



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
"JÚLIO DE MESQUITA FILHO"
Campus de São José dos Campos
Instituto de Ciência e Tecnologia

LAURA SOARES SOUTO LEPESQUEUR

**EFEITOS DA FIBROSE CÍSTICA SOBRE O MICROBIOMA BUCAL E
O PROTEOMA SALIVAR**

2019

LAURA SOARES SOUTO LEPESQUEUR

**EFEITOS DA FIBROSE CÍSTICA SOBRE O MICROBIOMA BUCAL E O
PROTEOMA SALIVAR**

Tese apresentada ao Instituto de Ciência e Tecnologia, Universidade Estadual Paulista (Unesp), Campus de São José dos Campos, como parte dos requisitos para obtenção do título de DOUTOR, pelo Programa de Pós-Graduação em BIOPATOLOGIA BUCAL.

Área Microbiologia/Imunologia. Linha de pesquisa: Doenças infecciosas de interesse médico-odontológico

Orientadora: Profa. Tit. Cristiane Yumi Koga Ito
Coorientadora: Profa. Dra. Marcia Hiromi Tanaka

São José dos Campos

2019

Instituto de Ciência e Tecnologia [internet]. Normalização de tese e dissertação [acesso em 2019]. Disponível em <http://www.ict.unesp.br/biblioteca/normalizacao>

Apresentação gráfica e normalização de acordo com as normas estabelecidas pelo Serviço de Normalização de Documentos da Seção Técnica de Referência e Atendimento ao Usuário e Documentação (STRAUD).

Lepesqueur, Laura Soares Souto

Efeitos da fibrose cística sobre o microbioma bucal e o proteoma salivar / Laura Soares Souto Lepesqueur. - São José dos Campos : [s.n.], 2019. 201 f. : il.

Tese (Doutorado em Biopatologia Bucal) - Pós-graduação em Biopatologia Bucal - Universidade Estadual Paulista (Unesp), Instituto de Ciência e Tecnologia, São José dos Campos, 2019.

Orientador: Cristiane Yumi Koga Ito

Coorientador: Marcia Hiromi Tanaka

1. Fibrose cística. 2. Saliva. 3. Cárie. 4. Proteínas e peptídeos salivares. 5. Microbioma. I. Koga Ito, Cristiane Yumi, orient. II. Tanaka, Marcia Hiromi, coorient. III. Universidade Estadual Paulista (Unesp), Instituto de Ciência e Tecnologia, São José dos Campos. IV. Universidade Estadual Paulista 'Júlio de Mesquita Filho' - Unesp. V. Universidade Estadual Paulista (Unesp). VI. Título.

BANCA EXAMINADORA

Prof. Tit. Cristiane Yumi Koga Ito (Orientadora)

Universidade Estadual Paulista (Unesp)

Instituto de Ciência e Tecnologia

Campus de São José dos Campos

Prof Adj Luana Marotta Reis de Vasconcellos

Universidade Estadual Paulista (Unesp)

Instituto de Ciência e Tecnologia

Campus de São José dos Campos

Prof Adj. Bruno Mello de Matos

Universidade Federal do Vale do São Francisco (Univasf)

Campus Paulo Afonso

Prof. Dra. Soraya Carvalho da Costa

Universidade Santo Amaro (Unisa)

Campus I

Dr Daniel Freitas Alves Pereira

São José dos Campos, 22 de julho de 2019.

DEDICATÓRIA

A Deus e Nossa Senhora que me abençoam e iluminam meus caminhos.

Aos meus pais Jackson Souto Lapesqueur e Inês Soares S Lapesqueur pelo apoio incondicional, pelo amor, incentivo e confiança indispensáveis nessa conquista.

Aos meus irmãos Rossana Lapesqueur, Leonardo Lapesqueur e Mariana Lapesqueur pelo companheirismo, cumplicidade, amor e motivação que sem dúvida foram essenciais nessa jornada.

E a minha sobrinha Rafaela Valentim pela calorosa chegada em nossos corações.

AGRADECIMENTOS

Ao Instituto de Ciência e Tecnologia do campus de São José dos Campos/UNESP na pessoa do diretor Prof. Tit. Estevão Tomomitsu Kimpara e da vice-diretora Profa. Adj. Rebeca Di Nicoló.

Ao Programa de Pós-graduação em Biopatologia Bucal na pessoa da coordenadora Profa. Adj. Luciane Dias de Oliveira.

À minha orientadora Profa. Tit. Cristiane Yumi Koga-Ito, pelos anos de convivência e aprendizado, pela orientação e amizade durante todo curso. A você meus sinceros agradecimentos!

À Profa. Dra. Marcia Hiromi Tanaka pela co-orientação, dedicação e amizade.

À Profa. Tit. Sonia Chiba da UNIFESP pela importante colaboração na execução desse trabalho.

Ao Prof. Tit. Walter Siqueira Junior pela orientação durante minha estada Schulich School of Medicine & Dentistry na WESTERN, a qual me proporcionou um grande crescimento profissional e pessoal.

À querida Clélia Aparecida pela amizade e auxílios prestados durante o desenvolvimento do trabalho laboratorial.

Às queridas amigas Gabriela Lima, Aline Vidal, Aline Chiodi, Guilherme Teodoro, pela amizade e contribuição.

Ao laboratório Oswaldo Cruz pela parceria na realização dessa tese.

Ao pessoal do Laboratório Genoma pela convivência e parceria diária.

Ao pessoal do Siqueira Lab e amigos da Western pelo carinho e por todos os momentos agradáveis de convívio.

Aos docentes do Programa de Pós-graduação em Biopatologia Bucal, pelo convívio fraterno e aprendizado.

Aos meus amigos Mariana Lombardi, Cinthia Yassuda, Taeny Makyama, Aline Vieira, Viviane Figueiredo e Geraldo Almeida pelo companheirismo de uma vida.

Ao meu noivo Cesar Abssamra e família pelo apoio e companheirismo.

Aos funcionários da secção de Pós-Graduação, Bruno, Sandra e Caroline.

Agradeço à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela bolsa recebida e pela manutenção do programa de pós-graduação. Agradeço também à FAPESP (Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo) pelo financiamento dessa pesquisa através da minha bolsa de Doutorado Regular no País (2015/23318-1) e da bolsa de Estágio Pesquisa no Exterior (BEPE 2016/02725-6). E aos demais que direta ou indiretamente contribuíram na execução deste trabalho.

Se a educação sozinha não transforma a sociedade , sem ela tampouco a sociedade muda.

Paulo Freire

SUMÁRIO

RESUMO	10
ABSTRACT	11
1 INTRODUÇÃO	12
2 PROPOSIÇÃO	16
2.1 Objetivo Geral.....	16
2.2 Objetivo Específicos.....	16
3 PACIENTES E MÉTODOS	17
3.1 Pacientes	17
3.2 Anamnese, Exame Clínico e Questionários.....	18
3.3 Coleta das amostras.....	19
3.4 Determinação do pH salivar.....	20
3.5 Determinação do fluxo salivar.....	20
3.6 Determinação da capacidade tampão da saliva.....	20
3.7 Análise da microbiota bacteriana por HOMINGS (Human Oral Microbe Identification using Next Generation Sequencing).....	21
3.8 Quantificação da presença de micromicrorganismos potencialmente oportunistas.....	21
3.9 Identificação das cepas de <i>Candida</i> spp.	22
3.9.1 Semeadura em meio de cultura cromogênico.....	23
3.9.2 Prova do tubo germinativo.....	23
3.9.3 Prova de microcultivo.....	23
3.9.4 Semeadura em ágar tabaco.....	24
3.9.5 Teste em caldo hipertônico.....	25
3.9.6 Identificação molecular.....	25
3.10 Identificação das cepas de enterobactérias e pseudomonas.....	25
3.11 Identificação das cepas de <i>Staphylococcus</i> spp.....	26
3.12 Testes de suscetibilidade aos antifúngicos.....	26

3.13 Testes de suscetibilidade aos antibióticos.....	27
3.14 Avaliação de risco de cárie e microbiota cariogênica.....	28
3.14.1 Coleta de saliva e ensaio microbiológico:.....	28
3.15 Análise do proteoma salivar.....	29
3.15.1 Quantificação proteômica pela técnica do ácido bicinconínico (BCA).....	30
3.15.2 Eletroforese SDS-PAGE (Tris / SDS).....	30
3.15.3 Tripsinização em purificação das amostras.....	31
3.15.4 Análise proteômica por espectrometria de massa cromatografia líquida (LTQ-Velos, Thermo Scientific).....	31
3.15.5 Análise de dados do proteoma.....	32
3.16 Análises dos níveis salivares de IgA e IgM.....	32
3.17 Análise dos resultados.....	34
4 RESULTADOS.....	35
4.1 Seleção dos pacientes e anamnese.....	35
4.2 Características demográficas e questionário.....	35
4.3 Características clínicas e determinação do pH salivar, fluxo salivar e capacidade tampão.....	38
4.4 Avaliação da presença de microrganismos potencialmente oportunistas. Contagem de unidades formadoras de colônia (UFC) Gráficos.....	39
4.5 Identificações dos isolados.....	41
4.5.1 Identificação das cepas de <i>Candida</i> spp.....	41
4.5.2 Identificação das cepas bacterianas dos isolados.....	42
4.5.2.1 Identificação das cepas de <i>Staphylococcus</i> spp.....	43
4.5.2.2 Identificação das cepas de enterobactérias e pseudomonas.....	44
4.6 Testes de susceptibilidade aos antifúngicos	45
4.7 Testes de susceptibilidade aos antibióticos.....	45
4.8 Análises dos níveis salivares de IgA e IgM.....	48

4.9 Análise por HOMINGS	49
4.10 Análise do proteoma salivar.....	54
5 DISCUSSÃO.....	57
6 CONCLUSÃO.....	64
REFERÊNCIAS.....	65
APÊNDICES	73
ANEXOS.....	108

Lepesqueur LSS. Efeitos da fibrose cística sobre o microbioma bucal e o proteoma salivar [tese]. São José dos Campos (SP): Universidade Estadual Paulista (Unesp), Instituto de Ciência e Tecnologia, 2019.

RESUMO

A Fibrose Cística (FC) é uma doença genética de elevada prevalência global e que causa função anormal das glândulas exócrinas. As alterações nas funções das glândulas salivares podem impactar a saúde bucal que por sua vez podem influenciar a saúde geral. A boca pode representar um reservatório microbiano de potenciais patógenos e colonizadores das vias aéreas, causando infecções crônicas pulmonares. O objetivo deste estudo foi avaliar os impactos da FC na cavidade bucal, saliva e microbioma bucal. Foram incluídos no estudo 50 pacientes com diagnóstico de FC com idades de 3 a 20 anos, divididos em 2 grupos de acordo com o grau de severidade da doença determinado pelo escore de Shwachman-Kulczycki: G1 (baixa severidade) e G2 (alta severidade). Foi também incluído grupo controle pareado ao grupo de estudo quanto ao gênero e idade (G3, n=50). A presença de lesões de cárie foi avaliada. O impacto da FC sobre a saúde bucal foi avaliado por questionário preenchido pelos pais ou responsáveis. Amostra de saliva estimulada foi coletada de todos os pacientes. O microbioma bucal foi avaliado por Human Oral Microbe Identification using Next Generation Sequencing (HOMINGS) e metodologias de cultivo, para análise da microbiota potencialmente oportunista e cariogênica. Realizou-se ainda a análise proteômica da saliva e quantificação de imunoglobulinas salivares. Os resultados foram analisados e, de acordo com a distribuição dos dados e avaliação desejada, foram aplicados os testes estatísticos apropriados, sendo adotado o nível de significância de 5%. O questionário aplicado apontou que os pais consideraram que a saúde bucal não impacta negativamente a saúde geral dos seus filhos em todos os grupos estudados. Os grupos de pacientes com FC apresentaram menores índices de Ceo-d, CPO-D, taxa de fluxo salivar e pH inicial em relação ao grupo controle. As contagens de estafilococos e leveduras foram significativamente mais elevadas nos grupos FC. Todos os isolados fúngicos foram suscetíveis aos antifúngicos testados. Alta incidência de resistência foi observada dentre as cepas bacterianas. Os níveis de IgA foram mais altos nos grupos com FC em relação ao controle. *Pseudomonas aeruginosa* foi detectada apenas nos grupos com FC. A análise proteômica identificou 7 potenciais biomarcadores para a fibrose cística. Conclui-se que o monitoramento do microbioma oral de pacientes com fibrose cística pode ser uma ferramenta importante na prevenção da colonização pulmonar por potenciais patógenos. O estudo de biomarcadores salivares pode contribuir para o desenvolvimento de novos métodos de diagnóstico alternativos ao teste do suor para a fibrose cística.

Palavras-chave: Fibrose cística. Saliva. Cárie. Proteínas e peptídeos salivares. Microbioma.

Lepesqueur LSS. *Effects of cystic fibrosis on oral microbiome and salivary proteome*. [doctorate thesis]. São José dos Campos: São Paulo State University (Unesp), Institute of Science and Technology; 2019.

ABSTRACT

Cystic Fibrosis (CF) is a genetic disease with high global prevalence that causes abnormal function of the exocrine glands. The functional alterations of salivary glands and saliva can impact the oral health and influence general health. Oral cavity may represent a microbial reservoir of potential pathogens that can colonize the airways and cause chronic pulmonary infections. The aim of this study is to evaluate the impact of cystic fibrosis on the oral cavity, saliva and oral microbiome. Fifty CF patients aged from 3 to 20 years were divided into two groups according to the disease severity determined by the Shwachman-Kulczycki score: G1 (low severity) and G2 (high severity). Also, age and gender paired control group was included in the study (G3, n = 50). The occurrence of caries was evaluated. The impact of CF on oral health was evaluated by a questionnaire filled by parents or responsible person. Stimulated whole saliva (WS) samples were collected from all patients. The oral microbiome was analyzed by Human Oral Microbe Identification using Next Generation Sequencing (HOMINGS) and by microbiological culture methodologies to evaluate the potential opportunistic and cariogenic microbiota. The proteomic analysis of saliva and quantification of salivary immunoglobulins were carried out. Statistical analysis was performed according to the normality of the data at a significance level of 5%. The applied questionnaire pointed out that oral health did not impact systemic health negatively, according to the parents in all groups. The groups of patients with CF had lower rates of dmft, DMFT, salivary flow rate and initial pH in comparison to the control group. The counts of staphylococcal and yeast from CF groups were significant higher than the controls. All fungal isolates were susceptible to the antifungal agents. Higher incidence of bacterial resistance was observed. The IgA levels were higher in both CF groups than in the control group. *Pseudomonas aeruginosa* were detected only in the CF groups. The proteomic analysis identified 7 potential biomarkers for cystic fibrosis. The effects of CF in saliva and oral microbiome must be considered to establishment of therapeutic and preventives multidisciplinary protocols aiming overall health and quality of life of these patients. In conclusion, monitoring the oral microbiome of CF patients may be an important tool in the prevention of pulmonary colonization by potential pathogens. The study of salivary biomarkers may contribute to the development of new diagnostics methods alternative to sweat test for CF.

Key words: Cystic fibrosis. Saliva. Caries. Salivary proteins and peptides. Microbiome.

1 INTRODUÇÃO

Fibrose Cística (FC) é uma doença genética autossômica recessiva, com prevalência global de 1 em cada 2.000 nascidos vivos, afetando igualmente os dois gêneros, com alta incidência na população caucasiana (O'Sullivan, Freedman, 2009; Peker et al., 2015). No Brasil, não existem dados epidemiológicos oficiais, porém estudos regionais sugerem incidência de 1:7.000 no país (Raskin et al., 2008).

A FC é causada por uma mutação localizada no cromossomo 7 (Farrell et al., 2017), que gera uma disfunção da proteína CFTR (reguladora de condutância transmembrana da fibrose cística) causando um funcionamento anormal das glândulas exócrinas e modificação no transporte iônico, o que leva a anormalidade no transporte de água e íons através das células epiteliais, induzindo hiperviscosidade do muco secretado pelas glândulas exócrinas responsáveis pela produção de secreções mucóides espessas e viscosas em múltiplos órgãos (Abrami et al., 2018; Kargbo, 2018).

O diagnóstico é baseado nas características clínicas como doença pulmonar crônica, colonização microbiana pulmonar persistente, insuficiência pancreática, ou histórico familiar da doença (Lee et al., 2005; Rivas Caldas, Boisramé, 2015; Rivas Caldas et al., 2015; Villanueva et al., 2017). O *gold standard* para o diagnóstico da FC é o teste do suor que mede a concentração de cloro no suor, maior que 60mEq/L (Gibson, Cooke, 1959; Cheng et al., 1990; Goncalves et al., 2018). Esse teste é difícil de ser realizado, especialmente em crianças pequenas devido à sua complexidade (Rueegg et al., 2019). O diagnóstico final da FC baseia-se em testes genéticos nos quais são investigadas as mutações no gene CFTR (Farrell et al., 2017; Rueegg et al., 2019). Além disso, testes complementares para o diagnóstico e monitoramento da FC incluem a coleta de fluidos biológicos como *swab* oro-faríngeo, escarro induzido, lavado bronco alveolar, que são procedimentos invasivos e desconfortáveis e requerem equipamentos caros e pessoal qualificado (Mastella, 2010).

Com o avanço da tecnologia em proteômica, a saliva pode ser considerada como um potencial fluido de diagnóstico para inúmeras doenças sistêmicas (Gonçalves et al., 2013; Siqueira et al., 2016; Castagnola et al., 2017; Zian et al.,

2018), síndromes (Siqueira et al., 2005; Delaleu et al., 2015) e neoplasias malignas orais (Sivadasan et al., 2015; Wu et al., 2015).

Dessa forma, a saliva pode ser utilizada como substituto para testes convencionais principalmente por ser fonte potencial de biomarcadores para diagnóstico de diversas doenças e por ter um método de coleta simplificado, indolor, não-invasivo, seguro e econômico (Siqueira, Dawes, 2011; Gonçalves et al., 2013, 2018; Castagnola et al., 2017; Zian et al., 2018).

Dentro deste contexto, *screening* de vários grupos de proteínas salivares presentes e possíveis diferenças no perfil em relação aos controles se tornam de grande interesse e poderão servir como base para futura detecção de biomarcadores específicos.

As infecções crônicas que afetam o trato respiratório são as principais características clínicas da doença, conduzindo à insuficiência respiratória e à redução da expectativa de vida (O'Sullivan, Freedman, 2009; Gileles-Hillel et al., 2015; Parkins, Floto, 2015; Peker et al., 2015; Junge et al., 2016; Brown-Jaque et al., 2018). As doenças pulmonares resultam da colonização microbiana crônica do trato respiratório superior, seguida das vias aéreas inferiores e do estabelecimento dos patógenos nos pulmões (Komiyama et al., 1985). Assim, estudos indicam a importância do monitoramento dos reservatórios microbianos nesses pacientes e o conhecimento da microbiota tipicamente presente na cavidade bucal, nas vias aéreas superiores e no trato gastrointestinal superior, tais como *Staphylococcus aureus* e *Pseudomonas aeruginosa*, *Aspergillus fumigatus* e *Candida albicans* (Delhaes et al., 2012; Rivas Caldas et al., 2015; Brown-Jaque et al., 2018; Granchelli et al., 2018; Singh et al., 2018). Portanto, a composição da comunidade microbiana na FC pode influenciar as condições clínicas dos pacientes e a gravidade da doença pulmonar (Chotirmall et al., 2010; Delhaes et al., 2012; Gileles-Hillel et al., 2015; Brown-Jaque et al., 2018).

No entanto, estudos mais amplos a respeito da composição global da microbiota nessa população são necessários. O primeiro passo para a elaboração desse panorama dinâmico é a identificação dos componentes do microbioma. Atualmente, ainda são escassos os dados sobre outras espécies bacterianas e fúngicas potencialmente oportunistas na cavidade bucal de pacientes com FC que também podem estar envolvidas com quadros sistêmicos. A cavidade bucal pode representar um importante reservatório de microrganismos envolvidos na colonização

broncopulmonar e no desenvolvimento de infecção crônica pulmonar em pacientes com fibrose cística (Rivas Caldas et al., 2015; Brown-Jaque et al., 2018).

A identificação de cepas resistentes aos antimicrobianos convencionais tem sido discutida amplamente em todo o mundo, tornando-se um problema de saúde mundial (Hawkey, Jones, 2009), principalmente nas populações que são submetidas a tratamentos de forma crônica com agentes antimicrobianos, como é o caso dos pacientes portadores da fibrose cística (Brown-Jaque et al., 2018). Além da ampla colonização bacteriana, a prevalência de fungos como *Candida albicans* e fungos filamentosos, como *Aspergillus fumigatus*, são frequentemente detectados nas vias aéreas desses pacientes (Singh et al., 2018).

Estima-se que, em média, 45% dos pacientes com FC, apresentam a colonização por alguma cepa multirresistente, dificultando o controle dos quadros infecciosos nessa população (McCaughey et al., 2013). Sendo assim, estudos recentes têm buscado o desenvolvimento de novos agentes antimicrobianos que possam auxiliar no combate às infecções nesses pacientes (Saeed et al., 2018).

A resistência à terapia antimicrobiana pode modificar a microbiota benéfica e dessa forma levar à proliferação de microrganismos oportunistas (Souto et al., 2006; Oliveira et al., 2007; Watamoto et al., 2009). Dentre os microrganismo considerados potencialmente superinfectantes, destacam-se as enterobactérias, estafilococos e leveduras, os quais são frequentemente isolados da saliva, cavidade bucal, biofilme supragengival e da bolsa periodontal (Oliveira et al., 2007). Em pacientes imunocomprometidos, reservatórios bucais desses microrganismos podem representar uma porta de entrada para o estabelecimento de infecções sistêmicas (Senpuku et al., 2003; Parahitiyawa et al., 2009; Watamoto et al., 2009).

Adicionalmente, alterações salivares como as taxas de fluxo salivar, de pH e a capacidade tampão foram identificadas em pacientes portadoras de FC quando comparadas com indivíduos controle (Da Silva Modesto et al., 2015). No entanto, os estudos ainda não são conclusivos quanto a estes fatores salivares estarem associados aos índices de cáries nesses pacientes (Alkhateeb et al., 2017).

Considerando-se que a saliva é um dos fatores relevantes para a manutenção da saúde bucal e do equilíbrio do microbioma, a avaliação dos níveis IgA e IgM na saliva dos pacientes com FC são também foco deste estudo. Estudos anteriores relatam a presença de alterações imunológicas nos pacientes com FC e infecção

crônica ou intermitente por *P. aeruginosa*, os níveis de IgA avaliados nas vias aéreas superiores e na saliva foram maiores em comparação com pacientes com FC sem infecção (Aanaes et al., 2013).

Os dados sobre a influência da FC sobre a saliva e o microbioma bucal são de essencial importância como base para o estabelecimento de protocolos multidisciplinares preventivos e terapêuticos visando à saúde global e qualidade de vida desses pacientes.

2 PROPOSIÇÃO

2.1 Objetivo geral

O objetivo geral deste projeto foi avaliar os impactos da fibrose cística na cavidade bucal, saliva e o microbioma bucal de pacientes com fibrose cística.

2.2 Objetivos específicos

Perseguindo o objetivo geral, foram estabelecidos os seguintes objetivos específicos que visam caracterizar os pacientes com fibrose cística e comparar os resultados com indivíduos controle pareados quanto:

- a) à composição do microbioma bucal, por metodologia de Human Oral Microbe Identification using *Next Generation Sequencing* (HOMINGS);
- b) à presença de microrganismos potencialmente oportunistas na cavidade bucal;
- c) à presença de lesões de cárie, bactérias cariogênicas e imunoglobulinas salivares;
- d) ao fluxo salivar, capacidade tampão e o proteoma salivar, buscando possíveis biomarcadores para a doença;
- e) ao conhecimento dos pais e/ou responsáveis sobre a saúde bucal dos pacientes.

3 PACIENTES E MÉTODOS

3.1 Pacientes

Este estudo foi conduzido de acordo com as determinações éticas do CONEP - Comissão Nacional de Ética em Pesquisa, Conselho Nacional de Saúde. O protocolo deste estudo foi aprovado pelo CONEP (CAAE 47325215.6.1001.0077) (ANEXO A).

O cálculo do tamanho da amostra considerando a prevalência estimada da doença na população, nível de confiança de 98% e erro máximo de 1,15% demonstrou que seria necessária uma população de 25 pacientes.

Assim, foram incluídos no presente estudo 100 pacientes divididos em 3 grupos:

Grupo 1 (G1) - 25 pacientes diagnosticados clinicamente com fibrose cística, mutação de CFTR comprovada e com baixa severidade da doença, caracterizada pelo escore de Shwachman-Kulczycki entre 100 e 71 (excelente e bom);

Grupo 2 (G2)- 25 pacientes diagnosticados clinicamente com fibrose cística, mutação de CFTR comprovada e alta severidade da doença, caracterizada pelo escore de Shwachman-Kulczycki abaixo de 71 (médio, moderado e grave);

Grupo 3 (G3) (controle)- 50 indivíduos sistemicamente saudáveis, sem diagnóstico de FC, pareadas quanto ao gênero e idade aos pacientes dos grupos G1 e G2.

Os pacientes com fibrose cística foram selecionados dentre aqueles em tratamento no Ambulatório de Pneumologia Pediátrica do Departamento de Pediatria da Universidade Federal de São Paulo (UNIFESP/EPM), com a colaboração da Profa. Tit. Sônia Mayumi Chiba. O diagnóstico, acompanhamento médico e levantamento de dados sistêmicos foram realizados pela equipe do Ambulatório. Os critérios de inclusão e não inclusão no grupo fibrose cística foram de acordo com Protocolo Clínico e Diretrizes Terapêuticas (Portaria SAS/MS número 263, de 18 de julho de 2001) (Ministério da Saúde, 2010).

O escore SK é composto por quatro critérios: atividade geral, exame físico, nutrição e achados radiológicos. Cada um destes critérios é subdividido em 5 sub-

escores de acordo com o grau de comprometimento (Stollar et al., 2011). O escore SK foi atribuído pela equipe multidisciplinar que acompanha os pacientes.

O grupo controle foi composto pelo mesmo número de indivíduos sistemicamente saudáveis com perfil semelhante (quanto à idade, sexo e CPO-D), selecionados nas clínicas do curso de Odontologia do Instituto de Ciência e Tecnologia do campus de São José dos Campos – UNESP.

Como critérios de não-inclusão, nos dois grupos, foram adotados: usuários de aparelhos ortodônticos e/ou chupetas, portadores de outras doenças sistêmicas como diabetes, anemia e doenças auto-imunes e pacientes sob terapia com medicamentos que possam interferir com as condições bucais ou fluxo salivar. Também não foram incluídos pacientes que estiveram sob terapia antimicrobiana nos últimos 60 dias.

Após explicar de maneira acessível, os objetivos da pesquisa os pacientes e seus responsáveis foram convidados a participarem da pesquisa. No caso de concordância de ambas as partes, os responsáveis foram convidados a assinar o termo de consentimento livre e esclarecido (TCLE) (APÊNDICE B). Os menores de 18 anos assinaram o termo de assentimento (TAE) (APÊNDICE C). Após o consentimento, os participantes da pesquisa foram convidados a coletar amostras de saliva.

3.2 Anamnese, Exame Clínico e Questionários

Foram coletados durante a realização da anamnese os dados pessoais, condições de saúde geral e bucal de todos os indivíduos. Também foram aplicados questionários sobre o conhecimento dos pais e/ou responsáveis sobre a saúde bucal dos participantes e dados médicos (índice de SK).

O exame clínico intra-bucal foi realizado no ambulatório de atendimento médico, pelo mesmo examinador onde foi determinado o índice Ceo-d/CPOD (Organização Mundial de Saúde, 1997). Os dados foram registrados em ficha própria (ANEXO B).

O questionário aplicado neste estudo foi traduzido e validado para a população brasileira de acordo com o estudo de Goursand et al. (2009). Este questionário visa avaliar o grau de instrução dos pais, a renda familiar e a percepção dos pais em relação aos sintomas orais, limitações funcionais, bem-estar emocional e bem-estar social (ANEXO C).

Caso fossem constatadas lesões de cárie ou outras alterações bucais, os pacientes foram encaminhados para os serviços públicos ou Faculdades de Odontologia da cidade de São Paulo, de acordo protocolo aprovado pelo CONEP.

3.3 Coleta das amostras

A coleta de saliva foi realizada entre 9 e 11 h da manhã para minimizar o efeito do ciclo circadiano. Os participantes da pesquisa permaneceram em jejum por um período mínimo de 2 h antes da coleta. A saliva total dos pacientes foi coletada, por meio da estimulação do fluxo salivar pela mastigação de um pedaço de filme plástico (Parafilm) de 5 x 5 cm (Pechiney Plastic Packaging, Menasha, EUA), durante 5 min, descartando a primeira porção. Foi utilizado sugador portátil a vácuo (Aspiramax modelo MA520-60, São Paulo – SP, Brasil), adaptado a uma sonda e tubo coletor mantido em gelo. Durante a coleta as pacientes permaneceram confortavelmente sentadas em ambiente ventilado e iluminado (Siqueira et al., 2005).

Após este período, a amostra foi coletada até se atingir amostra de 5 mL de saliva. A saliva foi mantida em gelo, transportada até o laboratório de Microbiologia no Instituto de Ciência e Tecnologia do Campus de São José dos Campos/UNESP, respeitando-se o período máximo de 4 h entre a coleta e o processamento das amostras. O transporte do material foi realizado de acordo com as normas da ANVISA/RDC nº 302.

3.4 Determinação do pH salivar

O pH salivar foi mensurado utilizando-se um pHmetro portátil digital (Qualxtron modelo 8010, São Paulo, SP, Brasil). Antes de iniciar as medições de pH, o pHmetro foi calibrado com soluções padrão nos valores de 7,0 e 4,0. Alíquotas das amostras de saliva coletadas foram utilizadas para as análises da determinação do pH inicial logo após a coleta.

3.5 Determinação do fluxo salivar

A determinação do fluxo salivar foi realizada de acordo com Krasse (1986), obtendo-se valores em mililitro de saliva por min (mL/min). Os resultados então classificados como: normal (maior que 1 mL/min), fluxo salivar reduzido (menor que 0,7 mL/min) e hipossalivação (valores menores que 0,1 mL/min).

3.6 Determinação da capacidade tampão da saliva

A capacidade tampão da saliva foi avaliada de acordo (Siqueira et al., 2005). Os resultados estão sendo interpretados com os intervalos de pH para determinar a capacidade tampão. A capacidade tampão foi expressa em mL de ácido clorídrico adicionado em 1 mL de saliva, o qual foi considerado o equivalente de H^+ adicionado (Siqueira et al., 2005).

Figura 1 - Mensuração do pH após desafio ácido para determinação da capacidade tampão da saliva, com pHmetro portátil digital



Legenda: Phmetro portátil digital Qualxtron modelo 8010, São Paulo, SP, Brasil.
Fonte: Elaborada pelo autor.

3.7 Análise da microbiota bacteriana por HOMINGS (Human Oral Microbe Identification using Next Generation Sequencing)

Para a análise do Human Oral Microbe Identification using next generation sequencing (HOMINGS), foram selecionados randomicamente 15 amostras de saliva por grupo FC e controle. Esta parte do estudo foi realizada em colaboração com o Prof. Tit. Bruce J. Paster (Forsyth Institute, Harvard Medical School, Boston). Um mililitro de saliva por amostra foi pipetado em 10 μ l TE buffer (Sigma-Aldrich, St. Louis, MO, USA) e foi mantido em -70°C até o momento da análise. DNA genômico foi purificado utilizando-se o kit Master Pure Gram Positive DNA Purification (Epicentre Biotechnologies, Madison, WI, USA), com modificações do laboratório do Prof Tit. Bruce J. Paster (<http://mim.forsyth.org>).

3.8 Quantificação de microrganismos potencialmente oportunistas

As amostras da saliva estimulada foram diluídas em solução fisiológica estéril (NaCl 0,9%) de 10^{-1} a 10^{-5} , sendo semeada alíquota de 0,1 mL em duplicata em placas

de Petri contendo ágar Sabouraud Dextrose (Difco, Detroit, USA) acrescido de 0,1 mg/mL de cloranfenicol (União Química Farmacêutica Nacional SA), ágar Manitol (Difco, Detroit, USA) e ágar MacConkey (Difco, Detroit, USA) para o isolamento de leveduras, estafilococos, e enterobactérias/pseudomonas, respectivamente.

As placas foram incubadas a 37°C por um período de 48 h, em aerobiose. Na ausência de crescimento nas placas de ágar Sabouraud dextrose com cloranfenicol, estas foram incubadas por mais 5 dias a temperatura ambiente. A alíquota excedente de saliva foi esterilizada e descartada.

Após o crescimento, as colônias características de cada gênero foram contadas, e foram realizados posteriormente esfregaços em lâminas e coloração pelo método de Gram para cada colônia com morfologia diferente. Para obtenção de culturas puras realizou-se os seguintes procedimentos: uma colônia sugestiva de levedura foi semeada em ágar Sabouraud dextrose e incubadas por 24 h a 37°C; uma colônia diferente de cocos Gram-positivos e bacilos Gram-negativos foram semeadas em gelose e incubadas por 24 h a 37°C. Após o crescimento, as culturas puras foram transferidas para criotubos contendo caldo brain heart infusion (BHI) acrescido de glicerol para bactérias ou caldo Sabouraud acrescido de glicerol e armazenados a -80°C e para posterior identificação.

3.9 Identificação das cepas de *Candida* spp.

As culturas obtidas sugestivas de leveduras foram descongeladas e novamente semeadas em ágar Sabouraud Dextrose e incubadas por 24 h a 37°C. Os testes fenotípicos e genotípicos de identificação serão descritos a seguir.

3.9.1 Semeadura em meio de cultura cromogênico

Todas as amostras identificadas como leveduras por microscopia óptica foram semeadas em CHROMagar. As placas foram incubadas a 37°C por 48 h.

Após crescimento das colônias em placas de CHROMagar, foram analisadas quanto à morfologia e coloração típicas das colônias.

3.9.2 Prova do tubo germinativo

Foi realizado o método de prova de tubo germinativo para todas as amostras, a formação de tubo germinativo pode ser considerado um método para distinção presuntiva da espécie *Candida albicans* (tubo germinativo positivo) e outras espécies de levedura (tubo germinativo negativo), embora outras espécies também possam apresentar sua formação (Samaranayake, MacFarlane, 1990). Cada amostra foi semeada 24 h antes para realização do teste, então foi retirada uma alíquota da colônia de levedura e inoculada em um tubo tipo Eppendorf contendo soro fetal bovino. Após incubação a 37°C por 2 h, foi realizada análise por microscopia óptica para detecção de produção de tubo germinativo.

3.9.3 Prova de microcultivo

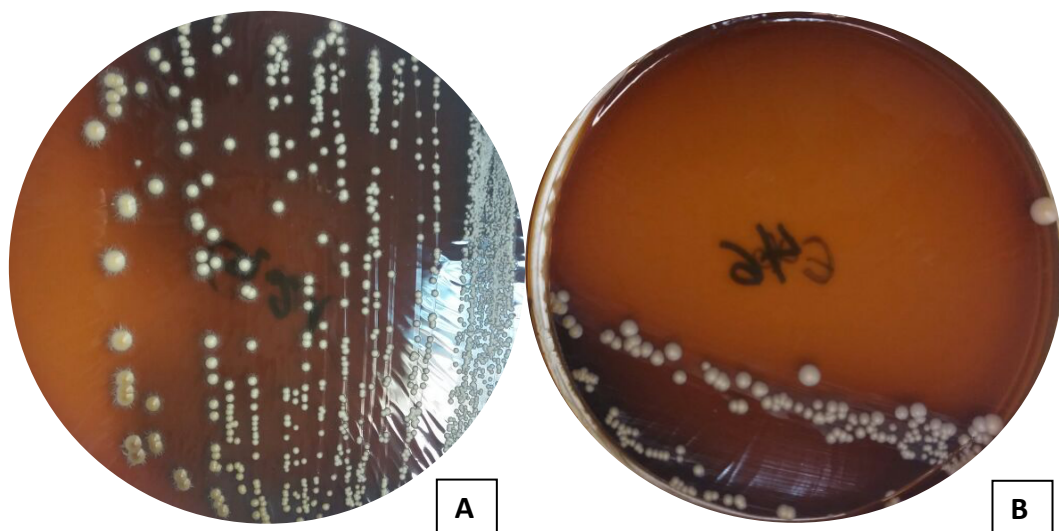
Foram avaliadas as amostras quanto à presença de clamidoconídeos. Para tal, foi realizada a avaliação micromorfológica das leveduras, realizada pelo cultivo das cepas semeadas por 24 h antes e semeadas em meio ágar-fubá-Tween 80 por método de microcultivo. As amostras foram mantidas em incubação a temperatura ambiente por 72 h para posterior avaliação por microscopia óptica. A presença de clamidoconídeos foi avaliada, sendo estruturas encontradas em *C. albicans* e *C. dubliniensis* (Kurtzmann, Fell, 1998).

3.9.4 Semeadura em ágar tabaco

Os isolados foram semeados em ágar de dextrose Sabouraud (Difco) 24h antes de serem semeadas em placas de ágar de tabaco (Figura 2A/2B). Após inoculação em ágar tabaco, as placas foram incubadas a 30°C e observadas diariamente até completar 96 h de incubação. A caracterização das colônias foi realizada de acordo com a topografia superficial e formação de franjas de hifas na periferia e coloração. Para preparação do meio de cultura foi utilizada a metodologia proposta por Tendolkar et al. (2003)

Os isolados sugestivos de *C. dubliniensis* apresentam colônias ásperas e castanhas amareladas com franjas após incubação. Por outro lado, os isolados sugestivos de *C. albicans* apresentaram colônias lisas, de coloração branca a creme sem franjas (Khan et al., 2004).

Figura 2 - Amostras de leveduras semeadas em ágar Tabaco



Legenda: A) Análise da topografia superficial das colônias: lisa, com formação de franjas na periferia e coloração amarelada a marrom (análise sugestiva de *C. dubliniensis*). B) Análise da topografia superficial das colônias: lisa, sem formação de franjas na periferia e coloração branca (análise sugestiva de *C. albicans*).

Fonte: Elaborada pelo autor.

3.9.5 Teste em caldo hipertônico

Os isolados foram cultivados em placas de ágar Sabouraud por 48 h em 37°C. A seguir, foram obtidas suspensões padronizadas em água destilada estéril (0,5 Mc Farland). Posteriormente, alíquotas (20 µL) de cada suspensão foram adicionadas em tubos contendo 1 mL de caldo de Sabouraud estéril suplementado com NaCl a 6,5% e depois incubados por 96 h a 37°C. As culturas foram examinadas visualmente para a detecção de crescimento fúngico a cada intervalo de 24 h. A ausência de qualquer crescimento visível no tubo de ensaio após 96h de incubação é sugestiva de *C. dubliniensis* e quando há presença de crescimento resultado sugestivo de *C. albicans* (Alves et al., 2002; Silveira-Gomes et al., 2011).

3.9.6 Identificação molecular dos isolados

Após a realização das análises fenotípicas anteriores as amostras sugestivas de *Candida* não-*albicans* foram identificadas por metodologia molecular (PCR multiplex), de acordo com o descrito em (Bremenkamp et al., 2011). Esta parte do estudo foi realizada em colaboração com o Prof. Adj. Adolfo José da Mota da Universidade Federal do Amazonas.

3.10 Identificação das cepas de Enterobactérias e *Pseudomonas*

As culturas puras foram descongeladas e novamente semeadas em ágar MacConkey e incubadas por 24 h a 37°C, e em seguida semeadas em ágar BHI por 24 h a 37°C para identificação utilizando-se o sistema Vitek 2 GP-ID system (BioMérieux, Marcy l'Étoile, France).

3.11 Identificação das cepas de *Staphylococcus* spp.

As cepas de estafilococos foram semeadas em ágar manitol e incubadas a 37°C por 24 h. Posteriormente, as culturas puras foram novamente semeadas e incubadas em ágar BHI por 24 h a 37°C, para identificação pelo sistema Vitek 2 GP-ID system (BioMerieux, Marcy l'Étoile, France).

3.12 Testes de suscetibilidade aos antifúngicos

As cepas de *Candida* spp. foram testadas quanto à suscetibilidade *in vitro* às drogas antifúngicas anfotericina B, fluconazol e 5-fluorocitosina, de acordo com o método de microdiluição proposto pelo Clinical Laboratory Standards Institute M27A3 (CLSI, 2008).

Para obtenção dos inóculos, as cepas de *Candida* spp. foram cultivadas em ágar Sabouraud dextrose e incubadas durante 24 h a 37°C. Posteriormente, foram selecionadas cinco colônias com diâmetro superior a 5 mm e suspensas em solução salina esterilizada (NaCl 0,9%) obtendo-se uma concentração inicial de $1-5 \times 10^6$ células/mL (OD=0,138, $\lambda=530$ nm). Sequencialmente, a suspensão foi diluída em 1:50 em solução salina NaCl 0,9% e sequencialmente em meio sintético RPMI 1640 tamponado a pH 7,0 com ácido morfolinopropanosulfônico (MOPS) em 1:20 resultando em uma concentração final de 1×10^3 a 5×10^3 UFC/mL.

A anfotericina B foi solubilizada em dimetil sulfóxido (DMSO) enquanto que fluconazol e 5-fluorocitosina foram solubilizadas em água destilada esterilizada. As drogas foram preparadas nas seguintes concentrações: para soluções de estoque 1,6 mg/mL para anfotericina B, 1,28 mg/mL para 5-fluorocitosina e 1,28 mg/mL para fluconazol. As soluções das drogas foram diluídas em meio sintético RPMI de forma a obter-se concentrações finais que correspondam as seguintes faixas de intervalo, referidas na literatura como padrão de susceptibilidade de *Candida* spp.: 4 a 0,02 µg/mL para anfotericina B e 5-fluorocitosina e 64 a 0,02 µg/mL para fluconazol.

Para a realização da técnica de microdiluição foram utilizadas placas de acrílico com 96 orifícios de fundo chato e com tampa (Difco, Detroit, USA). Seguindo a diluição sequencial na base 2, em cada orifício foram dispensados 100 μ L da concentração da droga antifúngica subsequente e 100 μ L da suspensão do inóculo da amostra-teste. As placas foram incubadas a 37°C e as leituras foram realizadas após 24 e 48 h de acordo com a determinação proposta na norma (CLSI, 2008). As placas com anfotericina B foram protegidas e incubadas com papel alumínio durante todo o processo de manipulação para proteção contra a luz.

A leitura dos resultados foi baseada em escala de turbidez determinada pela CLSI para cada antifúngico, representada por: 0 (opticamente claro); 1 (crescimento indefinido); 2 (redução proeminente de crescimento) referente a 50% da redução de crescimento; 3 (ligeira redução do crescimento) e 4 (nenhuma redução do crescimento), comparando-se com um poço controle de crescimento. A concentração inibitória mínima (CIM) de azóis e 5-fluorocitosina e fluconazol foram traduzidas para a concentração que ocorrer aproximadamente 50% de redução no crescimento, enquanto que para a anfotericina B, deve corresponder a completa ausência de crescimento (100%). Os pontos de corte considerados para a classificação das drogas testadas utilizados para a classificação das cepas em suscetíveis ou resistentes seguiram os valores estabelecidos pela CLSI.

3.13 Testes de suscetibilidade aos antibióticos

Para as cepas de bacterianas foram realizados testes de suscetibilidade aos antibióticos. A CIM dos antimicrobianos foi determinada utilizando-se o método de diluição em ágar Müeler-Hinton (Difco, Detroit, USA). Os antimicrobianos foram esterilizados por filtração (Membrana Millipore de 0,22 μ m) e adicionados 0,1 mL de cada diluição ao meio a 50 °C.

Foram preparadas séries de placas contendo concentrações de 2 a 256 μ g/mL de cada antimicrobiano, em diluições sequenciais múltiplas de dois. As cepas bacterianas identificadas foram semeadas com o auxílio de replicador de Steers e incubadas a 37°C por 24 h. A leitura foi feita pela observação de presença ou ausência

de crescimento de colônias na superfície do ágar. Foram testados os antimicrobianos mais comuns empregados na clínica de Odontopediatria: amoxicilina, clindamicina, eritromicina, metronidazol, e penicilina.

Também foi realizado o teste de suscetibilidade pelo método de disco difusão de acordo com o protocolo da CLSI M7 A9. As cepas foram repicadas 24 h antes do ensaio. Após, suspensões em solução salina NaCl 0,9% com concentração de $1-2 \times 10^8$ UFC/ml foram preparadas. Os inóculos para cada cepa foram semeadas com auxílio de um *swab* em placas de ágar Müeler-Hinton (Difco, Detroit, USA). A seguir, discos impregnados com os antibióticos amoxicilina, penicilina, eritromicina e clindamicina foram dispostos na superfície do ágar, as placas foram incubadas por um período de 24 h em aerobiose a 37°C. Para realizar a leitura, os halos de inibição formados ao redor de cada disco de antibiótico foram medidos e quando aplicável a determinação da resistência microbiana foi realizada, de acordo com os valores estabelecidos no protocolo CLSI M100.

