87
Q961T9	GH07914p OS=Drosophila melanogaster GN=BG:DS00941.11 PE=1 SV=1 - [Q961T9_DROME]	14,12	1	1	2	2	170	19,5	5,22
Q9VV44	Cuticular protein 72Ea OS=Drosophila melanogaster GN=Cpr72Ea PE=1 SV=1 - [Q9VV44_DROME]	8,80	1	2	2	4	341	37,5	6,99
Q9V3G1	60S ribosomal protein L8 OS=Drosophila melanogaster GN=Rpl8 PE=1 SV=1 - [RL8_DROME]	6,25	1	1	1	3	256	27,9	11,15
Q9VNF3	RE01652p OS=Drosophila melanogaster GN=anon-WO0118547.83 PE=1 SV=1 - [Q9VNF3_DROME]	5,84	1	1	1	3	257	26,9	7,50
P22058	Chromosomal protein D1 OS=Drosophila melanogaster GN=D1 PE=1 SV=3 - [CPD1_DROME]	3,94	1	1	1	4	355	37,0	6,64
Q9VSR5	GM03767p OS=Drosophila melanogaster GN=mRpl12 PE=1 SV=1 - [Q9VSR5_DROME]	23,08	1	2	2	2	182	19,6	8,75

Q9V3Q0	IP06404p OS=Drosophila melanogaster GN=BG:DS07486.2 PE=2 SV=1 - [Q9V3Q0_DROME]	12,64	1	1	1	2	182	20,6	8,05
Q9VEH0	Aluminum tubes, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=alt PE=1 SV=1 - [Q9VEH0_DROME]	12,95	2	2	6	9	842	95,0	7,09
Q8INW9	Fondue, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=fon PE=1 SV=1 - [Q8INW9_DROME]	10,44	3	2	3	6	565	56,6	6,46
Q7JXF7	Protein seele OS=Drosophila melanogaster GN=sel PE=1 SV=1 - [SEELE_DROME]	17,46	1	1	2	2	189	21,3	4,70
Q9VB46	FI18644p1 OS=Drosophila melanogaster GN=Hmu PE=1 SV=1 - [Q9VB46_DROME]	4,49	1	2	2	6	579	63,4	9,35
A8JRB8	CG5028, isoform C OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG5028 PE=1 SV=1 - [A8JRB8_DROME]	4,85	3	1	1	4	392	43,2	6,76
P31409	V-type proton ATPase subunit B OS=Drosophila melanogaster GN=Vha55 PE=2 SV=1 - [VATB_DROME]	8,37	1	1	2	5	490	54,5	5,40
X2JAC7	Terribly reduced optic lobes, isoform AX OS=Drosophila melanogaster GN=trol PE=1 SV=1 - [X2JAC7_DROME]	5,78	22	8	9	29	2853	316,6	4,88
Q9W335	LD26546p OS=Drosophila melanogaster GN=l(1)G0320 PE=1 SV=1 - [Q9W335_DROME]	12,58	1	1	2	3	302	33,0	4,84
O62619-2	Isoform B of Pyruvate kinase OS=Drosophila melanogaster GN=PyK - [KPYK_DROME]	10,74	2	1	3	5	512	55,0	7,85
P15348	DNA topoisomerase 2 OS=Drosophila melanogaster GN=Top2 PE=1 SV=1 - [TOP2_DROME]	9,26	1	2	9	14	1447	164,3	8,22
Q9V470	Succinate--CoA ligase [GDP-forming] subunit beta, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=Such PE=1 SV=1 - [Q9V470_DROME]	10,58	1	1	2	4	416	45,0	6,01
M9PI17	CG6084, isoform D OS=Drosophila melanogaster GN=34F4T PE=1 SV=1 - [M9PI17_DROME]	4,43	2	1	1	3	316	35,9	6,80
Q7K511	CG3835-RA OS=Drosophila melanogaster GN=D2hgdh PE=1 SV=1 - [Q7K511_DROME]	9,76	1	2	3	5	533	58,3	6,93
P84029	Cytochrome c-2 OS=Drosophila melanogaster GN=Cyt-c-p PE=1 SV=2 - [CYC2_DROME]	12,96	1	1	1	1	108	11,7	9,57
P19967	Cytochrome b5-related protein OS=Drosophila melanogaster GN=Cyt-b5-r PE=2 SV=2 - [CYB5R_DROME]	8,94	1	1	3	4	436	50,3	8,12
Q9VHB8	CG8199 OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG8199 PE=1 SV=1 - [Q9VHB8_DROME]	6,61	1	1	2	4	439	49,7	6,65
Q9VNW6	Delta-1-pyrroline-5-carboxylate synthase OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG7470 PE=1 SV=1 - [Q9VNW6_DROME]	8,12	1	3	4	7	776	84,0	6,73
Q6IDF5	NADH dehydrogenase (Ubiquinone) B15 subunit OS=Drosophila melanogaster GN=ND-B15 PE=1 SV=1 - [Q6IDF5_DROME]	15,93	1	1	1	1	113	13,1	9,82
Q9VNX4	Delta-1-Pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase 1, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=P5CDh1 PE=1 SV=1 - [Q9VNX4_DROME]	8,36	1	2	3	5	574	63,6	8,22
P49630	60S ribosomal protein L36 OS=Drosophila melanogaster GN=Rpl36 PE=1 SV=1 - [RL36_DROME]	11,30	1	1	1	1	115	13,5	11,37
Q7K VX5	VAMP-associated protein 33kDa, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Vap33 PE=1 SV=1 - [Q7K VX5_DROME]	6,81	2	1	1	2	235	26,8	8,38
Q8IQH6	Uncharacterized protein, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG10960 PE=1 SV=1 - [Q8IQH6_DROME]	2,76	2	1	1	4	471	51,3	7,01
Q9V6U9	Enoyl-[acyl-carrier-protein] reductase, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=CG16935 PE=3 SV=2 - [MECR_DROME]	4,76	1	1	1	3	357	39,1	9,11
Q7PLE6	Uncharacterized protein, isoform C OS=Drosophila melanogaster GN=CG17691 PE=1 SV=3 - [Q7PLE6_DROME]	14,84	1	1	3	3	364	40,2	7,42