3.14 Avaliação de risco de cárie e microbiota cariogênica

A mãe e/ou responsável pelos pacientes envolvidos responderam um questionário, o qual é composto por questões sobre hábitos dietéticos, de higiene bucal e geral da criança que poderiam apresentar influência na colonização por estreptococos do grupo *mutans* e/ou na maturação da resposta imune adaptativa de mucosas. Além disto, informações sobre o grau de escolaridade das mães e outras características sócio-econômicas foram obtidas nas entrevistas. Questionário médico com informações sobre o diagnóstico, duração da doença, terapia e outros foram obtidos com o médico responsável, a partir do prontuário do paciente.

3.14.1 Avaliação da microbiota cariogênica

A partir das amostras de saliva estimulada foram obtidas diluições 10^{-1} , 10^{-2} e 10^{-3} em solução salina (NaCl 0,9%) estéril. Alíquotas de 0,1 mL da saliva pura e das diluições foram inoculadas em placas de Petri, em duplicata, nos seguintes meios seletivos: ágar Mitis Salivarius (para estreptococos do grupo mutans) (Difco, Sparks, MD) contendo 0,2 unidades/mL de bacitracina (Sigma, Poole, UK), ágar Rogosa (Difco, Sparks, MD) suplementado com 0,13% de ácido acético glacial (para lactobacilos) e ágar sangue (BHI, Brain Heart Infusion, Difco, Sparks, MD; contendo 5% de sangue total) para contagem total de microrganismos.

As placas de ágar Rogosa foram semeadas pela técnica de *pour plate*. As placas foram incubadas por 48h a 37°C a 5-10% de CO₂, exceto as placas de ágar Rogosa, que foram incubadas por 48 h em aerobiose. As colônias microbianas foram contadas usando um estereomicroscópio e os resultados foram expressos em unidades formadoras de colônia por mililitro (UFC/mL). Foram realizadas as contagens totais de micro-organismos aeróbicos e anaeróbicos em ágar sangue 5%. A incubação em anaerobiose foi realizada a 37°C em jarra de anaerobiose e gerador de CO₂ (BD GasPak EZ).

3.15 Análise do proteoma salivar

Alíquotas de saliva estimulada foram preservadas a -80°C e foram descongeladas e processadas para a análise proteômica. Foram analisados 78 pacientes com idade entre 6 e 20 anos, divididos de acordo com a idade e o score Shwachman-Kulczycki em 6 grupos de acordo com o Quadro 1. As análises foram realizadas por espectrometria de massa cromatografia líquida (LTQ-Velos, Thermo Scientific). Esta parte do estudo foi realizada em colaboração com o Prof. Dr. Walter Siqueira (Schulich School of Medicine and Dentistry, University of West Ontario). Para a análise do proteoma salivar os pacientes foram agrupados em 6 grupos de acordo com a idade e a severidade da doença, não foram incluídos nessa etapa os pacientes menores de 6 anos de idade.

Quadro 1 - Grupos experimentais adotados para análise proteômica

Grupos	Número de pacientes	Faixa etária	Escore Shwachman-Kulczycki
G1	12	6-12	100-71
G2	9	6-12	<71
G3	21	6-12	controle
G4	7	13-20	100-71
G5	11	13-20	<71
G6	18	13-20	controle

Legenda: G1- Pacientes FC idade 6-12 anos (baixa severidade da doença), G2- Pacientes FC idade 6-12 anos (alta severidade da doença), G3- Controle sistemicamente saudáveis idade 6-12 anos, G4- Pacientes FC idade 13-20 anos (baixa severidade da doença), G5- Pacientes FC idade 13-20 anos (alta severidade da doença), G6 - Controle sistemicamente saudáveis idade 13-20 anos.

Fonte: Elaborado pelo autor.

3.15.1 Quantificação de proteína total da saliva pela técnica do ácido bicinconínico (BCA)

A concentração de proteína total da saliva dos grupos foi estimada pela técnica do ácido bicinconínico (BCA - Thermo Fisher Pierce, Rockford, IL, USA). Foi realizado um *pool* com quantidades iguais de proteínas de cada paciente totalizando 20 µg para cada grupo estudado (G1, G2, G3, G4, G5 e G6). Em seguida, as amostras foram secas com a ajuda de um aparelho evaporador rotacional (Vacufuge™, Eppendorf AG, Barkhausenweg, HH, DEU) por 2 h.

3.15.2 Eletroforese SDS-PAGE (Tris / SDS)

Os *pools* de saliva total dos seis grupos foram ressuspensos com solução tampão (0,4 M Tris-HCl pH 6,8, 2% SDS, 20% glicerol, 165 mM ditioneitol (DTT), 0,4% azul de bromopenol, 2% 2- mercaptoetanol), para realização de eletroforese SDS-PAGE 12% (Bio-Rad, Hercules, CA). As amostras foram fervidas durante 5 min, colocadas diretamente nos poços de uma pista de gel para eletroforese, realizada

durante 2 h a 100 V. A suspensão padrão Precision Plus Protein™ All Blue Standards (10-250 kD) (Bio-Rad Laboratories Ltda., Mississauga, ON, CA) foi adicionada no primeiro poço de acordo com o protocolo. Em seguida, os géis foram corados durante a noite em solução de metanol / ácido acético / (40/10% v/v) e 2 g de Coomassie Brilliant Blue R-250 e com destilação em metanol / ácido acético / água (40/10/50% v/v) por 2 h, com agitação e armazenamento em água ultrapura até a varredura da imagem usando um sistema de imagem proteômica (VersaDoc3000, Bio-Rad, Hercules CA), os testes de gel de acrilamida por eletroforese SDS-PAGE foram realizados em duplicata.

3.15.3 Tripsinização em purificação das amostras

As amostras de pool foram desnaturadas e reduzidas por 1 h a temperatura ambiente por solução contendo 4 M de uréia, 10 mM de ditioneitol e 50 mM de bicarbonato de amônio (NH_4HCO_3). Em seguida, a digestão realizada por diluição em bicarbonato de amônio 50 mM (NH_4HCO_3) e a adição de 3% (p / p) em peso de tripsina (Promega, Madison, WI, EUA) por 16 h a 37°C. As amostras foram dessalinizadas utilizando ponteiros ZipTip C-18 (ZipTip, EMD Millipore Inc., Alemanha) antes da análise por espectrometria de massas.

3.15.4 Análise proteômica por cromatografia líquida com espectrômetro de massa (LTQ-Velos, Thermo Scientific)

A separação dos peptídeos e as análises espectrométricas foram feitas utilizando nano-HPLC Proxeon (Thermo Scientific, Sao Jose, CA, EUA), a qual permite cromatografia líquida *in-line* com coluna capilar. Esta coluna é de 75 mm x 610 cm (Pico Tip™ EMITTER, New Objective, Woburn, MA) preenchida com resina C18 com poros de 5 µm de diâmetro e 200 Å (Michrom BioResources, Auburn, CA), acoplado ao espectrômetro de massas (LTQ- Velos, Thermo Scientific, Sao Jose, CA,

EUA), usando ionização por *eletrospray* em modo de busca, na faixa de valores m/z 390-2000 em tandem MS/MS.

Quantidades iguais de todas as amostras foram secas e ressuspensas em 20 μL de ácido fórmico 1% e então submetidas a nLC-ESI-MS/MS. O HPLC de fase reversa *nanoflow* que foi desenvolvido com um gradiente linear de 85 min variando de 0 a 100% de solvente B (ácido fórmico 0,1% em acetonitrila), num fluxo de 200 nL/min, com pressão máxima de 280 bar.

3.15.5 Análise de dados do proteoma salivar

Os dados MS / MS foram combinados com um banco de dados de proteínas humanas *in silico* (UniProt e TrEMBL, Instituto Suíço de Bioinformática, Genebra, Suíça, <http://ca.expasy.org/sprot>) usando o algoritmo SEQUEST no Proteome Discoverer software 1.3 (Thermo Scientific, San Jose, CA, EUA) e MASCOT (Matrix Sciences). Os filtros utilizados no SEQUEST como critério aplicado aos espectros MS / MS foram: 1,5; 2,5; 3,1; 3,1; 4,5 para Xcorr. Os resultados da pesquisa foram filtrados a uma taxa de descoberta falsa de 1%, usando uma estratégia de pesquisa reversa do banco de dados (Siqueira et al., 2012). As proteínas finais relatadas neste estudo foram identificadas para dois ou mais peptídeos únicos.

3.16 Análises dos níveis salivares de IgA e IgM

Os ensaios de determinação dos níveis salivares de IgA e IgM foram realizados para 10 amostras dos grupos G1 e G2 e o respectivo controle pareado foi realizado. A seleção dos pacientes foi realizada considerando os índices de ceo-d e CPO-D semelhantes entre os grupos G1 G2 e G3, para realização dos testes foram utilizados os kits IgA Human SimpleStep ELISA® (#ab196263, Cambrigde, MA, USA) e o kit IgM Human ELISA (#ab137982, Cambrigde, MA, USA), em duplicata, de acordo com as instruções do fabricante.

As placas de ELISA foram sensibilizadas com uma solução de anticorpo IgG de cabra anti-IgA humana purificado (Zymed, EUA) na concentração de 2 µg/mL, diluído em tampão I (carbonato-bicarbonato pH 9.6), durante incubação por 2,5 h a 37°C, seguida de incubação a 4°C durante 14 a 16 h. A seguir, as placas foram lavadas durante 3 min, por 3 vezes, com tampão II (contendo 0,9% NaCl, 0,05% Tween 20 e 0,02% azida sódica). Os poços foram então bloqueados com 100µl de solução de BSA a 0,1% em tampão III (PBS pH 7,5), durante 1 h, sob agitação, em temperatura ambiente. Após nova série de lavagens com tampão II, 100 µl das amostras salivares diluídas 1:200 em tampão III foram adicionadas por poço em triplicata e as placas foram então incubadas durante 2 h a temperatura ambiente e sob agitação. Diluições seriadas de IgA humana purificada (Sigma) (nas concentrações de 2,0; 1,0; 0,5; 0,25 e 0,125 µg/mL) foram aplicadas em duplicata às placas, para determinação de uma curva de concentração de IgA humana e controle de reprodutibilidade dos ensaios.

Após incubação com as amostras de saliva e padrão de IgA purificada, as placas foram lavadas por 3 vezes durante 3 min com tampão II. Foram adicionados 100 µl por poço de solução 1:14.500 de anticorpos IgG de cabra anti-IgA humana conjugado com biotina (Sigma) e as placas foram incubadas por 2 h em temperatura ambiente, sob agitação e, a seguir, lavadas como descrito anteriormente e incubadas com solução de estreptavidina conjugada com fosfatase alcalina (Sigma) diluída 1:500 em tampão III durante 18h, em temperatura ambiente. Após nova série de lavagens, as reações de ELISA foram reveladas pela incubação com substrato p-nitrofenilfosfato (Sigma), na concentração de 1mg/mL diluído em tampão IV (0,2 M Na₂CO₃, 0,2 M NaHCO₃ e 0,02% MgCl) pH 9,8 (Sigma) (Smith et al., 1990). Esta reação, com o substrato, foi incubada por 30 min em temperatura ambiente e as absorbâncias (A405nm) medidas em leitor de ELISA (VersaMax, Molecular Devices, EUA).

Como controles negativos, foram utilizados poços das mesmas placas não sensibilizados e poços sensibilizados, mas não incubados com saliva. Os valores médios de absorbância dos controles negativos foram descontados dos valores da absorbância das amostras testadas, sendo estes últimos expressos como unidades de ELISA. Uma curva de concentração de IgA por unidade de ELISA foi determinada a partir das reações das amostras de IgA purificada (Sigma). Esta curva foi utilizada para determinação das concentrações de IgA nas amostras de saliva. Os níveis de

IgM na saliva foram determinados seguindo-se protocolo semelhante a análise dos níveis de IgA. Para isto, foram utilizados anticorpos monoclonais de camundongo IgG1 anti IgM humana (Zymed), nas diluições 1:500. A seguir, foram feitas incubações com anticorpos anti-IgG1 de camundongo conjugados com biotina (Zymed) na concentração de 1:10.000, e as reações reveladas como anteriormente. Curvas padrão foram obtidas, utilizando-se amostras de IgM humana purificada (Sigma) nas concentrações de (0,5; 0,25, 0,125, 0,062 e 0,031 µg/mL).

3.17 Análise dos resultados

A análise dos resultados foi realizada por meio da comparação entre os resultados obtidos para os grupos de pacientes com FC em relação ao grupo controle. Os dados obtidos nos ensaios foram analisados estatisticamente com auxílio do programa GraphPad Prism versão 6.0 (GraphPad Software Inc., San Diego, CA, USA). Para empregar o teste mais adequado, foi realizado um teste de normalidade da distribuição amostral, verificando a aderência à curva normal. Então, foi aplicada a análise adequada para cada resultado. O nível de significância foi estabelecido em 5%.

Os dados obtidos para a contagem dos microrganismos e níveis de IgA e IgM foram comparados estatisticamente pelos testes Kruskal-Wallis e Dunn's para Ig M e testes Anova e Tukey para IgA. A prevalência das espécies dos gêneros em estudo foi analisada para cada grupo.

Os resultados gerados pelos testes de suscetibilidade aos antifúngicos foram expressos como valores de CIM₅₀ e CIM₉₀ e comparados com os resultados obtidos para o grupo controle. A classificação suscetível, intermediário ou resistente foi realizada para os antimicrobianos que tenham pontos de corte definidos pelo CLSI.

Os dados epidemiológicos, o impacto da condição da saúde oral e na qualidade de vida dos pacientes foram avaliados qualitativamente.

4 RESULTADOS

4.1 Seleção dos pacientes e anamnese

No período de janeiro de 2016 a abril de 2017, foram analisados para o estudo 52 pacientes que também passaram em consulta no Ambulatório de Pneumologia Pediátrica do Departamento de Pediatria da Universidade Federal de São Paulo (UNIFESP/EPM), sob a supervisão da Profa. Tit. Sonia Mayumi Chiba. Do total de pacientes, 50 se encaixavam no critério de inclusão, foram examinados e tiveram as amostras coletadas. Destes 52 pacientes, 2 foram excluídos do estudo por possuir idade maior de 21 anos e por fazer uso de aparelho ortodôntico removível. Assim, apenas 50 se encaixavam no critério de inclusão, foram examinados e tiveram as amostras coletadas.

O número de pacientes propostos no projeto inicial foi de 25 pacientes para cada grupo teste (G1 e G2) e 50 pacientes do grupo controle, totalizando 100 amostras de saliva. De acordo com o proposto, participaram do estudo um total de 100 pacientes com idades de 3 a 20 anos de ambos os gêneros. O diagnóstico, acompanhamento médico e levantamento de dados sistêmicos foram realizados pela equipe do ambulatório. Os critérios de inclusão e exclusão no grupo fibrose cística foram determinados de acordo com Protocolo Clínico e Diretrizes Terapêuticas (Portaria SAS/MS número 263, de 18 de julho de 2001) (Ministério da Saúde, 2010).

4.2 Característica demográfica e questionário

Dos 50 pacientes com FC incluídos no estudo, 13 foram do gênero feminino e 12 foram do gênero masculino no G1 (APÊNDICE A, Quadro 12). No G2, foram 12 do gênero feminino e 13 do gênero masculino (APÊNDICE A, Quadro 13). No grupo controle (G3), 25 foram do gênero feminino e 25 do gênero masculino (APÊNDICE A, Quadro 14), estando os indivíduos de acordo com todos os critérios de inclusão e

exclusão do estudo. A média das idades dos grupos foi de 9 anos de idade para o G1, 11 anos de idade para o G2 e 10 anos para o grupo controle.

O questionário é composto por 51 perguntas que foram aplicados em todos os grupos avaliados. Foram inseridos abaixo os dados obtidos a partir de todas as perguntas realizadas com os 100 pacientes.

O grau de instrução dos responsáveis do grupo G1 foi de 0%;29,1%; 25%; 4,1%; 33,3%; 8,3% e G2 0%; 24%; 12%; 8%; 40%; 16% sem instrução, primeiro grau incompleto, primeiro grau completo, segundo grau incompleto, segundo grau completo e superior, respectivamente. Para o grupo controle, esses valores foram de 2,4%; 14,6%, 14,6%, 4,8%, 36,6% e 26,8% sem instrução, primeiro grau incompleto, primeiro grau completo, segundo grau incompleto, segundo grau completo e superior, ensino superior.

A renda familiar do grupo G1 variou de 37,5%; 25%; 16,6% e 20,8%; para o grupo G2 os valores obtidos foram 20%; 56%; 16% e 8% para menos de R\$ 700,00, até R\$ 1.500,00 e até R\$ 3.500,00 e mais de R\$ 3.500,00. Sendo que para o grupo controle a renda familiar variou de 24,3% a 26,8%, 21,9%, 26,8% para menos de R\$ 700,00, até R\$ 1.500,00; até R\$ 3.500,00 e mais de R\$ 3.500,00, respectivamente (APÊNDICE A, Quadro 15).

As questões seguintes são relacionadas à saúde bucal e bem-estar da criança (questões 3 e 4), sintomas orais (questões 5 a 9), limitações funcionais (questões 10 a 18), bem-estar emocional (questões 19 a 26), bem-estar social (questões 27 a 37) e escala de impacto familiar (questões de 38 a 51). As respostas relacionadas à percepção dos pais sobre seus filhos estão descritas a seguir, e dispostas em (APÊNDICE A, Quadros 16-21).

A saúde bucal das crianças avaliadas foi classificada pelos pais como boa (G1, G2 e G3) em sua maioria, e que a condição da saúde bucal não afeta o bem estar geral. Os sintomas orais mais frequentes foram avaliados e a maioria dos pais de todos os grupos estudados relatou que os filhos nunca tiveram dor de dente, nem sangramento gengival, nenhum machucado na boca, mau hálito e nem comida presa no céu da boca.

Quanto à avaliação das limitações funcionais, a respiração bucal foi relatada apenas nos grupos G1 (algumas vezes) e G2 (várias vezes). No entanto, a maioria dos indivíduos nos três grupos (G1, G2 e G3) respondeu que nunca tiveram alimento

preso nos dentes, dificuldade de mastigação, problemas no sono, dificuldades em dizer alguma palavra, demora na alimentação ou restrição alimentar.

O bem estar emocional foi positivo sob o ponto de vista dos pais, a resposta “nunca” foi maioria para todos os grupos, quanto aos sentimentos de perturbação, irritação, frustração, ansiedade ou medo nos filhos. A maioria dos filhos nunca teve que faltar a escola por motivos de dor ou consulta odontológica, nem dificuldade em prestar atenção na escola ou dificuldade em falar na sala de aula, bem como falar, sorrir ou rir perto de outras crianças.

Sobre o bem estar social, a maioria dos pais avaliou que os filhos nunca se preocuparam por não ser tão saudáveis, ou diferentes, ou tão bonitos quanto às outras crianças. A maioria dos filhos nunca demonstraram timidez, mas alguns pais (G3) relataram a ocorrência esporádica de timidez. A maioria dos pais nunca presenciaram os filhos serem apelidados ou provocados ou excluídos por outras crianças. Os filhos sempre conseguiram participar das atividades esportivas ou de lazer. Pela visão dos pais, os filhos não se preocupam se tem menos amigos ou o que as outras crianças, bem como nunca se preocuparam a perspectiva do outro em relação aos aspectos dos seus dentes, pois a maioria nunca foi questionada a respeito.

Na escala do impacto familiar, a maioria dos pais não se sentiu perturbado, com sono interrompido ou culpado pela situação da saúde bucal dos seus filhos. Também nunca precisaram de dispensa no trabalho para ir às consultas principalmente nos grupos (G1 e G2). No entanto, no grupo controle, parte dos responsáveis responderam que algumas vezes, há necessidade da dispensa no trabalho para ir às consultas odontológicas. Os pais nunca se preocuparam se os filhos possam ter menos oportunidade de vida devido a sua condição de saúde bucal atual, e também nunca se sentiram desconfortáveis com os filhos em lugares públicos. Relataram que nunca os filhos sentem ciúmes dos pais ou até mesmo nunca sentiram ciúmes de outros membros da família. Os filhos nunca culparam seus pais, discutiu ou até mesmo pediu mais atenção do que outros membros da família nos grupos G1 e G2, no entanto para o grupo controle os responsáveis responderam que algumas vezes os filhos discutiram ou pediram mais atenção que outros membros da família. A condição bucal dos filhos nunca interferiu nas atividades da família, ou causou discordância e nem dificuldade financeira em todos os grupos avaliados.

4.3 Características clínicas e determinação do pH salivar, fluxo salivar e capacidade tampão

Quanto para os valores obtidos para os grupos avaliados da taxa de fluxo salivar houve diferença estatisticamente significativa entre o G1 e G3, sendo que o grupo controle apresentou maior taxa de fluxo salivar dentre todos os grupos. O pH inicial apresentou diferença estatisticamente significativa entre todos os grupos avaliados, como maior valor de pH inicial também para o grupo controle. A capacidade tampão foi maior nos pacientes com FC, significativamente diferente apenas nas faixas de pH ≥ 7 ao pH 6 para o grupo G2. O menor valor de ceo-d e CPO-D foi obtido para os grupos G2 e G1, ambos grupos de pacientes com FC. Não houve diferença estatisticamente significativa entre as médias de idade dos grupos FC avaliados. Os valores de média e desvio padrão do pH inicial, determinação do fluxo salivar e capacidade tampão da saliva por faixa para cada grupo estão apresentados na tabela 1.

Tabela 1 – Média ($\pm$ DP) dos valores para fluxo salivar (mL/min), pH inicial, capacidade tampão para cada faixa de pH, capacidade tampão total (mL HCl 0,01N) da saliva total e ceo-d e CPO-D dos grupos analisados

Grupos		G1 (n=25)	G2 (n=25)	G3 (n=50)
Fluxo Salivar		0,59 ($\pm$ 0,31) ^a	0,88 ($\pm$ 0,59) ^{ab}	1,08 ($\pm$ 0,51) ^b
pH Inicial		6,50 ($\pm$ 0,51) ^a	7,06($\pm$ 0,50) ^b	7,40($\pm$ 0,55) ^c
Capacidade de Tampão	pH $\geq$ 7,0	0,20 ($\pm$ 0,0) ^{ab} n=2	0,40 ($\pm$ 0,19) ^a n=12	0,27 ($\pm$ 0,15) ^b n=21
	pH 6,9-6,0	0,34 ($\pm$ 0,09) ^{ab} n=14	0,48 ($\pm$ 0,24) ^a n=22	0,33 ($\pm$ 0,17) ^b n=48
	pH 5,9-5,0	0,28 ($\pm$ 0,16) ^a n=21	0,30 ($\pm$ 0,12) ^a n=20	0,24 ($\pm$ 0,08) ^a n=36
	pH 4,9-4,0	0,26 ($\pm$ 0,15) ^a n=20	0,27 ($\pm$ 0,12) ^a n=22	0,23 ($\pm$ 0,07) ^a n=42
Ceo-d		1,87 ($\pm$ 5,03) ^a	1,0 ($\pm$ 1,63) ^a	2,75 ($\pm$ 3,21) ^b
CPO-D		0,47 ($\pm$ 1,12) ^a	1,45 ($\pm$ 2,76) ^{ab}	1,97 ($\pm$ 2,54) ^b
Idade		9,36 ($\pm$ 4,52) ^a	11,36($\pm$ 5,28) ^a	10,36($\pm$ 4,97) ^a

Legenda: G1- Pacientes FC (score SK entre 100-71), G2- Pacientes FC (score $\leq$ 71), G3 Controle sistemicamente saudáveis. Letras diferentes nas linhas mostram diferença estatisticamente significativa ($p < 0,05$).

Fonte: Elaborado pelo autor.

4.4 Avaliação da presença de microrganismos potencialmente oportunistas (UFC/ml)

A contagem de UFC/ml para estafilococos no grupo G2 ($p \leq 0,01$) foi significativamente mais elevada em comparação com o grupo controle (Figura 3).

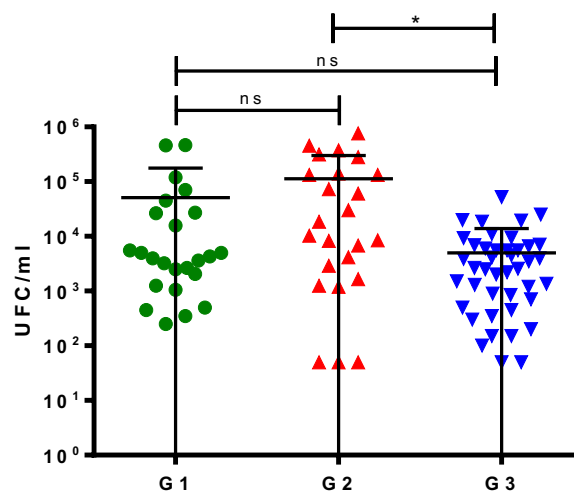
O valor de UFC /mL para leveduras nos grupos G1 ($p \leq 0,05$) e G2 ($p \leq 0,0001$) também foram significativamente mais elevados em relação ao grupo controle (Figura 4). O grupo de maior severidade da doença apresentou a maior contagem de levedura dentre os grupos avaliados. No entanto, para os outros microrganismos avaliados, enterobactérias, estreptococos, lactobacilos e contagem de microrganismos aeróbicos totais e anaeróbicos totais não foram observadas diferenças estatisticamente significativa em relação ao controle (Tabela 2).

Tabela 2 – Contagem de unidades formadoras de colônia por mililitro (UFC/mL) para microrganismos aeróbicos totais, anaeróbicos totais, enterobactérias, estreptococos, lactobacilos, valores descritos em média (desvio padrão)

Microrganismos	G1	G2	G3
Aeróbicos totais	$5,80.10^7 (\pm 5,45.10^7)$	$1,04.10^8 (\pm 1,03.10^8)$	$5,84.10^7 (\pm 5,45.10^7)$
Anaeróbicos totais	$8,20.10^7 (\pm 6,54.10^7)$	$1,14.10^8 (\pm 1,01.10^8)$	$7,57.10^7 (\pm 5,98.10^7)$
Enterobactérias	$9,38.10^3 (\pm 1,54.10^4)$	$1,82.10^4 (\pm 2,68.10^4)$	$1,57.10^4 (\pm 4,74.10^4)$
Estreptococos	$1,80.10^5 (\pm 6,14.10^5)$	$1,48.10^5 (\pm 2,96.10^5)$	$1,60.10^5 (\pm 4,52.10^5)$
Lactobacilos	$2,68.10^4 (\pm 1,04.10^5)$	$2,51.10^4 (\pm 4,53.10^4)$	$1,96.10^4 (\pm 4,54.10^4)$

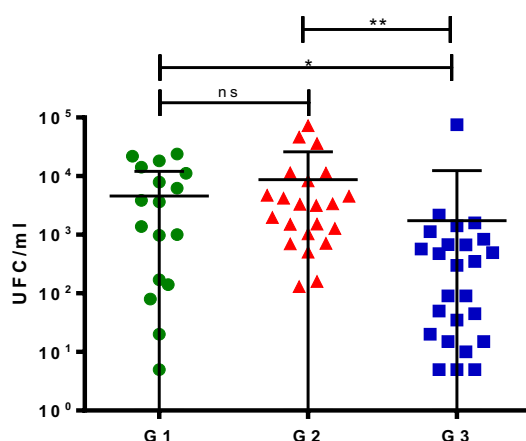
Legenda: G1- Pacientes FC (score SK entre 100-71), G2- Pacientes FC (score ≤ 71), G3 Controle sistemicamente saudáveis. Não houve diferença estatisticamente significativa entre os grupos ($p > 0,05$).
Fonte: Elaborado pelo autor.

Figura 3 - Contagem de estafilococos, expressos como valores de unidades formadoras de colônia por mililitro de saliva (UFC/mL), nos grupos avaliados (G1 - pacientes com FC com baixa severidade da doença; G2- pacientes com FC com alta severidade da doença e G3 – grupo controle



Legenda: Diferença estatística entre G2xG3 na contagem de UFC/ml para estafilococos de acordo com testes de Kruskal-Wallis e Dunn's ($p \leq 0,01$).
Fonte: Elaborada pelo autor.

Figura 4 - Contagem de leveduras, expressos como valores de unidades formadoras de colônia por mililitro de saliva (UFC/mL), nos grupos avaliados (G1 - pacientes com FC com baixa severidade da doença; G2- pacientes com FC com alta severidade da doença e G3 – grupo controle



Legenda: Diferença estatística entre G1xG3 ($p \leq 0,05$) e G2xG3 ($p \leq 0,0001$) na contagem de UFC/ml para leveduras de acordo com os testes Kruskal-Wallis e Dunn's.

Fonte: Elaborada pelo autor.

4.5 Identificações dos isolados

4.5.1 Identificação dos isolados de *Candida* spp.

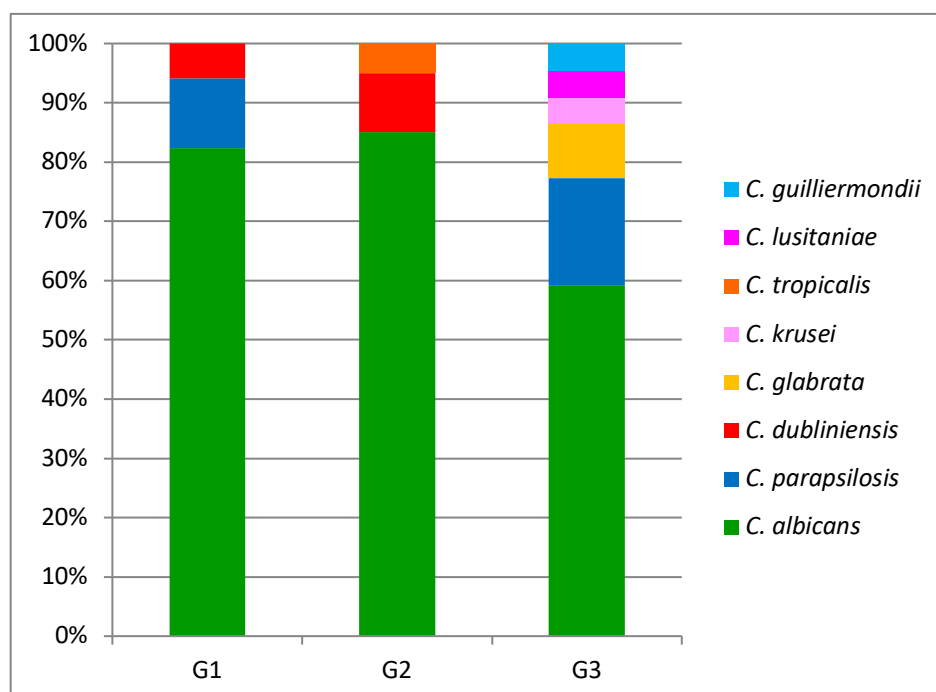
As identificações de todas as cepas clínicas de leveduras estão descritas nos respectivos quadros de acordo com os grupos, G1 – (APÊNDICE A, Quadro 12), G2 (APÊNDICE A, Quadro 13) e G3 (APÊNDICE A, Quadro 14) e também encontram-se os dados das prova fenotípicas e genotípicas utilizados para as identificações de todas as cepas clínicas de leveduras (APÊNDICE A, Quadros 33-35).

Um total de 59 cepas clínicas de *Candida* foram isolados nas amostras de saliva de 100 pacientes com fibrose cística e controles saudáveis. Trinta e sete pacientes com FC (74%) (17 pacientes de baixa gravidade e 20 pacientes de alta gravidade) e 22 indivíduos do grupo controle (44%) apresentaram culturas positivas de *Candida*.

A distribuição das espécies de *Candida* nos grupos está descrita na Figura 5. A espécie de *C. albicans* foi mais prevalente nos grupos estudados. As espécies não-

albicans foram mais frequentes entre os controles do que nos pacientes com fibrose cística. *Candida dubliniensis* e *Candida tropicalis* foram detectadas apenas em pacientes com fibrose cística. Além das espécies de *Candida*, isolados de *Trichosporon asahii* e *Saccharomyces cerevisiae* foram encontrados em grupos G2 e G3, respectivamente.

Figura 5 - Prevalência das espécies do gênero *Candida* entre os isolados recuperados de amostras de saliva dos grupos fibrose cística (G1 e G2) e controle (G3)



Fonte: Elaborada pelo autor.

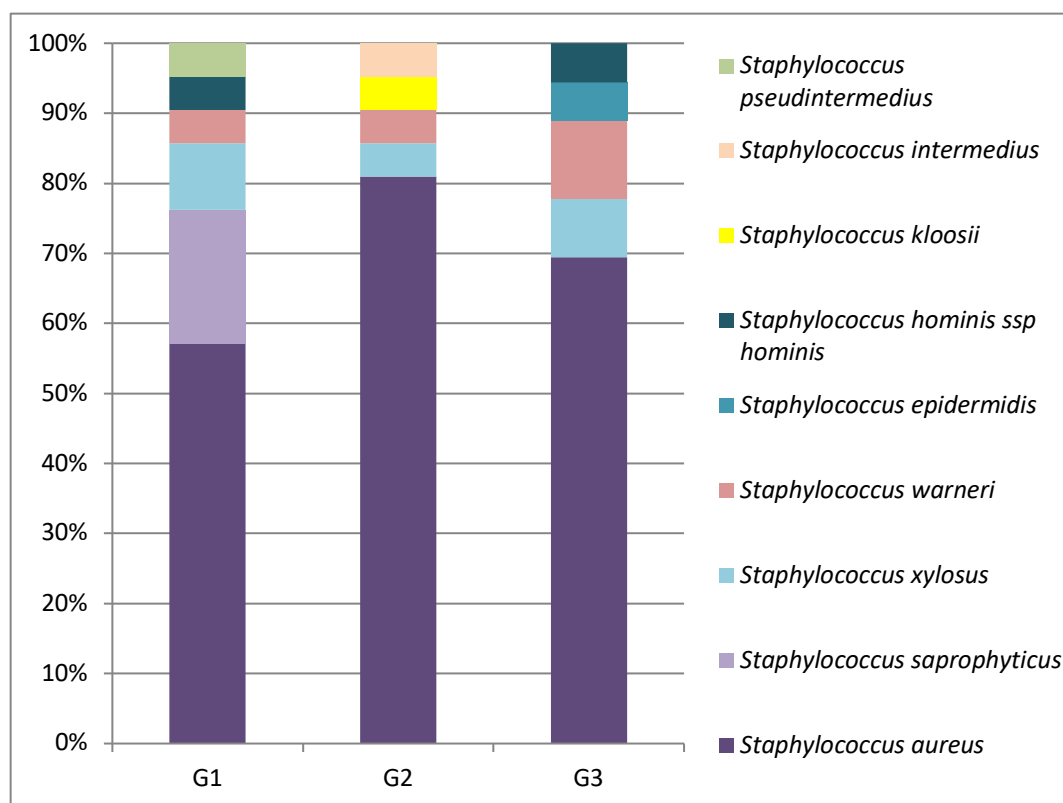
4.5.2 Identificação das cepas bacterianas dos isolados

Os resultados das identificações dos isolados bacterianos de todos os grupos estudados, realizadas pelo sistema Vitek 2 ID-YST system (BioMerieux, Marcy l'Étoile, France), dos grupos G1 e G2 (APÊNDICE A, Quadros 25 e 26) e grupo controle (APÊNDICE A, Quadro 27).

4.5.2.1 Identificação das cepas de *Staphylococcus* spp.

Dos 50 isolados dos pacientes com fibrose cística, 84% (G1 e G2) foram identificados como *Staphylococcus* spp.. Nos indivíduos do grupo controle, a porcentagem foi de 72% (G3) dentre os 50 isolados analisados. Nos grupos avaliados, 57%, 80% e 70% dos isolados foram identificados como *S. aureus*, respectivamente para os grupos G1, G2 e G3. As espécies foram *S. aureus*, *S. xylosus*, *S. warneri* foram identificadas em todos os grupos estudados (G1, G2 e G3), conforme descrito na (Figura 6). Outras espécies também foram identificadas nos isolados dos pacientes, como *Aerococcus viridans* e *Gemella morbillorum*.

Figura 6 - Prevalência das espécies do gênero *Staphylococcus* isolados de amostras de saliva dos grupos fibrose cística (G1 e G2) e controle (G3)

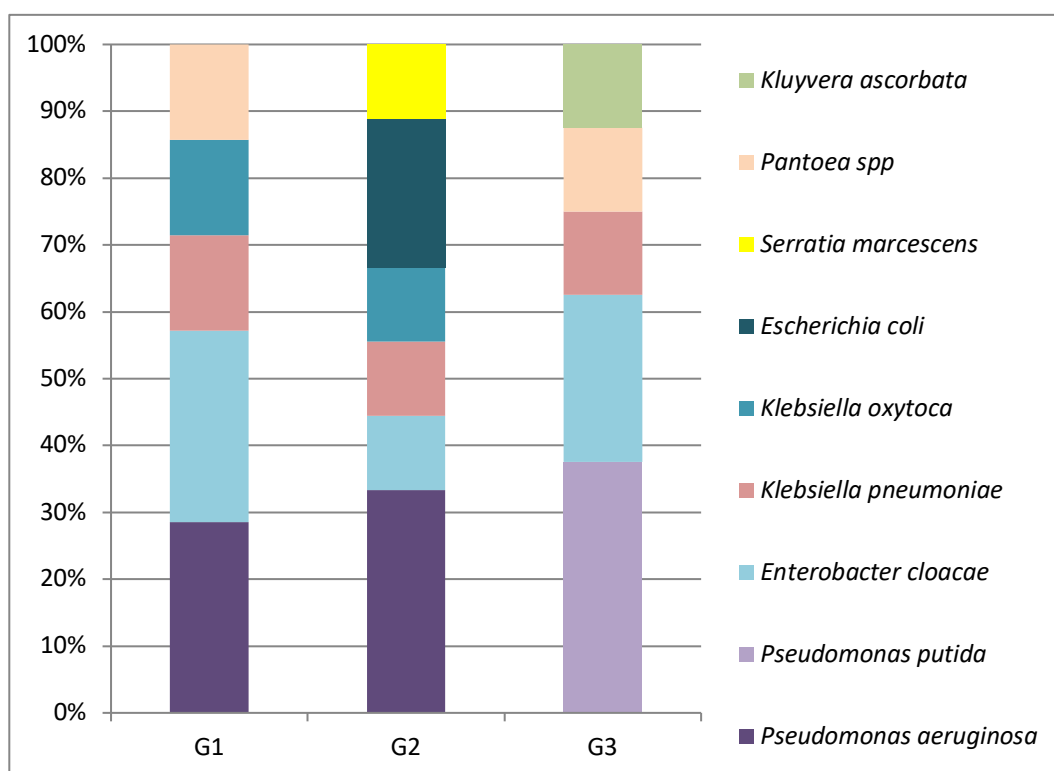


Fonte: Elaborada pelo autor.

4.5.2.2 Identificação das cepas de enterobactérias e pseudomonas

Dos 50 isolados analisados dos pacientes com fibrose cística, 32% (G1 e G2) foram identificadas como enterobactérias ou *Pseudomonas* spp.. Dos indivíduos controle, a porcentagem foi de 16% (G3) dentre os 50 isolados analisados. Nos grupos avaliados, as porcentagens de apenas enterobactérias e *Pseudomonas* spp. e outros bacilos Gram-negativos presentes na saliva dos isolados identificados foram 87,5%, 75% e 56%, respectivamente, G1, G2 e G3, como descrito na (Figura 7). A espécie *Pseudomonas aeruginosa* só foi identificada nos grupos de pacientes portadores da fibrose cística, G1 (2 isolados) e G2 (3 isolados). As espécies presentes em todos os grupos analisados foram *Klebsiella pneumoniae* e *Enterobacter cloacae*.

Figura 7 - Prevalência do isolados das espécies de enterobactérias e *Pseudomonas* spp., isolados de amostras de saliva dos grupos fibrose cística (G1 e G2) e controle (G3)



Fonte: Elaborada pelo autor.

4.6 Testes de susceptibilidade aos antifúngicos

Os valores individuais de concentração inibitória mínima (CIM) aos antifúngicos das cepas clínicas testadas nesse estudo estão apresentados no (APÊNDICE A, Quadro 28).

Os resultados foram expressos em: sensível (S), sensível dose-dependente (SDD) e resistente (R). Os pontos de corte adotados seguiram o documento M27-A3 do CLSI para *Candida* spp: fluconazol CIM ≤ 8 $\mu\text{g/ml}$ (S), CIM 16-32 $\mu\text{g/ml}$ (SDD), CIM ≥ 64 $\mu\text{g/ml}$ (R); 5- fluorocitosina CIM ≤ 4 $\mu\text{g/ml}$ (S), CIM 8-16 $\mu\text{g/ml}$ (I), CIM ≥ 32 $\mu\text{g/ml}$ (R) e anfotericina B CIM ≥ 1 $\mu\text{g/ml}$ (R).

Todos os isolados de *Candida* spp. foram suscetíveis a todos os antifúngicos testados. Os valores de CIM₉₀ e CIM₅₀ estão descritos na quadro 2.

Quadro 2 – Valores de CIM₅₀ e CIM₉₀ ($\mu\text{g/mL}$) obtidos nos testes de suscetibilidade dos isolados de *Candida* spp. para fluconazol (FLUCO), anfotericina B (ANFO B) e 5-fluorocitosina (5-FC)

<i>Candida</i> spp.	ANFO B	5-FC	FLUCO
Grupo G1 (n=17)			
CIM ₅₀	1,0	0,125	0,25
CIM ₉₀	1,0	0,125	0,50
Intervalo	0,125-1	0,125-0,25	0,125-2
Grupo G2 (n=20)			
CIM ₅₀	0,5	0,125	0,25
CIM ₉₀	1,0	0,25	0,25
Intervalo	0,125-1	0,125-2	0,125-0,5
Grupo G3 (n=22)			
CIM ₅₀	0,5	0,125	0,5
CIM ₉₀	1,0	0,125	2
Intervalo	0,125-1	<0,125-4	0,125-16

Legenda: G1- Pacientes FC (score SK entre 100-71), G2- Pacientes FC (score SK ≤ 71), G3- Controle
Fonte: Elaborada pelo autor.

4.7 Testes de susceptibilidade aos antibióticos

Os valores individuais obtidos dos testes de susceptibilidade das cepas clínicas de estafilococos aos antibióticos estão descritos no (APÊNDICE A, Quadro 29). Os resultados foram expressos em: resistente (R), intermediário (I) e sensível (S). Os critérios de interpretação (pontos de corte) foram baseados no documento M100-S25 do CLSI. Para as cepas de estafilococos os pontos de corte são divididos da seguinte forma: penicilina e amoxicilina $\geq 0,25 \mu\text{g/ml}$ (R) e $\leq 0,12 \mu\text{g/ml}$ (S); clindamicina $\geq 4 \mu\text{g/ml}$ (R), $1-2 \mu\text{g/ml}$ (I) e $\leq 0,5 \mu\text{g/ml}$ (S); e eritromicina $\geq 8 \mu\text{g/ml}$ (R), $1-4 \mu\text{g/ml}$ (I) e $\leq 0,5 \mu\text{g/ml}$ (S), e os pontos determinados para o método de disco difusão são para a penicilina e amoxicilina $\geq 29\text{mm}$ (S) e $\leq 28\text{mm}$ (R); clindamicina $\geq 21\text{mm}$ (S), $14-22\text{mm}$ (I) e $\leq 14\text{mm}$ (R); e eritromicina $\geq 23\text{mm}$ (S), $14-22\text{mm}$ (I) e $\leq 13\text{mm}$ (R). Para o metronidazol não existem valores de referência estabelecidos.

A maioria dos isolados de estafilococos foi resistente aos antibióticos testados, mesmo os isolados provenientes do grupo controle, conforme os dados da quadro 3 e 4, exceto para a clindamicina nos testes de disco difusão para todos os grupos analisados e para a eritromicina para o grupo controle. Os pontos de corte para resistência foram baseados no documento M100-S25 do CLSI e estão descritas no (APÊNDICE A, Quadro 30). Todas as cepas analisadas foram resistentes ao teste de diluição em ágar para o metronidazol na concentração máxima testada (G1-100%, G2-100%, G3-100%).

Quando 3 – Porcentagem de isolados de *Staphylococcus* ssp. dos 3 grupos estudados suscetíveis à Amoxicilina (AMOXI), Penicilina (PENI), Eritromicina (ERITRO) e Clindamicina (CLINDA), pelo método de diluição em ágar

	AMOXI			PENI			ERITRO			CLINDA		
	R	I	S	R	I	S	R	I	S	R	I	S
Grupo 1	100	0	0	92	0	8	54	8	38	100	0	0
Grupo 2	100	0	0	90	0	10	71	10	19	100	0	0
Grupo 3	75	0	25	72	0	28	36	0	64	75	0	25

Legenda: G1- Pacientes FC (score SK entre 100-71), G2- Pacientes FC (score SK ≤ 71), G3- Controle
Fonte: Elaborada pelo autor.

Quadro 4 – Porcentagem de isolados de *Staphylococcus* ssp. dos 3 grupos estudados suscetíveis à Amoxicilina (AMOXI), Penicilina (PENI), Eritromicina (ERITRO) e Clindamicina (CLINDA), para o método de disco difusão

	AMOXI			PENI			ERITRO			CLINDA		
	R	I	S	R	I	S	R	I	S	R	I	S
Grupo 1	76	0	24	72	0	29	49	8	43	29	0	71
Grupo 2	76	0	24	76	0	24	76	10	33	33	0	67
Grupo 3	71	0	29	74	0	26	23	11	66	3	0	97

Legenda: G1- Pacientes FC (score SK entre 100-71), G2- Pacientes FC (score SK $\leq$ 71), G3- Controle
Fonte: Elaborada pelo autor.

Os resultados obtidos para os testes de susceptibilidade aos antibióticos das cepas clínicas de enterobactérias e pseudomonas dos 3 grupos estudados estão descritos no (APÊNDICE A, Quadro 31). Os resultados foram expressos em: resistente (R), intermediário (I) e sensível (S). Os critérios de interpretação foram baseados no documento M100-S25 do CLSI. Para as cepas de enterobactérias os pontos de corte são determinados apenas para a penicilina e amoxicilina ≥ 32 µg/ml (R), 16 µg/ml (I) e ≤ 8 µg/ml (S) para o método de diluição em ágar e ≥ 17 mm (S), 14-16mm (I) e ≤ 13 mm (R) e para o método de disco difusão, para os demais antibióticos os pontos de corte não são estabelecidos.

Os isolados clínicos de enterobactérias variaram de suscetível a resistente aos antibióticos amoxicilina e penicilina, sendo que as porcentagens encontradas estão relatadas nas quadros 5 e 6. No entanto, para o grupos com FC G1 e G2 a clindamicina, eritromicina e o metronidazol foram menos eficazes contra os isolados clínicos de enterobactérias e pseudomonas, sendo que 100% das cepas testadas foram resistentes nas concentrações máximas avaliadas nesse estudo. Para o grupo controle (G3) a maioria das cepas também se mostram resistentes aos antibióticos, entretanto algumas cepas apresentaram inibição do crescimento em concentrações menores, os valores obtidos para cada cepa individualmente encontram-se no (APÊNDICE A, Quadro 32).

Quadro 5 – Porcentagem de isolados de enterobactérias dos 3 grupos estudados suscetíveis à Amoxicilina (AMOXI), Penicilina (PENI), no método de diluição em ágar

	AMOXI			PENI		
	R	I	S	R	I	S
Grupo 1	80	0	20	100	0	0
Grupo 2	100	0	0	83	0	17
Grupo 3	100	0	0	100	0	0

Legenda: G1- Pacientes FC (score SK entre 100-71), G2- Pacientes FC (score SK $\leq$ 71), G3- Controle sistemicamente saudáveis

Fonte: Elaborada pelo autor.

Quadro 6 – Porcentagem de isolados de enterobactérias dos 3 grupos estudados suscetíveis à Amoxicilina (AMOXI), Penicilina (PENI), pelo método de disco difusão

	AMOXI			PENI		
	R	I	S	R	I	S
Grupo 1	60	20	20	100	0	0
Grupo 2	67	0	33	100	0	0
Grupo 3	60	20	20	100	0	0

Legenda: G1- Pacientes FC (score SK entre 100-71), G2- Pacientes FC (score SK $\leq$ 71), G3- Controle

Fonte: Elaborada pelo autor.

4.8 Análises dos níveis salivares de IgA e IgM

Para amostras de saliva foram analisadas dos grupos G1, G2 e G3 para análise dos níveis salivares de Ig A houve diferença estatística entre os grupos com FC (G1 e G2) em comparação ao com o grupo G3 controle $p \leq 0,0001$ analisados pelos testes estatísticos Anova e post hoc de Tukey. Os grupos de pacientes com FC apresentaram os maiores níveis de IgA sendo que o grupo de maior gravidade (grupo G2) obteve o maior valor entre os grupos analisados. No entanto não foi encontrada diferença estatística entre os grupos analisados pelos testes estatísticos Krukal Wallis post hoc Dunn's, para os níveis salivares de IgM.

Quadro 7 – Níveis salivares de Ig A e Ig M nos grupos G1- Pacientes FC (score SK entre 100-71), G2- Pacientes FC (score SK $\leq$ 71) e G3- Controle

Imunoglobulinas Salivares	G1	G2	G3
Ig A	176,7 ($\pm$ 2,23) ^a	177,1 ($\pm$ 3,21) ^a	169,1 ($\pm$ 7,23) ^b
Ig M	10,03 ($\pm$ 0,39) ^a	10,12 ($\pm$ 0,35) ^a	11,22 ($\pm$ 1,48) ^a

Legenda: G1- Pacientes FC (score SK entre 100-71), G2- Pacientes FC (score SK $\leq$ 71), G3- Controle
 Fonte: Elaborada pelo autor.

4.9 Caracterização do microbioma bucal por HOMINGS

Um total de 382 sondas alvo foram identificados, 217 deles eram comuns a todos os grupos (Figura 8), 309 foram identificados na doença de baixa gravidade (G1), 246 para o grupo com maior gravidade da FC (G2) e 339 foram identificados para o grupo controle. A quantidade de espécies de microrganismos identificados em cada grupo está representado no Diagrama de Venn (Figura 8). Todos os alvos identificados estão em (ANEXO D). Podemos observar que 24 espécies de microrganismos foram detectados exclusivamente no G1, 10 espécies de microrganismos do G2 e 53 espécies de microrganismos do G3. Nas suas inter-relações, foram identificadas 9 espécies de microrganismos comum para o G1 e G2, 10 microrganismos para G2 e G3 e 59 espécies de microrganismos para G1 e G3.

Figura 8 - O diagrama de Venn mostra as espécies microbianas identificadas em cada grupo analisados e suas inter-relações



Legenda: G1- Pacientes FC (score SK entre 100-71), G2- Pacientes FC (score SK $\leq$ 71), G3- Controle
 Fonte: Elaborada pelo autor.

Quadro 8 - Resumo das identificações de micro-organismos por HOMING das amostras de saliva, utilizando banco de dados do ProbeSeq, nos grupos analisados

Grupos	Identificações ^a	Espécies identificadas apenas nos FC	Espécies diferentes nos grupos FC	Espécies exclusivas dos grupos FC	Total de espécies identificadas
G1	309	33	24	9	382
G2	246	19	10		
G3	339	---			

Legenda: ^a banco de dados do ProbeSeq, G1- Pacientes FC (score SK entre 100-71), G2- Pacientes FC (score SK $\leq$ 71), G3- Controle

Fonte: Elaborada pelo autor.

Na quadro 9, estão descritos os microrganismos em nível de espécie identificados apenas nos grupos com FC.

Quadro 9 – Espécies microbianas identificadas exclusivamente nos grupos FC (G1, G2)

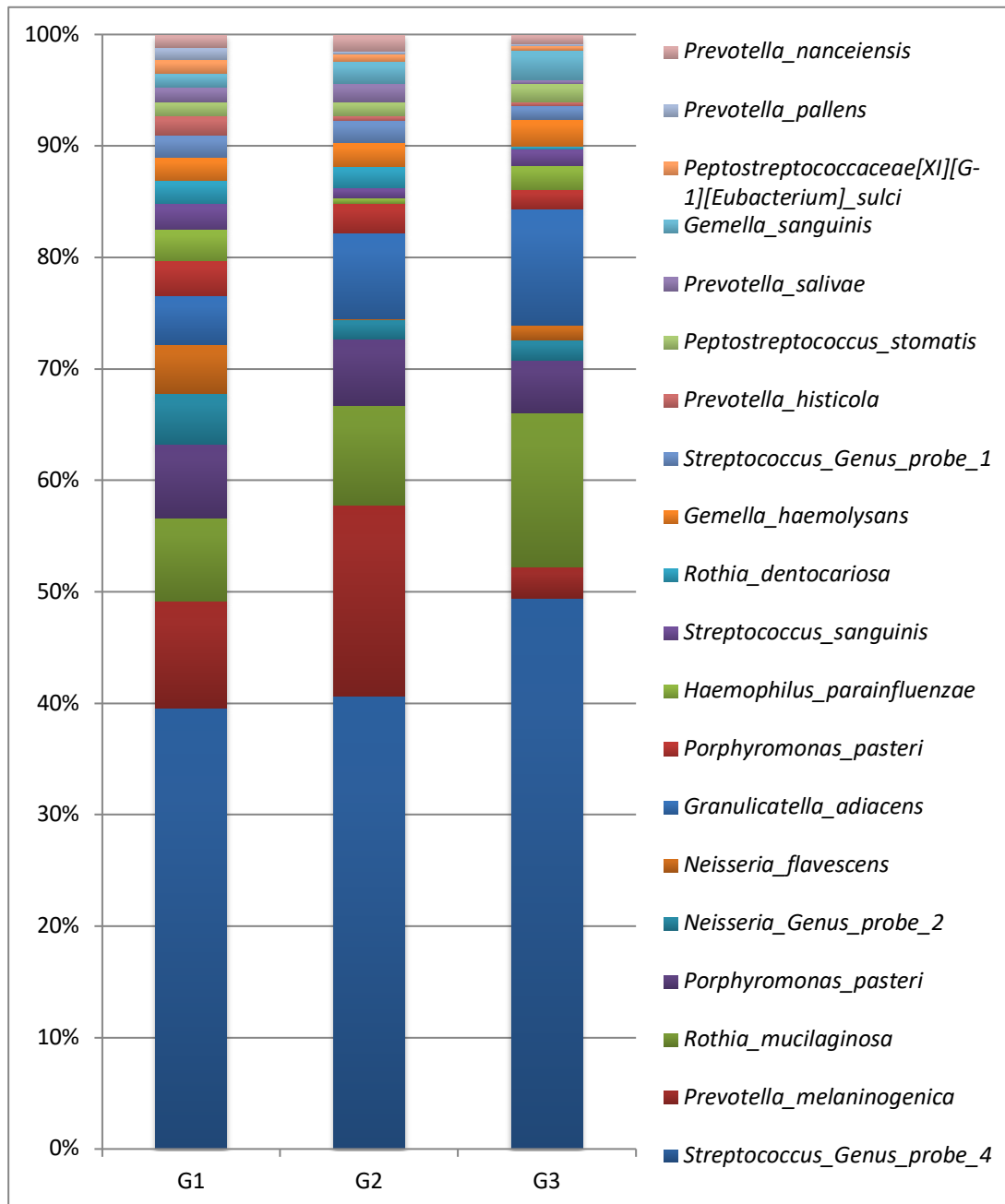
Espécies identificadas ^a
<i>Bergeyella_sp_hot_931</i>
<i>Finegoldia_magna</i>
<i>Lactobacillus_salivarius</i>
<i>Olsenella_sp_hot_809</i>
<i>Prevotella_buccae</i>
<i>Prevotella_sp_hot_942</i>
<i>Propionibacterium_sp_hot_194</i>
<i>Pseudomonas_aeruginosa</i>
<i>Mycoplasma_genus_probe</i>

Legenda:^a banco de dados do ProbeSeq.

Fonte: Elaborada pelo autor.

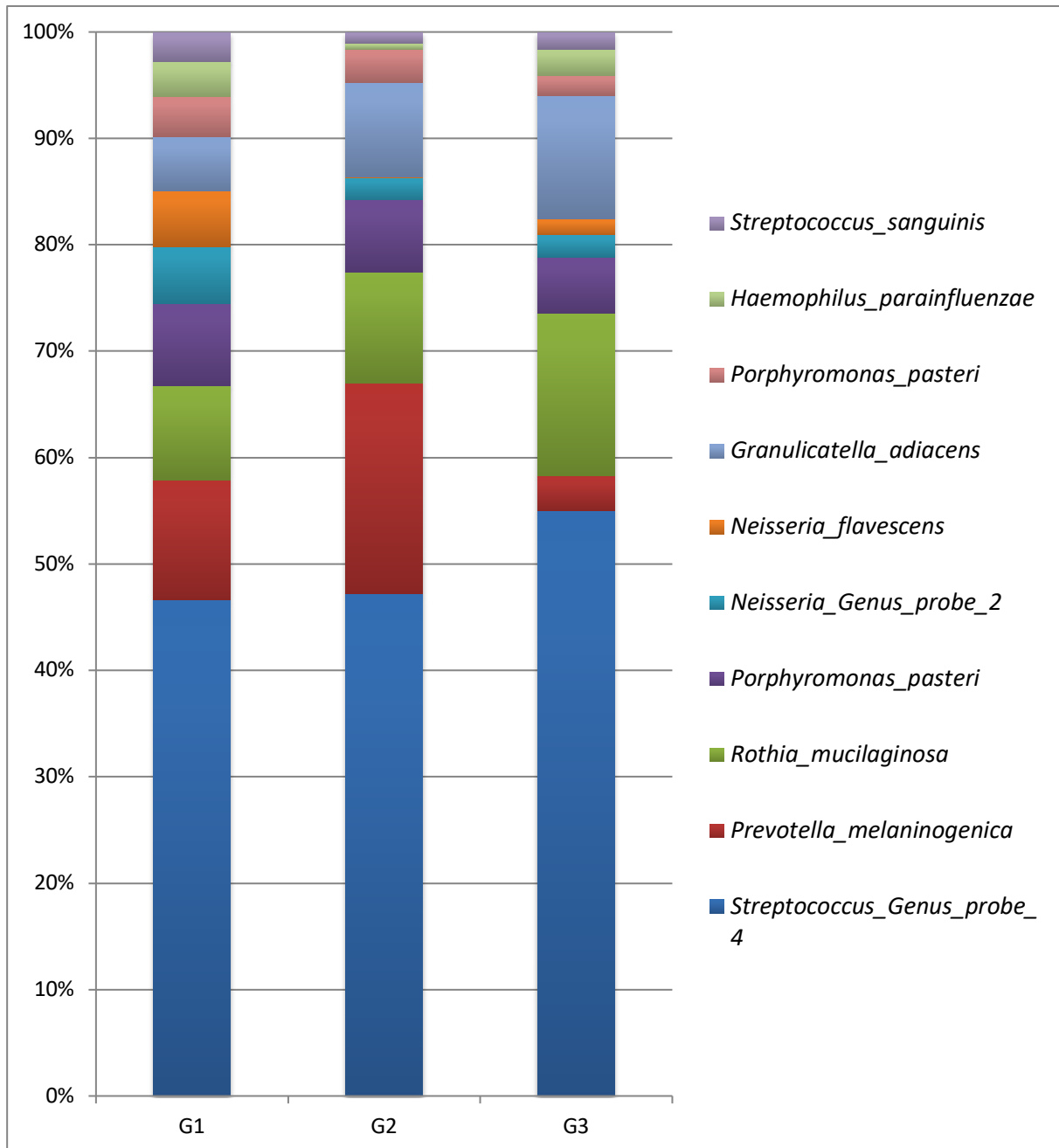
Os microrganismos mais prevalentes descritos ao nível das espécies e do gênero estão apresentados nas Figuras 9 e 10.

Figura 9 - Abundância relativa dos 20 marcadores em nível de gênero e espécie mais predominantes em todos os grupos. G1- Pacientes FC (score SK entre 100-71), G2- Pacientes FC (score SK $\leq$ 71), G3- Controle



Fonte: Elaborada pelo autor.

Figura 10 - Abundância relativa dos 10 microrganismos marcadores em nível de espécie mais prevalentes nos grupos em estudo. G1- Pacientes FC (score SK entre 100-71), G2- Pacientes FC (score SK $\leq$ 71), G3- Controle

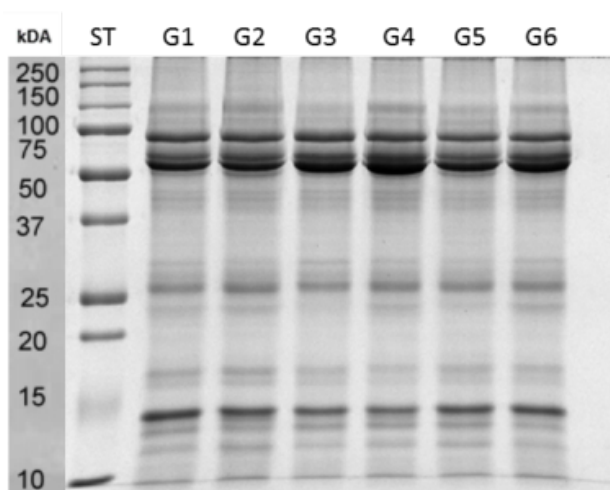


Fonte: Elaborada pelo autor.

4.10 Análise do proteoma salivar

Amostras de saliva de 39 indivíduos com FC e 39 indivíduos saudáveis pareados entre sexo e idade foram incluídos nessa análise. Entre os 78 sujeitos incluídos, 46,1% eram do sexo masculino e 53,9% do sexo feminino, com idade média de $13,0 \pm 3,1$ anos e $11,3 \pm 4,5$ anos. O gel de SDS-PAGE mostra a separação de proteínas para cada amostra de pool analisada com base nas diferenças de pesos moleculares (Figura 11).

Figura 11 - Gel SDS-PAGE do padrão (ST – amostra com fragmentos de peso molecular determinado) e dos pools de saliva estimulada dos grupos em estudo (G1, G2, G3, G4, G5 e G6)



Legenda: ST padrão para análise da separação das proteínas para cada amostra de pool (G1, G2, G3, G4, G5, G6) com base nas diferenças de pesos moleculares.

G1- Pacientes FC idade 6-12 anos (baixa severidade da doença), G2- Pacientes FC idade 6-12 anos (alta severidade da doença), G3- Controle sistemicamente saudáveis idade 6-12 anos, G4- Pacientes FC idade 13-20 anos (baixa severidade da doença), G5- Pacientes FC idade 13-20 anos (alta severidade da doença), G6 - Controle sistemicamente saudáveis idade 13-20 anos:

Fonte: Elaborada pelo autor.

Após análises por LC-ESI-MS / MS dos 6 grupos, foram identificadas um total de 3070 proteínas associadas aos grupos analisados descritas (ANEXO E). Comparando o perfil de proteínas entre os grupos de FC, 1619 foram diferentes entre

os grupos de CF e controles, respectivamente, essas proteínas poderiam ser sugeridas para o perfil de indivíduos com FC.

Quadro 10 - Resultados obtidos para as análises proteômicas das amostras de saliva total (pools) dos grupos com fibrose cística (FC) (G1, G2, G4 e G5) e grupos controle (G3 e G6), utilizando LC-ESI-MS/MS

Grupos	Proteínas identificadas	Proteínas identificadas apenas nos pools FC	Proteínas comuns nos pools FC	Proteínas comuns em todos os pools FC	Total de proteínas identificadas
G1	976	716	109	7	3070
G2	879	612			
G3	997	---			
G4	727	559	68		
G5	498	366			
G6	657	---			

Legenda: G1- Pacientes FC idade 6-12 anos (baixa severidade da doença), G2- Pacientes FC idade 6-12 anos (alta severidade da doença), G3- Controle sistemicamente saudáveis idade 6-12 anos, G4- Pacientes FC idade 13-20 anos (baixa severidade da doença), G5- Pacientes FC idade 13-20 anos (alta severidade da doença), G6 - Controle sistemicamente saudáveis idade 13-20 anos:

^a Swiss-Prot código de acesso. ^b Total de 4 experimentos independentes.

Fonte: Elaborada pelo autor.

A comparação entre os grupos de FC (G1, G2, G4 e G5) resultou em 7 proteínas comuns (Quadro 11). Esses achados sugerem que esse grupo de proteínas pode ser proposto como potenciais biomarcadores da FC.

O número de identificações das proteínas corresponde à quantidade de vezes que a proteína foi identificada na análise por LC-ESI-MS/MS de cada *pool*. Sendo que cada *pool* de saliva estimulada foi analisada separadamente.

Quadro 11 - Proteínas identificadas em todos os pools de amostras de saliva total obtidas de pacientes com fibrose cística (G1, G2, G3 and G4)

Código de acesso da proteína ^a	Nome da proteína	Peptídeos identificados	Número de identificações ^b
Q8IZ96	CKLF-like MARVEL transmembrane domain-containing protein 1	11	4
Q92878	DNA repair protein RAD50	11	4
Q9H195	Mucin-3B	10	4
Q53SF6	Putative uncharacterized protein PTHR2	8	4
O15061	Synemin	16	4
Q14005	Pro-interleukin-16	11	4
A4UGR9	Xin actin-binding repeat-containing protein 2	12	4

Legenda: ^a Swiss-Prot código de acesso. ^b Em um total de 4 experimentos independentes.

Fonte: Elaborada pelo autor.

5 DISCUSSÃO

A FC é uma condição que afeta múltiplos sistemas impactando a saúde do indivíduo como um todo. Nesse estudo os achados epidemiológicos quanto à doença cárie indicou menor experiência de cárie entre pacientes com FC em relação ao grupo controle, estando de acordo com a maioria dos dados da literatura (Kinirons, 1992; Abu-Zahra et al., 2019).

Considerando que a doença cárie é uma condição multifatorial, um menor risco à cárie nessa população pode ser atribuído aos frequentes cuidados quanto à saúde geral aos quais esses pacientes são submetidos, que podem refletir positivamente nas condições de saúde bucal (Abu-Zahra et al., 2019). Outra hipótese é de que essa população está exposta ao uso de antimicrobianos de forma crônica, que poderiam reduzir os níveis intra-orais da microbiota cariogênica (Kinirons, 1992; Chi, 2013).

A baixa incidência de sintomas orais, limitações funcionais e boa avaliação quanto ao bem-estar emocional e social dos pacientes sugerem que a saúde bucal não influencia negativamente a qualidade de vida dessa população. Observações similares foram relatadas em estudos anteriores (Kinirons, 1992; Peker et al., 2014; Peker et al., 2015; Abu-Zahra et al., 2019). No estudo recente de Abu-Zahra et al., 2019 demonstrou que 90% dos pacientes com FC apresentam frequência diária quanto aos hábitos de higiene oral, e 70% visitam o dentista a cada 6 meses, e apresentam índice de CPOD baixo (0,25), no entanto uma dieta rica em açúcar foi evidenciado em 65% dos pacientes e o índice de defeitos em esmalte foi significativamente maior nos pacientes com FC em comparação ao índice populacional (Abu-Zahra et al., 2019).

A saliva como outros fluídos provenientes das glândulas exócrinas podem sofrer alterações bioquímicas devido à FC, tais como alterações na composição inorgânica da saliva total com aumento dos níveis de sódio, potássio e cloro (Gonçalves et al., 2013; Da Silva Modesto et al., 2015; Goncalves et al., 2018), também do pH e capacidade tampão (Alkhateeb et al., 2017). No trabalho de Peker et al. (2014), os dados de pH salivar, taxa de fluxo não apresentaram diferença em relação ao grupo controle, entretanto o pH inicial e fluxo salivar do grupo com FC foi

menor comparado ao grupo controle, em concordância com o nosso estudo (Peker et al., 2014).

Alterações dos fatores salivares despertam interesse na investigação da saliva como ferramenta promissora para diagnóstico da FC, alternativamente ao teste do suor (Gonçalves et al., 2013; Rueegg et al., 2019).

Os valores de pH obtidos para saliva estimulada foram significativamente menores nos pacientes com FC, assim como a taxa de fluxo salivar para o grupo G1, corroborando com os dados já descritos em avaliação anterior também com avaliação de saliva estimulada (Gonçalves et al., 2013). A redução do fluxo salivar pode ser relacionada aos sintomas da FC ou secundariamente à destruição do parênquima glandular decorrente dos efeitos colaterais dos medicamentos ao longo do tratamento da FC (Gonçalves et al., 2013; Herman et al., 2017). Além dos fatores inorgânicos os estudos também relatam a redução de enzimas com propriedades antimicrobianas, como alfa-amilase (55%) e peroxidase salivar (55%) em pacientes com FC (Da Silva Modesto et al., 2015).

Quanto à capacidade tampão, os maiores valores obtidos nesse estudo foram nos pacientes com maior gravidade da FC (G2) em todas as faixas analisadas, acredita-se que uma hipótese para o aumento do tamponamento da saliva nesses pacientes é decorrente da suplementação de enzimas pancreáticas administradas ao longo da vida dos pacientes com FC (Herman et al., 2017).

No entanto, há uma limitação quanto a comparação dos valores de pH, fluxo salivar e capacidade tampão com outros estudos, devido as diferenças metodológicas quanto a coleta e modificação da composição salivar, para saliva estimulada e não estimulada. A saliva estimulada é caracterizada por possuir maior conteúdo inorgânico e melhor capacidade tampão (Edgar et al., 1994; Stookey, 2008). Dessa maneira, a comparação dos nossos dados com estudos que utilizaram saliva não estimulada ficaria incongruente.

Em relação à avaliação da prevalência de microrganismos potencialmente oportunistas, a *P. aeruginosa* e *S. aureus* são os patógenos tipicamente isolados das vias aéreas superiores e cavidade oral de pacientes com FC, estando fortemente relacionados às infecções pulmonares nesses pacientes, cerca de 30% dos pacientes com FC apresentam uma colonização primária dos pulmões por *Staphylococcus aureus* (Rivas Caldas et al., 2015; Brown-Jaque et al., 2018; Singh et al., 2018). No

presente trabalho, cerca de 57% do grupo G1 apresentaram *S. aureus* na cavidade bucal. No entanto, para os pacientes do G2, grupo de pacientes que apresentam um quadro mais severo da doença, a prevalência de *S. aureus* foi de 80% dentre isolados identificados. A espécie *Pseudomonas aeruginosa* foi identificada em nosso estudo apenas nos pacientes portadores de FC. A colonização por esse microrganismo está fortemente relacionada com infecções crônicas nesses pacientes, sendo encontrada em 80% dos pacientes portadores de FC na vida adulta (Brown-Jaque et al., 2018; Shao et al., 2018).

Outros patógenos como *Stenotrophomonas maltophilia*, *Achromobacter xylosoxidans* identificados em nosso estudo já foram anteriormente identificadas em escarro de pacientes com FC (Brown-Jaque et al., 2018). e têm sido citados como novos patógenos humanos oportunistas (Lipuma, 2010; Parkins, Floto, 2015).

A exposição crônica aos medicamentos antimicrobianos nesse grupo de pacientes podem contribuir com a elevação da ocorrência de resistência antimicrobiana observada nesse estudo. Outro fator relevante foi as classes de antibióticos de escolha não específica para o grupo de microrganismos identificados, lembrando que os antibióticos escolhidos foram baseados nos antibióticos de maior uso na clínica odontológica. Assim como a prevalência de cepas multirresistentes isoladas dos pacientes com FC, estudos recentes detectaram bacteriófagos em amostras de escarro de pacientes com FC, os fagos podem atuar na transferência de mecanismos de resistência entre microrganismos, como genes de resistência antibiótica (ARGs), proporcionando o aumento de cepas com genes resistentes na microbiota dos pacientes (Brown-Jaque et al., 2018).

Essencialmente há dois caminhos para que os antibióticos penetrem pela membrana externa bacteriana, uma via mediada por lipídios para antibióticos hidrofóbicos e porinas de difusão para antibióticos hidrofílicos, as composições lipídicas e proteicas da membrana externa das bactérias Gram-negativas podem se alterar por meio de mecanismos de resistência tornando mais difícil a descoberta de novos antimicrobianos eficazes a esse grupo de microrganismos (Delcour, 2009). Devido ao crescente aumento de cepas multiresistentes aos antimicrobianos convencionais, o desenvolvimento de novas classes de antimicrobianas, como de derivados de tioureia e guanidina que são capazes de inibir essas cepas multirresistentes por serem moléculas de baixo peso molecular (Saeed et al., 2018),

A prevalência de infecções fúngicas nos pacientes com FC, também tem aumentado nas últimas décadas (Hughes, Kim, 1973; Haase et al., 1991; Hoppe et al., 1995; Gungor et al., 2013; Willger et al., 2014). Neste estudo, a prevalência de leveduras na cavidade bucal foi de 74% (pacientes G1 e G2), sendo ainda maior no grupo de pacientes como maior severidade da doença (G2 - 80%). Segundo estudos anteriores, o uso prolongado de corticosteróides inalados e antibióticos (Noni et al., 2015), bem como o aumento da expectativa de vida dessa população podem contribuir para ocorrência do aumento de colonização por leveduras nas vias aéreas (Saunders et al., 2016), estudos tem relacionado à colonização pulmonar por leveduras com quadros de exacerbação das infecções pulmonares (Schwarz et al., 2018), principalmente quando há a associação da infecção bacteriana à fúngica (Morales, Hogan, 2010; Delhaes et al., 2012).

Candida albicans foi a espécie frequentemente encontrada entre os grupos,. *Candida dubliniensis* e *Candida tropicalis* foram encontradas apenas em pacientes com fibrose cística. Em estudos anteriores *C. dubliniensis* tem sido identificada como um colonizador persistente do trato respiratório de pacientes com FC (Muthig et al., 2010; Abdulwahab et al., 2017), como também associado à *Pseudomonas aeruginosa* (Morales, Hogan, 2010; Abdulwahab et al., 2017). Em nosso estudo, *C. dubliniensis* foi recuperado apenas dos grupos com FC. Além disso a *Candida dubliniensis* tem sido correlacionada com quadros de alta severidade da FC (Anderson, 2017).

No entanto, apesar da alta prevalência de leveduras nos grupos FC, foi observado que todos os isolados foram suscetíveis aos antifúngicos testados nesse estudo. Este é um achado interessante, considerando que há um aumento relatado na ocorrência de resistência a antifúngicos entre outros grupos de pacientes imunocomprometidos (Ford et al., 2015). Nossos dados corroboram um recente estudo (Sabino et al., 2017), no qual autores não observaram aumento na resistência antifúngica em isolados respiratórios de *Candida* isolados de pacientes com FC.

Sabe-se que imunoglobulinas salivares fazem parte do sistema de defesa das superfícies mucosas contra a invasão de microrganismos (Fernandes et al., 2016). Estudos têm relacionado à colonização dos seios paranasais por *P. aeruginosa* com níveis elevados de imunoglobulina A (IgA) específicos contra *P. aeruginosa* na saliva (Alanin et al., 2018; Mauch et al., 2019). Esses estudos sugerem que o monitoramento dos níveis salivares de IgA pode ser uma ferramenta de investigar precocemente o

risco de colonização pulmonar por *P. aeruginosa*. No presente estudo, os níveis salivares de IgA apresentaram diferença estatisticamente significativa entre os grupos G1 (menor severidade) e G2 (maior severidade) em relação ao grupo controle. Sendo que as imunoglobulinas salivares atuam na defesa das superfícies mucosas aos microrganismos (Fernandes et al., 2016), maior prevalência de microrganismos patogênicos nos pacientes com FC, pode estimular o aumento dos níveis das imunoglobulinas salivares.

A análise do microbioma bucal, 5 gêneros foram os mais prevalentes em todos os grupos avaliados: *Streptococcus*, *Prevotella*, *Rothia*, *Porphyromonas* e *Neisseria*. Esses correspondiam a mais de 50% do DNA total presente em todos os grupos estudados. Os resultados foram semelhantes aos encontrados em estudos anteriores (Belstrom et al., 2016; Belstrom et al., 2017), no qual as espécies mais abundante foram *Streptococcus*, *Prevotella*, *Rothia*, *Veillonella*, *Neisseria* e *Granulicatella*, diferindo em nosso estudo abundância do gênero *Porphyromonas* em todos os grupos respectivamente.

A avaliação do microbioma indicou a presença de nove espécies microbianas exclusivamente nos grupos de pacientes com FC. Chama atenção que a detecção de *Pseudomonas aeruginosa* somente nos grupos FC, pelas duas metodologias de análise adotadas. Esse dado é de grande relevância e reforça a proposta inicial desse estudo da importância do monitoramento da microbiota bucal na prevenção da colonização pulmonar por tais patógenos nos pacientes com FC. Também foi observado no grupo FC com maior severidade da doença a abundância de *staphylococcus_genus_probe_1*, apesar da necessidade de melhor avaliação futuramente, a típica associação do gênero *Pseudomonas* e *Staphylococcus* pode estar relacionada com a progressão e severidade da FC, visto que a associação de ambos é amplamente relatada em estudos que avaliam a microbiota oral e do trato respiratório dos pacientes com FC (Delhaes et al., 2012; Rivas Caldas et al., 2015).

Os perfis proteômicos da saliva total de pacientes com FC e controles foram analisados, com foco na detecção de potenciais biomarcadores relacionados à doença.

As mucinas são os principais componentes estruturais da camada de muco responsável por recobrimento das vias aéreas humanas, essa camada é formada por uma mistura complexa de mucinas, proteínas globulares, peptídeos, proteínas

antimicrobianas, sais e água (Henderson et al., 2014). As proteínas MUC5AC e MUC5B são responsáveis pelo transporte da camada de muco nas vias aéreas, estudos prévios também detectaram essas proteínas nas secreções das vias aéreas de pacientes com FC por Western Blot, essas proteínas podem atuar na prevenção da estase do muco e na limpeza das vias aéreas (Henke et al., 2004, 2007).

Um dos fatores adjuvantes a patogênese da doença pulmonar na FC relaciona-se a hipersecreção de mucina, que pode contribuir para a estase do muco, dificultando a eliminação de muco necessária para prevenir a ocorrência de infecções pulmonares (Henderson et al., 2014).

Das sete proteínas salivares descritas nesse estudo como possíveis biomarcadores da FC, algumas já foram relatadas em estudos anteriores envolvidos com inflamação e infecções do trato respiratório (Pratt et al., 2000; Pelaseyed, Hansson, 2011). Dentre elas a Mucin-3, é uma glicoproteína que compõe uma variedade dos componentes que formam o muco, funcionando como uma barreira protetora e lubrificante contra partículas e agentes infecciosos nas superfícies das mucosas (Pratt et al., 2000). No entanto, a abundância da proteína MUC3 pode estar relacionada com o processo de inflamação crônica do epitélio brônquico (Kovalenko, Dorofieiev, 2017) e a exacerbação infecciosa da doença pulmonar obstrutiva crônica (COPD) (Pelaseyed, Hansson, 2011).

Interleucina-16 também foi identificada exclusivamente na saliva total de pacientes com FC. A Interleucina-16 é uma citocina pró-inflamatória originalmente produzida por linfócito; possui fator quimiotático podendo estimular uma resposta migratória em linfócitos CD4 +, monócitos e eosinófilos (Richmond et al., 2011). A alta produção de Interleucinas pró-inflamatórias foi relatada em indivíduos com FC quando comparados a indivíduos saudáveis (Bernardi et al., 2013; Nie et al., 2015). Outras interleucinas, como a IL-8, também demonstraram aumento no escarro de pacientes com FC (Sagel et al., 2007; Deboer et al., 2018), e correlacionada como um marcador de colonização bacteriana (Karpati et al., 2000).

Outra proteína encontrada somente nos grupos FC foi a CKLF-like MARVEL transmembrane domain-containing protein 1, que pertence à superfamília do fator tipo quimiocina (CMTM), que atua na atividade de citocinas e no sistema imunológico (Lu et al., 2016). Além disso, CKLF1 está intimamente relacionada a doenças respiratórias, e novos achados correlacionam a super-expressão de CKLF1 com o

processo de inflamação dos pulmões em camundongos e a patogênese do processo inflamatório brônquico (Tan et al., 2004).

A análise entre grupos de FC detectou a maior prevalência de proteínas ribossômicas mitocondriais em grupos de pacientes com maior severidade da FC, essas proteínas foram detectadas supra reguladas em um estudo proteômico com células epiteliais brônquicas primárias de indivíduos com FC (Braccia et al., 2019).

Estudos proteômicos têm sido aplicados para identificar proteínas específicas no escarro de pacientes com FC (Sagel et al., 2007; Gray et al., 2008; Abrami et al., 2018) e lavado bronco-alveolar (Merkel et al., 2005; Macgregor et al., 2008), contudo o presente estudo é uma investigação pioneira na avaliação das proteínas na saliva total de pacientes com FC por LC-ESI-MS/MS. Mais estudos são necessários para melhor investigação das proteínas salivares e sua relação com a doença.

6 CONCLUSÃO

Com base nos resultados obtidos, foi possível concluir que:

- a) os pais dos grupos FC e controle consideram que a saúde bucal não impacta negativamente a saúde geral dos seus filhos em todos os grupos estudados;
- b) a prevalência da doença cárie é menor nos pacientes com FC;
- c) o fluxo salivar e o pH salivar inicial são menores nos pacientes com FC;
- d) os níveis de Imunoglobulinas Ig A são maiores nos pacientes com FC;
- e) a contagem de estafilococos e leveduras são significativamente maiores no grupo FC com alta severidade;
- f) a maioria dos isolados bacterianos foram resistentes aos antibióticos em todos os grupos analisados;
- g) todos os isolados fúngicos foram suscetíveis aos antifúngicos testados;
- h) a *Pseudomonas aeruginosa* foi identificada apenas no microbioma dos pacientes com FC;
- i) as proteínas salivares CFKL1, MUC3, IL-16 podem ser investigadas quanto o potencial como biomarcadores da FC.

Conclui-se portanto que o monitoramento do microbioma oral de pacientes com fibrose cística pode ser uma ferramenta importante na prevenção da colonização pulmonar por potenciais patógenos. O estudo de biomarcadores salivares pode contribuir para o desenvolvimento de novos métodos de diagnóstico alternativos ao teste do suor para a fibrose cística.

REFERÊNCIAS*

- Aanaes K, Johansen HK, Skov M, Buchvald FF, Hjuler T, Pressler T, et al. Clinical effects of sinus surgery and adjuvant therapy in cystic fibrosis patients - can chronic lung infections be postponed? *Rhinology*. 2013;51(3):222-30.
- AbdulWahab A, Salah H, Chandra P, Taj-Aldeen SJ. Persistence of *Candida dubliniensis* and lung function in patients with cystic fibrosis. *BMC Res Notes*. 2017;10(1):326.
- Abrami M, Ascenzioni F, Di Domenico EG, Maschio M, Ventura A, Confalonieri M, et al. A novel approach based on low-field NMR for the detection of the pathological components of sputum in cystic fibrosis patients. *Magn Reson Med*. 2018;79(4):2323-31.
- Abu-Zahra R, Antos NJ, Kump T, Angelopoulou MV. Oral health of cystic fibrosis patients at a north american center: A pilot study. *Med Oral Patol Oral Cir Bucal*. 2019;24(3):e379-e84.
- Alanin MC, Pressler T, Aanaes K, Ekstrom CT, Skov M, Johansen HK, et al. Can secretory immunoglobulin A in saliva predict a change in lung infection status in patients with cystic fibrosis? A prospective pilot study. *Health Sci Rep*. 2018;1(8):e52.
- Alkhateeb AA, Mancl LA, Presland RB, Rothen ML, Chi DL. Unstimulated Saliva-Related Caries Risk Factors in Individuals with Cystic Fibrosis: A Cross-Sectional Analysis of Unstimulated Salivary Flow, pH, and Buffering Capacity. *Caries Res*. 2017;51(1):1-6.
- Alves SH, Milan EP, de Laet Sant'Ana P, Oliveira LO, Santurio JM, Colombo AL. Hypertonic sabouraud broth as a simple and powerful test for *Candida dubliniensis* screening. *Diagn Microbiol Infect Dis*. 2002;43(1):85-6.
- Anderson MZ. A chromosome 4 trisomy contributes to increased fluconazole resistance in a clinical isolate of *Candida albicans*. *Microbiology*. 2017 Jun;163(6):856-865.
- Belstrom D, Holmstrup P, Bardow A, Kokaras A, Fiehn NE, Paster BJ. Temporal Stability of the Salivary Microbiota in Oral Health. *PloS one*. 2016;11(1):e0147472.
- Belstrom D, Holmstrup P, Fiehn NE, Kirkby N, Kokaras A, Paster BJ, et al. Salivary microbiota in individuals with different levels of caries experience. *J Oral Microbiol*. 2017 Jan 23;9(1):1270614
- Bernardi DM, Ribeiro AF, Mazzola TN, Vilela MMS, Sgarbieri VC. O impacto da fibrose cística no perfil imunológico de pacientes pediátricos. *J Pediatr*. 2013;89:40-7.

* Baseado em: International Committee of Medical Journal Editors Uniform Requirements for Manuscripts Submitted to Biomedical journals: Sample References [Internet]. Bethesda: US NLM; c2003 [atualizado 04 nov 2015; acesso em 25 jan 2019]. U.S. National Library of Medicine; [about 6 p.]. Disponível em: http://www.nlm.nih.gov/bsd/uniform_requirements.html

- Braccia C, Tomati V, Caci E, Pedemonte N, Armirotti A. SWATH label-free proteomics for cystic fibrosis research. *J Cyst Fibros*. 2019 Jul;18(4):501-506.
- Bremenkamp RM, Caris AR, Jorge AO, Back-Brito GN, Mota AJ, Balducci I, et al. Prevalence and antifungal resistance profile of *Candida* spp. oral isolates from patients with type 1 and 2 diabetes mellitus. *Arch Oral Biol*. 2011;56(6):549-55.
- Brown-Jaque M, Rodriguez Oyarzun L, Cornejo-Sanchez T, Martin-Gomez MT, Gartner S, de Gracia J, et al. Detection of Bacteriophage Particles Containing Antibiotic Resistance Genes in the Sputum of Cystic Fibrosis Patients. *Front Microbiol*. 2018;9:856.
- Castagnola M, Scarano E, Passali G, Messana I, Cabras T, Iavarone F, et al. Salivary biomarkers and proteomics. *Acta Otorhinolaryngol Ital*. 2017 Apr;37(2):94-101.
- Cheng SH, Gregory RJ, Marshall J, Paul S, Souza DW, White GA, et al. Defective intracellular transport and processing of CFTR is the molecular basis of most cystic fibrosis. *Cell*. 1990;63(4):827-34.
- Chi DL. Dental caries prevalence in children and adolescents with cystic fibrosis: a qualitative systematic review and recommendations for future research. *Int J Paediatr Dent*. 2013;23(5):376-86.
- Chotirmall SH, O'Donoghue E, Bennett K, Gunaratnam C, O'Neill SJ, McElvaney NG. Sputum *Candida albicans* presages FEV(1) decline and hospital-treated exacerbations in cystic fibrosis. *Chest*. 2010;138(5):1186-95.
- da Silva Modesto KB, de Godói Simões JB, de Souza AF, Damaceno N, Duarte DA, Leite MF, et al. Salivary flow rate and biochemical composition analysis in stimulated whole saliva of children with cystic fibrosis. *Arch Oral Biol*. 2015;60(11):1650-4.
- DeBoer EM, Wagner BD, Popler J, Harris JK, Zemanick ET, Accurso FJ, et al. Novel Application of Aptamer Proteomic Analysis in Cystic Fibrosis Bronchoalveolar Lavage Fluid. *Proteomics Clin Appl*. 2018:e1800085.
- Delaleu N, Mydel P, Kwee I, Brun JG, Jonsson MV, Jonsson R. High fidelity between saliva proteomics and the biologic state of salivary glands defines biomarker signatures for primary Sjögren's syndrome. *Arthritis Rheumatol*. 2015;67(4):1084-95.
- Delcour AH. Outer membrane permeability and antibiotic resistance. *Biochim Biophys Acta*. 2009;1794(5):808-16.
- Delhaes L, Monchy S, Frealle E, Hubans C, Salleron J, Leroy S, et al. The airway microbiota in cystic fibrosis: a complex fungal and bacterial community--implications for therapeutic management. *PLoS One*. 2012;7(4):e36313.
- Edgar WM, Higham SM, Manning RH. Saliva stimulation and caries prevention. *Adv Dent Res*. 1994;8(2):239-45.

Farrell PM, White TB, Ren CL, Hempstead SE, Accurso F, Derichs N, et al. Diagnosis of Cystic Fibrosis: Consensus Guidelines from the Cystic Fibrosis Foundation. *J Pediatr*. 2017;181s:S4-S15.e1.

Fernandes KS, Lima MB, Martins CP, Dos-Santos MC, Nunes FD, Kokron CM, et al. Salivary Immunoglobulins in Individuals with Common Variable Immunodeficiency. *Braz Dent J*. 2016;27(6):641-5.

Ford CB, Funt JM, Abbey D, Issi L, Guiducci C, Martinez DA, et al. The evolution of drug resistance in clinical isolates of *Candida albicans*. *Elife*. 2015;4:e00662.

Gibson LE, Cooke RE. A test for concentration of electrolytes in sweat in cystic fibrosis of the pancreas utilizing pilocarpine by iontophoresis. *Pediatrics*. 1959;23(3):545-9.

Gileles-Hillel A, Shoseyov D, Polacheck I, Korem M, Kerem E, Cohen-Cymberknoh M. Association of chronic *Candida albicans* respiratory infection with a more severe lung disease in patients with cystic fibrosis. *Pediatr Pulmonol*. 2015;50(11):1082-9.

Gonçalves AC, Marson FA, Mendonça RM, Ribeiro JD, Ribeiro AF, Paschoal IA, et al. Saliva as a potential tool for cystic fibrosis diagnosis. *Diagn Pathol*. 2013;8:46.