A1Z8D3	Uncharacterized protein OS=Drosophila melanogaster GN=CG18003 PE=1 SV=1 - [A1Z8D3_DROME]	4,64	1	1	1	3	366	39,7	8,13
Q9VD58	CG6439, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Idh3b PE=1 SV=1 - [Q9VD58_DROME]	9,73	1	2	2	3	370	40,4	8,54
Q9VTB4	NADH dehydrogenase (Ubiquinone) 13 kDa B subunit OS=Drosophila melanogaster GN=ND-13B PE=1 SV=2 - [Q9VTB4_DROME]	17,74	1	1	1	1	124	13,8	9,39
P25843	Profilin OS=Drosophila melanogaster GN=chic PE=1 SV=1 - [PROF_DROME]	17,46	1	1	1	1	126	13,7	5,41
P08120	Collagen alpha-1(IV) chain OS=Drosophila melanogaster GN=Cg25C PE=1 SV=3 - [CO4A1_DROME]	5,85	1	2	4	14	1779	174,2	8,60
Q9VDL2	LD40493p OS=Drosophila melanogaster GN=TFAM PE=1 SV=1 - [Q9VDL2_DROME]	5,06	2	1	1	2	257	29,9	9,99
Q9V3E7	LD24793p OS=Drosophila melanogaster GN=Ref1 PE=1 SV=1 - [Q9V3E7_DROME]	10,15	1	1	2	2	266	27,8	10,55
Q9VL01	CG5390, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=SPH PE=1 SV=1 - [Q9VL01_DROME]	10,34	1	1	2	3	406	44,8	5,52
P91929	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha subcomplex subunit 10, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=ND-42 PE=2 SV=2 - [NDUAA_DROME]	2,70	1	1	1	3	407	46,9	6,80
P02299	Histone H3 OS=Drosophila melanogaster GN=His3 PE=1 SV=4 - [H3_DROME]	23,53	1	1	1	1	136	15,4	11,27
Q7KV27	CG1640, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG1640 PE=1 SV=1 - [Q7KV27_DROME]	2,99	2	1	1	4	568	63,1	8,94
Q9VIB5	Carboxylic ester hydrolase OS=Drosophila melanogaster GN=alpha-Est7 PE=1 SV=1 - [Q9VIB5_DROME]	4,20	1	2	2	4	572	65,4	6,49
P91928	MICOS complex subunit Mic60 OS=Drosophila melanogaster GN=Mitofilin PE=1 SV=4 - [MIC60_DROME]	7,31	2	3	3	5	739	82,0	8,94
P62152	Calmodulin OS=Drosophila melanogaster GN=Cam PE=1 SV=2 - [CALM_DROME]	11,41	1	1	1	1	149	16,8	4,22
Q24319	Dolichyl-diphosphooligosaccharide--protein glycosyltransferase 48 kDa subunit OS=Drosophila melanogaster GN=Ost48 PE=2 SV=2 - [OST48_DROME]	7,35	1	1	2	3	449	49,9	5,59
Q23997	Chitinase-like protein CG5210 OS=Drosophila melanogaster GN=CG5210 PE=1 SV=2 - [C5210_DROME]	6,19	1	1	2	3	452	50,3	7,90
P12982	Serine/threonine-protein phosphatase alpha-2 isoform OS=Drosophila melanogaster GN=Pp1-87B PE=1 SV=1 - [PP12_DROME]	5,63	2	1	1	2	302	34,5	5,59
Q9V4E0	LD47962p OS=Drosophila melanogaster GN=ND-49 PE=1 SV=2 - [Q9V4E0_DROME]	4,91	1	1	2	3	468	52,9	6,67
Q9W5W8	CG9577 OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG9577 PE=1 SV=2 - [Q9W5W8_DROME]	5,77	1	1	1	2	312	33,8	7,46
Q7KI49	LD13050p OS=Drosophila melanogaster GN=M6 PE=2 SV=1 - [Q7KI49_DROME]	10,51	3	1	1	2	314	36,0	7,06
Q9VML5	CG9021, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG9021 PE=1 SV=1 - [Q9VML5_DROME]	5,38	1	1	1	2	316	35,9	6,13
A0A0B4LFR4	Oligosaccharide transferase delta subunit, isoform B OS=Drosophila melanogaster GN=OstDelta PE=1 SV=1 - [A0A0B4LFR4_DROME]	6,79	2	1	3	4	633	69,1	9,23
Q9VAJ9	CG1907 OS=Drosophila melanogaster GN=CG 1907 PE=1 SV=1 - [Q9VAJ9_DROME]	5,05	1	1	1	2	317	34,6	9,79
Q9VH09	Glycine cleavage system P protein OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG3999 PE=1 SV=1 - [Q9VH09_DROME]	5,18	1	2	2	6	985	109,6	7,06
Q95028	L-lactate dehydrogenase OS=Drosophila melanogaster GN=Impl3 PE=2 SV=1 - [LDH_DROME]	13,86	1	1	2	2	332	35,5	7,08
Q9V419	Probable cytochrome P450 28a5 OS=Drosophila melanogaster GN=Cyp28a5 PE=2 SV=1 - [C28A5_DROME]	2,57	1	1	1	3	505	57,7	8,22