Gonçalves AC, Marson FAL, Mendonca RMH, Bertuzzo CS, Paschoal IA, Ribeiro JD, et al. Chloride and sodium ion concentrations in saliva and sweat as a method to diagnose cystic fibrosis. *J Pediatr*. 2019 Jul - Aug;95(4):443-450.

Granchelli AM, Adler FR, Keogh RH, Kartsonaki C, Cox DR, Liou TG. Microbial Interactions in the Cystic Fibrosis Airway. *J Clin Microbiol*. 2018 Jul 26;56(8). pii: e00354-18.

Gray RD, MacGregor G, Noble D, Imrie M, Dewar M, Boyd AC, et al. Sputum proteomics in inflammatory and suppurative respiratory diseases. *Am J Respir Crit Care Med*. 2008;178(5):444-52.

Hawkey PM, Jones AM. The changing epidemiology of resistance. *J Antimicrob Chemother*. 2009;64 Suppl 1:i3-10.

Henderson AG, Ehre C, Button B, Abdullah LH, Cai LH, Leigh MW, et al. Cystic fibrosis airway secretions exhibit mucin hyperconcentration and increased osmotic pressure. *J Clin Invest*. 2014;124(7):3047-60.

Henke MO, John G, Germann M, Lindemann H, Rubin BK. MUC5AC and MUC5B mucins increase in cystic fibrosis airway secretions during pulmonary exacerbation. *Am J Respir Crit Care Med*. 2007;175(8):816-21.

Henke MO, Renner A, Huber RM, Seeds MC, Rubin BK. MUC5AC and MUC5B Mucins Are Decreased in Cystic Fibrosis Airway Secretions. *Am J Respir Cell Mol Biol*. 2004;31(1):86-91.

Herman K, Kowalczyk-Zajac M, Pytrus T. Oral cavity health among cystic fibrosis patients: Literature overview. *Adv Clin Exp Med*. 2017;26(7):1147-53.

Hughes WT, Kim HK. Mycoflora in cystic fibrosis: some ecologic aspects of *Pseudomonas aeruginosa* and *Candida albicans*. *Mycopathol Mycol Appl*. 1973;50(3):261-9.

Junge S, Gorlich D, den Reijer M, Wiedemann B, Tummler B, Ellemunter H, et al. Factors Associated with Worse Lung Function in Cystic Fibrosis Patients with Persistent *Staphylococcus aureus*. *PLoS One*. 2016;11(11):e0166220.

Kargbo RB. Modulators of the Cystic Fibrosis Transmembrane Conductance Regulator Protein. *ACS Med Chem Lett*. 2018;9(7):592-3.

Karpati F, Hjelte FL, Wretling B. TNF-alpha and IL-8 in consecutive sputum samples from cystic fibrosis patients during antibiotic treatment. *Scand J Infect Dis*. 2000;32(1):75-9.

Khan ZU, Ahmad S, Mokaddas E, Chandy R. Tobacco Agar, a New Medium for Differentiating *Candida dubliniensis* from *Candida albicans*. *Journal of Clinical Microbiology*. *Clin Microbiol*. 2004 Oct;42(10):4796-8.

Kinirons MJ. The effect of antibiotic therapy on the oral health of cystic fibrosis children. *Int J Paediatr Dent*. 1992;2(3):139-43.

Komiyama K, Tynan JJ, Habbick BF, Duncan DE, Liepert DJ. *Pseudomonas aeruginosa* in the oral cavity and sputum of patients with cystic fibrosis. *Oral Surg Oral Med Oral Pathol*. 1985;59(6):590-4.

Kovalenko S, Dorofiev A. The content of mucin MUC-2, -3 and -4 antigens in the bronchial mucosa membrane of chronic obstructive pulmonary disease patients during acute exacerbation - initial report. *Adv Respir Med*. 2017;85(1):3-7.

Kurtzman CP, Fell JW. *The Yeasts, a Taxonomic Study*. 4th ed. Amsterdam: Elsevier; 1998.

Lee TW, Matthews DA, Blair GE. Novel molecular approaches to cystic fibrosis gene therapy. *Biochem J*. 2005;387(Pt 1):1-15.

Lipuma JJ. The changing microbial epidemiology in cystic fibrosis. *Clin Microbiol Rev*. 2010;23(2):299-323.

Lu J, Wu QQ, Zhou YB, Zhang KH, Pang BX, Li L, et al. Cancer Research Advance in CKLF-like MARVEL Transmembrane Domain Containing Member Family (Review). *Asian Pac J Cancer Prev*. 2016;17(6):2741-4.

MacGregor G, Gray RD, Hilliard TN, Imrie M, Boyd AC, Alton EW, et al. Biomarkers for cystic fibrosis lung disease: application of SELDI-TOF mass spectrometry to BAL fluid. *J Cyst Fibros*. 2008;7(5):352-8.

Mauch RM, Rossi CL, Nolasco da Silva MT, Bianchi Aiello T, Ribeiro JD, Ribeiro AF, et al. Secretory IgA-mediated immune response in saliva and early detection of *Pseudomonas aeruginosa* in the lower airways of pediatric cystic fibrosis patients. *Med Microbiol Immunol*. 2019;208(2):205-13.

McCaughey G, Gilpin D, Elborn J, Tunney MM. The future of antimicrobial therapy in the era of antibiotic resistance in cystic fibrosis pulmonary infection. *Expert Rev Respir Med*. 2013;7(4):385-96.

Merkel D, Rist W, Seither P, Weith A, Lenter MC. Proteomic study of human bronchoalveolar lavage fluids from smokers with chronic obstructive pulmonary disease by combining surface-enhanced laser desorption/ionization-mass spectrometry profiling with mass spectrometric protein identification. *Proteomics*. 2005;5(11):2972-80.

Morales DK, Hogan DA. *Candida albicans* interactions with bacteria in the context of human health and disease. *PLoS Pathog*. 2010;6(4):e1000886.

Muthig M, Hebestreit A, Ziegler U, Seidler M, Muller FM. Persistence of *Candida* species in the respiratory tract of cystic fibrosis patients. *Med Mycol*. 2010;48(1):56-63.

Nie S, Zhang H, Mayer KM, Oppenheim FG, Little FF, Greenberg J, et al. Correlations of salivary biomarkers with clinical assessments in patients with cystic fibrosis. *PLoS One*. 2015;10(8):e0135237.

Noni M, Katelari A, Kaditis A, Theochari I, Lympari I, Alexandrou-Athanassoulis H, et al. *Candida albicans* chronic colonisation in cystic fibrosis may be associated with inhaled antibiotics. *Mycoses*. 2015;58(7):416-21.

Oliveira LCBS, Carneiro PPM, Fischer RG, Tinoco EMB. A presença de patógenos respiratórios no biofilme bucal de pacientes com pneumonia nosocomial. *Rev. bras. ter. intensiva*. 2007;19:428-33.

O'Sullivan BP, Freedman SD. Cystic fibrosis. *Lancet*. 2009;373(9678):1891-904.
Parahitiyawa NB, Jin LJ, Leung WK, Yam WC, Samaranayake LP. Microbiology of odontogenic bacteremia: beyond endocarditis. *Clin Microbiol Rev*. 2009 Jan;22(1):46-64.

Parahitiyawa NB, Jin LJ, Leung WK, Yam WC, Samaranayake LP. Microbiology of odontogenic bacteremia: beyond endocarditis. *Clin Microbiol Rev*. 2009;22(1):46-64.

Parkins MD, Floto RA. Emerging bacterial pathogens and changing concepts of bacterial pathogenesis in cystic fibrosis. *J Cyst Fibros*. 2015;14(3):293-304.

Peker S, Kargul B, Tanboga I, Tunali-Akbay T, Yarat A, Karakoc F, et al. Oral health and related factors in a group of children with cystic fibrosis in Istanbul, Turkey. *Niger J Clin Pract.* 2015;18(1):56-60.

Peker S, Mete S, Gokdemir Y, Karadag B, Kargul B. Related factors of dental caries and molar incisor hypomineralisation in a group of children with cystic fibrosis. *Eur Arch Paediatr Dent.* 2014;15(4):275-80.

Pelaseyed T, Hansson GC. CFTR anion channel modulates expression of human transmembrane mucin MUC3 through the PDZ protein GOPC. *J Cell Sci.* 2011;124(Pt 18):3074-83.

Pratt WS, Crawley S, Hicks J, Ho J, Nash M, Kim YS, et al. Multiple transcripts of MUC3: evidence for two genes, MUC3A and MUC3B. *Biochem Biophys Res Commun.* 2000;275(3):916-23.

Raskin S, Pereira-Ferrari L, Reis FC, Abreu F, Marostica P, Rozov T, et al. Incidence of cystic fibrosis in five different states of Brazil as determined by screening of p.F508del, mutation at the CFTR gene in newborns and patients. *J Cyst Fibros.* 2008;7(1):15-22.

Richmond J, Tuzova M, Parks A, Adams N, Martin E, Tawa M, et al. Interleukin-16 as a marker of Sézary syndrome onset and stage. *J Clin Immunol.* 2011;31(1):39-50.

Rivas Caldas R, Boisramé S. Upper aero-digestive contamination by *Pseudomonas aeruginosa* and implications in Cystic Fibrosis. *J Cyst Fibros.* 2015;14(1):6-15.

Rivas Caldas R, Le Gall F, Revert K, Rault G, Virmaux M, Gouriou S, et al. *Pseudomonas aeruginosa* and Periodontal Pathogens in the Oral Cavity and Lungs of Cystic Fibrosis Patients: a Case-Control Study. *J Clin Microbiol.* 2015;53(6):1898-907.

Rueegg CS, Kuehni CE, Gallati S, Jurca M, Jung A, Casaulta C, et al. Comparison of two sweat test systems for the diagnosis of cystic fibrosis in newborns. *Pediatr Pulmonol.* 2019.

Sabino R, Carolino E, Moss RB, Banaei N, Verissimo C, Stevens DA. Susceptibility of *Candida albicans* from Cystic Fibrosis Patients. *Mycopathologia.* 2017;182(9-10):863-7.

Saeed A, Bosch A, Bettiol M, Nossa Gonzalez DL, Erben MF, Lamberti Y. Novel Guanidine Compound against Multidrug-Resistant Cystic Fibrosis-Associated Bacterial Species. *Molecules.* 2018;23(5) pii: E1158.

Sagel SD, Chmiel JF, Konstan MW. Sputum biomarkers of inflammation in cystic fibrosis lung disease. *Proc Am Thorac Soc.* 2007;4(4):406-17.

Fernandes KS, Lima MB, Martins CP, Dos-Santos MC, Nunes FD, Kokron CM, et al. Salivary Immunoglobulins in Individuals with Common Variable Immunodeficiency. *Braz Dent J*. 2016;6:641-5.

Saunders RV, Modha DE, Claydon A, Gaillard EA. Chronic *Aspergillus fumigatus* colonization of the pediatric cystic fibrosis airway is common and may be associated with a more rapid decline in lung function. *Med Mycol*. 2016;54(5):537-43.

Schwarz C, Hartl D, Eickmeier O, Hector A, Benden C, Durieu I, et al. Progress in Definition, Prevention and Treatment of Fungal Infections in Cystic Fibrosis. *Mycopathologia*. 2018;183(1):21-32.

Senpuku H, Sogame A, Inoshita E, Tsuha Y, Miyazaki H, Hanada N. Systemic diseases in association with microbial species in oral biofilm from elderly requiring care. *Gerontology*. 2003;49(5):301-9.

Shao X, Zhang X, Zhang Y, Zhu M, Yang P, Yuan J, et al. RpoN-dependent direct regulation of quorum sensing and the Type VI secretion system in *Pseudomonas aeruginosa* PAO1. *J Bacteriol*. 2018 Jul 25;200(16). pii: e00205-18.

Samaranayake LP, MacFarlane TW. *Oral Candidosis*. London: Wright Butterworth; 1990.

Silveira-Gomes F, Sarmento DN, Espírito-Santo EPTd, Souza NdO, Pinto TM, Marques-da-Silva SH. Differentiation between *Candida albicans* and *Candida dubliniensis* using hypertonic Sabouraud broth and tobacco agar. *Rev Soc Bras Med Trop*. 2011;44:457-60.

Singh A, Ralhan A, Schwarz C, Hartl D, Hector A. Fungal Pathogens in CF Airways: Leave or Treat? *Mycopathologia*. 2018;183(1):119-37.

Siqueira WL, Bermejo PR, Mustacchi Z, Nicolau J. Buffer capacity, pH, and flow rate in saliva of children aged 2-60 months with Down syndrome. *Clin Oral Investig*. 2005;9(1):26-9.

Siqueira WL, Dawes C. The salivary proteome: challenges and perspectives. *Proteomics Clin Appl*. 2011;5(11-12):575-9.

Siqueira WL, Moffa EB, Mussi MC, Machado MA. Zika virus infection spread through saliva--a truth or myth? *Braz Oral Res*. 2016;30.

Sivadasan P, Kumar Gupta M, Sathe GJ, Balakrishnan L, Palit P, Gowda H, et al. Data from human salivary proteome - A resource of potential biomarkers for oral cancer. *Data Brief*. 2015;4:374-8.

Souto R, Andrade AFBd, Uzeda M, Colombo APV. Prevalence of "non-oral" pathogenic bacteria in subgingival biofilm of subjects with chronic periodontitis. *Braz. j. microbiol*. 2006;37:208-15.

Stollar F, Adde FV, Cunha MT, Leone C, Rodrigues JC. Shwachman-Kulczycki score still useful to monitor cystic fibrosis severity. *Clinics (Sao Paulo)*. 2011;66(6):979-83.

Stookey GK. The effect of saliva on dental caries. *J Am Dent Assoc*. 2008;139 Suppl:11s-7s.

Tan YX, Han WL, Chen YY, Ouyang NT, Tang Y, Li F, et al. Chemokine-like factor 1, a novel cytokine, contributes to airway damage, remodeling and pulmonary fibrosis. *Chin Med J (Engl)*. 2004;117(8):1123-9.

Tendolkar U, Tainwala S, Jog S, Mathur M. Use of a new medium - tobacco agar, for pigment production of *Cryptococcus neoformans*. *Indian J Med Microbiol*. 2003;21(4):277-9.

Villanueva G, Marceniuk G, Murphy MS, Walshaw M, Cosulich R. Diagnosis and management of cystic fibrosis: summary of NICE guidance. *Bmj*. 2017;359:j4574.

Watanamoto T, Samaranayake LP, Jayatilake JA, Egusa H, Yatani H, Seneviratne CJ. Effect of filamentation and mode of growth on antifungal susceptibility of *Candida albicans*. *Int J Antimicrob Agents*. 2009;34(4):333-9.

Wu CC, Chu HW, Hsu CW, Chang KP, Liu HP. Saliva proteome profiling reveals potential salivary biomarkers for detection of oral cavity squamous cell carcinoma. *Proteomics*. 2015;15(19):3394-404.

Zian Z, Bakkach J, Barakat A, Ghailani Nourouti N, Bennani Mechita M. Salivary Biomarkers in Systemic Sclerosis Disease. *Biomed Res Int*. 2018;2018:3921247.

APENDICE A –Quadros dos dados obtidos na avaliação epidemiológica, microbiológica, microbioma, análise protéômica de todos os grupos estudados

Quadro 12 – Dados demográficos do grupo Fibrose Cística com baixa severidade (Grupo 1)

AMOSTRA	PACIENTE	SCORE SK	GÊNERO	IDADE
FC48	DMF	Excelente	M	3
FC44	MSB	Bom	F	3
FC12	GSCP	Bom	M	4
FC4	LMS	Excelente	M	5
FC23	RS	Excelente	M	5
FC42	NRS	Bom	M	5
FC11	SLP	Bom	F	6
FC36	LAS	Bom	F	6
FC10	LNF	Excelente	F	7
FC31	LGAS	Bom	F	7
FC19	YMN	Bom	F	8
FC26	MRA	Bom	M	8
FC7	ALAN	Bom	F	9
FC28	RMM	Bom	M	9
FC35	DSF	Bom	M	9
FC15	IBC	Excelente	F	10
FC25	MBS	Bom	F	10
FC5	BRDA	Excelente	F	12
FC22	CAOS	Excelente	M	13
FC14	RBR	Bom	M	14
FC6	LMF	Excelente	F	15
FC27	NFAD	Bom	M	15
FC17	TBS	Bom	F	16
FC37	MMO	Bom	M	16
FC1	VTM	Bom	F	19

Fonte: Elaborado pelo autor.

Quadro 13 – Dados demográficos do grupo Fibrose Cística com alta severidade (Grupo 2)

(continua)

AMOSTRA	PACIENTE	SCORE SK	GÊNERO	IDADE
FC38	RVS	Grave	F	3
FC52	KBSH	Medio	M	3
FC50	JSS	Moderado	F	4
FC43	VSA	Grave	F	4
FC49	GSS	Moderado	M	5
FC47	AESA	Grave	F	6
FC30	SRMS	Médio	F	8
FC24	SMB	Médio	F	8
FC41	DSF	Grave	M	8
FC13	MVNO	Médio	M	10

Quadro 13 – Dados demográficos do grupo Fibrose Cística com alta severidade (Grupo 2)

(conclusão)

AMOSTRA	PACIENTE	SCORE SK	GÊNERO	IDADE
FC53	MFF	Moderado	M	11
FC46	JANS	Moderado	F	11
FC3	RMOM	Grave	M	12
FC34	DSG	Médio	F	12
FC20	LSPS	Grave	F	13
FC33	VMS	Médio	M	13
FC9	LPFS	Médio	M	15
FC29	JVSC	Médio	M	15
FC8	VJS	Médio	M	16
FC16	JPMR	Grave	M	16
FC18	LGS	Moderado	F	17
FC40	GSX	Grave	M	17
FC32	RSA	Grave	M	18
FC39	RFVS	Grave	F	19
FC51	TRC	Grave	F	20

Fonte: Elaborado pelo autor.

Quadro 14 – Dados demográficos do grupo Controle (Grupo 3)

(continua)

AMOSTRA	PACIENTE	SCORE SK	GÊNERO	IDADE
E26	RAPA	C	F	3
G18	VBC	C	M	3
E27	RKKM	C	M	3
G24	LBC	C	F	3
E40	EKTS	C	F	4
7C	ARS	C	F	4
E16	PEF	C	M	4
E17	FNCE	C	M	5
E1	JMPS	C	M	5
G23	ISF	C	M	5
E31	MSL	C	M	5
E22	EFS	C	F	6
E9	MFCP	C	F	6
8C	NAM	C	F	6
E3	BRM	C	F	7
E7	MBS	C	F	7
E39	MFC	C	F	8
E38	ECTS	C	F	8
9C	ASC	C	M	8
E32	GMSS	C	F	8
E5	CFF	C	M	8
E33	LMSN	C	F	9
E29	SMBROS	C	M	9
E4	GRSA	C	M	9
5C	GTK	C	M	10
E23	JD	C	F	10
12C	MS	C	F	10

Quadro 14 – Dados demográficos do grupo Controle (Grupo 3)

(conclusão)

AMOSTRA	PACIENTE	SCORE SK	GÊNERO	IDADE
10C	EHCP	C	M	11
E2	TKIM	C	F	11
E24	GHFC	C	M	12
G21	NMS	C	F	12
G17	VASO	C	F	12
E49	AGSS	C	F	13
E42	FASB	C	M	13
E41	JPS	C	M	13
E48	JPFQR	C	M	14
G20	FSP	C	M	15
G16	JRS	C	M	15
G22	AS	C	F	15
G19	DPD	C	M	15
E47	GMM	C	M	16
E46	JVAA	C	M	16
E43	MCAC	C	F	16
6C	JPFQ	C	M	16
1C	LN	C	F	17
4C	RJPF	C	M	17
15C	MTGJ	C	M	18
2C	BSC	C	F	19
13C	IMM	C	F	19
14C	JGBC	C	F	20

Fonte: Elaborado pelo autor.

Quadro 15 – Grau de instrução do responsável e renda familiar dos grupos avaliados (Grau de instrução do responsável: 0-sem instrução, 1- primeiro grau incompleto, 2- primeiro grau completo, 3- segundo grau incompleto, 4- segundo grau completo e 5- superior. Renda familiar: 0- menos de R\$ 700,00, 1- até R\$ 1500,00, 2- até R\$ 3500,00 e 3- mais de R\$ 3500,00)

(continua)

AMOSTRA	PACIENTE	GRAU DE INSTRUÇÃO	RENDA FAMILIAR
Grupo G1			
FC1	VTM	X	x
FC4	LMS	4	1
FC5	BRDA	2	0
FC6	LMF	1	0
FC7	ALAN	3	3
FC10	LNF	2	0
FC11	SLP	4	0
FC12	GSCP	4	0
FC14	RBR	2	1
FC15	IBC	5	3
FC17	TBS	4	2
FC19	YMN	5	3
FC22	CAOS	4	0

Quadro 15 – Grau de instrução do responsável e renda familiar dos grupos avaliados (Grau de instrução do responsável: 0-sem instrução, 1- primeiro grau incompleto, 2- primeiro grau completo, 3- segundo grau incompleto, 4- segundo grau completo e 5- superior. Renda familiar: 0- menos de R\$ 700,00, 1- até R\$ 1500,00, 2- até R\$ 3500,00 e 3- mais de R\$ 3500,00)

(continuação)

AMOSTRA	PACIENTE	GRAU DE INSTRUÇÃO	RENDA FAMILIAR
FC23	RS	1	1
FC25	MBS	4	2
FC26	MRA	4	2
FC27	NFAD	2	1
FC28	RMM	4	2
FC31	LGAS	1	1
FC35	DSF	1	0
FC36	LAS	2	1
FC37	MMO	1	3
FC42	NRS	1	0
FC44	MSB	2	3
FC48	DMF	1	0
Grupo G2			
FC3	RMOM	4	2
FC8	VJS	4	1
FC9	LPFS	2	1
FC13	MVNO	1	1
FC16	JPMR	4	1
FC18	LGS	5	3
FC20	LSPS	5	3
FC24	SMB	3	0
FC29	JVSC	4	1
FC30	SRMS	3	1
FC32	RSA	4	1
FC33	VMS	1	0
FC34	DSG	5	2
FC38	RVSB	2	2
FC39	RFVS	4	1
FC40	GSX	4	1
FC41	DSF	2	1
FC43	VSA	1	0
FC46	JANS	4	1
FC47	AESA	1	1
FC49	GSS	4	0
FC50	JSS	4	0
FC51	TRC	1	1
FC52	KBSH	1	1
FC53	MFF	5	2
Grupo G3			
1C	LN	5	3
2C	BSC	5	3
4C	RJPF	4	3
5C	GTK	5	3
6C	JPFG	X	x
7C	ARS	3	1
8C	NAM	2	0

Quadro 15 – Grau de instrução do responsável e renda familiar dos grupos avaliados. (Grau de instrução do responsável: 0-sem instrução, 1- primeiro grau incompleto, 2- primeiro grau completo, 3- segundo grau incompleto, 4- segundo grau completo e 5- superior. Renda familiar: 0- menos de R\$ 700,00, 1- até R\$ 1500,00, 2- até R\$ 3500,00 e 3- mais de R\$ 3500,00)

(conclusão)

AMOSTRA	PACIENTE	GRAU DE INSTRUÇÃO	RENDA FAMILIAR
9C	ASC	1	1
10C	EHCP	2	0
12C	MS	4	1
13C	IMM	5	3
14C	JGBC	5	3
15C	MTGJ	5	2
E1	JMPS	1	2
E2	TKIM	2	1
E3	BRM	4	1
E4	GRSA	1	0
E5	CFF	4	2
E7	MBS	1	0
E9	MFCP	4	3
E16	PEF	4	1
E17	FNCE	2	2
E22	EFS	2	0
E23	JD	4	2
E24	GHFC	4	1
E26	RAPA	3	1
E27	RKKM	5	3
E29	SMBROS	4	2
E31	MSL	X	x
E32	GMSS	4	2
E33	LMSN	2	2
E38	ECTS	4	0
E39	MFC	5	1
E40	EKTS	4	0
E41	JPS	4	3
E42	FASB	5	2
E43	MCAC	5	3
E46	JVAA	X	x
E47	GMM	X	x
E48	JPFQR	X	x
E49	AGSS	X	x
G16	JRS	1	0
G17	VASO	1	0
G18	VBC	5	3
G19	DPD	0	0
G20	FSP	4	1
G21	NMS	4	1
G22	AS	x	x
G23	ISF	x	x
G24	LBC	x	x

Fonte: Elaborado pelo autor.

Quadro 16- Saúde bucal e Bem-estar da criança de todos os grupos avaliados (questões 3 e 4)

	EXCELENTE			MUITO BOA			BOA			REGULAR			RUIM		
	G1	G2	G3	G1	G2	G3	G1	G2	G3	G1	G2	G3	G1	G2	G3
3. Como você classificaria a saúde dos dentes, lábios, maxilares e boca de seu filho (a)?		1	7	3	4	5	11	10	17	8	6	9	2	4	3
	NEM UM POUCO			SÓ UM POUQUINHO			MAIS OU MENOS			MUITO			MUITÍSSIMO		
	G1	G2	G3	G1	G2	G3	G1	G2	G3	G1	G2	G3	G1	G2	G3
4. Quanto o bem-estar geral de seu filho(a) é afetado pela condição de seus dentes, lábios, maxilares ou boca?	14	14	14	2	4	9	5	5	6	2	1	8	1	1	4

Legenda: G1- Pacientes FC (score SK entre 100-71), G2- Pacientes FC (score $\leq$ 71), G3- Controle sistemicamente saudáveis

Fonte: Elaborado pelo autor.

Quadro 17- Sintomas Orais (questões de 5 a 9)

	NUNCA			UMA OU DUAS VEZES			ALGUMAS VEZES			VÁRIAS VEZES			TODOS OS DIAS OU QUASE TODOS OS DIAS			NÃO SEI		
	G1	G2	G3	G1	G2	G3	G1	G2	G3	G1	G2	G3	G1	G2	G3	G1	G2	G3
5. Seu filho(a) teve dor nos dentes, lábios, maxilares ou boca?	13	19	18	5	4	6	5	2	9	1		4			1			3
6. Seu filho(a) teve sangramentos na gengiva?	18	20	23	3	2	5	3	2	7		1	4						2
7. Seu filho(a) teve machucados na boca?	14	20	20	3	1	10	4	2	7	2	1	2				1	1	2
8. Seu filho(a) teve mau hálito?	9	10	20	4	6	5	7	6	11	4	1	2	1		2		1	1
9. Comida presa no céu da boca?	21	19	31	2	1	2		1	2		2	3		1		1	1	3

Legenda: G1- Pacientes FC (score SK entre 100-71), G2- Pacientes FC (score $\leq$ 71), G3- Controle sistemicamente saudáveis

Fonte: Elaborado pelo autor.

Quadro 18 – Limitações funcionais (questões de 10 a 18)

	NUNCA			UMA OU DUAS VEZES			ALGUMAS VEZES			VÁRIAS VEZES			TODOS OS DIAS OU QUASE TODOS OS DIAS			NÃO SEI		
	G1	G2	G3	G1	G2	G3	G1	G2	G3	G1	G2	G3	G1	G2	G3	G1	G2	G3
10. Seu filho(a) teve alimento preso dentro ou entre os dentes?	13	14	16	4	5	4	5	2	11	2	1	9		2			1	1
11. Seu filho(a) teve dificuldade de morder ou mastigar comidas como maçã, espiga de milho ou carne dura?	15	24	25	2		1	5		10	1		2	1	1	3			
12. Seu filho(a) respirou pela boca?	7	4	20	3	2		9	6	12	3	9	3	2	4	3			3
13. Seu filho(a) teve problemas durante o sono?	19	17	30		1	2	4	3	3	1	1	2		3	1			3
14. Seu filho(a) teve dificuldade para dizer alguma palavra?	18	21	27	1		3	2	1	8		2	2	3	1	1			
15. Seu filho(a) demorou mais que os outros para comer uma refeição?	11	16	22	3	1	4	3	3	5		2	2	4	3	7	3		1
16. Seu filho(a) teve dificuldade para beber ou comer alimentos quentes ou frios?	16	20	29	3	1	2	5	2	4		1	3			4			
17. Seu filho(a) teve dificuldade para comer alimentos de que ele/ela gostaria?	17	25	35	2		2	3		1			1			1	2		1
18. Seu filho(a) teve uma dieta restrita a certos tipos de alimentos (ex. alimentos moles)?	18	25	35	3		3	3		1						1			1

Legenda: G1- Pacientes FC (score SK entre 100-71), G2- Pacientes FC (score $\leq$ 71), G3- Controle sistemicamente saudáveis

Fonte: Elaborado pelo autor.

Quadro 19 – Bem-estar emocional (questões 19 a 26)

	NUNCA			UMA OU DUAS VEZES			ALGUMAS VEZES			VÁRIAS VEZES			TODOS OS DIAS OU QUASE TODOS OS DIAS			NÃO SEI		
	G1	G2	G3	G1	G2	G3	G1	G2	G3	G1	G2	G3	G1	G2	G3	G1	G2	G3
19. Seu filho(a) se sente perturbado(a)?	14	17	30	4	5	2	4	1	2		1	4		1	2	2		1
20. Seu filho(a) se sente irritado(a) ou frustrado(a)?	16	16	28	4	5	3	4	2	1		1	6		1	3			
21. Seu filho(a) se sente ansioso ou com medo?	16	14	21	5	5	3	2	4	9	1	1	4		1	3			1
22. Seu filho(a) faltou à escola (ex. dor, consultas, cirurgias)?	19	21	32	2	1	3	1	2	5	1				1		1		1
23. Seu filho(a) teve dificuldade para prestar atenção na escola?	20	24	30			1	2		2		1	3			2	2		3
24. Seu filho(a) não quis falar ou ler em voz alta na classe?	19	19	27	1		2		2	3		2	5	2		1	2	2	3
25. Seu filho(a) não quis falar com outras crianças?	20	21	32			1	1	1	4		3	3				3		1
26. Seu filho(a) evitou sorrir ou rir quando estava perto de outras crianças?	21	23	36	2		1			2		2	1			1	1		

Legenda: G1- Pacientes FC (score SK entre 100-71), G2- Pacientes FC (score $\leq$ 71), G3- Controle sistemicamente saudáveis

Fonte: Elaborado pelo autor.

Quadro 20 – Bem-estar social (questões 27 a 37)

(continua)

	NUNCA			UMA OU DUAS VEZES			ALGUMAS VEZES			VÁRIAS VEZES			TODOS OS DIAS OU QUASE TODOS OS DIAS			NÃO SEI		
	G1	G2	G3	G1	G2	G3	G1	G2	G3	G1	G2	G3	G1	G2	G3	G1	G2	G3
27. Seu filho(a) se preocupou que ele/ela não é tão saudável quanto outras pessoas?	15	14	36	1	3	1	5	2	3	1	4			1		2	1	1
28. Seu filho(a) se preocupou que ele/ela é diferente das outras pessoas?	18	18	38	1	1	1	2	2	1	1	2			2		2		1
29. Seu filho(a) se preocupou que ele/ela não é tão bonito(a) quanto outras pessoas?	19	19	38	2	3		2	1	3		2					1		
30. Seu filho (a) agiu timidamente ou com vergonha?	15	12	24	3	4	1	5	5	10	1	3	3		1	2			1
31. Seu filho(a) foi provocado(a) ou apelidado(a) por outras crianças?	18	23	27			1	3	2	6			1			1	3		5
32. Seu filho(a) foi excluído(a) por outras crianças?	19	23	30				1	1	5			1			1	4	1	4
33. Seu filho(a) não quis ou não conseguiu passar um tempo com outras crianças?	18	22	33	3		1	1	2	5		1	1				2		1
34. Seu filho(a) não quis ou não conseguiu participar de atividades como esporte, grupos de atividades, teatro, música, viagens de escola?	20	21	30			2	1	2	5		2	1				3		3
35. Seu filho(a) se preocupou que ele/ela tem menos amigos?	21	23	35					1	1			3				3	1	2

Quadro 20 – Bem-estar social (questões 27 a 37)

(conclusão)																		
	NUNCA			UMA OU DUAS VEZES			ALGUMAS VEZES			VÁRIAS VEZES			TODOS OS DIAS OU QUASE TODOS OS DIAS			NÃO SEI		
	G1	G2	G3	G1	G2	G3	G1	G2	G3	G1	G2	G3	G1	G2	G3	G1	G2	G3
36. Seu filho(a) se sentiu preocupado(a) com o que outras pessoas pensam sobre os dentes, lábios, boca ou maxilares?	16	21	33	3	1		3	2	2	1		3		1		1		3
37. Seu filho(a) foi questionado por outras crianças sobre os dentes, lábios, boca ou maxilares?	17	19	32	4	2			2	3	1		2		1		2	1	4

Legenda: G1- Pacientes FC (score SK entre 100-71), G2- Pacientes FC (score $\leq$ 71), G3- Controle sistemicamente saudáveis

Fonte: Elaborado pelo autor.

Quadro 21 – Escala de impacto familiar (questões 38 a 51)

(continua)

	NUNCA			UMA OU DUAS VEZES			ALGUMAS VEZES			VÁRIAS VEZES			TODOS OS DIAS OU QUASE TODOS OS DIAS			NÃO SEI		
	G1	G2	G3	G1	G2	G3	G1	G2	G3	G1	G2	G3	G1	G2	G3	G1	G2	G3
38. Você ou outro membro da família se sentiu perturbado?	14	22	26	7	1	6	2	2	3			3			2	1		1
39. Você ou outro membro da família teve o sono interrompido?	16	20	31	3	3	3	4	2	6			1	1					
40. você ou outro membro da família se sentiu culpado?	16	20	28	4	2	2	2	2	5	1		2			2	1	1	2
41. Você ou outro membro da família precisou de dispensa do trabalho (ex. dor, consultas, cirurgia)?	20	21	30	1	1	1	2	2	9		1	1				1		
42. Você ou outro membro da família teve menos tempo para si mesmo ou para família?	18	20	23	2	2	1	2	2	6	1	1	6			4	1		1
43. Você ou outro membro da família se preocupou que seu filho(a) terá menos oportunidades na vida (ex. para namorar, casar, ter filhos, arrumar emprego)?	18	18	32	2	1	1	3	3	4		2	1				1	1	3

Quadro 21 – Escala de impacto familiar (questões 38 a 51)

(conclusão)

	NUNCA			UMA OU DUAS VEZES			ALGUMAS VEZES			VÁRIAS VEZES			TODOS OS DIAS OU QUASE TODOS OS DIAS			NÃO SEI		
	G2	G3	G1	G2	G3	G1	G2	G3	G1	G2	G3	G1	G2	G3	G1	G2	G3	G1
44. Você ou outro membro da família se sentiu desconfortável em lugares públicos (ex. lojas, restaurantes) com seu filho(a)?	20	22	35	2	1			2	4	1		1			1	1		
45. Seu filho(a) ficou com ciúmes de você ou de outros membros da família?	14	13	20	3		3	3	1	6	2	7	7	2	3	4		1	1
46. Seu filho(a) culpou você ou outra pessoa da família?	20	21	28	2	1	4		3	4	1		3			1	1		1
47. Seu filho(a) discutiu com você ou outros da família?	21	19	26		4	1	2	2	10			3			1	1		
48. Seu filho(a) pediu mais sua atenção ou de outros da família?	16	17	19	2	2	1	2	1	11	2	3	6	1	2	4	1		
49. Interferiu nas atividades da família em casa ou em outro lugar?	18	23	36	3	2	1	2		3							1		1
50. Causou discordância ou conflito na sua família?	19	21	37	3	2	4	1	1								1		1
51. Causou dificuldades financeiras para sua família?	19	22	37	2	1		1	2	3	1						1		1

Legenda: G1- Pacientes FC (score SK entre 100-71), G2- Pacientes FC (score $\leq$ 71), G3- Controle sistemicamente saudáveis

Fonte: Elaborado pelo autor.

Quadro 22 – Espécies do gênero *Candida* identificadas no grupo G1.

GRUPO 1	Espécies
FC1	<i>C. albicans</i>
FC4	<i>C. albicans</i>
FC5	<i>C. albicans</i>
FC6	<i>C. albicans</i>
FC7	<i>C. albicans</i>
FC 11	<i>C. parapsilosis</i>
FC 12	<i>C. albicans</i>
FC 14	<i>C. albicans</i>
FC 17	<i>C. albicans</i>
FC 22	<i>C. albicans</i>
FC 25	<i>C. parapsilosis</i>
FC 27	<i>C. albicans</i>
FC 35	<i>C. dubliniensis</i>
FC 36	<i>C. albicans</i>
FC 37	<i>C. albicans</i>
FC 42	<i>C. albicans</i>
FC 44	<i>C. albicans</i>

Legenda: G1- Pacientes FC (score SK entre 100-71)

Fonte: Elaborado pelo autor.

Quadro 23 – Espécies de leveduras identificadas no grupo G2

GRUPO 2	Espécies
FC8	<i>C. albicans</i>
FC 13	<i>C. albicans</i>
FC 16	<i>C. albicans</i>
FC 18	<i>C. albicans</i>
FC 20	<i>C. albicans</i>
FC 24	<i>C. dubliniensis</i>
FC 29	<i>C. albicans</i>
FC 30	<i>Trichosporon asahii</i>
FC 33	<i>C. albicans</i>
FC 34	<i>C. albicans</i>
FC 38	<i>C. albicans</i>
FC 39	<i>C. albicans</i>
FC 40	<i>C. albicans</i>
FC 41	<i>C. tropicalis</i>
FC 43	<i>C. albicans</i>
FC 46	<i>C. dubliniensis</i>
FC 47	<i>C. albicans</i>
FC 49	<i>C. albicans</i>
FC 50	<i>C. albicans</i>
FC 52	<i>C. albicans</i>
FC 53	<i>C. albicans</i>

Legenda: G2- Pacientes FC (score $\leq$ 71)

Fonte: Elaborado pelo autor.

Quadro 24 – Espécies de leveduras identificadas no grupo G3

GRUPO 3	Espécies
G1	<i>C. glabrata</i>
G2	<i>C. glabrata</i>
G7	<i>C. parapsilosis</i>
G9	<i>C. krusei</i>
G14	<i>C. albicans</i>
G16	<i>C. albicans</i>
G18	<i>C. parapsilosis</i>
G20	<i>C. albicans</i>
G21	<i>C. albicans</i>
G22	<i>C. albicans</i>
E1	<i>C. lusitaniae</i>
E9	<i>C. albicans</i>
E16	<i>C. parapsilosis</i>
E17	<i>C. parapsilosis</i>
E22	<i>C. albicans</i>
E23	<i>C. albicans</i>
E27	<i>C. albicans</i>
E38	<i>Saccharomyces cerevisiae</i>
E39	<i>C. guilliermondii</i>
E40	<i>C. albicans</i>
E42	<i>C. albicans</i>
E46	<i>C. albicans</i>
E48	<i>C. albicans</i>

Legenda: G3- Controle sistemicamente saudáveis

Fonte: Elaborado pelo autor.

Quadro 25 – Espécies bactérias identificadas no grupo G1

Grupo G1	Estafilococos	Bacilos gram-negativos
FC1	<i>Staphylococcus aureus</i>	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>
FC4	<i>Staphylococcus aureus</i>	*
FC5	<i>Staphylococcus xylosus</i>	*
FC6	<i>Staphylococcus saprophyticus</i>	*
FC7	<i>Staphylococcus pseudintermedius</i>	<i>Enterobacter cloacae</i>
FC10	<i>Staphylococcus aureus</i>	<i>Pantoea</i> spp.
FC11	<i>Staphylococcus xylosus</i>	*
FC12	<i>Staphylococcus saprophyticus</i>	*
FC14	<i>Staphylococcus aureus</i>	<i>Klebsiella pneumoniae</i>
FC15	<i>Staphylococcus saprophyticus</i>	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>
FC17	<i>Staphylococcus hominis</i>	*
FC19	<i>Staphylococcus aureus</i>	<i>Sphingomonas paucimobilis</i>
FC22	<i>Staphylococcus warneri</i>	*
FC23	<i>Staphylococcus aureus</i>	*
FC25	<i>Aerococcus viridans</i>	<i>Klebsiella oxytoca</i>
FC26	<i>Staphylococcus aureus</i>	*
FC27	<i>Staphylococcus saprophyticus</i>	*
FC28	<i>Staphylococcus aureus</i>	*
FC31	<i>Staphylococcus aureus</i>	*
FC35	<i>Gemella morbillorum</i>	<i>Enterobacter cloacae</i>
FC36	<i>Staphylococcus aureus</i>	*
FC37	<i>Aerococcus viridans</i>	*
FC42	<i>Staphylococcus aureus</i>	*
FC44	<i>Staphylococcus aureus</i>	*

Legenda: G1- Pacientes FC (score SK entre 100-71), *não foi identificado nenhum isolado.

Fonte: Elaborado pelo autor.

Quadro 26 – Espécies de bactérias identificadas no grupo G2

Grupo G2	Estafilococos	Bacilos gram-negativos
FC3	<i>Staphylococcus xylosus</i>	<i>Enterobacter cloacae</i>
FC8	<i>Staphylococcus aureus</i>	*
FC9	<i>Staphylococcus aureus</i>	*
FC16	<i>Staphylococcus aureus</i>	<i>Achromobacter xylosoxidans</i>
FC18	<i>Staphylococcus aureus</i>	<i>Klebsiella pneumoniae</i>
FC20	*	<i>Cupriavidus pauculus</i>
FC24	<i>Staphylococcus aureus</i>	*
FC29	<i>Staphylococcus aureus</i>	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>
FC30	<i>Staphylococcus kloosii</i>	*
FC32	<i>Staphylococcus intermedius</i>	<i>Escherichia coli</i>
FC33	<i>Staphylococcus aureus</i>	<i>Escherichia coli</i>
FC34	<i>Staphylococcus aureus</i>	<i>Klebsiella oxytoca</i>
FC39	<i>Staphylococcus aureus</i>	<i>Serratia marcescens</i>
FC40	<i>Staphylococcus aureus</i>	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>
FC41	*	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>
FC43	<i>Staphylococcus aureus</i>	<i>Acinetobacter haemolyticus</i>
FC46	<i>Staphylococcus aureus</i>	*
FC47	<i>Staphylococcus aureus</i>	*
FC49	<i>Staphylococcus aureus</i>	*
FC50	<i>Staphylococcus aureus</i>	*
FC51	<i>Staphylococcus aureus</i>	*
FC52	<i>Staphylococcus warneri</i>	*
FC53	<i>Staphylococcus aureus</i>	*

Legenda: G2- Pacientes FC (score ≤ 71), *não foi identificado nenhum isolado.

Fonte: Elaborado pelo autor.

Quadro 27 - Espécies de bactérias identificadas no grupo G3

(continua)

Grupo G3	Estafilococos	Bacilos gram-negativos
G1	*	*
G2	<i>Staphylococcus aureus</i>	*
G4	<i>Staphylococcus hominis</i>	*
G5	<i>Staphylococcus xylosus</i>	<i>Klebsiella pneumoniae</i>
G6	<i>Staphylococcus aureus</i>	*
G7	<i>Staphylococcus aureus</i>	*
G8	<i>Staphylococcus aureus</i>	*
G9	<i>Staphylococcus xylosus</i>	*
G10	<i>Staphylococcus xylosus</i>	*
G12	<i>Staphylococcus aureus</i>	*
G13	<i>Staphylococcus aureus</i>	*
G15	<i>Staphylococcus aureus</i>	<i>Raoutella planticola</i>
G16	<i>Staphylococcus aureus</i>	<i>Pseudomonas putida</i>
G18	<i>Staphylococcus warneri</i>	<i>Pseudomonas putida</i>
G19	<i>Staphylococcus aureus</i>	*
G21	<i>Staphylococcus epidermidis</i>	*
E1	<i>Staphylococcus aureus</i>	*
E3	<i>Staphylococcus aureus</i>	*
E4	<i>Staphylococcus aureus</i>	*
E5	<i>Staphylococcus aureus</i>	*
E7	<i>Staphylococcus epidermidis</i>	<i>Rhizobium radiobacter</i>
E9	<i>Staphylococcus hominis</i>	*
E16	*	<i>Aeromonas salmonicida</i>
E17	*	<i>Enterobacter cloacae</i>
E22	<i>Staphylococcus aureus</i>	*
E23	*	<i>Sphingomonas paucimobilis</i>

Quadro 27 - Espécies de bactérias identificadas no grupo G3

(conclusão)

Grupo G3	Estafilococos	Bacilos gram-negativos
E24	<i>Staphylococcus warneri</i>	<i>Pseudomonas putida</i>
E29	<i>Staphylococcus aureus</i>	<i>Stenotrophomonas maltophilia</i>
E32	<i>Staphylococcus aureus</i>	*
E33	<i>Staphylococcus warneri</i>	<i>Rhizobium radiobacter</i>
E38	<i>Staphylococcus aureus</i>	<i>Sphingomonas paucimobilis</i>
E39	<i>Staphylococcus aureus</i>	*
E40	<i>Staphylococcus aureus</i>	<i>Sphingomonas paucimobilis</i>
E41	<i>Staphylococcus aureus</i>	<i>Enterobacter cloacae</i>
E42	<i>Staphylococcus aureus</i>	<i>Kluyvera ascorbata</i>
E43	<i>Staphylococcus aureus</i>	*
E46	<i>Staphylococcus aureus</i>	<i>Pantoea</i> spp.
E47	<i>Staphylococcus warneri</i>	*
E48	<i>Staphylococcus aureus</i>	*
E49	<i>Staphylococcus aureus</i>	*

Legenda: G3- Controle sistemicamente saudáveis, * não foi identificado nenhum isolado.