Q8IN96	Pyrroline-5-carboxylate reductase-like 2, isoform B OS=Drosophila melanogaster GN=P5cr-2 PE=1 SV=1 - [Q8IN96_DROME]	7,47	3	1	1	1	174	18,0	7,31
Q8T9B6	LDLR chaperone boca OS=Drosophila melanogaster GN=boca PE=1 SV=2 - [MESD_DROME]	14,44	1	1	1	1	180	21,0	4,91
Q94511	NADH-ubiquinone oxidoreductase 75 kDa subunit, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=ND-75 PE=2 SV=3 - [NDUS1_DROME]	5,06	1	1	2	4	731	78,6	6,84
Q9VG69	CG5844 OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG5844 PE=1 SV=1 - [Q9VG69_DROME]	5,29	1	1	1	2	378	41,6	5,68
P50882	60S ribosomal protein L9 OS=Drosophila melanogaster GN=RpL9 PE=1 SV=2 - [RL9_DROME]	11,58	1	1	1	1	190	21,4	9,69
Q9VMV5	Viking, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=vkg PE=1 SV=1 - [Q9VMV5_DROME]	3,35	1	2	4	10	1940	193,7	6,43
Q9VZ49	Poly(U)-specific endoribonuclease homolog OS=Drosophila melanogaster GN=CG2145 PE=2 SV=1 - [ENDOU_DROME]	3,04	1	1	1	3	592	63,6	8,88
Q7JWF1	Electron transfer flavoprotein-ubiquinone oxidoreductase, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Etf-QO PE=1 SV=1 - [Q7JWF1_DROME]	7,45	1	1	3	3	604	65,9	6,64
Q8SXY6	Transmembrane emp24 domain-containing protein bai OS=Drosophila melanogaster GN=bai PE=2 SV=1 - [TMEDA_DROME]	5,34	1	1	1	1	206	23,7	8,22
Q9W3L4	CG2233 OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG2233 PE=1 SV=1 - [Q9W3L4_DROME]	4,59	1	1	1	2	414	46,5	6,38
O16797	60S ribosomal protein L3 OS=Drosophila melanogaster GN=RpL3 PE=1 SV=3 - [RL3_DROME]	6,49	1	2	2	2	416	46,9	10,24
Q7K127	CG7997, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=CG7997 PE=1 SV=1 - [Q7K127_DROME]	3,60	1	1	1	2	417	47,4	5,41
P20240	Otefin OS=Drosophila melanogaster GN=Ote PE=1 SV=2 - [OTE_DROME]	4,01	1	1	1	2	424	46,6	9,55
Q9W2J5	Uncharacterized protein, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=CG44245 PE=1 SV=3 - [Q9W2J5_DROME]	8,03	2	2	2	2	436	49,2	6,24
Q9W303	Chitinase-like protein Idgf4 OS=Drosophila melanogaster GN=Idgf4 PE=2 SV=1 - [IDGF4_DROME]	3,85	1	1	1	2	442	48,6	7,83
O96827	Probable elongation factor 1-beta OS=Drosophila melanogaster GN=eEF1beta PE=1 SV=3 - [EF1B_DROME]	8,56	1	1	1	1	222	24,2	4,58
A0A0B4K624	Rm62, isoform J OS=Drosophila melanogaster GN=Rm62 PE=1 SV=1 - [A0A0B4K624_DROME]	8,73	8	1	2	2	458	50,1	9,35
Q8STG9	DSec61alpha OS=Drosophila melanogaster GN=Sec61alpha PE=1 SV=1 - [Q8STG9_DROME]	4,20	1	1	1	2	476	52,2	8,24
Q9Y125	BcDNA.GH08312 OS=Drosophila melanogaster GN=Sap-r PE=1 SV=1 - [Q9Y125_DROME]	3,88	1	2	2	4	953	105,9	4,97
Q9U915	Adenylate kinase OS=Drosophila melanogaster GN=Adk2 PE=1 SV=1 - [KAD2_DROME]	8,33	1	1	1	1	240	26,5	7,88
Q8IPP8	Uncharacterized protein OS=Drosophila melanogaster GN=BcDNA:RH24570 PE=1 SV=1 - [Q8IPP8_DROME]	5,86	1	1	1	1	256	27,1	8,72
Q9VK60	CG6180 OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG6180 PE=1 SV=2 - [Q9VK60_DROME]	13,23	1	1	1	1	257	28,7	8,82
Q9W0N5	FI18166p1 OS=Drosophila melanogaster GN=dmCG13894 PE=2 SV=1 - [Q9W0N5_DROME]	3,60	1	1	1	2	528	59,4	7,81
P25171	Regulator of chromosome condensation OS=Drosophila melanogaster GN=Rcc1 PE=1 SV=2 - [RCC1_DROME]	4,75	1	1	2	2	547	58,8	7,94
Q9XTL9	Glycogen phosphorylase OS=Drosophila melanogaster GN=GlyP PE=2 SV=2 - [PYG_DROME]	1,66	1	1	1	3	844	96,9	6,52