Fonte: Elaborado pelo autor.

Quadro 28 - Concentração Inibitória mínima (µg/mL) das cepas clínicas dos 3 grupos estudados, com os seguintes antifúngicos Fluconazol (FLUCO), Anfotericina B (ANFO B), 5-Fluorocitosina (5-F)

(continua)

Amostras	Identificação	CIM 5-F (µg/ml)	CIM ANFO-B (µg/ml)	CIM FLUCO (µg/ml)
Grupo 1				
FC1	<i>C. albicans</i>	0,125	1	2
FC4	<i>C. albicans</i>	0	1	0,25
FC5	<i>C. albicans</i>	0,125	1	0,25
FC6	<i>C. albicans</i>	0,125	1	0,25
FC7	<i>C. albicans</i>	0,125	1	0,25
FC 11	<i>C. parapsilosis</i>	0,125	1	0,5
FC 12	<i>C. albicans</i>	0,125	1	0,25
FC 14	<i>C. albicans</i>	0,125	1	0,25
FC 17	<i>C. albicans</i>	0	1	0,25
FC 22	<i>C. albicans</i>	0,25	1	0,5
FC 25	<i>C. parapsilosis</i>	0,125	0,5	0,25
FC 27	<i>C. albicans</i>	0	1	1
FC 35	<i>C. dubliniensis</i>	0	0,125	0,125
FC 36	<i>C. albicans</i>	0,125	0,25	0,25
FC 37	<i>C. albicans</i>	0	0,25	0,25
FC 42	<i>C. albicans</i>	0	0,5	0,25
FC 44	<i>C. albicans</i>	0	0,125	0,125
Grupo 2				
FC8	<i>C. albicans</i>	0,125	1	0,25
FC 13	<i>C. albicans</i>	0,125	1	0,25
FC 16	<i>C. albicans</i>	0,125	1	0,125
FC 18	<i>C. albicans</i>	0	1	0,25
FC 20	<i>C. albicans</i>	0,125	1	0,125
FC 24	<i>C. dubliniensis</i>	0	0,5	0,25
FC 29	<i>C. albicans</i>	0,25	1	0,5
FC 30	<i>Trichosporon asahii</i>	4	1	1
FC 33	<i>C. albicans</i>	0,125	1	0,5
FC 34	<i>C. albicans</i>	0,125	0,25	0,25
FC 38	<i>C. albicans</i>	0,125	0,125	0,25
FC 39	<i>C. albicans</i>	0,125	0,125	0,25
FC 40	<i>C. albicans</i>	0,125	0,125	0,125
FC 41	<i>C. tropicalis</i>	0,125	0,5	0,25
FC 43	<i>C. albicans</i>	0	0,5	0,125
FC 46	<i>C. dubliniensis</i>	0	0,0625	0,25
FC 47	<i>C. albicans</i>	0	0,0625	0,25
FC 49	<i>C. albicans</i>	0	0,25	0,25
FC 50	<i>C. albicans</i>	0,5	0,125	0,125
FC 52	<i>C. albicans</i>	2	0,5	0,125
FC 53	<i>C. albicans</i>	0,125	0,125	0,125
Grupo 3				
G1	<i>C. glabrata</i>	0	1	2
G2	<i>C. glabrata</i>	0	0,5	2
G7	<i>C. parapsilosis</i>	0,125	0,5	0,5
G9	<i>C. krusei</i>	4	0,5	16

Quadro 28 - Concentração Inibitória mínima ($\mu\text{g/mL}$) das cepas clínicas dos 3 grupos estudados, com os seguintes antifúngicos Fluconazol (FLUCO), Anfotericina B (ANFO B), 5-Fluorocitosina (5-F)

(conclusão)

Amostras	Identificação	CIM 5-F ($\mu\text{g/ml}$)	CIM ANFO-B ($\mu\text{g/ml}$)	CIM FLUCO ($\mu\text{g/ml}$)
G14	<i>C. albicans</i>	0	0,25	2
G16	<i>C. albicans</i>	0	1	2
G18	<i>C. parapsilosis</i>	0	0,5	2
G20	<i>C. albicans</i>	0	1	0,125
G21	<i>C. albicans</i>	0	0,5	0,125
G22	<i>C. albicans</i>	0	0,5	0,25
E1	<i>C. lusitanae</i>	0,125	0,5	0,5
E9	<i>C. albicans</i>	0,125	0,5	0,25
E16	<i>C. parapsilosis</i>	0,125	0,25	0,5
E17	<i>C. parapsilosis</i>	0,125	0,5	0,5
E22	<i>C. albicans</i>	0,125	0,5	0,25
E23	<i>C. albicans</i>	0,125	0,5	0,25
E27	<i>C. albicans</i>	0,125	0,5	0,25
E38	<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	0,125	0,5	1
E39	<i>C. guilliermondii</i>	0,125	0,5	4
E40	<i>C. albicans</i>	0,125	0,5	0,5
E42	<i>C. albicans</i>	0,125	0,5	0,125
E46	<i>C. albicans</i>	0,125	0,5	0,125
E48	<i>C. albicans</i>	0,25	0,5	1
C. K	<i>C. krusei</i> ATCC6258	8	1	4

Legenda: G1- Pacientes FC (score SK entre 100-71), G2- Pacientes FC (score $\leq$ 71), G3- Controle sistemicamente saudáveis.

Fonte: Elaborado pelo autor.

Quadro 29 – Suscetibilidade aos antimicrobianos das cepas clínicas de *Staphylococcus* ssp e outras espécies identificadas dos 3 grupos estudados pelo método de difusão em ágar, com os seguintes antibióticos: Amoxicilina (AMOXI), Penicilina (PENI), Clindamicina (CLINDA), Metronidazol (METRO) e Eritromicina (ERITRO)

(continua)

AMOSTRAS	Identificação	MIC Amoxi (µg/ml)	Leitura	MIC Peni (µg/ml)	Leitura	MIC Eritro (µg/ml)	Leitura	MIC Clinda (µg/ml)	Leitura	MIC Metro (µg/ml)	Leitura
Grupo G1											
FC1	<i>Staphylococcus aureus</i>	>1	Resistente	>1	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente
FC4	<i>Staphylococcus aureus</i>	0,25	Resistente	0,125	Sensível	<0,25	Sensível	>8	Resistente	>8	Resistente
FC5	<i>Staphylococcus xylosus</i>	1	Resistente	1	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente
FC6	<i>Staphylococcus saprophyticus</i>	0,5	Resistente	0,5	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente
FC7	<i>Staphylococcus pseudintermedius</i>	1	Resistente	1	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente
FC10	<i>Staphylococcus aureus</i>	>1	Resistente	1	Resistente	<0,25	Sensível	>8	Resistente	>8	Resistente
FC11	<i>Staphylococcus xylosus</i>	>1	Resistente	>1	Resistente	<0,25	Sensível	>8	Resistente	>8	Resistente
FC12	<i>Staphylococcus saprophyticus</i>	0,5	Resistente	0,5	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente
FC14	<i>Staphylococcus aureus</i>	>1	Resistente	>1	Resistente	<0,25	Sensível	>8	Resistente	>8	Resistente
FC15	<i>Staphylococcus saprophyticus</i>	0,5	Resistente	0,5	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente
FC17	<i>Staphylococcus hominis</i>	0,5	Resistente	0,5	Resistente	<0,25	Sensível	>8	Resistente	>8	Resistente
FC19	<i>Staphylococcus aureus</i>	1	Resistente	1	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente
FC22	<i>Staphylococcus warneri</i>	0,5	Resistente	0,5	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente
FC23	<i>Staphylococcus aureus</i>	0,25	Resistente	0,125	Sensível	<0,25	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente
FC25	<i>Aerococcus viridans</i>	>1	Resistente	>1	Resistente	4	Intermediário	>8	Resistente	>8	Resistente
FC26	<i>Staphylococcus aureus</i>	>1	Resistente	>1	Resistente	<0,25	Sensível	>8	Resistente	>8	Resistente
FC27	<i>Staphylococcus saprophyticus</i>	0,5	Resistente	0,5	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente
FC28	<i>Staphylococcus aureus</i>	>1	Resistente	>1	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente
FC31	<i>Staphylococcus aureus</i>	>1	Resistente	>1	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente
FC35	<i>Gemella morbillorum</i>	1	Resistente	>1	Resistente	<0,25	Sensível	>8	Resistente	>8	Resistente
FC36	<i>Staphylococcus aureus</i>	>1	Resistente	>1	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente
FC37	<i>Aerococcus viridans</i>	0,5	Resistente	0,5	Resistente	1	Intermediário	>8	Resistente	>8	Resistente
FC42	<i>Staphylococcus aureus</i>	1	Resistente	>1	Resistente	<0,25	Sensível	>8	Resistente	>8	Resistente
FC44	<i>Staphylococcus aureus</i>	>1	Resistente	>1	Resistente	<0,25	Sensível	>8	Resistente	>8	Resistente
Grupo G2											
FC3	<i>Staphylococcus xylosus</i>	>1	Resistente	>1	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente
FC8	<i>Staphylococcus aureus</i>	0,25	Resistente	0,25	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente
FC9	<i>Staphylococcus aureus</i>	>1	Resistente	>1	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente
FC16	<i>Staphylococcus aureus</i>	>1	Resistente	>1	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente
FC18	<i>Staphylococcus aureus</i>	>1	Resistente	>1	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente
FC24	<i>Staphylococcus aureus</i>	>1	Resistente	>1	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente
FC29	<i>Staphylococcus aureus</i>	0,5	Resistente	0,5	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente
FC30	<i>Staphylococcus kloosii</i>	>1	Resistente	>1	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente
FC32	<i>Staphylococcus intermedius</i>	>1	Resistente	>1	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente

Quadro 29 – Suscetibilidade aos antimicrobianos das cepas clínicas de *Staphylococcus* ssp e outras espécies identificadas dos 3 grupos estudados pelo método de difusão em ágar, com os seguintes antibióticos: Amoxicilina (AMOXI), Penicilina (PENI), Clindamicina (CLINDA), Metronidazol (METRO) e Eritromicina (ERITRO)

(continuação)

AMOSTRAS	Identificação	MIC Amoxi (µg/ml)	Leitura	MIC Peni (µg/ml)	Leitura	MIC Eritro (µg/ml)	Leitura	MIC Clinda (µg/ml)	Leitura	MIC Metro (µg/ml)	Leitura
FC33	<i>Staphylococcus aureus</i>	>1	Resistente	>1	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente
FC34	<i>Staphylococcus aureus</i>	>1	Resistente	>1	Resistente	<0,25	Sensível	>8	Resistente	>8	Resistente
FC39	<i>Staphylococcus aureus</i>	>1	Resistente	>1	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente
FC40	<i>Staphylococcus aureus</i>	0,25	Resistente	0,125	Sensível	4	Intermediário	>8	Resistente	>8	Resistente
FC43	<i>Staphylococcus aureus</i>	>1	Resistente	>1	Resistente	<0,25	Sensível	>8	Resistente	>8	Resistente
FC46	<i>Staphylococcus aureus</i>	0,25	Resistente	0,125	Sensível	>8	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente
FC47	<i>Staphylococcus aureus</i>	>1	Resistente	>1	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente
FC49	<i>Staphylococcus aureus</i>	1	Resistente	>1	Resistente	1	Intermediário	>8	Resistente	>8	Resistente
FC50	<i>Staphylococcus aureus</i>	>1	Resistente	>1	Resistente	<0,25	Sensível	>8	Resistente	>8	Resistente
FC51	<i>Staphylococcus aureus</i>	>1	Resistente	>1	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente
FC52	<i>Staphylococcus warneri</i>	0,5	Resistente	0,5	Resistente	<0,25	Sensível	>8	Resistente	>8	Resistente
FC53	<i>Staphylococcus aureus</i>	>1	Resistente	>1	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente
Grupo G3											
G2	<i>Staphylococcus aureus</i>	0,25	Resistente	0,5	Resistente	<0,25	Sensível	>8	Resistente	>8	Resistente
G4	<i>Staphylococcus hominis</i>	0,25	Resistente	0,25	Resistente	<0,25	Sensível	>8	Resistente	>8	Resistente
G5	<i>Staphylococcus xylosus</i>	0,25	Resistente	0,5	Resistente	8	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente
G6	<i>Staphylococcus aureus</i>	0,125	Sensível	<0,0625	Sensível	<0,25	Sensível	>8	Resistente	>8	Resistente
G7	<i>Staphylococcus aureus</i>	0,125	Sensível	0,125	Sensível	<0,25	Sensível	>8	Resistente	>8	Resistente
G8	<i>Staphylococcus aureus</i>	0,25	Resistente	0,25	Resistente	<0,25	Sensível	>8	Resistente	>8	Resistente
G9	<i>Staphylococcus xylosus</i>	0,5	Resistente	1	Resistente	<0,25	Sensível	>8	Resistente	>8	Resistente
G10	<i>Staphylococcus xylosus</i>	0,25	Resistente	0,125	Sensível	<0,25	Sensível	>8	Resistente	>8	Resistente
G12	<i>Staphylococcus aureus</i>	>1	Resistente	>1	Resistente	<0,25	Sensível	>8	Resistente	>8	Resistente
G13	<i>Staphylococcus aureus</i>	0,125	Sensível	0,25	Resistente	<0,25	Sensível	>8	Resistente	>8	Resistente
G15	<i>Staphylococcus aureus</i>	>1	Resistente	>1	Resistente	<0,25	Sensível	>8	Resistente	>8	Resistente
G16	<i>Staphylococcus aureus</i>	0,5	Resistente	1	Resistente	<0,25	Sensível	>8	Resistente	>8	Resistente
G18	<i>Staphylococcus warneri</i>	0,5	Resistente	0,125	Sensível	<0,25	Sensível	>8	Resistente	>8	Resistente
G19	<i>Staphylococcus aureus</i>	<0,0625	Sensível	0,125	Sensível	<0,25	Sensível	>8	Resistente	>8	Resistente
G21	<i>Staphylococcus epidermidis</i>	0,125	Sensível	0,5	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente
E1	<i>Staphylococcus aureus</i>	0,5	Resistente	0,25	Resistente	4	Intermediário	>8	Resistente	>8	Resistente
E3	<i>Staphylococcus aureus</i>	1	Resistente	1	Resistente	<0,25	Sensível	>8	Resistente	>8	Resistente
E4	<i>Staphylococcus aureus</i>	>1	Resistente	1	Resistente	8	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente
E5	<i>Staphylococcus aureus</i>	0,125	Sensível	<0,0625	Sensível	<0,25	Sensível	>8	Resistente	>8	Resistente
E7	<i>Staphylococcus epidermidis</i>	0,5	Resistente	1	Resistente	<0,25	Sensível	>8	Resistente	>8	Resistente
E9	<i>Staphylococcus hominis</i> ssp <i>hominis</i>	>1	Resistente	>1	Resistente	<0,25	Sensível	>8	Resistente	>8	Resistente
E22	<i>Staphylococcus aureus</i>	0,5	Resistente	1	Resistente	<0,25	Sensível	>8	Resistente	>8	Resistente
E24	<i>Staphylococcus warneri</i>	0,125	Sensível	<0,0625	Sensível	<0,25	Sensível	>8	Resistente	>8	Resistente
E29	<i>Staphylococcus aureus</i>	1	Resistente	1	Resistente	<0,25	Sensível	>8	Resistente	>8	Resistente

Quadro 29 – Suscetibilidade aos antimicrobianos das cepas clínicas de *Staphylococcus* spp e outras espécies identificadas dos 3 grupos estudados pelo método de difusão em ágar, com os seguintes antibióticos: Amoxicilina (AMOXI), Penicilina (PENI), Clindamicina (CLINDA), Metronidazol (METRO) e Eritromicina (ERITRO)

(conclusão)

AMOSTRAS	Identificação	MIC Amoxi (µg/ml)	Leitura	MIC Peni (µg/ml)	Leitura	MIC Eritro (µg/ml)	Leitura	MIC Clinda (µg/ml)	Leitura	MIC Metro (µg/ml)	Leitura
E32	Staphylococcus aureus	>1	Resistente	>1	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente
E33	Staphylococcus warneri	0,5	Resistente	0,5	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente
E38	Staphylococcus aureus	0,5	Resistente	1	Resistente	<0,25	Sensível	>8	Resistente	>8	Resistente
E39	Staphylococcus aureus	>1	Resistente	>1	Resistente	<0,25	Sensível	>8	Resistente	>8	Resistente
E40	Staphylococcus aureus	1	Resistente	1	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente
E41	Staphylococcus aureus	>1	Resistente	1	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente
E42	Staphylococcus aureus	1	Resistente	1	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente
E43	Staphylococcus aureus	0,25	Resistente	<0,0625	Sensível	8	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente
E46	Staphylococcus aureus	<0,0625	Sensível	<0,0625	Sensível	>8	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente
E47	Staphylococcus warneri	0,25	Resistente	0,5	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente
E48	Staphylococcus aureus	0,5	Resistente	0,5	Resistente	0,5	Sensível	>8	Resistente	>8	Resistente
E49	Staphylococcus aureus	0,125	Sensível	<0,0625	Sensível	>8	Resistente	>8	Resistente	>8	Resistente

Legenda: G1- Pacientes FC (score SK entre 100-71), G2- Pacientes FC (score ≤ 71), G3- Controle sistemicamente saudáveis

Fonte: Elaborado pelo autor

Quadro 30 – Suscetibilidade aos antimicrobianos das cepas clínicas de *Staphylococcus* ssp e outras espécies identificadas dos 3 grupos estudados pelo método de disco difusão, com os seguintes antibióticos: Amoxicilina (AMOXI), Penicilina (PENI), Clindamicina (CLINDA), Metronidazol (METRO) e Eritromicina (ERITRO)

(continua)

AMOSTRAS	Identificação	MIC Amoxi (mm)	Discos	MIC Peni (mm)	Discos	MIC Eritro (mm)	Discos	MIC Clinda (mm)	Discos
FC1	Staphylococcus aureus	23	Resistente	18	Resistente	2	Resistente	14	Resistente
FC4	Staphylococcus aureus	48	Sensível	48	Sensível	25	Sensível	35	Sensível
FC5	Staphylococcus xylosus	22	Resistente	22	Resistente	9	Resistente	32	Sensível
FC6	Staphylococcus saprophyticus	20	Resistente	17	Resistente	11	Resistente	35	Sensível
FC7	Staphylococcus pseudintermedius	20	Resistente	20	Resistente	10	Resistente	35	Sensível
FC10	Staphylococcus aureus	20	Resistente	21	Resistente	25	Sensível	31	Sensível
FC11	Staphylococcus xylosus	16	Resistente	10	Resistente	22	Sensível	30	Sensível
FC12	Staphylococcus saprophyticus	36	Sensível	39	Sensível	10	Resistente	31	Sensível
FC14	Staphylococcus aureus	20	Resistente	21	Resistente	30	Sensível	32	Sensível
FC15	Staphylococcus saprophyticus	36	Sensível	30	Sensível	10	Resistente	32	Sensível
FC17	Staphylococcus hominis	46	Sensível	36	Sensível	35	Sensível	28	Sensível
FC19	Staphylococcus aureus	18	Resistente	18	Resistente	10	Resistente	32	Sensível
FC22	Staphylococcus warneri	16	Resistente	17	Resistente	11	Resistente	10	Resistente
FC23	Staphylococcus aureus	18	Resistente	35	Sensível	10	Resistente	10	Resistente
FC25	Aerococcus viridans	20	Resistente	16	Resistente	16	Intermediário	11	Resistente
FC26	Staphylococcus aureus	18	Resistente	18	Resistente	25	Sensível	12	Resistente
FC27	Staphylococcus saprophyticus	17	Resistente	20	Resistente	11	Resistente	10	Resistente
FC28	Staphylococcus aureus	16	Resistente	15	Resistente	10	Resistente	27	Sensível
FC31	Staphylococcus aureus	18	Resistente	18	Resistente	10	Resistente	14	Resistente
FC35	Gemella morbillorum	19	Resistente	20	Resistente	24	Sensível	14	Resistente
FC36	Staphylococcus aureus	14	Resistente	12	Resistente	26	Sensível	30	Sensível
FC37	Aerococcus viridans	25	Resistente	20	Resistente	17	Intermediário	30	Sensível
FC42	Staphylococcus aureus	31	Sensível	29	Sensível	26	Sensível	25	Sensível
FC44	Staphylococcus aureus	18	Resistente	15	Resistente	25	Sensível	10	Resistente
Grupo G2									
FC3	Staphylococcus xylosus	15	Resistente	14	Resistente	21	Sensível	14	Resistente
FC8	Staphylococcus aureus	38	Sensível	38	Sensível	10	Resistente	31	Sensível

Quadro 30 – Suscetibilidade aos antimicrobianos das cepas clínicas de *Staphylococcus* ssp e outras espécies identificadas dos 3 grupos estudados pelo método de disco difusão, com os seguintes antibióticos: Amoxicilina (AMOXI), Penicilina (PENI), Clindamicina (CLINDA), Metronidazol (METRO) e Eritromicina (ERITRO)

(continuação)

AMOSTRAS	Identificação	MIC Amoxi (mm)	Discos	MIC Peni (mm)	Discos	MIC Eritro (mm)	Discos	MIC Clinda (mm)	Discos
FC9	Staphylococcus aureus	20	Resistente	18	Resistente	10	Resistente	30	Sensível
FC16	Staphylococcus aureus	20	Resistente	15	Resistente	10	Resistente	28	Sensível
FC18	Staphylococcus aureus	20	Resistente	17	Resistente	10	Resistente	10	Resistente
FC24	Staphylococcus aureus	18	Resistente	16	Resistente	5	Resistente	27	Sensível
FC29	Staphylococcus aureus	17	Resistente	17	Resistente	26	Sensível	38	Sensível
FC30	Staphylococcus kloosii	30	Sensível	30	Sensível	10	Resistente	30	Sensível
FC32	Staphylococcus intermedius	37	Sensível	36	Sensível	10	Resistente	29	Sensível
FC33	Staphylococcus aureus	18	Resistente	15	Resistente	10	Resistente	26	Sensível
FC34	Staphylococcus aureus	20	Resistente	18	Resistente	10	Sensível	30	Sensível
FC39	Staphylococcus aureus	21	Resistente	18	Resistente	9	Resistente	11	Resistente
FC40	Staphylococcus aureus	30	Sensível	30	Sensível	18	Intermediário	29	Sensível
FC43	Staphylococcus aureus	18	Resistente	16	Resistente	25	Sensível	12	Resistente
FC46	Staphylococcus aureus	30	Sensível	35	Sensível	16	Resistente	26	Sensível
FC47	Staphylococcus aureus	16	Resistente	16	Resistente	8	Resistente	10	Resistente
FC49	Staphylococcus aureus	16	Resistente	13	Resistente	16	Intermediário	24	Sensível
FC50	Staphylococcus aureus	18	Resistente	15	Resistente	24	Sensível	28	Sensível
FC51	Staphylococcus aureus	20	Resistente	16	Resistente	25	Sensível	25	Sensível
FC52	Staphylococcus warneri	20	Resistente	15	Resistente	23	Sensível	10	Resistente
FC53	Staphylococcus aureus	16	Resistente	14	Resistente	8	Resistente	9	Resistente
Grupo G3									
G2	Staphylococcus aureus	24	Resistente	20	Resistente	28	Sensível	30	Sensível
G4	Staphylococcus hominis	44	Sensível	32	Sensível	40	Sensível	40	Sensível
G5	Staphylococcus xylosus	20	Resistente	20	Resistente	12	Resistente	30	Sensível
G6	Staphylococcus aureus	40	Sensível	37	Sensível	21	Intermediário	31	Sensível
G8	Staphylococcus aureus	21	Resistente	20	Resistente	26	Sensível	26	Sensível
G9	Staphylococcus xylosus	21	Resistente	16	Resistente	26	Sensível	26	Sensível
G10	Staphylococcus xylosus	44	Sensível	44	Sensível	32	Sensível	40	Sensível
G12	Staphylococcus aureus	15	Resistente	12	Resistente	26	Sensível	26	Sensível

Quadro 30 – Suscetibilidade aos antimicrobianos das cepas clínicas de *Staphylococcus* ssp e outras espécies identificadas dos 3 grupos estudados pelo método de disco difusão, com os seguintes antibióticos: Amoxicilina (AMOXI), Penicilina (PENI), Clindamicina (CLINDA), Metronidazol (METRO) e Eritromicina (ERITRO)

(conclusão)

AMOSTRAS	Identificação	MIC Amoxi (mm)	Discos	MIC Peni (mm)	Discos	MIC Eritro (mm)	Discos	MIC Clinda (mm)	Discos
G13	Staphylococcus aureus	17	Resistente	14	Resistente	28	Sensível	30	Sensível
G15	Staphylococcus aureus	20	Resistente	17	Resistente	19	Intermediário	30	Sensível
G16	Staphylococcus aureus	14	Resistente	11	Resistente	29	Sensível	27	Sensível
G18	Staphylococcus warneri	20	Resistente	18	Resistente	28	Sensível	30	Sensível
G19	Staphylococcus aureus	20	Resistente	15	Resistente	0	Resistente	28	Sensível
G21	Staphylococcus epidermidis	33	Sensível	22	Resistente	32	Sensível	40	Sensível
E1	Staphylococcus aureus	20	Resistente	18	Resistente	30	Sensível	30	Sensível
E3	Staphylococcus aureus	22	Resistente	18	Resistente	30	Sensível	31	Sensível
E4	Staphylococcus aureus	38	Sensível	43	Sensível	28	Sensível	31	Sensível
E5	Staphylococcus aureus	41	Sensível	40	Sensível	23	Sensível	30	Sensível
E7	Staphylococcus epidermidis	20	Resistente	22	Resistente	32	Sensível	31	Sensível
E9	Staphylococcus hominis ssp hominis	20	Resistente	19	Resistente	33	Sensível	33	Sensível
E22	Staphylococcus aureus	20	Resistente	17	Resistente	0	Resistente	30	Sensível
E24	Staphylococcus warneri	46	Sensível	40	Sensível	30	Sensível	18	Intermediário
E29	Staphylococcus aureus	20	Resistente	17	Resistente	20	Intermediário	28	Sensível
E32	Staphylococcus aureus	17	Resistente	13	Resistente	25	Sensível	27	Sensível
E33	Staphylococcus warneri	26	Resistente	21	Resistente	31	Sensível	33	Sensível
E38	Staphylococcus aureus	20	Resistente	18	Resistente	26	Sensível	29	Sensível
E39	Staphylococcus aureus	20	Resistente	16	Resistente	25	Sensível	27	Sensível
E40	Staphylococcus aureus	20	Resistente	18	Resistente	25	Sensível	27	Sensível
E41	Staphylococcus aureus	20	Resistente	19	Resistente	0	Resistente	30	Sensível
E42	Staphylococcus aureus	20	Resistente	16	Resistente	0	Resistente	26	Sensível
E43	Staphylococcus aureus	33	Sensível	35	Sensível	0	Resistente	26	Sensível
E46	Staphylococcus aureus	30	Sensível	29	Sensível	18	Intermediário	27	Sensível
E47	Staphylococcus warneri	23	Resistente	22	Resistente	12	Resistente	35	Sensível
E48	Staphylococcus aureus	18	Resistente	15	Resistente	23	Sensível	23	Sensível
E49	Staphylococcus aureus	34	Sensível	32	Sensível	11	Resistente	27	Sensível

Legenda: G1- Pacientes FC (score SK entre 100-71), G2- Pacientes FC (score $\leq$ 71), G3- Controle sistemicamente saudáveis

Fonte: Elaborado pelo autor.

Quadro 31 – Suscetibilidade aos antimicrobianos das cepas clínicas de enterobactérias e pseudomonas e outras espécies identificadas dos 3 grupos estudados pelo método de difusão em ágar, com os seguintes antibióticos: Amoxicilina (AMOXI), Penicilina (PENI), Clindamicina (CLINDA), Metronidazol (METRO) e Eritromicina (ERITRO)

Amostras	Identificação	MIC Amoxi (µg/ml)	Leitura	MIC Penici (µg/ml)	Leitura	MIC Eritro (µg/ml)	Leitura	MIC Clinda (µg/ml)	Leitura	MIC Metro (µg/ml)	Leitura
Grupo G1											
FC7	Enterobacter cloacae	>64	Resistente	>64	Resistente	>64	Resistente	>32	Resistente	>64	Resistente
FC10	Pantoea spp	8	Sensível	>64	Resistente	>64	Resistente	>32	Resistente	>64	Resistente
FC14	Klebsiella pneumoniae	>64	Resistente	>64	Resistente	64	Resistente	>32	Resistente	>64	Resistente
FC25	Klebsiella oxytoca	>64	Resistente	>64	Resistente	>64	Resistente	>32	Resistente	>64	Resistente
FC35	Enterobacter cloacae	>64	Resistente	>64	Resistente	>64	Resistente	>32	Resistente	>64	Resistente
FC1	Pseudomonas aeruginosa	>64	Resistente	>64	Resistente	>64	Resistente	>32	Resistente	>64	Resistente
FC15	Pseudomonas aeruginosa	>64	Resistente	>64	Resistente	>64	Resistente	>32	Resistente	>64	Resistente
Grupo G2											
FC3	Enterobacter cloacae	64	Resistente	>64	Resistente	>64	Resistente	>32	Resistente	>64	Resistente
FC18	Klebsiella pneumoniae	64	Resistente	32	Resistente	>64	Resistente	>32	Resistente	>64	Resistente
FC32	Escherichia coli	>64	Resistente	8	Sensível	64	Resistente	>32	Resistente	>64	Resistente
FC33	Escherichia coli	>64	Resistente	>64	Resistente	>64	Resistente	>32	Resistente	>64	Resistente
FC34	Klebsiella oxytoca	>64	Resistente	>64	Resistente	>64	Resistente	>32	Resistente	>64	Resistente
FC39	Serratia marcescens	>64	Resistente	>64	Resistente	>64	Resistente	>32	Resistente	>64	Resistente
FC40	Pseudomonas aeruginosa	>64	Resistente	>64	Resistente	>64	Resistente	>32	Resistente	>64	Resistente
FC41	Pseudomonas aeruginosa	>64	Resistente	>64	Resistente	64	Resistente	>32	Resistente	>64	Resistente
FC29	Pseudomonas aeruginosa	>64	Resistente	>64	Resistente	>64	Resistente	>32	Resistente	>64	Resistente
Grupo G3											
G5	Klebsiella pneumoniae	>64	Resistente	>64	Resistente	>64	Resistente	>32	Resistente	>64	Resistente
E17	Enterobacter cloacae	>64	Resistente	>64	Resistente	>64	Resistente	>32	Resistente	>64	Resistente
E41	Enterobacter cloacae	>64	Resistente	>64	Resistente	>64	Resistente	>32	Resistente	>64	Resistente
E42	Kluyvera ascorbata	64	Resistente	>64	Resistente	64	Resistente	>32	Resistente	>64	Resistente
E46	Pantoea spp	>64	Resistente	>64	Resistente	>64	Resistente	>32	Resistente	>64	Resistente
G16	Pseudomonas putida	32	-	>64	Resistente	32	-	>32	Resistente	>64	Resistente
G18	Pseudomonas putida	>64	Resistente	32	-	16	-	>32	Resistente	>64	Resistente
E24	Pseudomonas putida	>64	Resistente	>64	Resistente	>64	Resistente	>32	Resistente	>64	Resistente

Legenda: G1- Pacientes FC (score SK entre 100-71), G2- Pacientes FC (score ≤ 71), G3- Controle sistemicamente saudáveis.

Fonte: Elaborado pelo autor.

Quadro 32 – Suscetibilidade aos antimicrobianos das cepas clínicas de enterobactérias e pseudomonas e outras espécies identificadas dos 3 grupos estudados pelo método de disco difusão, com os seguintes antibióticos: Amoxicilina (AMOXI), Penicilina (PENI), Clindamicina (CLINDA), Metronidazol (METRO) e Eritromicina (ERITRO)

AMOSTRAS	Identificação	MIC Amoxi (mm)	Leitura	MIC Peni (mm)	Leitura	MIC Eritro (mm)	Leitura	MIC Clinda (mm)	Leitura
Grupo G1									
FC7	Enterobacter cloacae	7	Resistente	0	Resistente	9	sem referência	0	Resistente
FC10	Pantoea spp	23	Sensível	0	Resistente	0	Resistente	0	Resistente
FC14	Klebsiella pneumoniae	0	Resistente	0	Resistente	0	Resistente	0	Resistente
FC25	Klebsiella oxytoca	15	Intermediário	0	Resistente	0	Resistente	0	Resistente
FC35	Enterobacter cloacae	0	Resistente	0	Resistente	0	Resistente	0	Resistente
FC1	Pseudomonas aeruginosa	0	Resistente	0	Resistente	0	Resistente	0	Resistente
FC15	Pseudomonas aeruginosa	0	Resistente	0	Resistente	0	Resistente	0	Resistente
Grupo G2									
FC3	Enterobacter cloacae	19	Sensível	0	Resistente	0	Resistente	0	Resistente
FC18	Klebsiella pneumoniae	18	Sensível	9	Resistente	0	Resistente	0	Resistente
FC32	Escherichia coli	25	Sensível	0	Resistente	0	Resistente	0	Resistente
FC33	Escherichia coli	9	Resistente	0	Resistente	0	Resistente	0	Resistente
FC34	Klebsiella oxytoca	10	Resistente	0	Resistente	0	Resistente	0	Resistente
FC39	Serratia marcescens	23	Sensível	0	Resistente	0	Resistente	0	Resistente
FC40	Pseudomonas aeruginosa	0	Resistente	0	Resistente	0	Resistente	0	Resistente
FC41	Pseudomonas aeruginosa	0	Resistente	0	Resistente	0	Resistente	0	Resistente
FC29	Pseudomonas aeruginosa	0	Resistente	0	Resistente	0	Resistente	0	Resistente
Grupo G3									
G5	Klebsiella pneumoniae	6	Resistente	0	Resistente	6	-	0	Resistente
E17	Enterobacter cloacae	0	Resistente	0	Resistente	0	Resistente	11	-
E41	Enterobacter cloacae	21	Sensível	0	Resistente	0	Resistente	0	Resistente
E42	Kluyvera ascorbata	10	Resistente	0	Resistente	9	-	0	Resistente
E46	Pantoea spp	16	Intermediário	0	Resistente	6	-	15	-
G16	Pseudomonas putida	21	-	0	Resistente	18	-	0	Resistente
G18	Pseudomonas putida	19	-	0	Resistente	18	-	0	Resistente
E24	Pseudomonas putida	8	-	0	Resistente	13	-	9	-

Legenda: G1- Pacientes FC (score SK entre 100-71), G2- Pacientes FC (score $\leq$ 71), G3- Controle sistemicamente saudáveis.

Fonte: Elaborado pelo autor.

Quadro 33– Testes para identificações dos isolados do grupo 1

GRUPO 1	PACIENTES	CÂNDIDA	CHROMOAGAR	TUBO	CLAMIDOCONÍDEO	TABACO		HIPERTONICO	IDENTIFICAÇÃO	
FC1	V T M	presente	VERDE	POSITIVO	POSITIVO	BRANCA	SEM FRANJA	POSITIVO	***	<i>C. albicans</i>
FC4	LMS	presente	VERDE	POSITIVO	POSITIVO	BRANCA	SEM FRANJA	NEGATIVO	<i>C. albicans</i>	
FC5	BRDA	presente	VERDE	POSITIVO	POSITIVO	BRANCA	SEM FRANJA	NEGATIVO	<i>C. albicans</i>	
FC6	LMF	presente	VERDE	POSITIVO	POSITIVO	BRANCA	SEM FRANJA	NEGATIVO	<i>C. albicans</i>	
FC7	ALAN	presente	VERDE	NEGATIVO	POSITIVO	BRANCA	SEM FRANJA	NEGATIVO	***	<i>C. albicans</i>
FC 11	SLP	presente	ROSA	POSITIVO	POSITIVO	BRANCA	SEM FRANJA	NEGATIVO	***	<i>C. parapsilosis</i>
FC 12	GSCP	presente	VERDE	POSITIVO	POSITIVO	BRANCA	SEM FRANJA	POSITIVO	***	<i>C. albicans</i>
FC 14	RBR	presente	VERDE	POSITIVO	POSITIVO	BRANCA	SEM FRANJA	NEGATIVO	<i>C. albicans</i>	
FC 17	TBS	presente	VERDE	POSITIVO	POSITIVO	BRANCA	SEM FRANJA	NEGATIVO	<i>C. albicans</i>	
FC 22	CAOS	presente	VERDE	NEGATIVO	POSITIVO	BRANCA	SEM FRANJA	NEGATIVO	***	<i>C. albicans</i>
FC 25	MBS	presente	ROSA	NEGATIVO	NEGATIVO	BRANCA	SEM FRANJA	NEGATIVO	***	<i>C. parapsilosis</i>
FC 27	NFAD	presente	VERDE	POSITIVO	POSITIVO	BRANCA	SEM FRANJA	NEGATIVO	<i>C. albicans</i>	
FC 35	DSF	presente	VERDE	POSITIVO	POSITIVO	BRANCA	COM FRANJA	POSITIVO	***	<i>C. dubliniensis</i>
FC 36	LAS	presente	VERDE	POSITIVO	POSITIVO	BRANCA	SEM FRANJA	NEGATIVO	<i>C. albicans</i>	
FC 37	MMO	presente	VERDE	POSITIVO	POSITIVO	BRANCA	SEM FRANJA	NEGATIVO	<i>C. albicans</i>	
FC 42	NRS	presente	VERDE	NEGATIVO	POSITIVO	BRANCA	SEM FRANJA	NEGATIVO	***	<i>C. albicans</i>
FC 44	MSB	presente	VERDE	POSITIVO	POSITIVO	BRANCA	SEM FRANJA	NEGATIVO	<i>C. albicans</i>	

Legenda: G1- Pacientes FC (score SK entre 100-71), G2- Pacientes FC (score $\leq$ 71), G3- Controle sistemicamente saudáveis,***: Amostras enviadas para realização de identificação molecular.

Fonte: Elaborado pelo autor.

Quadro 34 – Identificações dos isolados do grupo 2

GRUPO 2	PACIENTES	CÂNDIDA	CHROMOAGAR	TUBO	CLAMIDOCONÍDEO	TABACO		HIPERTONICO	IDENTIFICAÇÃO	
FC8	VJS	presente	VERDE	POSITIVO	POSITIVO	BRANCA	SEM FRANJA	NEGATIVO	<i>C. albicans</i>	
FC 13	MVNO	presente	VERDE	POSITIVO	POSITIVO	BRANCA	SEM FRANJA	NEGATIVO	<i>C. albicans</i>	
FC 16	JPMR	presente	VERDE	POSITIVO	POSITIVO	BRANCA	SEM FRANJA	POSITIVO	***	<i>C. albicans</i>
FC 18	LGS	presente	VERDE	POSITIVO	POSITIVO	BRANCA	SEM FRANJA	NEGATIVO	<i>C. albicans</i>	
FC 20	LSPS	presente	VERDE	NEGATIVO	POSITIVO	BRANCA	SEM FRANJA	NEGATIVO	***	<i>C. albicans</i>
FC 24	SMB	presente	AZUL	POSITIVO	POSITIVO	MARROM	COM FRANJA	POSITIVO	***	<i>C. dubliniensis</i>
FC 29	JVSC	presente	VERDE	POSITIVO	POSITIVO	BRANCA	SEM FRANJA	NEGATIVO	<i>C. albicans</i>	
FC 30	ERMS	presente	AZUL	NEGATIVO	NEGATIVO	BRANCA	SEM FRANJA	NEGATIVO	***	<i>Trichosporon asahii</i>
FC 33	VMS	presente	VERDE	POSITIVO	POSITIVO	BRANCA	SEM FRANJA	NEGATIVO	<i>C. albicans</i>	
FC 34	DSG	presente	VERDE	POSITIVO	POSITIVO	BRANCA	SEM FRANJA	NEGATIVO	<i>C. albicans</i>	
FC 38	RVSB	presente	VERDE	POSITIVO	POSITIVO	BRANCA	SEM FRANJA	NEGATIVO	<i>C. albicans</i>	
FC 39	GSX	presente	VERDE	POSITIVO	POSITIVO	BRANCA	SEM FRANJA	NEGATIVO	<i>C. albicans</i>	
FC 40	RFVS	presente	VERDE	POSITIVO	POSITIVO	BRANCA	SEM FRANJA	NEGATIVO	<i>C. albicans</i>	
FC 41	DSF	presente	AZUL	NEGATIVO	NEGATIVO	MARROM	SEM FRANJA	NEGATIVO	***	<i>C. tropicalis</i>
FC 43	VSA	presente	VERDE	POSITIVO	POSITIVO	BRANCA	SEM FRANJA	NEGATIVO	<i>C. albicans</i>	
FC 46	JANS	presente	AZUL	POSITIVO	POSITIVO	BRANCA	SEM FRANJA	NEGATIVO	***	<i>C. dubliniensis</i>
FC 47	AESA	presente	VERDE	NEGATIVO	NEGATIVO	BRANCA	SEM FRANJA	NEGATIVO	***	<i>C. albicans</i>
FC 49	GSS	presente	VERDE	POSITIVO	POSITIVO	BRANCA	SEM FRANJA	NEGATIVO	<i>C. albicans</i>	
FC 50	JSS	presente	VERDE	NEGATIVO	POSITIVO	BRANCA	SEM FRANJA	NEGATIVO	***	<i>C. albicans</i>
FC 52	KBSH	presente	VERDE	POSITIVO	POSITIVO	BRANCA	SEM FRANJA	NEGATIVO	<i>C. albicans</i>	
FC 53	MFF	presente	VERDE	POSITIVO	POSITIVO	BRANCA	SEM FRANJA	NEGATIVO	<i>C. albicans</i>	

Legenda: G1- Pacientes FC (score SK entre 100-71), G2- Pacientes FC (score $\leq$ 71), G3- Controle sistemicamente saudáveis,***: Amostras enviadas para realização de identificação molecular.

Fonte: Elaborado pelo autor.

Quadro 35 – Identificações dos isolados do grupo 3

GRUPO 3	PACIENTES	CÂNDIDA	CHROMOAGAR	TUBO	CLAMIDOCONÍDEO	TABACO		HIPERTONICO	IDENTIFICAÇÃO	
G1	LN	presente	ROSA	NEGATIVO	NEGATIVO	BRANCA	SEM FRANJAS	NEGATIVO	***	<i>C. glabrata</i>
G2	BSC	presente	ROSA	NEGATIVO	NEGATIVO	BRANCA	SEM FRANJAS	NEGATIVO	***	<i>C. glabrata</i>
G7	ARS	presente	ROSA	NEGATIVO	NEGATIVO	BRANCA	SEM FRANJAS	NEGATIVO	***	<i>C. parapsilosis</i>
G9	ASC	presente	ROSA	NEGATIVO	NEGATIVO	BRANCA	SEM FRANJAS	NEGATIVO	***	<i>C. krusei</i>
G14	JGBC	presente	VERDE	POSITIVO	POSITIVO	BRANCA	SEM FRANJAS	NEGATIVO		<i>C. albicans</i>
G16	JO	presente	VERDE	POSITIVO	POSITIVO	BRANCA	SEM FRANJAS	NEGATIVO		<i>C. albicans</i>
G18	VCB	presente	BRANCA	NEGATIVO	POSITIVO	BRANCA	SEM FRANJAS	POSITIVO	***	<i>C. parapsilosis</i>
G20	FSP	presente	VERDE	POSITIVO	POSITIVO	AMARELA	COM FRANJAS	NEGATIVO	***	<i>C. albicans</i>
G21	NMS	presente	VERDE	POSITIVO	NEGATIVO	AMARELA	COM FRANJAS	NEGATIVO	***	<i>C. albicans</i>
G22	ASDS	presente	VERDE	POSITIVO	POSITIVO	AMARELA	SEM FRANJAS	NEGATIVO	***	<i>C. albicans</i>
E1	JMPS	presente	ROSA	NEGATIVO	NEGATIVO	AMARELA	COM FRANJAS	NEGATIVO	***	<i>C. lusitaniae</i>
E9	MFCP	presente	VERDE	POSITIVO	POSITIVO	BRANCA	SEM FRANJAS	NEGATIVO		<i>C. albicans</i>
E16	PEF	presente	ROSA	NEGATIVO	NEGATIVO	MARROM	COM FRANJAS	NEGATIVO	***	<i>C. parapsilosis</i>
E17	FNCE	presente	ROSA	NEGATIVO	NEGATIVO	BRANCA	SEM FRANJAS	NEGATIVO	***	<i>C. parapsilosis</i>
E22	EFS	presente	VERDE	POSITIVO	POSITIVO	BRANCA	SEM FRANJAS	POSITIVO	***	<i>C. albicans</i>
E23	JD	presente	VERDE	NEGATIVO	POSITIVO	BRANCA	SEM FRANJAS	POSITIVO	***	<i>C. albicans</i>
E27	RKKM	presente	VERDE	POSITIVO	POSITIVO	BRANCA	SEM FRANJAS	NEGATIVO		<i>C. albicans</i>
E38	ECTS	presente	ROXO	NEGATIVO	NEGATIVO	BRANCA	SEM FRANJAS	NEGATIVO	***	<i>Saccharomyces cerevisiae</i>
E39	MFC	presente	ROXO	NEGATIVO	NEGATIVO	BRANCA	SEM FRANJAS	NEGATIVO	***	<i>C. guilliermondii</i>
E40	EKTS	presente	VERDE	POSITIVO	POSITIVO	BRANCA	SEM FRANJAS	NEGATIVO		<i>C. albicans</i>
E42	FASB	presente	VERDE	POSITIVO	POSITIVO	BRANCA	SEM FRANJAS	NEGATIVO		<i>C. albicans</i>
E46	JVAA	presente	VERDE	POSITIVO	POSITIVO	BRANCA	SEM FRANJAS	NEGATIVO		<i>C. albicans</i>
E48	JP	presente	VERDE	POSITIVO	POSITIVO	BRANCA	SEM FRANJAS	NEGATIVO		<i>C. albicans</i>

Legenda: G1- Pacientes FC (score SK entre 100-71), G2- Pacientes FC (score $\leq$ 71), G3- Controle sistemicamente saudáveis

***: Amostras enviadas para realização de identificação molecular.

Fonte: Elaborado pelo autor.