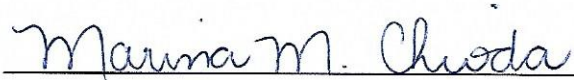
Q9VMR6	MIP06029p OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG12512 PE=1 SV=1 - [Q9VMR6_DROME]	2,70	1	1	1	2	593	65,2	7,69
O96553-2	Isoform A of C-1-tetrahydrofolate synthase, cytoplasmic OS=Drosophila melanogaster GN=pug - [C1TC_DROME]	5,89	3	2	3	3	934	99,6	7,52
A0A0B4JD95	Zipper, isoform H OS=Drosophila melanogaster GN=zip PE=1 SV=1 - [A0A0B4JD95_DROME]	3,92	9	3	5	6	1964	226,6	5,52
P29742	Clathrin heavy chain OS=Drosophila melanogaster GN=Chc PE=1 SV=1 - [CLH_DROME]	3,04	1	1	3	5	1678	191,1	5,72
Q9VJ86	Bicoid stability factor OS=Drosophila melanogaster GN=bsf PE=1 SV=2 - [Q9VJ86_DROME]	2,34	1	2	2	4	1412	157,2	7,14
Q9VMD9	Tiggrin OS=Drosophila melanogaster GN=Tig PE=1 SV=2 - [TIG_DROME]	1,55	1	1	2	6	2188	257,3	5,96
Q9VED8	Deoxyribonuclease II OS=Drosophila melanogaster GN=DNaseII PE=1 SV=1 - [Q9VED8_DROME]	4,64	1	1	1	1	366	41,3	6,52
Q9W5C2	Translocating chain-associated membrane protein OS=Drosophila melanogaster GN=TRAM PE=1 SV=1 - [Q9W5C2_DROME]	4,35	1	1	1	1	368	41,8	9,57
P13607-3	Isoform 3 of Sodium/potassium-transporting ATPase subunit alpha OS=Drosophila melanogaster GN=Atalpha - [ATNA_DROME]	3,93	8	1	2	2	839	91,9	5,63
Q7KN75	Dodeca-satellite-binding protein 1, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Dp1 PE=1 SV=1 - [Q7KN75_DROME]	2,77	1	1	2	3	1301	144,2	6,20
Q9VGZ3	Iron regulatory protein 1B OS=Drosophila melanogaster GN=Irp-1B PE=1 SV=1 - [Q9VGZ3_DROME]	3,56	1	1	2	2	899	98,5	5,95
Q9VN93-2	Isoform B of Putative cysteine proteinase CG12163 OS=Drosophila melanogaster GN=CG12163 - [CPR1_DROME]	2,95	2	1	1	1	475	53,5	8,05
A1Z9E3	Elongation factor Tu OS=Drosophila melanogaster GN=mEFTu1 PE=1 SV=1 - [A1Z9E3_DROME]	4,70	1	1	1	1	489	54,0	8,03
Q9VE00	Probable cytochrome P450 12a4, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=Cyp12a4 PE=2 SV=2 - [C12A4_DROME]	3,17	1	1	1	1	536	61,7	8,60
Q7K3E2	CG5080, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=CT16297 PE=1 SV=1 - [Q7K3E2_DROME]	5,23	1	1	1	1	554	61,2	5,62
Q9V9A7	Probable methylcrotonoyl-CoA carboxylase beta chain, mitochondrial OS=Drosophila melanogaster GN=l(2)04524 PE=2 SV=1 - [MCCB_DROME]	2,77	1	1	1	1	578	62,6	7,49
A1Z6H7	Gp210 ortholog, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Gp210 PE=1 SV=1 - [A1Z6H7_DROME]	1,49	1	1	2	3	1876	209,7	6,47
Q7KVA7	Dynein heavy chain at 62B OS=Drosophila melanogaster GN=Dhc62B PE=4 SV=2 - [Q7KVA7_DROME]	0,96	1	1	2	6	3964	455,1	6,43
Q02645-4	Isoform D of Protein hu-li tai shao OS=Drosophila melanogaster GN=hts - [HTS_DROME]	2,25	6	1	1	1	668	73,6	6,18
Q04047-2	Isoform 2 of Protein no-on-transient A OS=Drosophila melanogaster GN=nonA - [NONA_DROME]	2,29	3	1	1	1	698	77,0	9,25
L0MPZ1	Bent, isoform H OS=Drosophila melanogaster GN=bt PE=1 SV=1 - [L0MPZ1_DROME]	2,18	5	3	10	12	8408	940,5	6,23
Q9V9X1	Morpheus, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=mey PE=4 SV=3 - [Q9V9X1_DROME]	1,94	1	1	1	1	774	83,8	5,17
O46067	CG2918, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=CT9894 PE=1 SV=1 - [O46067_DROME]	1,63	1	1	1	1	923	103,4	5,12
Q7KMM4	BcDNA.GH04962 OS=Drosophila melanogaster GN=GCS2alpha PE=1 SV=1 - [Q7KMM4_DROME]	1,73	1	1	1	1	924	105,7	6,51