APENDICE B - TERMO DE CONSENTIMENTO LIVRE E ESCLARECIDO

Por esse instrumento particular declaro, para os devidos fins éticos e legais, que eu, (nome) _____, (nacionalidade) _____, portador do RG nº _____, residente à _____, na cidade de _____, Estado de _____, responsável por _____ (portador de Fibrose Cística), autorizo a participação voluntária do mesmo na pesquisa “EFEITOS DA FIBROSE CÍSTICA NA CAVIDADE BUCAL DE PACIENTES PEDIÁTRICOS” e declaro que tomei ciência e que fui esclarecido de maneira a não restarem quaisquer dúvidas sobre a minha participação no estudo, de acordo com os termos abaixo relacionados:

Fui esclarecido que a referida pesquisa tem por objetivo estudar os efeitos da Fibrose Cística na cavidade bucal de pacientes pediátricos. Para isso, o participante da pesquisa passará por um exame clínico odontológico de rotina e também será submetido à coleta de: (1) saliva através de um aparelho que irá sugar a boca, assim, para estimular a produção de saliva, o participante irá mascar um pedaço de filme plástico de 5x5 cm durante 5 minutos e; (2) biofilme dentário supra gengival (“massa” que fica grudada no dente que é composta de restos de alimentos e bactérias que colonizam a boca) serão coletadas das todas as superfícies lisas vestibular (parte lisa da coroa do dente) dos primeiros molares permanentes (dentes do fundo), pelo menos uma hora depois da refeição. Permito que sejam feitas essas coletas para o desenvolvimento da pesquisa. Sei que o participante não sofrerá por passar pelo exame clínico nem pelas coletas, uma vez que o exame clínico e as coletas são indolores (“não causam dor”), causam um pouco de desconforto e não causam nenhum risco à saúde do mesmo pois serão utilizados materiais descartável (“materiais que serão descartados após o uso”) e estéreis (“não tem nenhum tipo de microrganismo, sendo absolutamente limpos”). A mãe e/ou responsável também irá preencher um questionário com perguntas sobre hábitos dietéticos, de higiene bucal e geral da criança.

Fui esclarecido que as amostras obtidas das coletas serão congeladas e posteriormente estudadas em laboratório, e que a realização da pesquisa não implica em riscos para o participante, pois serão utilizados materiais descartáveis e instrumentais estéreis.

Estou ciente que além de estar realizando este exame clínico odontológico e recebendo orientação de correta escovação dental que são importantes para a minha saúde bucal e geral, estarei também contribuindo espontaneamente para a realização de uma pesquisa que trará informações para melhor compreensão do efeito da Fibrose Cística na cavidade bucal de pacientes pediátricos resultando em benefícios para a esta população de uma forma geral.

Estou ciente que possuo plena liberdade para desistir da referida pesquisa, retirando o meu consentimento a qualquer momento, sem sofrer nenhuma penalização.

Estou ciente que os dados e resultados obtidos na pesquisa serão utilizados para fins didáticos e de divulgação em revistas científicas brasileiras ou estrangeiras, porém, será mantido a todo instante o sigilo da identidade do voluntário, assegurando a sua privacidade.

Estou ciente que a participação na pesquisa será voluntária e não será oferecido nenhum tipo de remuneração.

Desta forma, uma vez tendo lido e entendido tais esclarecimentos, dato e assino esse termo de consentimento, por estar de pleno acordo com o teor do mesmo.

São José dos Campos, _____ de _____ de 20__.

Telefone do Pesquisador
Responsável
(12) 3947-9303

Assinatura do Responsável

Pesquisadora Responsável: Profa. Dra. Cristiane Yumi Koga-Ito

APÊNDICE C - TERMO DE ASSENTIMENTO ESCLARECIDO

Declaro, para os devidos fins éticos e legais, que eu, (nome) _____, (nacionalidade) _____, residente à _____, na cidade de _____, Estado de _____, autorizo a minha participação voluntária (“ninguém me forçou a participar”) na pesquisa “EFEITOS DA FIBROSE CÍSTICA NA CAVIDADE BUCAL DE PACIENTES PEDIÁTRICOS” e declaro que tomei ciência e que fui esclarecido de maneira a não restarem quaisquer dúvidas sobre a minha participação no estudo, de acordo com os termos abaixo relacionados:

Fui esclarecido que a referida pesquisa tem por objetivo estudar os efeitos da Fibrose Cística na cavidade bucal (“o que acontece dentro da minha boca e com os meus dentes”) de pacientes pediátricos (“criança”). Para isso, eu irei passar por um exame clínico odontológico de rotina (“ver quantos dentes eu tenho e se estou escovando direito”) e também serei submetido à coleta de: (1) saliva através de um aparelho que irá sugar a saliva que tem na minha boca, assim, para estimular a produção de saliva, irei mascar um pedaço de filme plástico de 5x5 cm durante 5 minutos e; (2) biofilme dentário supra gengival (“massa” que fica grudada no dente que é composta de restos de alimentos e bactérias que colonizam a boca) serão coletadas das todas as superfícies lisas vestibular (parte lisa da coroa do dente) dos primeiros molares permanentes (dentes do fundo), pelo menos uma hora depois da refeição. Permito que sejam feitas essas coletas para o desenvolvimento da pesquisa. Sei que o participante não sofrerá por passar pelo exame clínico nem pelas coletas, uma vez que o exame clínico e as coletas são indolores (“não causam dor”), causam um pouco de desconforto e não causam nenhum risco à saúde do mesmo pois serão utilizados materiais descartável (“materiais que serão descartados após o uso”) e estéreis (“não tem nenhum tipo de microrganismo, sendo absolutamente limpos”).

Fui esclarecido que as amostras obtidas das coletas serão congeladas e posteriormente estudadas em laboratório, e que a realização da pesquisa não implica em riscos, pois serão utilizados materiais descartáveis (materiais que serão jogados no lixo depois de serem utilizados na minha consulta”) e instrumentais estéreis (“instrumentos limpos e livres de bactérias”).

Estou ciente que além de estar realizando este exame clínico odontológico, eu irei também receber orientação de correta escovação dental (“a dentista vai ensinar como devo escovar meus dentes”) que são importantes para a minha saúde bucal e geral, estarei também ajudando espontaneamente para a realização de uma pesquisa que trará informações para eu entender o efeito da Fibrose Cística na cavidade bucal (“o que acontece dentro da minha boca e com os meus dentes”) resultando em benéficos (“melhoria”) para a esta população de uma forma geral.

Estou ciente que posso desistir de participar a hora que eu quiser, retirando o meu assentimento, sem sofrer nenhuma penalização (“castigo”).

Estou ciente que os dados e resultados obtidos na pesquisa serão utilizados para fins didáticos e de divulgação em revistas científicas brasileiras ou estrangeiras, porém, será mantido a todo instante o sigilo da identidade do voluntário, assegurando a sua privacidade (“as pessoas não vão saber que eu participei da pesquisa”).

Estou ciente que a participação na pesquisa será voluntária (“ninguém está me forçando a participar”) e não será oferecido nenhum tipo de remuneração (“não vou receber nenhum dinheiro para participar”).

Desta forma, uma vez tendo lido e entendido tais esclarecimentos, dato e assino esse termo de assentimento, por estar de pleno acordo com o que está escrito.

São José dos Campos, _____ de _____ de 20__.

Telefone do Pesquisador Responsável
(12) 3947-9303

Assinatura do Participante

Telefone do Comitê de Ética em Pesquisa – ICT/SJC-UNESP (12) 3947-9033

Pesquisadora Responsável: Profa. Dra. Cristiane Yumi Koga-Ito

ANEXO A – PARECER CONSUBSTANCIADO DO CEP

INSTITUTO DE CIÊNCIA E
TECNOLOGIA CAMPUS SÃO
JOSÉ DOS CAMPOS - UNESP



PARECER CONSUBSTANCIADO DO CEP

DADOS DO PROJETO DE PESQUISA

Título da Pesquisa: EFEITOS DA FIBROSE CÍSTICA NA CAVIDADE BUCAL DE PACIENTES

Pesquisador: CRISTIANE YUMI KOGA ITO

Área Temática:

Versão: 2

CAAE: 47325215.6.1001.0077

Instituição Proponente: Instituto de Ciência e Tecnologia de São José dos Campos - UNESP

Patrocinador Principal: Financiamento Próprio

DADOS DO PARECER

Número do Parecer: 1.282.765

Apresentação do Projeto:

Este estudo visa elucidar a relação entre micro-organismos, fatores imunológicos, proteoma salivar, e condições da cavidade bucal de pacientes portadores de Fibrose Cística.

Objetivo da Pesquisa:

Este projeto está dividido em 2 subprojetos.

Subprojeto 1.

Objetivos específicos:

- Avaliar a presença de micro-organismos potencialmente superinfecantes na cavidade bucal de pacientes pediátricos com Fibrose Cística (FC);
- Avaliar a associação entre o risco de desenvolvimento de cárie, presença de bactérias cariogênicas e fatores imunológicos e microbiológicos inerentes à saliva de pacientes pediátricos com Fibrose Cística (FC) ou não, em relação aos controles;
- Avaliar o proteoma salivar em pacientes pediátricos com Fibrose Cística (FC) ou não, em relação aos controles.

Subprojeto 2. Objetivos específicos:

- Comparar a microbiota bacteriana total em crianças com FC e controles pareados.

Endereço: Av. Engº Francisco José Longo 777
 Bairro: Jardim São Dimas CEP: 12.245-000
 UF: SP Município: SÃO JOSÉ DOS CAMPOS
 Telefone: (12)3947-9078 Fax: (12)3947-9010 E-mail: cep@fojic.unesp.br

INSTITUTO DE CIÊNCIA E
TECNOLOGIA CAMPUS SÃO
JOSE DOS CAMPOS - UNESP



Continuação do Parecer: 1.202.705

Avaliação dos Riscos e Benefícios:

O Pesquisador informou os riscos aos participantes, conforme solicitado.

Comentários e Considerações sobre a Pesquisa:

O Pesquisador apresentou o Anexo 01, conforme solicitado.

O Título do trabalho foi adequado com a carta de colaboração da UNIFESP.

Considerações sobre os Termos de apresentação obrigatória:

Os termos foram alterados, conforme solicitado.

Recomendações:

Todas as solicitações pendentes anteriormente, foram atendidas. Deverá a pesquisadora atentar para o envio de relatórios parciais e finais, quando for caso, baseado em seu cronograma, para não incorrer em suspensão de análise de novas submissões.

Conclusões ou Pendências e Lista de Inadequações:

N/D

Considerações Finais a critério do CEP:

O Colegiado acata o parecer do relator.

Este parecer foi elaborado baseado nos documentos abaixo relacionados:

Tipo Documento	Arquivo	Postagem	Autor	Situação
Informações Básicas do Projeto	PB_INFORMAÇÕES_BÁSICAS_DO_PROJETO_546517.pdf	11/09/2015 17:09:37		Acelto
Outros	Anexo_1_CONEP_Fibrose_Cística.pdf	11/09/2015 17:09:06	CRISTIANE YUMI KOGA ITO	Acelto
TCLE / Termos de Assentimento / Justificativa de Ausência	Anexo_ASSENTIMENTO_Fibrose_Cística_corrigido.pdf	11/09/2015 17:08:39	CRISTIANE YUMI KOGA ITO	Acelto
TCLE / Termos de Assentimento / Justificativa de Ausência	Anexo_TCLES_CONEP_Fibrose_Cística_corrigido.pdf	11/09/2015 17:08:25	CRISTIANE YUMI KOGA ITO	Acelto
Projeto Detalhado / Brochura Investigador	Fibrose_cística_Projeto_corrigido.pdf	11/09/2015 17:08:07	CRISTIANE YUMI KOGA ITO	Acelto
Outros	Carta_a_CONEP_Reconsideracao.pdf	11/09/2015 17:03:45	CRISTIANE YUMI KOGA ITO	Acelto
Outros	CV_MarciaTanaka.pdf	22/08/2015	CRISTIANE YUMI	Acelto

Endereço: Av. Eng^o Francisco José Longo 777
Bairro: Jardim São Dimes CEP: 12.245-000
UF: SP Município: SÃO JOSE DOS CAMPOS
Telefone: (12)3947-0078 Fax: (12)3947-0010 E-mail: cep@focjc.unesp.br

**INSTITUTO DE CIÊNCIA E
TECNOLOGIA CAMPUS SÃO
JOSE DOS CAMPOS - UNESP**



Continuação do Parecer: 1.202.785

Outros	CV_MarciaTanaka.pdf	12/06/25	KOGA ITO	Acelto
Declaração de Instituição e Infraestrutura	Carta colaboração Profa Sonia Unifesp_Atualizada.pdf	12/07/2015 15:00:43		Acelto
Projeto Detalhado / Brochura Investigador	Projeto Fibrose Clínica CONEP.pdf	12/07/2015 14:59:58		Acelto
Outros	Anexo ASSENTIMENTO Fibrose Clínica.pdf	12/07/2015 14:59:17		Acelto
TCLE / Termos de Assentimento / Justificativa de Ausência	Anexo TCLES CONEP Fibrose Clínica.pdf	12/07/2015 14:58:42		Acelto
Folha de Rosto	folha de rosto_fibrose clínica.pdf	12/07/2015 14:22:29		Acelto

Situação do Parecer:

Aprovado

Necessita Apreciação da CONEP:

Não

SAO JOSE DOS CAMPOS, 15 de Outubro de 2015

Assinado por:
Denise Nicodemo
(Coordenador)

Endereço: Av. Engº Francisco José Longo 777
Bairro: Jardim São Dimas CEP: 12.245-000
UF: SP Município: SAO JOSE DOS CAMPOS
Telefone: (12)3947-9078 Fax: (12)3947-9010 E-mail: cep@focjc.unesp.br

ANEXO B –Ficha Clínica**CÓD.** _____**EXAME CLÍNICO – SAÚDE BUCAL**

Data: ____/____/____

nº prontuário: _____

Nome: _____

Data nasc.: ____/____/____ Sexo: () F () M

idade: _____

SK: _____

EXAME CLÍNICO

Lesões bucais presentes: () sim () não

localização: _____

ceo-d/CPO-D: _____

Código - coroa	Condição
0	HÍGIDO
1	CARIADO
2	RESTAURADO MAS COM CÁRIE
3	RESTAURADO E SEM CÁRIE
4	PERDIDO DEVIDO À CÁRIE
5	PERDIDO POR OUTRAS RAZÕES
6	APRESENTA SELANTE
7	APOIO DE PONTE OU COROA
8	NÃO ERUPCIONADO – RAIZ NÃO EXPOSTA
T	TRAUMA (FRATURA)
9	DENTE EXCLUÍDO

ANEXO C – Questionário de Saúde Bucal Infantil - Percepção dos pais

CÓD.

Instruções aos pais:

1. Esse questionário é sobre os efeitos das condições bucais no bem-estar e vida diária das crianças e desses efeitos sobre suas famílias. Nós estamos interessados em qualquer condição que envolva dentes, lábios, boca e maxilares. Por favor, responda cada questão.
2. Para responder a questão, favor colocar um X na caixa próxima à resposta.
3. Por favor, dê a resposta que melhor descrever a experiência de seu filho(a). Se a questão não estiver de acordo com seu filho(a), favor responder “Nunca”.
4. Por favor, não discuta as questões com seu filho(a), pois estamos apenas interessados na opinião dos pais nesse questionário.

1. Grau de instrução do responsável:

- | | |
|--|--|
| A. ☐ sem instrução | B. ☐ primeiro grau completo |
| C. ☐ primeiro grau incompleto | D. ☐ segundo grau completo |
| E. ☐ segundo grau incompleto | F. ☐ superior |

2. Renda familiar

- ☐ menos de R\$700,00 ☐ até R\$1.500,00 ☐ até R\$3.500,00 ☐ mais de R\$ 3.500,00

SEÇÃO 1 - Saúde Bucal e bem-estar da criança**3. Como você classificaria a saúde dos dentes, lábios, maxilares e boca de seu filho(a)?**

- ☐ Excelente ☐ Muito boa ☐ Boa ☐ Regular ☐ Ruim

4. Quanto o bem-estar geral de seu filho(a) é afetado pela condição de seus dentes, lábios, maxilares ou boca?

- ☐ Nem um pouco ☐ Só um pouquinho ☐ Mais ou menos ☐ Muito ☐ MUITÍSSIMO

SEÇÃO 2 - As questões a seguir são sobre sintomas e desconfortos que as crianças podem sentir devido às condições de seus dentes, lábios, boca e maxilares**5. Seu filho(a) teve dor nos dentes, lábios, maxilares ou boca?**

- | | | |
|---------------------------------------|---|--|
| ☐ Nunca | ☐ Uma ou duas vezes | ☐ Algumas vezes |
| ☐ Várias vezes | ☐ Todos os dias ou quase todos os dias | ☐ Não sei |

6. Seu filho(a) teve sangramentos na gengiva?

- | | | |
|---------------------------------------|---|--|
| ☐ Nunca | ☐ Uma ou duas vezes | ☐ Algumas vezes |
| ☐ Várias vezes | ☐ Todos os dias ou quase todos os dias | ☐ Não sei |

7. Seu filho(a) teve machucados na boca?

- | | | |
|---------------------------------------|---|--|
| ☐ Nunca | ☐ Uma ou duas vezes | ☐ Algumas vezes |
| ☐ Várias vezes | ☐ Todos os dias ou quase todos os dias | ☐ Não sei |

8. Seu filho(a) teve mau hálito?

- | | | |
|---------------------------------------|---|--|
| ☐ Nunca | ☐ Uma ou duas vezes | ☐ Algumas vezes |
| ☐ Várias vezes | ☐ Todos os dias ou quase todos os dias | ☐ Não sei |

9. Comida presa no céu da boca?

- [] Nunca [] Uma ou duas vezes [] Algumas vezes
 [] Várias vezes [] Todos os dias ou quase todos os dias [] Não sei

10. Seu filho(a) teve alimento preso dentro ou entre os dentes?

- [] Nunca [] Uma ou duas vezes [] Algumas vezes
 [] Várias vezes [] Todos os dias ou quase todos os dias [] Não sei

11. Seu filho(a) teve dificuldade de morder ou mastigar comidas como maçã, espiga de milho ou carne dura?

- [] Nunca [] Uma ou duas vezes [] Algumas vezes
 [] Várias vezes [] Todos os dias ou quase todos os dias [] Não sei

Durante os últimos 3 meses, devido aos dentes, lábios, boca ou maxilares, com que frequência:

12. Seu filho(a) respirou pela boca?

- [] Nunca [] Uma ou duas vezes [] Algumas vezes
 [] Várias vezes [] Todos os dias ou quase todos os dias [] Não sei

13. Seu filho(a) teve problemas durante o sono?

- [] Nunca [] Uma ou duas vezes [] Algumas vezes
 [] Várias vezes [] Todos os dias ou quase todos os dias [] Não sei

14. Seu filho(a) teve dificuldade para dizer alguma palavra?

- [] Nunca [] Uma ou duas vezes [] Algumas vezes
 [] Várias vezes [] Todos os dias ou quase todos os dias [] Não sei

15. Seu filho(a) demorou mais que os outros para comer uma refeição?

- [] Nunca [] Uma ou duas vezes [] Algumas vezes
 [] Várias vezes [] Todos os dias ou quase todos os dias [] Não sei

16. Seu filho(a) teve dificuldade para beber ou comer alimentos quentes ou frios?

- [] Nunca [] Uma ou duas vezes [] Algumas vezes
 [] Várias vezes [] Todos os dias ou quase todos os dias [] Não sei

17. Seu filho(a) teve dificuldade para comer alimentos de que ele/ela gostaria?

- [] Nunca [] Uma ou duas vezes [] Algumas vezes
 [] Várias vezes [] Todos os dias ou quase todos os dias [] Não sei

18. Seu filho(a) teve uma dieta restrita a certos tipos de alimentos (ex. alimentos moles)?

- [] Nunca [] Uma ou duas vezes [] Algumas vezes
 [] Várias vezes [] Todos os dias ou quase todos os dias [] Não sei

SEÇÃO 3 - As questões a seguir perguntam sobre os efeitos que a condição dos dentes, lábios, boca e maxilares de seu filho(a) podem ter no sentimento e nas atividades diárias deles.

Durante os últimos 3 meses, devido aos dentes, lábios, boca ou maxilares, com que frequência:

19. Seu filho(a) se sente perturbado(a)?

- [] Nunca [] Uma ou duas vezes [] Algumas vezes
 [] Várias vezes [] Todos os dias ou quase todos os dias [] Não sei

20. Seu filho(a) se sente irritado(a) ou frustrado(a)?

- [] Nunca [] Uma ou duas vezes [] Algumas vezes
 [] Várias vezes [] Todos os dias ou quase todos os dias [] Não sei

21. Seu filho(a) se sente ansioso ou com medo?

- [] Nunca [] Uma ou duas vezes [] Algumas vezes
 [] Várias vezes [] Todos os dias ou quase todos os dias [] Não sei

Durante os últimos 3 meses, devido aos dentes, lábios, boca ou maxilares, com que frequência:

22. Seu filho(a) faltou à escola (ex. dor, consultas, cirurgias)?

- [] Nunca [] Uma ou duas vezes [] Algumas vezes
 [] Várias vezes [] Todos os dias ou quase todos os dias [] Não sei

23. Seu filho(a) teve dificuldade para prestar atenção na escola?

- [] Nunca [] Uma ou duas vezes [] Algumas vezes
 [] Várias vezes [] Todos os dias ou quase todos os dias [] Não sei

24. Seu filho(a) não quis falar ou ler em voz alta na classe?

- [] Nunca [] Uma ou duas vezes [] Algumas vezes
 [] Várias vezes [] Todos os dias ou quase todos os dias [] Não sei

25. Seu filho(a) não quis falar com outras crianças?

- [] Nunca [] Uma ou duas vezes [] Algumas vezes
 [] Várias vezes [] Todos os dias ou quase todos os dias [] Não sei

26. Seu filho(a) evitou sorrir ou rir quando estava perto de outras crianças?

- [] Nunca [] Uma ou duas vezes [] Algumas vezes
 [] Várias vezes [] Todos os dias ou quase todos os dias [] Não sei

Durante os últimos 3 meses, devido aos dentes, lábios, boca ou maxilares, com que frequência:

27. Seu filho(a) se preocupou que ele/ela não é tão saudável quanto outras pessoas? [

- [] Nunca [] Uma ou duas vezes [] Algumas
 vezes [] Várias vezes [] Todos os
 dias ou quase todos os dias [] Não sei

28. Seu filho(a) se preocupou que ele/ela é diferente das outras pessoas?

- [] Nunca [] Uma ou duas vezes [] Algumas vezes
 [] Várias vezes [] Todos os dias ou quase todos os dias [] Não sei

29. Seu filho(a) se preocupou que ele/ela não é tão bonito(a) quanto outras pessoas?

- [] Nunca [] Uma ou duas vezes [] Algumas vezes
 [] Várias vezes [] Todos os dias ou quase todos os dias [] Não sei

30. Seu filho (a) agiu timidamente ou com vergonha?

- [] Nunca [] Uma ou duas vezes [] Algumas vezes
 [] Várias vezes [] Todos os dias ou quase todos os dias [] Não sei

31. Seu filho(a) foi provocado(a) ou apelidado(a) por outras crianças?

- [] Nunca [] Uma ou duas vezes [] Algumas vezes
 [] Várias vezes [] Todos os dias ou quase todos os dias [] Não sei

32. Seu filho(a) foi excluído(a) por outras crianças?

- [] Nunca [] Uma ou duas vezes [] Algumas vezes
 [] Várias vezes [] Todos os dias ou quase todos os dias [] Não sei

33. Seu filho(a) não quis ou não conseguiu passar um tempo com outras crianças?

- [] Nunca [] Uma ou duas vezes [] Algumas vezes
 [] Várias vezes [] Todos os dias ou quase todos os dias [] Não sei

34. Seu filho(a) não quis ou não conseguiu participar de atividades como esporte, grupos de atividades, teatro, musica, viagens de escola?

- [] Nunca [] Uma ou duas vezes [] Algumas vezes
 [] Várias vezes [] Todos os dias ou quase todos os dias [] Não sei

35. Seu filho(a) se preocupou que ele/ela tem menos amigos?

- [] Nunca [] Uma ou duas vezes [] Algumas vezes
 [] Várias vezes [] Todos os dias ou quase todos os dias [] Não sei

Durante os últimos 3 meses, com que frequência:

36. Seu filho(a) se sentiu preocupado(a) com o que outras pessoas pensam sobre os dentes, lábios, boca ou maxilares?

- [] Nunca [] Uma ou duas vezes [] Algumas vezes
 [] Várias vezes [] Todos os dias ou quase todos os dias [] Não sei

37. Seu filho(a) foi questionado por outras crianças sobre os dentes, lábios, boca ou maxilares?

- [] Nunca [] Uma ou duas vezes [] Algumas vezes
 [] Várias vezes [] Todos os dias ou quase todos os dias [] Não sei

SEÇÃO 4 - As questões seguintes perguntam sobre efeitos que a condição bucal de seu filho(a) pode ter nos pais ou outros membros familiares

38. Você ou outro membro da família se sentiu perturbado?

- [] Nunca [] Uma ou duas vezes [] Algumas vezes
 [] Várias vezes [] Todos os dias ou quase todos os dias [] Não sei

39. Você ou outro membro da família teve o sono interrompido?

- [] Nunca [] Uma ou duas vezes [] Algumas vezes
 [] Várias vezes [] Todos os dias ou quase todos os dias [] Não sei

40. Você ou outro membro da família se sentiu culpado?

- [] Nunca [] Uma ou duas vezes [] Algumas vezes
 [] Várias vezes [] Todos os dias ou quase todos os dias [] Não sei

41. Você ou outro membro da família precisou de dispensa do trabalho (ex. dor, consultas, cirurgia)?

- [] Nunca [] Uma ou duas vezes [] Algumas vezes
 vezes [] Várias vezes [] Todos os dias ou quase todos os dias [] Não sei

42. Você ou outro membro da família teve menos tempo para si mesmo ou para família?

- [] Nunca [] Uma ou duas vezes [] Algumas vezes
 vezes [] Várias vezes [] Todos os dias ou quase todos os dias [] Não sei

43. Você ou outro membro da família se preocupou que seu filho(a) terá menos oportunidades na vida (ex. para namorar, casar, ter filhos, arrumar emprego)?

- [] Nunca [] Uma ou duas vezes [] Algumas vezes
 [] Várias vezes [] Todos os dias ou quase todos os dias [] Não sei

44. Você ou outro membro da família se sentiu desconfortável em lugares públicos (ex. lojas, restaurantes) com seu filho(a)?

- [] Nunca [] Uma ou duas vezes [] Algumas vezes
 vezes [] Várias vezes [] Todos os dias ou quase todos os dias [] Não sei

Durante os últimos 3 meses, devido aos dentes, lábio, boca ou maxilares, com que frequência:

45. Seu filho(a) ficou com ciúmes de você ou de outros membros da família?

- | | | |
|---------------------------------------|---|--|
| ☐ Nunca | ☐ Uma ou duas vezes | ☐ Algumas vezes |
| ☐ Várias vezes | ☐ Todos os dias ou quase todos os dias | ☐ Não sei |

46. Seu filho(a) culpou você ou outra pessoa da família?

- | | | |
|---------------------------------------|---|--|
| ☐ Nunca | ☐ Uma ou duas vezes | ☐ Algumas vezes |
| ☐ Várias vezes | ☐ Todos os dias ou quase todos os dias | ☐ Não sei |

47. Seu filho(a) discutiu com você ou outros da família?

- | | | |
|---------------------------------------|---|--|
| ☐ Nunca | ☐ Uma ou duas vezes | ☐ Algumas vezes |
| ☐ Várias vezes | ☐ Todos os dias ou quase todos os dias | ☐ Não sei |

48. Seu filho(a) pediu mais sua atenção ou de outros da família?

- | | | |
|---------------------------------------|---|--|
| ☐ Nunca | ☐ Uma ou duas vezes | ☐ Algumas vezes |
| ☐ Várias vezes | ☐ Todos os dias ou quase todos os dias | ☐ Não sei |

Durante os últimos 3 meses, com que frequência a condição dos dentes, lábios, boca ou maxilares de seu filho(a):

49. Interferiu nas atividades da família em casa ou em outro lugar?

- | | | |
|---------------------------------------|---|--|
| ☐ Nunca | ☐ Uma ou duas vezes | ☐ Algumas vezes |
| ☐ Várias vezes | ☐ Todos os dias ou quase todos os dias | ☐ Não sei |

50. Causou discordância ou conflito na sua família?

- | | | |
|---------------------------------------|---|--|
| ☐ Nunca | ☐ Uma ou duas vezes | ☐ Algumas vezes |
| ☐ Várias vezes | ☐ Todos os dias ou quase todos os dias | ☐ Não sei |

51. Causou dificuldades financeiras para sua família?

- | | | |
|---------------------------------------|---|--|
| ☐ Nunca | ☐ Uma ou duas vezes | ☐ Algumas vezes |
| ☐ Várias vezes | ☐ Todos os dias ou quase todos os dias | ☐ Não sei |

Muito obrigada pela participação!

ANEXO D – Dados obtidos na avaliação do microboma oral por *HOMINGS* da saliva de todos os grupos estudados.

Microrganismos alvos identificados por *HOMINGS* nos grupos G1, G2 e G3:

Grupo G1	Grupo G2	Grupo G3
Abiotrophia_defectiva	Abiotrophia_defectiva	Abiotrophia_defectiva
Actinobaculum_sp_HOT_183	Acinetobacter_baumannii	Actinobaculum_sp_HOT_183
Actinobaculum_sp_HOT_848	Actinobaculum_sp_HOT_183	Actinobaculum_sp_HOT_848
Actinomyces_georgiae	Actinomyces_gerencseriae	Actinomyces_cardiffensis
Actinomyces_gerencseriae	Actinomyces_graevenitzii	Actinomyces_gerencseriae
Actinomyces_graevenitzii	Actinomyces_johnsonii	Actinomyces_graevenitzii
Actinomyces_israelii	Actinomyces_lingnae	Actinomyces_israelii
Actinomyces_johnsonii	Actinomyces_massiliensis	Actinomyces_johnsonii
Actinomyces_lingnae	Actinomyces_meyeri	Actinomyces_lingnae
Actinomyces_massiliensis	Actinomyces_naeslundii	Actinomyces_massiliensis
Actinomyces_meyeri	Actinomyces_odontolyticus	Actinomyces_meyeri
Actinomyces_naeslundii	Actinomyces_oris	Actinomyces_naeslundii
Actinomyces_odontolyticus	Actinomyces_sp_HOT_172	Actinomyces_odontolyticus
Actinomyces_oris	Actinomyces_sp_HOT_175	Actinomyces_oricola
Actinomyces_radicidentis	Actinomyces_timonensis	Actinomyces_oris
Actinomyces_sp_HOT_170	Actinomyces_viscosus	Actinomyces_radicidentis
Actinomyces_sp_HOT_171	Alloprevotella_rava	Actinomyces_sp_HOT_170
Actinomyces_sp_HOT_172	Alloprevotella_sp_HOT_308	Actinomyces_sp_HOT_171
Actinomyces_sp_HOT_178	Alloprevotella_sp_HOT_473	Actinomyces_sp_HOT_172
Actinomyces_sp_HOT_448	Alloprevotella_sp_HOT_912	Actinomyces_sp_HOT_175
Actinomyces_sp_HOT_525	Alloprevotella_sp_HOT_914	Actinomyces_sp_HOT_178
Actinomyces_sp_HOT_877	Alloprevotella_tanneriae	Actinomyces_sp_HOT_414
Actinomyces_sp_HOT_897	Alloscardovia_omnicolens	Actinomyces_sp_HOT_448
Actinomyces_viscosus	Megasphaera_micronuciformis	Actinomyces_sp_HOT_877
Aggregatibacter_paraphrophilus	Atopobium_parvulum	Actinomyces_sp_HOT_896
Aggregatibacter_sp_HOT_513	Atopobium_rimae	Actinomyces_sp_HOT_897
Alloprevotella_rava	Bacteroidales[G-2]_sp_HOT_274	Actinomyces_timonensis
Alloprevotella_sp_HOT_308	Bergeyella_sp_HOT_322	Actinomyces_viscosus
Alloprevotella_sp_HOT_473	Bergeyella_sp_HOT_931	Aggregatibacter_paraphrophilus
Alloprevotella_sp_HOT_912	Bifidobacterium_longum	Aggregatibacter_sp_HOT_513
Alloprevotella_sp_HOT_914	Butyrivibrio_sp_HOT_455	Alloprevotella_rava
Alloprevotella_tanneriae	Campylobacter_gracilis	Alloprevotella_sp_HOT_308
Alloscardovia_omnicolens	Capnocytophaga_gingivalis	Alloprevotella_sp_HOT_473
Anaerococcus_lactolyticus	Capnocytophaga_granulosa	Alloprevotella_sp_HOT_912
Megasphaera_micronuciformis	Capnocytophaga_haemolytica	Alloprevotella_sp_HOT_914
Atopobium_parvulum	Capnocytophaga_leadbetteri	Alloprevotella_tanneriae
Atopobium_rimae	Capnocytophaga_ochracea	Alloscardovia_omnicolens
Atopobium_vaginae	Capnocytophaga_sp_HOT_326	Megasphaera_micronuciformis
Bacteroidales[G-2]_sp_HOT_274	Capnocytophaga_sputigena	Arcanobacterium_haemolyticum
Bacteroidetes[G-5]_sp_HOT_505	Cardiobacterium_hominis	Atopobium_parvulum
Bacteroidetes[G-5]_sp_HOT_511	Catonella_morbi	Atopobium_rimae
Bergeyella_sp_HOT_322	Centipeda_periodontii	Bacteroidales[G-2]_sp_HOT_274
Bergeyella_sp_HOT_900	Corynebacterium_durum	Bacteroidetes[G-3]_sp_HOT_365
Bergeyella_sp_HOT_907	Corynebacterium_matruchotii	Bacteroidetes[G-5]_sp_HOT_511
Bergeyella_sp_HOT_931	Cryptobacterium_curtum	Bergeyella_sp_HOT_322

Bifidobacterium_dentium	Dialister_invisus	Bergeyella_sp_HOT_900
Bifidobacterium_longum	Dialister_micraerophilus	Bergeyella_sp_HOT_907
Bulleidia_extracta	Eikenella_corrodens	Bifidobacterium_dentium
Butyrivibrio_sp_HOT_455	Finegoldia_magna	Bifidobacterium_longum
Campylobacter_conciscus	Fusobacterium_nucleatum_subsp_animalis	Bulleidia_extracta
Campylobacter_curvus	Fusobacterium_nucleatum_subsp_nucleatum	Butyrivibrio_sp_HOT_080
Campylobacter_gracilis	Fusobacterium_periodonticum	Butyrivibrio_sp_HOT_455
Campylobacter_sp_HOT_044	Fusobacterium_sp_HOT_205	Campylobacter_conciscus
Capnocytophaga_gingivalis	Gemella_haemolysans	Campylobacter_gracilis
Capnocytophaga_granulosa	Gemella_morbillorum	Campylobacter_sp_HOT_044
Capnocytophaga_haemolytica	Gemella_sanguinis	Capnocytophaga_gingivalis
Capnocytophaga_leadbetteri	Granulicatella_adiacens	Capnocytophaga_granulosa
Capnocytophaga_ochracea	Granulicatella_elegans	Capnocytophaga_haemolytica
Capnocytophaga_sp_HOT_326	Haemophilus_parainfluenzae	Capnocytophaga_leadbetteri
Capnocytophaga_sp_HOT_332	Haemophilus_pittmaniae	Capnocytophaga_ochracea
Capnocytophaga_sp_HOT_336	Johnsonella_ignava	Capnocytophaga_sp_HOT_326
Capnocytophaga_sp_HOT_338	Kingella_oralis	Capnocytophaga_sp_HOT_332
Capnocytophaga_sp_HOT_863	Kingella_sp_HOT_012	Capnocytophaga_sp_HOT_336
Capnocytophaga_sp_HOT_902	Lachnoanaerobaculum_orale	Capnocytophaga_sp_HOT_338
Capnocytophaga_sputigena	Lachnoanaerobaculum_saburreum	Capnocytophaga_sp_HOT_863
Cardiobacterium_hominis	Lachnoanaerobaculum_sp_HOT_083	Capnocytophaga_sp_HOT_864
Cardiobacterium_valvarum	Lachnoanaerobaculum_umeaense	Capnocytophaga_sp_HOT_902
Catonella_morbi	Lachnospiraceae[G-2]_sp_HOT_088	Capnocytophaga_sputigena
Centipeda_periodontii	Lachnospiraceae[G-2]_sp_HOT_096	Cardiobacterium_hominis
Corynebacterium_diphtheriae	Lachnospiraceae[G-3]_sp_HOT_100	Cardiobacterium_valvarum
Corynebacterium_durum	Lachnospiraceae[G-7]_sp_HOT_163	Catonella_morbi
Corynebacterium_matruchotii	Lactobacillus_fermentum	Catonella_sp_HOT_451
Cryptobacterium_curtum	Lactobacillus_iners	Centipeda_periodontii
Dialister_invisus	Lactobacillus_salivarius	Corynebacterium_durum
Dialister_micraerophilus	Lautropia_mirabilis	Corynebacterium_matruchotii
Dialister_pneumosintes	Leptotrichia_goodfellowii	Cryptobacterium_curtum
Eikenella_corrodens	Leptotrichia_hongkongensis	Dialister_invisus
Filifactor_alocis	Leptotrichia_shahii	Dialister_micraerophilus
Finegoldia_magna	Leptotrichia_sp_HOT_212	Dialister_pneumosintes
Fusobacterium_necrophorum	Leptotrichia_sp_HOT_215	Eikenella_corrodens
Fusobacterium_nucleatum_subsp_animalis	Leptotrichia_sp_HOT_218	Erysipelothrichaceae[G-1]_sp_HOT_904
Fusobacterium_nucleatum_subsp_nucleatum	Leptotrichia_sp_HOT_219	Erysipelothrichaceae[G-1]_sp_HOT_905
Fusobacterium_periodonticum	Leptotrichia_sp_HOT_221	Filifactor_alocis
Fusobacterium_sp_HOT_204	Leptotrichia_sp_HOT_223	Fretibacterium_fastidiosum
Fusobacterium_sp_HOT_205	Leptotrichia_sp_HOT_392	Fretibacterium_sp_HOT_360
Gemella_haemolysans	Leptotrichia_sp_HOT_417	Fusobacterium_nucleatum_subsp_animalis
Gemella_morbillorum	Leptotrichia_sp_HOT_879	Fusobacterium_nucleatum_subsp_nucleatum
Gemella_sanguinis	Leptotrichia_wadei	Fusobacterium_periodonticum
GN02[G-1]_sp_HOT_872	Mitsuokella_sp_HOT_131	Fusobacterium_sp_HOT_204
Granulicatella_adiacens	Mycoplasma_salivarium	Fusobacterium_sp_HOT_205
Granulicatella_elegans	Neisseria_bacilliformis	Gemella_haemolysans
Haemophilus_parainfluenzae	Neisseria_elongata	Gemella_morbillorum
Haemophilus_pittmaniae	Neisseria_flavescens	Gemella_sanguinis
Johnsonella_ignava	Neisseria_meningitidis	GN02[G-1]_sp_HOT_872
Kingella_oralis	Neisseria_sp_HOT_499	Granulicatella_adiacens
Kingella_sp_HOT_012	Neisseria_subflava	Granulicatella_elegans
Kingella_sp_HOT_459	Olsenella_sp_HOT_809	Haemophilus_parainfluenzae

Lachnoanaerobaculum_orale	Oribacterium_asaccharolyticum	Haemophilus_pittmaniae
Lachnoanaerobaculum_saburreum	Oribacterium_parvum	Johnsonella_ignava
Lachnoanaerobaculum_sp_HOT_083	Oribacterium_sinus	Kingella_oralis
Lachnoanaerobaculum_umeaense	Oribacterium_sp_HOT_078	Kingella_sp_HOT_012
Lachnospiraceae[G-2]_sp_HOT_096	Parvimonas_micra	Kingella_sp_HOT_459
Lachnospiraceae[G-3]_sp_HOT_100	Parvimonas_sp_HOT_110	Lachnoanaerobaculum_orale
Lachnospiraceae[G-7]_sp_HOT_086	Peptostreptococcaceae[XI][G-1][Eubacterium]_infirmum	Lachnoanaerobaculum_saburreum
Lachnospiraceae[G-8]_sp_HOT_500	Peptostreptococcaceae[XI][G-1][Eubacterium]_sulci	Lachnoanaerobaculum_sp_HOT_083
Lactobacillus_coleohominis	Peptostreptococcaceae[XI][G-2]_sp_HOT_091	Lachnoanaerobaculum_umeaense
Lactobacillus_fermentum	Peptostreptococcaceae[XI][G-7]_sp_HOT_081	Lachnospiraceae[G-2]_sp_HOT_088
Lactobacillus_salivarius	Peptostreptococcaceae[XI][G-7]_sp_HOT_922	Lachnospiraceae[G-2]_sp_HOT_096
Lautropia_mirabilis	Peptostreptococcaceae[XI][G-9][Eubacterium]_brachy	Lachnospiraceae[G-3]_sp_HOT_100
Leptotrichia_goodfellowii	Peptostreptococcus_stomatis	Lachnospiraceae[G-7]_sp_HOT_086
Leptotrichia_hongkongensis	Porphyromonas_catoniae	Lachnospiraceae[G-8]_sp_HOT_500
Leptotrichia_shahii	Porphyromonas_endodontalis	Lactobacillus_fermentum
Leptotrichia_sp_HOT_212	Porphyromonas_sp_HOT_275	Lautropia_mirabilis
Leptotrichia_sp_HOT_215	Porphyromonas_sp_HOT_277	Leptotrichia_goodfellowii
Leptotrichia_sp_HOT_218	Porphyromonas_pasteri	Leptotrichia_hongkongensis
Leptotrichia_sp_HOT_219	Porphyromonas_sp_HOT_284	Leptotrichia_shahii
Leptotrichia_sp_HOT_221	Porphyromonas_sp_HOT_930	Leptotrichia_sp_HOT_212
Leptotrichia_sp_HOT_223	Prevotella_buccae	Leptotrichia_sp_HOT_215
Leptotrichia_sp_HOT_392	Prevotella_denticola	Leptotrichia_sp_HOT_218
Leptotrichia_sp_HOT_417	Prevotella_histicola	Leptotrichia_sp_HOT_219
Leptotrichia_sp_HOT_498	Prevotella_intermedia	Leptotrichia_sp_HOT_221
Leptotrichia_sp_HOT_879	Prevotella_loeschei	Leptotrichia_sp_HOT_223
Leptotrichia_wadei	Prevotella_maculosa	Leptotrichia_sp_HOT_392
Mycoplasma_hominis	Prevotella_melaninogenica	Leptotrichia_sp_HOT_417
Mycoplasma_salivarium	Prevotella_micans	Leptotrichia_sp_HOT_463
Neisseria_bacilliformis	Prevotella_nanceiensis	Leptotrichia_sp_HOT_498
Neisseria_elongata	Prevotella_nigrescens	Leptotrichia_sp_HOT_879
Neisseria_flavescens	Prevotella_oris	Leptotrichia_wadei
Neisseria_meningitidis	Prevotella_oulorum	Megasphaera_sp_HOT_123
Neisseria_oralis	Prevotella_pallens	Mitsuokella_sp_HOT_521
Neisseria_pharyngis	Prevotella_pleuritidis	Mogibacterium_timidum
Neisseria_sp_HOT_018	Prevotella_salivae	Mycoplasma_orale
Neisseria_sp_HOT_499	Prevotella_scopos	Mycoplasma_salivarium
Neisseria_subflava	Prevotella_shahii	Neisseria_bacilliformis
Olsenella_sp_HOT_809	Prevotella_sp_HOT_300	Neisseria_elongata
Olsenella_uli	Prevotella_sp_HOT_305	Neisseria_flavescens
Oribacterium_asaccharolyticum	Prevotella_sp_HOT_309	Neisseria_lactamica
Oribacterium_parvum	Prevotella_sp_HOT_317	Neisseria_meningitidis
Oribacterium_sinus	Prevotella_sp_HOT_396	Neisseria_oralis
Oribacterium_sp_HOT_078	Prevotella_sp_HOT_443	Neisseria_pharyngis
Ottowia_sp_HOT_894	Prevotella_sp_HOT_472	Neisseria_sp_HOT_018
Parvimonas_micra	Prevotella_sp_HOT_475	Neisseria_sp_HOT_020
Parvimonas_sp_HOT_110	Prevotella_sp_HOT_942	Neisseria_sp_HOT_499
Peptococcus_sp_HOT_167	Prevotella_veroralis	Neisseria_subflava
Peptoniphilus_lacrimalis	Propionibacterium_sp_HOT_194	Olsenella_profusa
Peptostreptococcaceae[XI][G-1][Eubacterium]_infirmum	Pseudomonas_aeruginosa	Olsenella_sp_HOT_807
Peptostreptococcaceae[XI][G-1][Eubacterium]_sulci	Rothia_aeria	Olsenella_uli

Peptostreptococcaceae[XI][G-2]_sp_HOT_091	Rothia_dentocariosa	Oribacterium_asaccharolyticum
Peptostreptococcaceae[XI][G-7][Eubacterium]_yurii_subsp_schittka	Rothia_mucilaginoso	Oribacterium_parvum
Peptostreptococcaceae[XI][G-7]_sp_HOT_081	Ruminococcaceae[G-1]_sp_HOT_075	Oribacterium_sinus
Peptostreptococcaceae[XI][G-7]_sp_HOT_922	Ruminococcaceae[G-2]_sp_HOT_085	Oribacterium_sp_HOT_078
Peptostreptococcaceae[XI][G-9][Eubacterium]_brachy	Scardovia_wiggisiae	Parascardovia_denticolens
Peptostreptococcus_stomatis	Selenomonas_dianae	Parvimonas_micra
Porphyromonas_catoniae	Selenomonas_flueggei	Parvimonas_sp_HOT_110
Porphyromonas_endodontalis	Selenomonas_noxia	Peptococcus_sp_HOT_167
Porphyromonas_sp_HOT_275	Selenomonas_sp_HOT_136	Peptococcus_sp_HOT_168
Porphyromonas_sp_HOT_277	Selenomonas_sp_HOT_137	Peptostreptococcaceae[XI][G-1][Eubacterium]_infirmum
Porphyromonas_pasteri	Selenomonas_sp_HOT_149	Peptostreptococcaceae[XI][G-1][Eubacterium]_sulci
Porphyromonas_sp_HOT_284	Selenomonas_sp_HOT_478	Peptostreptococcaceae[XI][G-2]_sp_HOT_091
Porphyromonas_sp_HOT_930	Selenomonas_sputigena	Peptostreptococcaceae[XI][G-4]_sp_HOT_369
Porphyromonas_uenonis	Shuttleworthia_satelles	Peptostreptococcaceae[XI][G-6][Eubacterium]_nodatum
Prevotella_bivia	Slackia_exigua	Peptostreptococcaceae[XI][G-7][Eubacterium]_yurii_subsp_schittka
Prevotella_buccae	Solobacterium_moorei	Peptostreptococcaceae[XI][G-7][Eubacterium]_yurii_subsp_yurii_&_margaritiae
Prevotella_denticola	SR1[G-1]_sp_HOT_345	Peptostreptococcaceae[XI][G-7]_sp_HOT_081
Prevotella_histicola	SR1[G-1]_sp_HOT_874	Peptostreptococcaceae[XI][G-7]_sp_HOT_922
Prevotella_intermedia	Stomatobaculum_longum	Peptostreptococcaceae[XI][G-9][Eubacterium]_brachy
Prevotella_loescheii	Stomatobaculum_sp_HOT_097	Peptostreptococcus_stomatis
Prevotella_maculosa	Stomatobaculum_sp_HOT_910	Porphyromonas_catoniae
Prevotella_melaninogenica	Streptococcus_anginosus	Porphyromonas_endodontalis
Prevotella_micans	Streptococcus_constellatus	Porphyromonas_sp_HOT_275
Prevotella_multiformis	Streptococcus_intermedius	Porphyromonas_sp_HOT_277
Prevotella_nanceiensis	Streptococcus_mutans	Porphyromonas_pasteri
Prevotella_nigrescens	Streptococcus_pyogenes	Porphyromonas_sp_HOT_284
Prevotella_oris	Streptococcus_sanguinis	Porphyromonas_sp_HOT_930
Prevotella_oulorum	Tannerella_sp_HOT_286	Prevotella_aurantiaca
Prevotella_pallens	Tannerella_sp_HOT_808	Prevotella_baroniae
Prevotella_pleuritidis	TM7[G-1]_sp_HOT_347	Prevotella_denticola
Prevotella_saccharolytica	TM7[G-1]_sp_HOT_348	Prevotella_enoeca
Prevotella_salivae	TM7[G-1]_sp_HOT_349	Prevotella_histicola
Prevotella_scopos	TM7[G-1]_sp_HOT_352	Prevotella_intermedia
Prevotella_shahii	TM7[G-1]_sp_HOT_952	Prevotella_loescheii
Prevotella_sp_HOT_300	TM7[G-3]_sp_HOT_351	Prevotella_maculosa
Prevotella_sp_HOT_305	TM7[G-5]_sp_HOT_356	Prevotella_melaninogenica
Prevotella_sp_HOT_309	TM7[G-6]_sp_HOT_870	Prevotella_micans
Prevotella_sp_HOT_315	Treponema_maltophilum	Prevotella_nanceiensis
Prevotella_sp_HOT_317	Treponema_sp_HOT_237	Prevotella_nigrescens
Prevotella_sp_HOT_396	Veillonella_atypica	Prevotella_oris
Prevotella_sp_HOT_443	Veillonella_denticariosi	Prevotella_oulorum
Prevotella_sp_HOT_472	Veillonella_dispar	Prevotella_pallens
Prevotella_sp_HOT_475	Veillonella_parvula	Prevotella_pleuritidis
Prevotella_sp_HOT_942	Veillonella_rogosae	Prevotella_saccharolytica
Prevotella_veroralis	Veillonella_sp_HOT_780	Prevotella_salivae
Propionibacterium_propionicum	Actinomyces_Genus_probe_3	Prevotella_scopos
Propionibacterium_sp_HOT_194	Actinomyces_Genus_probe_4	Prevotella_shahii

<i>Pseudomonas_aeruginosa</i>	<i>Aggregatibacter_Genus_probe_1</i>	<i>Prevotella_sp_HOT_292</i>
<i>Rothia_aeria</i>	<i>Alloprevotella_Genus_probe</i>	<i>Prevotella_sp_HOT_300</i>
<i>Rothia_dentocariosa</i>	<i>Anaerococcus_Genus_probe_2</i>	<i>Prevotella_sp_HOT_301</i>
<i>Rothia_mucilaginosa</i>	<i>Atopobium_Genus_probe</i>	<i>Prevotella_sp_HOT_305</i>
<i>Ruminococcaceae[G-1]_sp_HOT_075</i>	<i>Campylobacter_Genus_probe_1</i>	<i>Prevotella_sp_HOT_309</i>
<i>Ruminococcaceae[G-2]_sp_HOT_085</i>	<i>Campylobacter_Genus_probe_2</i>	<i>Prevotella_sp_HOT_315</i>
<i>Scardovia_inopinata</i>	<i>Capnocytophaga_Genus_probe_2</i>	<i>Prevotella_sp_HOT_317</i>
<i>Scardovia_wiggisiae</i>	<i>Capnocytophaga_Genus_probe_3</i>	<i>Prevotella_sp_HOT_396</i>
<i>Selenomonas_dianae</i>	<i>Cardiobacterium_Genus_probe</i>	<i>Prevotella_sp_HOT_443</i>
<i>Selenomonas_flueggei</i>	<i>Catonella_Genus_probe</i>	<i>Prevotella_sp_HOT_472</i>
<i>Selenomonas_noxia</i>	<i>Corynebacterium_Genus_probe</i>	<i>Prevotella_sp_HOT_475</i>
<i>Selenomonas_sp_HOT_126</i>	<i>Dialister_Genus_probe_1</i>	<i>Prevotella_veroralis</i>
<i>Selenomonas_sp_HOT_134</i>	<i>Dialister_Genus_probe_2</i>	<i>Propionibacterium_avidum</i>
<i>Selenomonas_sp_HOT_136</i>	<i>Escherichia_&_Shigella_Genus_probe</i>	<i>Propionibacterium_propionicum</i>
<i>Selenomonas_sp_HOT_137</i>	<i>Eubacterium_Genus_probe_1</i>	<i>Rothia_aeria</i>
<i>Selenomonas_sp_HOT_146</i>	<i>Fusobacterium_Genus_probe_2</i>	<i>Rothia_dentocariosa</i>
<i>Selenomonas_sp_HOT_478</i>	<i>Fusobacterium_Genus_probe_3</i>	<i>Rothia_mucilaginosa</i>
<i>Selenomonas_sputigena</i>	<i>Fusobacterium_Genus_probe_4</i>	<i>Ruminococcaceae[G-1]_sp_HOT_075</i>
<i>Shuttleworthia_satelles</i>	<i>Gemella_Genus_probe</i>	<i>Ruminococcaceae[G-2]_sp_HOT_085</i>
<i>Slackia_exigua</i>	<i>Haemophilus_Genus_probe_2</i>	<i>Scardovia_wiggisiae</i>
<i>Solobacterium_moorei</i>	<i>Haemophilus_Genus_probe_3</i>	<i>Selenomonas_artemidis</i>
<i>SR1[G-1]_sp_HOT_345</i>	<i>Helicobacter_Genus_probe</i>	<i>Selenomonas_dianae</i>
<i>SR1[G-1]_sp_HOT_874</i>	<i>Johnsonella_Genus_probe</i>	<i>Selenomonas_flueggei</i>
<i>Stomatobaculum_longum</i>	<i>Kingella_Genus_probe_1</i>	<i>Selenomonas_noxia</i>
<i>Stomatobaculum_sp_HOT_097</i>	<i>Lachnoanaerobaculum_Genus_probe</i>	<i>Selenomonas_sp_HOT_126</i>
<i>Stomatobaculum_sp_HOT_910</i>	<i>Lactobacillus_Genus_probe_1</i>	<i>Selenomonas_sp_HOT_134</i>
<i>Streptococcus_agalactiae</i>	<i>Lactobacillus_Genus_probe_3</i>	<i>Selenomonas_sp_HOT_136</i>
<i>Streptococcus_anginosus</i>	<i>Leptotrichia_Genus_probe_3</i>	<i>Selenomonas_sp_HOT_137</i>
<i>Streptococcus_constellatus</i>	<i>Leptotrichia_Genus_probe_4</i>	<i>Selenomonas_sp_HOT_146</i>
<i>Streptococcus_intermedius</i>	<i>Mogibacterium_Genus_probe</i>	<i>Selenomonas_sp_HOT_478</i>
<i>Streptococcus_mutans</i>	<i>Mycoplasma_Genus_probe</i>	<i>Selenomonas_sputigena</i>
<i>Streptococcus_sanguinis</i>	<i>Neisseria_Genus_probe_2</i>	<i>Shuttleworthia_satelles</i>
<i>Streptococcus_sobrinus</i>	<i>Parvimonas_Genus_probe</i>	<i>Simonsiella_muelleri</i>
<i>Tannerella_forsythia</i>	<i>Peptostreptococcus_Genus_probe</i>	<i>Slackia_exigua</i>
<i>Tannerella_sp_HOT_286</i>	<i>Porphyromonas_Genus_probe_1</i>	<i>Solobacterium_moorei</i>
<i>Tannerella_sp_HOT_808</i>	<i>Porphyromonas_Genus_probe_2</i>	<i>SR1[G-1]_sp_HOT_345</i>
<i>TM7[G-1]_sp_HOT_346</i>	<i>Prevotella_Genus_probe_2</i>	<i>SR1[G-1]_sp_HOT_874</i>
<i>TM7[G-1]_sp_HOT_347</i>	<i>Pseudomonas_Genus_probe</i>	<i>SR1[G-1]_sp_HOT_875</i>
<i>TM7[G-1]_sp_HOT_348</i>	<i>Rothia_Genus_probe</i>	<i>Stomatobaculum_longum</i>
<i>TM7[G-1]_sp_HOT_349</i>	<i>Scardovia_Genus_probe</i>	<i>Stomatobaculum_sp_HOT_097</i>
<i>TM7[G-1]_sp_HOT_352</i>	<i>Selenomonas_&_Centipeda_Genus_probe</i>	<i>Stomatobaculum_sp_HOT_910</i>
<i>TM7[G-1]_sp_HOT_952</i>	<i>SR1_Genus_probe</i>	<i>Streptococcus_agalactiae</i>
<i>TM7[G-3]_sp_HOT_351</i>	<i>Staphylococcus_Genus_probe_1</i>	<i>Streptococcus_anginosus</i>
<i>TM7[G-5]_sp_HOT_356</i>	<i>Staphylococcus_Genus_probe_3</i>	<i>Streptococcus_constellatus</i>
<i>TM7[G-6]_sp_HOT_870</i>	<i>Streptococcus_Genus_probe_1</i>	<i>Streptococcus_intermedius</i>
<i>Treponema_amylovorum</i>	<i>Streptococcus_Genus_probe_2</i>	<i>Streptococcus_mutans</i>
<i>Treponema_denticola</i>	<i>Streptococcus_Genus_probe_3</i>	<i>Streptococcus_pyogenes</i>
<i>Treponema_lecithinolyticum</i>	<i>Streptococcus_Genus_probe_4</i>	<i>Streptococcus_sanguinis</i>
<i>Treponema_socranskii</i>	<i>Tannerella_Genus_probe</i>	<i>Tannerella_forsythia</i>
<i>Treponema_sp_HOT_231</i>	<i>TM7_Genus_probe</i>	<i>Tannerella_sp_HOT_286</i>
<i>Treponema_sp_HOT_237</i>	<i>Veillonella_Genus_probe_1</i>	<i>Tannerella_sp_HOT_808</i>
<i>Treponema_sp_HOT_257</i>	<i>Veillonella_Genus_probe_2</i>	<i>Tannerella_sp_HOT_916</i>
<i>Treponema_sp_HOT_268</i>		<i>TM7[G-1]_sp_HOT_346</i>
<i>Veillonella_atypica</i>		<i>TM7[G-1]_sp_HOT_347</i>

Veillonella_denticariosi	TM7[G-1]_sp_HOT_348
Veillonella_dispar	TM7[G-1]_sp_HOT_349
Veillonella_parvula	TM7[G-1]_sp_HOT_352
Veillonella_rogosae	TM7[G-1]_sp_HOT_488
Veillonella_sp_HOT_780	TM7[G-1]_sp_HOT_952
Veillonella_sp_HOT_917	TM7[G-2]_sp_HOT_350
Veillonellaceae[G-1]_sp_HOT_150	TM7[G-3]_sp_HOT_351
Veillonellaceae[G-1]_sp_HOT_155	TM7[G-5]_sp_HOT_356
Actinomyces_Genus_probe_3	TM7[G-6]_sp_HOT_870
Actinomyces_Genus_probe_4	Treponema_denticola
Aggregatibacter_Genus_probe_1	Treponema_lecithinolyticum
Aggregatibacter_Genus_probe_2	Treponema_maltophilum
Alloprevotella_Genus_probe	Treponema_socranskii
Atopobium_Genus_probe	Treponema_socranskii_subsp_paredis
Bacteroidetes[G-5]_Genus_probe	Treponema_sp_HOT_231
Bifidobacterium_Genus_probe_1	Treponema_sp_HOT_237
Campylobacter_Genus_probe_2	Treponema_sp_HOT_238
Capnocytophaga_Genus_probe_2	Treponema_sp_HOT_257
Capnocytophaga_Genus_probe_3	Treponema_sp_HOT_258
Cardiobacterium_Genus_probe	Treponema_sp_HOT_262
Catonella_Genus_probe	Treponema_sp_HOT_268
Corynebacterium_Genus_probe	Treponema_sp_HOT_508
Dialister_Genus_probe_2	Treponema_sp_HOT_951
Eubacterium_Genus_probe_1	Veillonella_atypica
Fusobacterium_Genus_probe_2	Veillonella_denticariosi
Fusobacterium_Genus_probe_3	Veillonella_dispar
Fusobacterium_Genus_probe_4	Veillonella_parvula
Gemella_Genus_probe	Veillonella_rogosae
Haemophilus_Genus_probe_2	Veillonella_sp_HOT_780
Haemophilus_Genus_probe_3	Veillonellaceae[G-1]_sp_HOT_155
Kingella_Genus_probe_1	Actinomyces_Genus_probe_3
Lachnoanaerobaculum_Genus_probe	Actinomyces_Genus_probe_4
Lactobacillus_Genus_probe_3	Aggregatibacter_Genus_probe_1
Lactobacillus_Genus_probe_4	Aggregatibacter_Genus_probe_2
Leptotrichia_Genus_probe_3	Alloprevotella_Genus_probe
Leptotrichia_Genus_probe_4	Atopobium_Genus_probe
Mogibacterium_Genus_probe	Bacteroidetes[G-5]_Genus_probe
Mycoplasma_Genus_probe	Bifidobacterium_Genus_probe_1
Neisseria_Genus_probe_2	Campylobacter_Genus_probe_1
Parvimonas_Genus_probe	Campylobacter_Genus_probe_2
Peptostreptococcus_Genus_probe	Capnocytophaga_Genus_probe_2
Porphyromonas_Genus_probe_1	Capnocytophaga_Genus_probe_3
Porphyromonas_Genus_probe_2	Cardiobacterium_Genus_probe
Prevotella_Genus_probe_2	Catonella_Genus_probe
Rothia_Genus_probe	Corynebacterium_Genus_probe
Selenomonas_&_Centipeda_Genus_probe	Desulfobulbus_Genus_probe
SR1_Genus_probe	Dialister_Genus_probe_2
Staphylococcus_Genus_probe_3	Escherichia_&_Shigella_Genus_probe
Streptococcus_Genus_probe_1	Eubacterium_Genus_probe_1
Streptococcus_Genus_probe_2	Filifactor_Genus_probe
Streptococcus_Genus_probe_3	Fretibacterium_Genus_probe_2
Streptococcus_Genus_probe_4	Fretibacterium_Genus_probe_3
Tannerella_Genus_probe	Fusobacterium_Genus_probe_2
TM7_Genus_probe	Fusobacterium_Genus_probe_3
Treponema_Genus_probe_2	Fusobacterium_Genus_probe_4
Treponema_Genus_probe_3	Gemella_Genus_probe
Treponema_Genus_probe_6	Haemophilus_Genus_probe_2

Veillonella_Genus_probe_1	Haemophilus_Genus_probe_3
Veillonella_Genus_probe_2	Helicobacter_Genus_probe
Veillonellaceae_Genus_probe_1	Kingella_Genus_probe_1
Veillonellaceae_Genus_probe_3	Lachnoanaerobaculum_Genus_probe
	Lactobacillus_Genus_probe_1
	Lactobacillus_Genus_probe_2
	Lactobacillus_Genus_probe_3
	Leptotrichia_Genus_probe_3
	Leptotrichia_Genus_probe_4
	Mogibacterium_Genus_probe
	Neisseria_Genus_probe_2
	Olsenella_Genus_probe
	Parvimonas_Genus_probe
	Peptostreptococcus_Genus_probe
	Porphyromonas_Genus_probe_1
	Porphyromonas_Genus_probe_2
	Prevotella_Genus_probe_2
	Rothia_Genus_probe
	Scardovia_Genus_probe
	Selenomonas_&_Centipeda_Genus_probe
	SR1_Genus_probe
	Staphylococcus_Genus_probe_3
	Streptococcus_Genus_probe_1
	Streptococcus_Genus_probe_2
	Streptococcus_Genus_probe_3
	Streptococcus_Genus_probe_4
	Tannerella_Genus_probe
	TM7_Genus_probe
	Treponema_Genus_probe_2
	Treponema_Genus_probe_4
	Treponema_Genus_probe_5
	Treponema_Genus_probe_6
	Veillonella_Genus_probe_1

Fonte: banco de dados do ProbeSeq

ANEXO E – Dados obtidos na avaliação do proteoma salivar oral por LC-ESI-MS / MS da saliva estimulada de todos os grupos estudados.

Dados das proteínas salivares identificadas. por LC-ESI-MS / MS para o grupo G1:

Accession	Description	Score
B7ZMD7	Alpha-amylase OS=Homo sapiens GN=AMY1A PE=2 SV=1 - [B7ZMD7_HUMAN]	1375,10
A8K5R2	cDNA FLJ77293, highly similar to Homo sapiens vasohibin 1 (VASH1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K5R2_HUMAN]	770,78
A0A0G2JR46	Mucin-4 OS=Homo sapiens GN=MUC4 PE=1 SV=1 - [A0A0G2JR46_HUMAN]	479,83
P02814	Submaxillary gland androgen-regulated protein 3B OS=Homo sapiens GN=SMR3B PE=1 SV=2 - [SMR3B_HUMAN]	332,16
P01036	Cystatin-S OS=Homo sapiens GN=CST4 PE=1 SV=3 - [CYTS_HUMAN]	228,74
B7Z3V1	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit alpha (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z3V1_HUMAN]	226,99
A0A0C4DGN4	Zymogen granule protein 16 homolog B OS=Homo sapiens GN=ZG16B PE=1 SV=1 - [A0A0C4DGN4_HUMAN]	223,72
B7ZLM0	C1orf175 protein OS=Homo sapiens GN=C1orf175 PE=2 SV=1 - [B7ZLM0_HUMAN]	218,40
P01833	Polymeric immunoglobulin receptor OS=Homo sapiens GN=PIGR PE=1 SV=4 - [PIGR_HUMAN]	211,56
F6KPG5	Albumin (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [F6KPG5_HUMAN]	211,09
Q6PJF2	IGK@ protein OS=Homo sapiens GN=IGK@ PE=1 SV=1 - [Q6PJF2_HUMAN]	210,38
D3DPG0	Titin, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=TTN PE=4 SV=1 - [D3DPG0_HUMAN]	199,62
Q8WXI7	Mucin-16 OS=Homo sapiens GN=MUC16 PE=1 SV=3 - [MUC16_HUMAN]	186,24
Q9UBG0	C-type mannose receptor 2 OS=Homo sapiens GN=MRC2 PE=1 SV=2 - [MRC2_HUMAN]	173,70
P12273	Prolactin-inducible protein OS=Homo sapiens GN=PIP PE=1 SV=1 - [PIP_HUMAN]	169,00
P23280	Carbonic anhydrase 6 OS=Homo sapiens GN=CA6 PE=1 SV=3 - [CAH6_HUMAN]	166,13
Q7Z2U7	Uncharacterized protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q7Z2U7_HUMAN]	136,24
Q6N092	Putative uncharacterized protein DKFZp686K18196 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DKFZp686K18196 PE=2 SV=1 - [Q6N092_HUMAN]	133,15
Q7Z5P9	Mucin-19 OS=Homo sapiens GN=MUC19 PE=1 SV=3 - [MUC19_HUMAN]	116,94
Q9HC84	Mucin-5B OS=Homo sapiens GN=MUC5B PE=1 SV=3 - [MUC5B_HUMAN]	107,29
A7Y9J9	Mucin 5AC, oligomeric mucus/gel-forming OS=Homo sapiens GN=MUC5AC PE=4 SV=1 - [A7Y9J9_HUMAN]	105,79
E9PIL3	CKLF-like MARVEL transmembrane domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=CMTM1 PE=1 SV=1 - [E9PIL3_HUMAN]	103,41
Q59F49	Minichromosome maintenance deficient protein 5 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59F49_HUMAN]	103,38
Q4G0X9	Coiled-coil domain-containing protein 40 OS=Homo sapiens GN=CCDC40 PE=2 SV=2 - [CCD40_HUMAN]	89,18
B4DVQ0	cDNA FLJ58286, highly similar to Actin, cytoplasmic 2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DVQ0_HUMAN]	87,94
Q86UR5	Regulating synaptic membrane exocytosis protein 1 OS=Homo sapiens GN=RIMS1 PE=1 SV=1 - [RIMS1_HUMAN]	79,67
Q13707	ACTA2 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ACTA2 PE=3 SV=1 - [Q13707_HUMAN]	73,26
Q9H7U1	Serine-rich coiled-coil domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=CCSER2 PE=1 SV=2 - [CCSE2_HUMAN]	71,33
Q9UL88	Myosin-reactive immunoglobulin heavy chain variable region (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q9UL88_HUMAN]	68,08
B7ZA42	cDNA, FLJ79056 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7ZA42_HUMAN]	67,09
Q9UL72	Myosin-reactive immunoglobulin heavy chain variable region (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q9UL72_HUMAN]	66,46
B3KXW2	cDNA FLJ46178 fis, clone TEST14003944, highly similar to Homo sapiens zinc finger protein 532 (ZNF532), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KXW2_HUMAN]	64,27
Q96RT6	cTAGE family member 2 OS=Homo sapiens GN=CTAGE1 PE=1 SV=2 - [CTGE2_HUMAN]	64,08
P04080	Cystatin-B OS=Homo sapiens GN=CSTB PE=1 SV=2 - [CYTB_HUMAN]	62,85
A6NM62	Leucine-rich repeat-containing protein 53 OS=Homo sapiens GN=LRR53 PE=4 SV=2 - [LRC53_HUMAN]	62,33
A0A0U1RR20	Proteoglycan 4 OS=Homo sapiens GN=PRG4 PE=1 SV=1 - [A0A0U1RR20_HUMAN]	61,04
Q6N021	Methylcytosine dioxygenase TET2 OS=Homo sapiens GN=TET2 PE=1 SV=3 - [TET2_HUMAN]	59,50
F5GZK2	Collagen alpha-1(XI) chain OS=Homo sapiens GN=COL21A1 PE=1 SV=2 - [F5GZK2_HUMAN]	58,65
F8W6W8	Regulating synaptic membrane exocytosis protein 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=RIMS2 PE=1 SV=1 - [F8W6W8_HUMAN]	57,58
Q6GMX6	IGH@ protein OS=Homo sapiens GN=IGH@ PE=1 SV=1 - [Q6GMX6_HUMAN]	56,14
B5ANL9	Beta globin chain (Fragment) OS=Homo sapiens GN=HBB PE=3 SV=1 - [B5ANL9_HUMAN]	53,65
Q9NR99	Matrix-remodeling-associated protein 5 OS=Homo sapiens GN=MXRA5 PE=2 SV=3 - [MXRA5_HUMAN]	50,70
Q6N030	Uncharacterized protein OS=Homo sapiens GN=DKFZp686I15212 PE=1 SV=1 - [Q6N030_HUMAN]	50,70
B2R7Z6	cDNA, FLJ93674 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2R7Z6_HUMAN]	49,04
B3KU66	cDNA FLJ39263 fis, clone OCBBF2009571, highly similar to ATP-dependent RNA helicase A (EC 3.6.1.-) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KU66_HUMAN]	48,35
Q03164	Histone-lysine N-methyltransferase 2A OS=Homo sapiens GN=KMT2A PE=1 SV=5 - [KMT2A_HUMAN]	45,95
Q17RV3	Leucine-rich repeat kinase 2 OS=Homo sapiens GN=LRRK2 PE=2 SV=1 - [Q17RV3_HUMAN]	45,21
Q9Y6V0	Protein piccolo OS=Homo sapiens GN=PCLO PE=1 SV=4 - [PCLO_HUMAN]	44,84
Q15772	Striated muscle preferentially expressed protein kinase OS=Homo sapiens GN=SPEG PE=1 SV=4 - [SPEG_HUMAN]	44,72
B2R4M6	Protein S100 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2R4M6_HUMAN]	44,40
M0R088	Serine/arginine repetitive matrix protein 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SRRM1 PE=1 SV=1 - [M0R088_HUMAN]	43,23
A0A0B4J259	Lysozyme C OS=Homo sapiens GN=LYZ PE=1 SV=1 - [A0A0B4J259_HUMAN]	42,63
A8K6L7	cDNA FLJ78668, highly similar to Homo sapiens deleted in liver cancer 1 (DLC1), transcript variant 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K6L7_HUMAN]	42,03
Q8TE73	Dynein heavy chain 5, axonemal OS=Homo sapiens GN=DNAH5 PE=1 SV=3 - [DYH5_HUMAN]	41,82

A8K2H9	cDNA FLJ78503, highly similar to Homo sapiens keratin 13 (KRT13), transcript variant 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K2H9_HUMAN]	41,65
A0A1B0GUE0	Janus kinase and microtubule-interacting protein 1 OS=Homo sapiens GN=JAKMIP1 PE=1 SV=1 - [A0A1B0GUE0_HUMAN]	41,11
Q12955	Ankyrin-3 OS=Homo sapiens GN=ANK3 PE=1 SV=3 - [ANK3_HUMAN]	40,89
E9PAV3	Nascent polypeptide-associated complex subunit alpha, muscle-specific form OS=Homo sapiens GN=NACA PE=1 SV=1 - [NACAM_HUMAN]	39,84
Q6ZPA4	cDNA FLJ26171 fis, clone ADG03656 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q6ZPA4_HUMAN]	38,97
A0A1U9XBC3	MDC1 OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [A0A1U9XBC3_HUMAN]	38,88
B2RAG9	Mediator of RNA polymerase II transcription subunit 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2RAG9_HUMAN]	38,13
Q4W5Q4	Putative uncharacterized protein PDZGEF1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PDZGEF1 PE=4 SV=1 - [Q4W5Q4_HUMAN]	37,90
Q5CZC0	Fibrous sheath-interacting protein 2 OS=Homo sapiens GN=FSIP2 PE=2 SV=4 - [FSIP2_HUMAN]	37,35
G3V112	Regulator of G-protein signalling 22, isoform CRA_c OS=Homo sapiens GN=RG522 PE=1 SV=1 - [G3V112_HUMAN]	37,09
O14514	Brain-specific angiogenesis inhibitor 1 OS=Homo sapiens GN=BAI1 PE=1 SV=2 - [BAI1_HUMAN]	36,50
Q96Q06	Perilipin-4 OS=Homo sapiens GN=PLIN4 PE=1 SV=2 - [PLIN4_HUMAN]	36,33
B4E392	cDNA FLJ52602, highly similar to Pinin OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E392_HUMAN]	35,79
Q0PNF2	FEX1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q0PNF2_HUMAN]	35,46
B4DRC7	cDNA FLJ57829 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DRC7_HUMAN]	35,32
G3V1T1	DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily C, member 4, isoform CRA_h OS=Homo sapiens GN=DNAJC4 PE=4 SV=1 - [G3V1T1_HUMAN]	34,93
A0A1U9XBD9	MDC1 OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [A0A1U9XBD9_HUMAN]	34,75
A0A0B4J1Z0	COBL-like 1, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=COBLL1 PE=1 SV=1 - [A0A0B4J1Z0_HUMAN]	34,72
P46939	Utrrophin OS=Homo sapiens GN=UTRN PE=1 SV=2 - [UTRO_HUMAN]	34,04
P01861	Immunoglobulin heavy constant gamma 4 OS=Homo sapiens GN=IGHG4 PE=1 SV=1 - [IGHG4_HUMAN]	33,48
Q8WYL5	Protein phosphatase Slingshot homolog 1 OS=Homo sapiens GN=SSH1 PE=1 SV=2 - [SSH1_HUMAN]	33,27
T1R7Q9	MUC5AC (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MUC5AC PE=4 SV=1 - [T1R7Q9_HUMAN]	33,24
E7EVS2	Hexosyltransferase (Fragment) OS=Homo sapiens GN=B3GALNT1 PE=1 SV=1 - [E7EVS2_HUMAN]	33,13
B3KWI5	cDNA FLJ43124 fis, clone CTONG3004072, highly similar to Protein EMSY OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KWI5_HUMAN]	32,94
K7EP24	FH1/FH2 domain-containing protein 3 OS=Homo sapiens GN=FHOD3 PE=1 SV=1 - [K7EP24_HUMAN]	32,79
A4UGR9	Xin actin-binding repeat-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=XIRP2 PE=1 SV=2 - [XIRP2_HUMAN]	32,67
A0A0A0MTP6	Phosphatidylinositol 3,4,5-trisphosphate 5-phosphatase 2 OS=Homo sapiens GN=INPPL1 PE=1 SV=1 - [A0A0A0MTP6_HUMAN]	32,66
B1W6B2	NADH-ubiquinone oxidoreductase chain 5 OS=Homo sapiens GN=NADH5 PE=3 SV=1 - [B1W6B2_HUMAN]	31,76
E1A689	Mutant Apo B 100 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [E1A689_HUMAN]	31,29
Q9UKN1	Mucin-12 OS=Homo sapiens GN=MUC12 PE=1 SV=2 - [MUC12_HUMAN]	31,22
Q7Z3Z4	Piwi-like protein 4 OS=Homo sapiens GN=PIWIL4 PE=2 SV=2 - [PIWIL4_HUMAN]	31,01
A0A1B0GVP4	Ligand-dependent nuclear receptor corepressor-like protein OS=Homo sapiens GN=LCORL PE=1 SV=1 - [A0A1B0GVP4_HUMAN]	30,36
A0A0A0MSQ4	Espin OS=Homo sapiens GN=ESPN PE=1 SV=1 - [A0A0A0MSQ4_HUMAN]	29,89
O15061	Synemin OS=Homo sapiens GN=SYNM PE=1 SV=2 - [SYNM_HUMAN]	29,46
Q19VH1	Actin-binding LIM protein 2 splice variant 1 OS=Homo sapiens GN=ABLIM2 PE=2 SV=1 - [Q19VH1_HUMAN]	29,40
Q9H7N4	Splicing factor, arginine/serine-rich 19 OS=Homo sapiens GN=SCAF1 PE=1 SV=3 - [SFR19_HUMAN]	29,34
Q8NEN9	PDZ domain-containing protein 8 OS=Homo sapiens GN=PDZD8 PE=1 SV=1 - [PDZD8_HUMAN]	28,36
O15265	Ataxin-7 OS=Homo sapiens GN=ATXN7 PE=1 SV=1 - [ATX7_HUMAN]	28,12
O75592	E3 ubiquitin-protein ligase MYCBP2 OS=Homo sapiens GN=MYCBP2 PE=1 SV=3 - [MYCB2_HUMAN]	27,79
Q9BQ08	HCC1777807 OS=Homo sapiens GN=LUZP3 PE=2 SV=1 - [Q9BQ08_HUMAN]	27,78
C9JG08	Uncharacterized protein C2orf16 OS=Homo sapiens GN=C2orf16 PE=1 SV=2 - [C9JG08_HUMAN]	27,63
A1YBP1	Breast and ovarian cancer susceptibility protein 2 truncated variant OS=Homo sapiens GN=BRCA2 PE=2 SV=1 - [A1YBP1_HUMAN]	27,54
B7ZM61	Phosphoinositide phospholipase C OS=Homo sapiens GN=PLCE1 PE=2 SV=1 - [B7ZM61_HUMAN]	27,50
Q8IVL0	Neuron navigator 3 OS=Homo sapiens GN=NAV3 PE=1 SV=3 - [NAV3_HUMAN]	27,47
E9PFQ4	Pleckstrin homology-like domain family B member 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PHLDB2 PE=1 SV=1 - [E9PFQ4_HUMAN]	27,44
P98164	Low-density lipoprotein receptor-related protein 2 OS=Homo sapiens GN=LRP2 PE=1 SV=3 - [LRP2_HUMAN]	27,35
Q8TF01	Arginine/serine-rich protein PNISR OS=Homo sapiens GN=PNISR PE=1 SV=2 - [PNISR_HUMAN]	27,27
J3KPF0	Probable E3 ubiquitin-protein ligase HECTD4 OS=Homo sapiens GN=HECTD4 PE=1 SV=3 - [J3KPF0_HUMAN]	27,11
H0Y2M0	Transmembrane protein 131-like (Fragment) OS=Homo sapiens GN=KIAA0922 PE=1 SV=1 - [H0Y2M0_HUMAN]	27,03
A0A0S2Z559	V-raf-1 murine leukemia viral oncogene-like protein 1 isoform 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=RAF1 PE=2 SV=1 - [A0A0S2Z559_HUMAN]	26,82
Q5SYB0	FERM and PDZ domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=FRMPD1 PE=1 SV=1 - [FRPD1_HUMAN]	26,57
B2RMV2	CYTSA protein OS=Homo sapiens GN=CYTSA PE=2 SV=1 - [B2RMV2_HUMAN]	26,56
A0A1W2PR53	Dynein heavy chain 14, axonemal (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DNAH14 PE=4 SV=1 - [A0A1W2PR53_HUMAN]	26,29
A8KAPO	cDNA FLJ75279, highly similar to Homo sapiens elongation factor RNA polymerase II (ELL), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8KAPO_HUMAN]	26,19
Q92574	Hamartin OS=Homo sapiens GN=TSC1 PE=1 SV=2 - [TSC1_HUMAN]	26,11
Q5XWD3	Leucine-rich repeat protein LRIG1 OS=Homo sapiens GN=LRIG1 PE=2 SV=1 - [Q5XWD3_HUMAN]	26,01
A0A1U9X7M8	DPCR1 OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [A0A1U9X7M8_HUMAN]	26,00
P06733	Alpha-enolase OS=Homo sapiens GN=ENO1 PE=1 SV=2 - [ENOA_HUMAN]	25,63
I0B0K8	Truncated profilaggrin OS=Homo sapiens GN=FLG PE=4 SV=1 - [I0B0K8_HUMAN]	25,43
HOYAH0	Protocadherin-7 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PCDH7 PE=1 SV=1 - [HOYAH0_HUMAN]	25,41
O75445	Usherin OS=Homo sapiens GN=USH2A PE=1 SV=3 - [USH2A_HUMAN]	25,11
Q5D862	Flaggrin-2 OS=Homo sapiens GN=FLG2 PE=1 SV=1 - [FLA2_HUMAN]	25,05
O94827	Pleckstrin homology domain-containing family G member 5 OS=Homo sapiens GN=PLEKHG5 PE=1 SV=3 - [PKHG5_HUMAN]	25,00
P20929	Nebulin OS=Homo sapiens GN=NEB PE=1 SV=5 - [NEBU_HUMAN]	24,98
P30414	NK-tumor recognition protein OS=Homo sapiens GN=NKTR PE=1 SV=2 - [NKTR_HUMAN]	24,94

Q53SF6	Putative uncharacterized protein PTHR2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PTHR2 PE=3 SV=1 - [Q53SF6_HUMAN]	24,58
A6NGQ3	Obscurin OS=Homo sapiens GN=OBSCN PE=1 SV=5 - [A6NGQ3_HUMAN]	24,47
Q96S21	Ras-related protein Rab-40C OS=Homo sapiens GN=RAB40C PE=1 SV=1 - [RB40C_HUMAN]	24,45
Q4VB01	HOXB1 protein OS=Homo sapiens GN=HOXB1 PE=2 SV=1 - [Q4VB01_HUMAN]	24,38
B3KXR4	cDNA FLJ45913 fis, clone PERIC2003349 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KXR4_HUMAN]	23,89
Q02505	Mucin-3A OS=Homo sapiens GN=MUC3A PE=1 SV=3 - [MUC3A_HUMAN]	23,88
A0A1B0GV45	Unconventional myosin-XVIIIa (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MYO18A PE=1 SV=1 - [A0A1B0GV45_HUMAN]	23,62
Q9Y5S2	Serine/threonine-protein kinase MRCK beta OS=Homo sapiens GN=CDC42BPB PE=1 SV=2 - [MRCKB_HUMAN]	23,43
Q8N3R4	Putative uncharacterized protein DKFZp451H115 OS=Homo sapiens GN=DKFZp451H115 PE=2 SV=1 - [Q8N3R4_HUMAN]	23,39
Q5THK1	Protein PRR14L OS=Homo sapiens GN=PRR14L PE=1 SV=1 - [PR14L_HUMAN]	23,32
Q5THJ4	Vacuolar protein sorting-associated protein 13D OS=Homo sapiens GN=VPS13D PE=1 SV=2 - [VP13D_HUMAN]	23,28
E7EWQ5	Microtubule-associated serine/threonine-protein kinase 4 OS=Homo sapiens GN=MAST4 PE=1 SV=1 - [E7EWQ5_HUMAN]	23,10
O15083	ERC protein 2 OS=Homo sapiens GN=ERC2 PE=1 SV=3 - [ERC2_HUMAN]	23,09
Q02505	Uncharacterized protein KIAA2026 OS=Homo sapiens GN=KIAA2026 PE=2 SV=2 - [K2026_HUMAN]	22,79
A8K146	cDNA FLJ76216, highly similar to Homo sapiens xeroderma pigmentosum, complementation group C (XPC), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K146_HUMAN]	22,72
H3BQQ2	E3 ubiquitin-protein ligase ZNF598 OS=Homo sapiens GN=ZNF598 PE=1 SV=1 - [H3BQQ2_HUMAN]	22,59
F8W9J4	Dystonin OS=Homo sapiens GN=DST PE=1 SV=1 - [F8W9J4_HUMAN]	22,58
A0A0A0MS79	Nck-associated protein 5 OS=Homo sapiens GN=NCKAP5 PE=1 SV=1 - [A0A0A0MS79_HUMAN]	22,57
Q9NQUS	Serine/threonine-protein kinase PAK 6 OS=Homo sapiens GN=PAK6 PE=1 SV=1 - [PAK6_HUMAN]	22,47
Q81ZF6	Adhesion G-protein coupled receptor G4 OS=Homo sapiens GN=ADGRG4 PE=2 SV=2 - [AGRG4_HUMAN]	22,31
H0YM23	Ankyrin repeat domain-containing protein 17 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ANKRD17 PE=1 SV=1 - [H0YM23_HUMAN]	22,28
Q8IVE3	Pleckstrin homology domain-containing family H member 2 OS=Homo sapiens GN=PLEKHH2 PE=1 SV=2 - [PKHH2_HUMAN]	22,01
A8K0Y1	cDNA FLJ75576, highly similar to Homo sapiens brain-specific angiogenesis inhibitor 3 (BAI3), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K0Y1_HUMAN]	21,65
H3BS19	Zinc finger protein 469 OS=Homo sapiens GN=ZNF469 PE=1 SV=2 - [H3BS19_HUMAN]	21,35
A2BDK6	Microtubule-associated protein 1B OS=Homo sapiens GN=MAP1B PE=2 SV=1 - [A2BDK6_HUMAN]	21,24
E7EVA0	Microtubule-associated protein OS=Homo sapiens GN=MAP4 PE=1 SV=1 - [E7EVA0_HUMAN]	21,22
A2KBC1	Anti-(ED-B) scFV (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ADGRG4 PE=2 SV=2 - [A2KBC1_HUMAN]	21,21
J3KNQ2	Fibronectin type III domain-containing protein 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=FNDC1 PE=1 SV=1 - [J3KNQ2_HUMAN]	20,90
P27482	Calmodulin-like protein 3 OS=Homo sapiens GN=CALML3 PE=1 SV=2 - [CALL3_HUMAN]	20,84
A0A1U9X941	MUC22 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [A0A1U9X941_HUMAN]	20,80
Q9UPA5	Protein bassoon OS=Homo sapiens GN=BSN PE=1 SV=4 - [BSN_HUMAN]	20,77
A0A0S2Z4F2	TEA domain family member 4 isoform 2 OS=Homo sapiens GN=TEAD4 PE=2 SV=1 - [A0A0S2Z4F2_HUMAN]	20,70
Q5SYE7	NHS-like protein 1 OS=Homo sapiens GN=NHSL1 PE=1 SV=2 - [NHSL1_HUMAN]	20,66
Q5JSZ5	Protein PRRC2B OS=Homo sapiens GN=PRRC2B PE=1 SV=2 - [PRC2B_HUMAN]	20,63
B2RNR6	Zinc finger RNA binding protein OS=Homo sapiens GN=ZFR PE=2 SV=1 - [B2RNR6_HUMAN]	20,59
A8MX94	Glutathione S-transferase P OS=Homo sapiens GN=GSTP1 PE=1 SV=1 - [A8MX94_HUMAN]	20,56
Q9NR48	Histone-lysine N-methyltransferase ASH1L OS=Homo sapiens GN=ASH1L PE=1 SV=2 - [ASH1L_HUMAN]	20,46
O60382	KIAA0324 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=KIAA0324 PE=4 SV=1 - [O60382_HUMAN]	20,42
Q9C0I3	Serine-rich coiled-coil domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=CCSER1 PE=2 SV=2 - [CCSE1_HUMAN]	20,42
A0A0A0MSV9	Tapasin OS=Homo sapiens GN=TAPBP PE=1 SV=1 - [A0A0A0MSV9_HUMAN]	20,41
A4FUT8	JMJD1B protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=JMJD1B PE=2 SV=1 - [A4FUT8_HUMAN]	20,40
P25054	Adenomatous polyposis coli protein OS=Homo sapiens GN=APC PE=1 SV=2 - [APC_HUMAN]	20,38
Q8TD11	Decay-accelerating factor 4ab (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8TD11_HUMAN]	20,36
C9JFW7	Proline and serine-rich protein 3 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PROSER3 PE=1 SV=2 - [C9JFW7_HUMAN]	20,27
B4E1M1	cDNA FLJ60391, highly similar to Lactoperoxidase (EC 1.11.1.7) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E1M1_HUMAN]	20,26
Q86XX4	Extracellular matrix protein FRAS1 OS=Homo sapiens GN=FRAS1 PE=1 SV=2 - [FRAS1_HUMAN]	20,00
P35555	Fibrillin-1 OS=Homo sapiens GN=FBN1 PE=1 SV=3 - [FBN1_HUMAN]	19,98
H0Y599	Dedicator of cytokinesis protein 4 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DOCK4 PE=1 SV=1 - [H0Y599_HUMAN]	19,97
Q5T4S7	E3 ubiquitin-protein ligase UBR4 OS=Homo sapiens GN=UBR4 PE=1 SV=1 - [UBR4_HUMAN]	19,79
F8WAT8	DENN domain-containing protein 2A OS=Homo sapiens GN=DENND2A PE=1 SV=1 - [F8WAT8_HUMAN]	19,57
A4D0S4	Laminin subunit beta-4 OS=Homo sapiens GN=LAMB4 PE=2 SV=1 - [LAMB4_HUMAN]	19,46
Q8N3K9	Cardiomyopathy-associated protein 5 OS=Homo sapiens GN=CMYA5 PE=1 SV=3 - [CMYA5_HUMAN]	19,45
A0A087WU78	Nance-Horan syndrome protein OS=Homo sapiens GN=NHS PE=1 SV=1 - [A0A087WU78_HUMAN]	19,39
Q9UPU5	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 24 OS=Homo sapiens GN=USP24 PE=1 SV=3 - [UBP24_HUMAN]	19,37
D3DS91	A kinase (PRKA) anchor protein 6, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=AKAP6 PE=4 SV=1 - [D3DS91_HUMAN]	18,96
B3KME6	cDNA FLJ10802 fis, clone NT2RP4000817, highly similar to Homo sapiens centrosomal protein 170 kDa (CEP170), transcript variant alpha, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KME6_HUMAN]	18,90
X6R7H2	Peroxisome proliferator-activated receptor gamma coactivator-related protein 1 OS=Homo sapiens GN=PPRC1 PE=1 SV=1 - [X6R7H2_HUMAN]	18,85
B3KRW8	cDNA FLJ34997 fis, clone OCBBF2011625, highly similar to B-cell lymphoma/leukemia 11A OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KRW8_HUMAN]	18,83
H0Y465	Neurofibromin (Fragment) OS=Homo sapiens GN=NF1 PE=1 SV=1 - [H0Y465_HUMAN]	18,69
D6W632	Protein tyrosine phosphatase, receptor type, S, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=PTPRS PE=4 SV=1 - [D6W632_HUMAN]	18,31
Q12923	Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 13 OS=Homo sapiens GN=PTPN13 PE=1 SV=2 - [PTN13_HUMAN]	18,31
Q9UL68	Myelin transcription factor 1-like protein OS=Homo sapiens GN=MYT1L PE=2 SV=3 - [MYT1L_HUMAN]	18,25
D3DVR8	Huntingtin (Huntington disease), isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=HD PE=4 SV=1 - [D3DVR8_HUMAN]	18,00
A0A024RAC0	Leucine zipper protein 1, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=LUZP1 PE=4 SV=1 - [A0A024RAC0_HUMAN]	17,81
Q5W0B1	RING finger protein 219 OS=Homo sapiens GN=RNFP219 PE=1 SV=1 - [RN219_HUMAN]	17,73
A8K583	cDNA FLJ77126, highly similar to Homo sapiens zinc finger protein 638 (ZNF638), transcript variant 1, mRNA (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K583_HUMAN]	17,60