Q9VCH5	Nucleoporin 98-96kD, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Nup98-96 PE=1 SV=3 - [Q9VCH5_DROME]	1,68	1	1	2	2	1960	210,0	6,52
Q9W3W6	Uncharacterized protein, isoform A OS=Drosophila melanogaster GN=Dmel\CG14438 PE=1 SV=2 - [Q9W3W6_DROME]	0,91	1	1	1	3	3313	371,1	7,77
M9PCE5	Hemolectin, isoform B OS=Drosophila melanogaster GN=Hml PE=1 SV=1 - [M9PCE5_DROME]	0,75	2	1	2	3	3842	425,9	5,91
Q7JV23	Acetyl-CoA carboxylase, isoform B OS=Drosophila melanogaster GN=ACC PE=1 SV=1 - [Q7JV23_DROME]	1,08	3	1	1	1	2323	261,8	6,07
M9PC07	Furry, isoform H OS=Drosophila melanogaster GN=fry PE=1 SV=1 - [M9PC07_DROME]	0,60	8	1	1	1	3474	383,9	6,64

TERMO DE REPRODUÇÃO XEROGRÁFICA

Autorizo a reprodução xerográfica do presente Trabalho de Conclusão, na íntegra ou em partes, para fins de pesquisa.

São José do Rio Preto, 28/02/2019


Assinatura do autor