B3KTY7	cDNA FLJ38970 fis, clone NT2RI2002391, highly similar to Homo sapiens thrombospondin, type I, domain containing 1 (THSD1), transcript variant 2, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KTY7_HUMAN]	17,52
O60346	PH domain leucine-rich repeat-containing protein phosphatase 1 OS=Homo sapiens GN=PHLPP1 PE=1 SV=3 - [PHLPP1_HUMAN]	17,52
Q9UKJ3	G patch domain-containing protein 8 OS=Homo sapiens GN=GPATCH8 PE=1 SV=2 - [GPTC8_HUMAN]	17,31
A0A1B0GUL6	BTB/POZ domain-containing protein 8 OS=Homo sapiens GN=BTBD8 PE=4 SV=1 - [A0A1B0GUL6_HUMAN]	17,30
Q2LD37	Uncharacterized protein KIAA1109 OS=Homo sapiens GN=KIAA1109 PE=1 SV=2 - [K1109_HUMAN]	17,16
Q53SY7	Putative uncharacterized protein CAD (Fragment) OS=Homo sapiens GN=CAD PE=3 SV=1 - [Q53SY7_HUMAN]	16,99
P49790	Nuclear pore complex protein Nup153 OS=Homo sapiens GN=NUP153 PE=1 SV=2 - [NU153_HUMAN]	16,95
B4DK23	cDNA FLJ61300 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DK23_HUMAN]	16,95
Q5T1U7	Collagen alpha-1(XVII) chain (Fragment) OS=Homo sapiens GN=COL27A1 PE=1 SV=1 - [Q5T1U7_HUMAN]	16,94
Q8TD26	Chromodomain-helicase-DNA-binding protein 6 OS=Homo sapiens GN=CHD6 PE=1 SV=4 - [CHD6_HUMAN]	16,89
B9EG12	Myosin phosphatase Rho interacting protein OS=Homo sapiens GN=MPRIIP PE=2 SV=1 - [B9EG12_HUMAN]	16,88
A0A087WX84	A-kinase anchor protein 9 OS=Homo sapiens GN=AKAP9 PE=1 SV=1 - [A0A087WX84_HUMAN]	16,86
A0A0G2JNT7	KAT8 regulatory NSL complex subunit 1 OS=Homo sapiens GN=KANSL1 PE=1 SV=1 - [A0A0G2JNT7_HUMAN]	16,86
B3KXA1	cDNA FLJ45026 fis, clone BRAWH3017477, highly similar to Mus musculus AE binding protein 2 (Aebp2), transcript variant 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KXA1_HUMAN]	16,80
Q59HG6	Rho GTPase activating protein 6 isoform 1 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59HG6_HUMAN]	16,80
Q6PIJ6	F-box only protein 38 OS=Homo sapiens GN=FBXO38 PE=1 SV=3 - [FBX38_HUMAN]	16,79
Q96HE9	Proline-rich protein 11 OS=Homo sapiens GN=PRR11 PE=1 SV=1 - [PRR11_HUMAN]	16,77
Q9P2F6	Rho GTPase-activating protein 20 OS=Homo sapiens GN=ARHGAP20 PE=1 SV=2 - [RHG20_HUMAN]	16,74
A0A1W2PQJ4	Contactin-2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=CTN2 PE=4 SV=1 - [A0A1W2PQJ4_HUMAN]	16,73
A8K601	cDNA FLJ75186 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K601_HUMAN]	16,72
A6H8W6	SIPA1L1 protein OS=Homo sapiens GN=SIPA1L1 PE=2 SV=1 - [A6H8W6_HUMAN]	16,65
B7ZAF7	cDNA, FLJ79171, highly similar to BTB/POZ domain-containing protein KCTD3 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7ZAF7_HUMAN]	16,63
E9PIX9	Integrator complex subunit 11 OS=Homo sapiens GN=INTS11 PE=4 SV=1 - [E9PIX9_HUMAN]	16,57
Q8WY19	Down syndrome cell adhesion molecule (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DSCAM PE=1 SV=1 - [Q8WY19_HUMAN]	16,51
A0A140VKD3	Testis tissue sperm-binding protein Li 50e OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A0A140VKD3_HUMAN]	16,50
D3DQ09	GC-rich promoter binding protein 1-like 1, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=GPBP1L1 PE=4 SV=1 - [D3DQ09_HUMAN]	16,48
Q9NQR7	Coiled-coil domain-containing protein 177 OS=Homo sapiens GN=CCDC177 PE=2 SV=3 - [CC177_HUMAN]	16,46
A8MYI2	cDNA FLJ31596 fis, clone NT2RI2002530, highly similar to Homo sapiens neuron navigator 1 (NAV1), mRNA (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=2 - [A8MYI2_HUMAN]	16,44
G8JLP4	Meiosis regulator and mRNA stability factor 1 OS=Homo sapiens GN=MARF1 PE=1 SV=1 - [G8JLP4_HUMAN]	16,43
E9PPH6	Exophilin-5 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=EXPH5 PE=1 SV=1 - [E9PPH6_HUMAN]	16,43
Q5JV90	Putative uncharacterized protein DKFZp564P1772 OS=Homo sapiens GN=DKFZp564P1772 PE=2 SV=1 - [Q5JV90_HUMAN]	16,42
Q14315	Filamin-C OS=Homo sapiens GN=FLNC PE=1 SV=3 - [FLNC_HUMAN]	16,42
P51610	Host cell factor 1 OS=Homo sapiens GN=HCFC1 PE=1 SV=2 - [HCFC1_HUMAN]	16,40
Q9BYE9	Cadherin-related family member 2 OS=Homo sapiens GN=CDHR2 PE=1 SV=2 - [CDHR2_HUMAN]	16,39
A8KAL3	cDNA FLJ77478, highly similar to Homo sapiens Rho GTPase activating protein 6 (ARHGAP6), transcript variant 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8KAL3_HUMAN]	16,31
Q96RV3	Pecanex-like protein 1 OS=Homo sapiens GN=PCNX1 PE=1 SV=2 - [PCX1_HUMAN]	16,31
B2RDX7	cDNA, FLJ96814, highly similar to Homo sapiens CCR4-NOT transcription complex, subunit 2 (CNOT2), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2RDX7_HUMAN]	16,29
A7E2D6	NAV2 protein OS=Homo sapiens GN=NAV2 PE=2 SV=1 - [A7E2D6_HUMAN]	16,29
A0A024RDD6	Uncharacterized protein OS=Homo sapiens GN=LOC285513 PE=4 SV=1 - [A0A024RDD6_HUMAN]	16,27
H9A532	BCL6 corepressor-cyclin B3 fusion protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [H9A532_HUMAN]	16,27
Q14865	AT-rich interactive domain-containing protein 5B OS=Homo sapiens GN=ARID5B PE=1 SV=3 - [ARI5B_HUMAN]	16,20
C9JEV0	Zinc-alpha-2-glycoprotein OS=Homo sapiens GN=AZGP1 PE=1 SV=1 - [C9JEV0_HUMAN]	16,20
A0A024R972	Laminin, gamma 1 (Formerly LAMB2), isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=LAMC1 PE=4 SV=1 - [A0A024R972_HUMAN]	16,18
Q2KHR3	Glutamine and serine-rich protein 1 OS=Homo sapiens GN=QSER1 PE=1 SV=3 - [QSER1_HUMAN]	16,16
F5H212	Zinc finger protein 40 OS=Homo sapiens GN=HIVEP1 PE=1 SV=2 - [F5H212_HUMAN]	16,11
B4DHC2	cDNA FLJ56434, highly similar to p130Cas-associated protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DHC2_HUMAN]	16,02
Q9C0D5	Protein TANC1 OS=Homo sapiens GN=TANC1 PE=1 SV=3 - [TANC1_HUMAN]	15,99
Q81YD8	Fanconi anemia group M protein OS=Homo sapiens GN=FANCM PE=1 SV=2 - [FANCM_HUMAN]	15,98
C9JFF0	Kinesin-like protein KIF26A OS=Homo sapiens GN=KIF26A PE=1 SV=1 - [C9JFF0_HUMAN]	15,95
Q8WYP5	Protein ELYS OS=Homo sapiens GN=AHCTF1 PE=1 SV=3 - [ELYS_HUMAN]	15,94
A0A1B0GUS7	Protein unc-13 homolog B OS=Homo sapiens GN=UNC13B PE=1 SV=1 - [A0A1B0GUS7_HUMAN]	15,89
H3BM45	Ankyrin repeat and fibronectin type-III domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=ANKFN1 PE=4 SV=2 - [H3BM45_HUMAN]	15,84
B5MCY1	Tudor domain-containing protein 15 OS=Homo sapiens GN=TDRD15 PE=2 SV=1 - [TDR15_HUMAN]	15,80
H3BU05	Unconventional myosin-IXa (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MYO9A PE=1 SV=1 - [H3BU05_HUMAN]	15,79
B4DJ25	cDNA FLJ52302, highly similar to Nuclear receptor corepressor 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DJ25_HUMAN]	15,71
H0Y7V4	Dynein heavy chain 8, axonemal OS=Homo sapiens GN=DNAH8 PE=1 SV=1 - [H0Y7V4_HUMAN]	15,63
Q8WXG9	G-protein coupled receptor 98 OS=Homo sapiens GN=GPR98 PE=1 SV=2 - [GPR98_HUMAN]	15,62
O43314	Inositol hexakisphosphate and diphosphoinositol-pentakisphosphate kinase 2 OS=Homo sapiens GN=PPIP5K2 PE=1 SV=3 - [VIP2_HUMAN]	15,59
A8K5H6	cDNA FLJ76659, highly similar to Homo sapiens exonuclease 1 (EXO1), transcript variant 2, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K5H6_HUMAN]	15,52
Q6AWC2	Protein WWC2 OS=Homo sapiens GN=WWC2 PE=1 SV=2 - [WWC2_HUMAN]	15,49
Q86YZ3	Hornrin OS=Homo sapiens GN=HRNR PE=1 SV=2 - [HORN_HUMAN]	15,48
E7ER44	Lactotransferrin OS=Homo sapiens GN=LTF PE=1 SV=1 - [E7ER44_HUMAN]	15,32
Q8NDA2	Hemicentin-2 OS=Homo sapiens GN=HMCN2 PE=2 SV=3 - [HMCN2_HUMAN]	15,28
Q81Y33	MICAL-like protein 2 OS=Homo sapiens GN=MICAL2 PE=1 SV=1 - [MILK2_HUMAN]	15,26
Q96L96	Alpha-protein kinase 3 OS=Homo sapiens GN=ALPK3 PE=2 SV=2 - [ALPK3_HUMAN]	15,25

H0YLY2	DNA-binding protein RFX7 OS=Homo sapiens GN=RFX7 PE=1 SV=2 - [H0YLY2_HUMAN]	15,09
F5GZ90	Denticleless protein homolog OS=Homo sapiens GN=DTL PE=1 SV=1 - [F5GZ90_HUMAN]	15,05
A8K0G4	cDNA FLJ77683, highly similar to Homo sapiens SET domain containing 5, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K0G4_HUMAN]	14,97
Q14005	Pro-interleukin-16 OS=Homo sapiens GN=IL16 PE=1 SV=4 - [IL16_HUMAN]	14,71
A0A0A0MST8	Anion exchange protein OS=Homo sapiens GN=SLC4A7 PE=1 SV=1 - [A0A0A0MST8_HUMAN]	14,69
H0YN99	Pseudopodium-enriched atypical kinase 1 OS=Homo sapiens GN=PEAK1 PE=1 SV=1 - [H0YN99_HUMAN]	14,63
B7Z6H4	DNA-directed RNA polymerase subunit OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z6H4_HUMAN]	14,62
Q8NFC6	Biorientation of chromosomes in cell division protein 1-like 1 OS=Homo sapiens GN=BOD1L1 PE=1 SV=2 - [BD1L1_HUMAN]	14,58
Q9P265	Disco-interacting protein 2 homolog B OS=Homo sapiens GN=DIP2B PE=1 SV=3 - [DIP2B_HUMAN]	14,58
F5GXF5	Nucleosome-remodeling factor subunit BPTF (Fragment) OS=Homo sapiens GN=BPTF PE=1 SV=2 - [F5GXF5_HUMAN]	14,50
O75398	Deformed epidermal autoregulatory factor 1 homolog OS=Homo sapiens GN=DEAF1 PE=1 SV=1 - [DEAF1_HUMAN]	14,50
Q02388	Collagen alpha-1(VII) chain OS=Homo sapiens GN=COL7A1 PE=1 SV=2 - [CO7A1_HUMAN]	14,48
A5D8Z7	SIGLEC1 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SIGLEC1 PE=2 SV=1 - [A5D8Z7_HUMAN]	14,47
B7Z3D8	cDNA FLJ56811 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z3D8_HUMAN]	14,34
D6RH05	HCG20001, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=KIAA1257 PE=1 SV=1 - [D6RH05_HUMAN]	14,33
D6RIA3	Uncharacterized protein OS=Homo sapiens GN=LOC285556 PE=1 SV=1 - [D6RIA3_HUMAN]	14,32
Q92797	Symplekin OS=Homo sapiens GN=SYMPK PE=1 SV=2 - [SYMPK_HUMAN]	14,24
B3KWR9	cDNA FLJ43671 fis, clone SYN0V4007553, highly similar to Toll-like receptor 2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KWR9_HUMAN]	14,22
J3KQ96	Treacle protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=TCOF1 PE=1 SV=1 - [J3KQ96_HUMAN]	14,16
A0A024RBF1	Protein phosphatase 1, regulatory (Inhibitor) subunit 12A, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=PPP1R12A PE=4 SV=1 - [A0A024RBF1_HUMAN]	14,00
A0A0X1KG73	Ryanodine receptor 3 OS=Homo sapiens GN=RYP3 PE=1 SV=1 - [A0A0X1KG73_HUMAN]	14,00
P35908	Keratin, type II cytoskeletal 2 epidermal OS=Homo sapiens GN=KRT2 PE=1 SV=2 - [K22E_HUMAN]	13,90
B2R9B8	cDNA, FLJ94320 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2R9B8_HUMAN]	13,83
Q5T1R4	Transcription factor HIVP3 OS=Homo sapiens GN=HIVP3 PE=2 SV=1 - [ZEP3_HUMAN]	13,76
L8E7G9	Alternative protein ZNF74 OS=Homo sapiens GN=ZNF74 PE=4 SV=1 - [L8E7G9_HUMAN]	13,73
D3DWM2	Vacuolar protein sorting 28 (Yeast), isoform CRA_d OS=Homo sapiens GN=VPS28 PE=4 SV=1 - [D3DWM2_HUMAN]	13,72
H0YIT6	GAS2-like protein 3 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=GAS2L3 PE=1 SV=1 - [H0YIT6_HUMAN]	13,72
Q9ULD2	Microtubule-associated tumor suppressor 1 OS=Homo sapiens GN=MTUS1 PE=1 SV=2 - [MTUS1_HUMAN]	13,69
B7Z1U5	cDNA FLJ50461, highly similar to Voltage-dependent L-type calcium channel subunit beta-2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z1U5_HUMAN]	13,69
Q96MK2	Protein FAM65C OS=Homo sapiens GN=FAM65C PE=1 SV=4 - [FA65C_HUMAN]	13,67
Q6ZN50	Oxysterol-binding protein OS=Homo sapiens GN=OSBP2 PE=1 SV=1 - [Q6ZN50_HUMAN]	13,67
Q4F454	NADH-ubiquinone oxidoreductase chain 5 OS=Homo sapiens GN=ND5 PE=3 SV=1 - [Q4F454_HUMAN]	13,62
B7Z3E7	cDNA FLJ56510, highly similar to Tumor suppressor p53-binding protein 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z3E7_HUMAN]	13,58
Q5SVZ6	Zinc finger MYM-type protein 1 OS=Homo sapiens GN=ZMYM1 PE=1 SV=1 - [ZMYM1_HUMAN]	13,55
Q6NUQ9	Mitogen-activated protein kinase 8 interacting protein 1 OS=Homo sapiens GN=MAPK8IP1 PE=2 SV=1 - [Q6NUQ9_HUMAN]	13,55
Q6RI45	Bromodomain and WD repeat-containing protein 3 OS=Homo sapiens GN=BRWD3 PE=1 SV=2 - [BRWD3_HUMAN]	13,55
A0A024RBS1	GCN1 general control of amino-acid synthesis 1-like 1 (Yeast), isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=GCN1L1 PE=4 SV=1 - [A0A024RBS1_HUMAN]	13,54
Q9UNI1	Chymotrypsin-like elastase family member 1 OS=Homo sapiens GN=CELA1 PE=1 SV=2 - [CELA1_HUMAN]	13,51
A0A024DAK3	RNA-specific adenosine deaminase OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A0A024DAK3_HUMAN]	13,50
O43283	Mitogen-activated protein kinase kinase kinase 13 OS=Homo sapiens GN=MAP3K13 PE=1 SV=1 - [M3K13_HUMAN]	13,50
F5GX59	Zonadhesin OS=Homo sapiens GN=ZAN PE=4 SV=2 - [F5GX59_HUMAN]	13,48
Q96HA1	Nuclear envelope pore membrane protein POM 121 OS=Homo sapiens GN=POM121 PE=1 SV=2 - [P121A_HUMAN]	13,47
Q9H6B1	Zinc finger protein 385D OS=Homo sapiens GN=ZNF385D PE=2 SV=1 - [Z385D_HUMAN]	13,47
A5PLM6	SEC14L1 protein OS=Homo sapiens GN=SEC14L1 PE=2 SV=1 - [A5PLM6_HUMAN]	13,45
A0A087WVF8	Myomegalin OS=Homo sapiens GN=PDE4DIP PE=1 SV=1 - [A0A087WVF8_HUMAN]	13,45
D5MBN5	NADH-ubiquinone oxidoreductase chain 5 OS=Homo sapiens GN=ND5 PE=3 SV=1 - [D5MBN5_HUMAN]	13,44
A0A024R1T4	Trinucleotide repeat containing 6B, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=TNRC6B PE=4 SV=1 - [A0A024R1T4_HUMAN]	13,43
H0YCZ2	Kinetochore scaffold 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=KNL1 PE=1 SV=1 - [H0YCZ2_HUMAN]	13,42
E7EUN2	Arf-GAP with GTPase, ANK repeat and PH domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=AGAP1 PE=1 SV=1 - [E7EUN2_HUMAN]	13,40
B7ZLE5	FN1 protein OS=Homo sapiens GN=FN1 PE=2 SV=1 - [B7ZLE5_HUMAN]	13,40
A0A024R7S2	Receptor associated protein 80, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=RAP80 PE=4 SV=1 - [A0A024R7S2_HUMAN]	13,37
Q5UIP0	Telomere-associated protein RIF1 OS=Homo sapiens GN=RIF1 PE=1 SV=2 - [RIF1_HUMAN]	13,37
B8ZZZ7	DNA polymerase-transactivated protein 6, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=SPATS2L PE=1 SV=1 - [B8ZZZ7_HUMAN]	13,36
E7EWW5	Metastasis suppressor protein 1 OS=Homo sapiens GN=MTSS1 PE=1 SV=1 - [E7EWW5_HUMAN]	13,32
Q92610	Zinc finger protein 592 OS=Homo sapiens GN=ZNF592 PE=1 SV=2 - [ZN592_HUMAN]	13,32
Q5SZK8	FRAS1-related extracellular matrix protein 2 OS=Homo sapiens GN=FREM2 PE=1 SV=2 - [FREM2_HUMAN]	13,31
A7MD48	Serine/arginine repetitive matrix protein 4 OS=Homo sapiens GN=SRRM4 PE=1 SV=2 - [SRRM4_HUMAN]	13,30
Q86TC9	Myopalladin OS=Homo sapiens GN=MYPN PE=1 SV=2 - [MYPN_HUMAN]	13,29
Q15149	Plectin OS=Homo sapiens GN=PLEC PE=1 SV=3 - [PLEC_HUMAN]	13,26
F8WDP1	TBC1 domain family member 22A OS=Homo sapiens GN=TBC1D22A PE=1 SV=1 - [F8WDP1_HUMAN]	13,25
Q5T4K5	CREB-regulated transcription coactivator 2 OS=Homo sapiens GN=CRTC2 PE=1 SV=1 - [Q5T4K5_HUMAN]	13,24
Q86YV5	Tyrosine-protein kinase PRAG1 OS=Homo sapiens GN=PRAG1 PE=1 SV=4 - [PRAG1_HUMAN]	13,19
Q14517	Protocadherin Fat 1 OS=Homo sapiens GN=FAT1 PE=1 SV=2 - [FAT1_HUMAN]	13,19

H0YF26	Transcription elongation factor A N-terminal and central domain-containing protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=TCEANC PE=1 SV=1 - [H0YF26_HUMAN]	13,18
A7MBM2	Protein dispatched homolog 2 OS=Homo sapiens GN=DISP2 PE=2 SV=2 - [DISP2_HUMAN]	13,18
A0A1B0GTL5	Rab11 family-interacting protein 5 OS=Homo sapiens GN=RAB11FIP5 PE=1 SV=1 - [A0A1B0GTL5_HUMAN]	13,16
A8K0D4	cDNA FLJ78693, highly similar to Homo sapiens TAF6-like RNA polymerase II, p300/CBP-associated factor (PCAF)-associated factor, 65kDa (TAF6L), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K0D4_HUMAN]	13,15
O43803	NK receptor OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [O43803_HUMAN]	13,13
O15457	MutS protein homolog 4 OS=Homo sapiens GN=MSH4 PE=1 SV=2 - [MSH4_HUMAN]	13,11
Q9H7Z3	Protein NRDE2 homolog OS=Homo sapiens GN=NRDE2 PE=1 SV=3 - [NRDE2_HUMAN]	13,11
Q5T848	Probable G-protein coupled receptor 158 OS=Homo sapiens GN=GPR158 PE=1 SV=1 - [GP158_HUMAN]	13,09
Q6AHZ1	Zinc finger protein 518A OS=Homo sapiens GN=ZNF518A PE=1 SV=2 - [Z518A_HUMAN]	13,09
Q9NR09	Baculoviral IAP repeat-containing protein 6 OS=Homo sapiens GN=BIRC6 PE=1 SV=2 - [BIRC6_HUMAN]	13,06
D3DX93	HCG1745555, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=hCG_1745555 PE=4 SV=1 - [D3DX93_HUMAN]	13,06
M0QZD8	Uncharacterized protein OS=Homo sapiens GN=LOC400499 PE=4 SV=2 - [M0QZD8_HUMAN]	13,06
A0A126LAZ7	Glycoprotein H OS=Homo sapiens GN=U48 PE=3 SV=1 - [A0A126LAZ7_HUMAN]	13,05
A0A075B6Q3	BCL-6 corepressor-like protein 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=BCORL1 PE=1 SV=1 - [A0A075B6Q3_HUMAN]	13,04
Q9UF83	Uncharacterized protein DKFZp434B061 OS=Homo sapiens PE=2 SV=2 - [YM012_HUMAN]	13,04
Q5JPC9	ABI gene family, member 3 (NESH) binding protein, isoform CRA_d OS=Homo sapiens GN=DKFZp667H216 PE=1 SV=1 - [Q5JPC9_HUMAN]	13,02
D3DVK8	Calcium/calmodulin-dependent protein kinase (CaM kinase) II beta, isoform CRA_d OS=Homo sapiens GN=CAMK2B PE=4 SV=1 - [D3DVK8_HUMAN]	13,02
A0A087X208	Agrin OS=Homo sapiens GN=AGRN PE=1 SV=1 - [A0A087X208_HUMAN]	13,01
A0A024R8W2	Chromosome 17 open reading frame 27, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=C17orf27 PE=4 SV=1 - [A0A024R8W2_HUMAN]	12,99
B9ZVN9	DNA-directed RNA polymerase subunit OS=Homo sapiens GN=POLR1A PE=1 SV=1 - [B9ZVN9_HUMAN]	12,98
Q86W11	Fibrocystin-L OS=Homo sapiens GN=PKHD1L1 PE=2 SV=2 - [PKHL1_HUMAN]	12,98
Q5T751	Late cornified envelope protein 1C OS=Homo sapiens GN=LCE1C PE=2 SV=1 - [LCE1C_HUMAN]	12,95
A0A1U9X8Z0	CDSN OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [A0A1U9X8Z0_HUMAN]	12,92
Q86UP3	Zinc finger homeobox protein 4 OS=Homo sapiens GN=ZFX4 PE=1 SV=1 - [ZFX4_HUMAN]	12,91
B2RUU2	ATP-binding cassette, sub-family A (ABC1), member 1 OS=Homo sapiens GN=ABCA1 PE=2 SV=1 - [B2RUU2_HUMAN]	12,90
Q2M2I5	Keratin, type I cytoskeletal 24 OS=Homo sapiens GN=KRT24 PE=1 SV=1 - [K1C24_HUMAN]	12,89
Q86XZ4	Spermatogenesis-associated serine-rich protein 2 OS=Homo sapiens GN=SPATS2 PE=1 SV=1 - [SPAS2_HUMAN]	12,85
E7ENN3	Nesprin-1 OS=Homo sapiens GN=SYNE1 PE=1 SV=2 - [E7ENN3_HUMAN]	12,83
Q92878	DNA repair protein RAD50 OS=Homo sapiens GN=RAD50 PE=1 SV=1 - [RAD50_HUMAN]	12,79
B2RAN0	cDNA, FLJ95010, highly similar to Homo sapiens Bloom syndrome (BLM), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2RAN0_HUMAN]	12,78
Q5U5Q3	RNA-binding E3 ubiquitin-protein ligase MEX3C OS=Homo sapiens GN=MEX3C PE=1 SV=3 - [MEX3C_HUMAN]	12,77
K9MS24	Spectrin beta chain OS=Homo sapiens GN=SPTBN1 PE=2 SV=1 - [K9MS24_HUMAN]	12,77
Q6R327	Rapamycin-insensitive companion of mTOR OS=Homo sapiens GN=RICTOR PE=1 SV=1 - [RICTR_HUMAN]	12,73
A8K0I1	Diacylglycerol kinase OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K0I1_HUMAN]	12,70
Q9Y2H9	Microtubule-associated serine/threonine-protein kinase 1 OS=Homo sapiens GN=MAST1 PE=1 SV=2 - [MAST1_HUMAN]	12,69
Q8N1G1	RNA exonuclease 1 homolog OS=Homo sapiens GN=REXO1 PE=1 SV=3 - [REXO1_HUMAN]	12,69
Q14669	E3 ubiquitin-protein ligase TRIP12 OS=Homo sapiens GN=TRIP12 PE=1 SV=1 - [TRIPC_HUMAN]	12,66
H0UIC2	HCG1794678 OS=Homo sapiens GN=hCG_1794678 PE=4 SV=1 - [H0UIC2_HUMAN]	12,66
Q6WKZ4	Rab11 family-interacting protein 1 OS=Homo sapiens GN=RAB11FIP1 PE=1 SV=3 - [RFIP1_HUMAN]	12,59
Q8NA90	cDNA FLJ35733 fis, clone TESTI2003277, weakly similar to ANTER-SPECIFIC PROLINE-RICH PROTEIN APG OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8NA90_HUMAN]	12,54
Q7Z7G8	Vacuolar protein sorting-associated protein 13B OS=Homo sapiens GN=VPS13B PE=1 SV=2 - [VP13B_HUMAN]	12,53
B4DHJ4	cDNA FLJ57931, highly similar to MORC family CW-type zinc finger 3 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DHJ4_HUMAN]	12,53
Q96AP0	Adrenocortical dysplasia protein homolog OS=Homo sapiens GN=ACD PE=1 SV=3 - [ACD_HUMAN]	12,50
B3KMX4	cDNA FLJ12859 fis, clone NT2RP2003522, highly similar to Zinc finger protein 281 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KMX4_HUMAN]	12,48
D6W5G0	AP2 associated kinase 1, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=AAK1 PE=4 SV=1 - [D6W5G0_HUMAN]	12,46
Q9H6S0	Probable ATP-dependent RNA helicase YTHDC2 OS=Homo sapiens GN=YTHDC2 PE=1 SV=2 - [YTHDC2_HUMAN]	12,46
B7Z326	SLAIN motif-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=SLAIN1 PE=1 SV=1 - [B7Z326_HUMAN]	12,42
Q8IWY7	Tau-tubulin kinase OS=Homo sapiens GN=TTBK2 PE=1 SV=1 - [Q8IWY7_HUMAN]	12,42
A0A0C4DGR2	Prostate tumor overexpressed gene 1, isoform CRA_d OS=Homo sapiens GN=PTOV1 PE=1 SV=1 - [A0A0C4DGR2_HUMAN]	12,41
F6TLX2	Glyoxalase domain-containing protein 4 OS=Homo sapiens GN=GLOD4 PE=1 SV=1 - [F6TLX2_HUMAN]	12,37
Q96N48	cDNA FLJ31413 fis, clone NT2NE2000259, moderately similar to OOCYTE ZINC FINGER PROTEIN XLCOF6.1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q96N48_HUMAN]	12,35
Q9NU22	Midasin OS=Homo sapiens GN=MDN1 PE=1 SV=2 - [MDN1_HUMAN]	12,33
A0A1B0GV09	Histone-lysine N-methyltransferase EHMT1 OS=Homo sapiens GN=EHMT1 PE=1 SV=1 - [A0A1B0GV09_HUMAN]	12,32
A5YKK5	KIAA0232 OS=Homo sapiens GN=KIAA0232 PE=2 SV=1 - [A5YKK5_HUMAN]	12,29
Q9BWF0	RGL2 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=RGL2 PE=2 SV=1 - [Q9BWF0_HUMAN]	12,26
A0A087WXI2	IgGFC-binding protein OS=Homo sapiens GN=FCGBP PE=1 SV=1 - [A0A087WXI2_HUMAN]	12,24
A0A1W2PKR9	Mitogen-activated protein kinase kinase kinase 21 OS=Homo sapiens GN=MAP3K21 PE=4 SV=1 - [A0A1W2PKR9_HUMAN]	12,17
A0A024RA66	Cell division cycle 2-like 5 (Cholinesterase-related cell division controller), isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=CDC2L5 PE=4 SV=1 - [A0A024RA66_HUMAN]	12,14
B7Z7Q8	cDNA FLJ53242, highly similar to CLIP-associating protein 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z7Q8_HUMAN]	12,13
H0Y7U4	THO complex subunit 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=THOC2 PE=1 SV=1 - [H0Y7U4_HUMAN]	11,93
E9PCB6	Neurolysin, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=NLN PE=1 SV=1 - [E9PCB6_HUMAN]	11,91
O60673	DNA polymerase zeta catalytic subunit OS=Homo sapiens GN=REV3L PE=1 SV=2 - [REV3L_HUMAN]	11,91
P42684	Abelson tyrosine-protein kinase 2 OS=Homo sapiens GN=ABL2 PE=1 SV=1 - [ABL2_HUMAN]	11,89
Q20B17	CTTNBP2 OS=Homo sapiens GN=CTTNBP2 PE=4 SV=1 - [Q20B17_HUMAN]	11,86
Q59F18	Smoothelin isoform b variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59F18_HUMAN]	11,84

Q6ZQ6	WD repeat-containing protein 87 OS=Homo sapiens GN=WDR87 PE=1 SV=3 - [WDR87_HUMAN]	11,84
Q8N9U0	Tandem C2 domains nuclear protein OS=Homo sapiens GN=TC2N PE=1 SV=2 - [TAC2N_HUMAN]	11,84
Q96RG4	Insulin receptor substrate 2 insertion mutant (Fragment) OS=Homo sapiens GN=IRS2 PE=4 SV=1 - [Q96RG4_HUMAN]	11,81
A0JLR8	eIF5B protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=EIF5B PE=2 SV=1 - [A0JLR8_HUMAN]	11,79
B7Z8X5	cDNA FLJ61541, highly similar to Homo sapiens PDZ and LIM domain 5 (PDLIM5), transcript variant 2, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z8X5_HUMAN]	11,78
Q9Y3R0	Glutamate receptor-interacting protein 1 OS=Homo sapiens GN=GRIP1 PE=1 SV=3 - [GRIP1_HUMAN]	11,68
A0A087WU38	Glutamate receptor-interacting protein 2 OS=Homo sapiens GN=GRIP2 PE=1 SV=1 - [A0A087WU38_HUMAN]	11,58
D3DP12	Dachsous 2 (Drosophila), isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=DCHS2 PE=4 SV=1 - [D3DP12_HUMAN]	11,51
Q5HY64	Putative protein FAM47C OS=Homo sapiens GN=FAM47C PE=2 SV=1 - [FA47C_HUMAN]	11,49
B7Z8A1	cDNA FLJ61002 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z8A1_HUMAN]	11,44
F8VZY9	Keratin, type I cytoskeletal 18 OS=Homo sapiens GN=KRT18 PE=1 SV=1 - [F8VZY9_HUMAN]	11,27
Q9P273	Teneurin-3 OS=Homo sapiens GN=TENM3 PE=2 SV=3 - [TEN3_HUMAN]	11,24
B2RWP5	Histone-lysine N-methyltransferase OS=Homo sapiens GN=NSD1 PE=2 SV=1 - [B2RWP5_HUMAN]	11,21
Q9UGU0	Transcription factor 20 OS=Homo sapiens GN=TCF20 PE=1 SV=3 - [TCF20_HUMAN]	11,18
P82094	TATA element modulatory factor OS=Homo sapiens GN=TMF1 PE=1 SV=2 - [TMF1_HUMAN]	11,17
A0A087WTU9	Alstrom syndrome protein 1 OS=Homo sapiens GN=ALMS1 PE=1 SV=1 - [A0A087WTU9_HUMAN]	11,16
B7Z8H4	Inactive rhomboid protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z8H4_HUMAN]	11,14
E0D853	Platelet glycoprotein Ib alpha polypeptide type 3 OS=Homo sapiens GN=GP1BA PE=4 SV=1 - [E0D853_HUMAN]	11,12
Q8NHU6	Tudor domain-containing protein 7 OS=Homo sapiens GN=TDRD7 PE=1 SV=2 - [TDRD7_HUMAN]	11,12
A0A0A0MT16	ATP-binding cassette sub-family A member 13 OS=Homo sapiens GN=ABCA13 PE=1 SV=1 - [A0A0A0MT16_HUMAN]	11,10
B4DMM5	cDNA FLJ57327, highly similar to Abl interactor 2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DMM5_HUMAN]	11,06
Q86VD1	MORC family CW-type zinc finger protein 1 OS=Homo sapiens GN=MORC1 PE=2 SV=2 - [MORC1_HUMAN]	11,03
B4DYZ6	cDNA FLJ52369, highly similar to Nuclear pore complex protein Nup214 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DYZ6_HUMAN]	11,03
Q8IZD2	Histone-lysine N-methyltransferase 2E OS=Homo sapiens GN=KMT2E PE=1 SV=1 - [KMT2E_HUMAN]	11,00
B4DG73	cDNA FLJ56431, highly similar to Conserved oligomeric Golgi complex component 6 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DG73_HUMAN]	10,97
B2RAU8	cDNA, FLJ95131, highly similar to Homo sapiens nucleolar and coiled-body phosphoprotein 1 (NOLC1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2RAU8_HUMAN]	10,96
Q9NVY3	cDNA FLJ10438 fis, clone NT2RP1000630, weakly similar to NECDIN OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q9NVY3_HUMAN]	10,94
Q49AI5	DNA repair protein REV1 OS=Homo sapiens GN=REV1 PE=2 SV=1 - [Q49AI5_HUMAN]	10,92
H0YJ52	MAM domain-containing glycosylphosphatidylinositol anchor protein 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MDGA2 PE=1 SV=1 - [H0YJ52_HUMAN]	10,90
B4DV80	cDNA FLJ58330, highly similar to Protein kinase C and casein kinase substrate in neurons protein 3 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DV80_HUMAN]	10,89
Q8TEU7	Rap guanine nucleotide exchange factor 6 OS=Homo sapiens GN=RAPGEF6 PE=1 SV=2 - [RPGF6_HUMAN]	10,86
P35712	Transcription factor SOX-6 OS=Homo sapiens GN=SOX6 PE=1 SV=3 - [SOX6_HUMAN]	10,86
Q9BQI7	PH and SEC7 domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=PSD2 PE=2 SV=3 - [PSD2_HUMAN]	10,79
Q68DE3	Basic helix-loop-helix domain-containing protein USF3 OS=Homo sapiens GN=USF3 PE=1 SV=3 - [USF3_HUMAN]	10,59
M0R1B7	ER membrane protein complex subunit 10 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=EMC10 PE=4 SV=8 - [M0R1B7_HUMAN]	10,59
Q5SXM2	snRNA-activating protein complex subunit 4 OS=Homo sapiens GN=SNAPC4 PE=1 SV=1 - [SNPC4_HUMAN]	10,57
Q5JRH0	Syntaxin-binding protein 5 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=STXB5 PE=1 SV=8 - [Q5JRH0_HUMAN]	10,56
P56645	Period circadian protein homolog 3 OS=Homo sapiens GN=PER3 PE=1 SV=4 - [PER3_HUMAN]	10,55
O75949	Transmembrane protein FAM155B OS=Homo sapiens GN=FAM155B PE=2 SV=2 - [F155B_HUMAN]	10,54
E9PG08	Fetuin-B OS=Homo sapiens GN=FETUB PE=1 SV=1 - [E9PG08_HUMAN]	10,54
E7EPM4	Mucin-17 OS=Homo sapiens GN=MUC17 PE=1 SV=1 - [E7EPM4_HUMAN]	10,53
Q59H46	Integrin beta (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59H46_HUMAN]	10,53
A2N0T0	VH6DJ protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=VH6DJ PE=2 SV=1 - [A2N0T0_HUMAN]	10,52
P55201	Peregrin OS=Homo sapiens GN=BRPF1 PE=1 SV=2 - [BRPF1_HUMAN]	10,49
A2RUU9	PCM1 protein OS=Homo sapiens GN=PCM1 PE=2 SV=1 - [A2RUU9_HUMAN]	10,47
A0A126LAY0	Glycoprotein O OS=Homo sapiens GN=U47 PE=4 SV=1 - [A0A126LAY0_HUMAN]	10,46
Q461N2	Ciprobifate bound protein p240 isoform PRIC320-2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q461N2_HUMAN]	10,45
Q16698	2,4-dienoyl-CoA reductase, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=DECR1 PE=1 SV=1 - [DECR_HUMAN]	10,44
A0A1B0GUB6	Voltage-dependent L-type calcium channel subunit alpha OS=Homo sapiens GN=CACNA1D PE=3 SV=1 - [A0A1B0GUB6_HUMAN]	10,44
Q9UJQ4	Sal-like protein 4 OS=Homo sapiens GN=SALL4 PE=1 SV=1 - [SALL4_HUMAN]	10,43
Q6NVU7	ZP1 protein OS=Homo sapiens GN=ZP1 PE=2 SV=1 - [Q6NVU7_HUMAN]	10,43
Q9NWC0	cDNA FLJ10141 fis, clone HEMBA1003199 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q9NWC0_HUMAN]	10,40
A0A087WXN4	Integrator complex subunit 12 OS=Homo sapiens GN=INTS12 PE=1 SV=1 - [A0A087WXN4_HUMAN]	10,40
A8K2P3	cDNA FLJ77041, highly similar to Homo sapiens RAS protein activator like 2 (RASAL2), transcript variant 1, mRNA (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K2P3_HUMAN]	10,39
Q0VDD8	Dynein heavy chain 14, axonemal OS=Homo sapiens GN=DNAH14 PE=2 SV=3 - [DYH14_HUMAN]	10,38
E9PRD2	39S ribosomal protein L49, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=MRPL49 PE=4 SV=1 - [E9PRD2_HUMAN]	10,38
B7Z8R4	cDNA FLJ51444, highly similar to ETS-related transcription factor Elf-2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z8R4_HUMAN]	10,38
P49792	E3 SUMO-protein ligase RanBP2 OS=Homo sapiens GN=RANBP2 PE=1 SV=2 - [RBP2_HUMAN]	10,37
Q5VZP5	Inactive dual specificity phosphatase 27 OS=Homo sapiens GN=DUSP27 PE=2 SV=1 - [DUS27_HUMAN]	10,35
A6NKB5	Pecanex-like protein 2 OS=Homo sapiens GN=PCNX2 PE=2 SV=3 - [PCX2_HUMAN]	10,35
Q9UKP5	A disintegrin and metalloproteinase with thrombospondin motifs 6 OS=Homo sapiens GN=ADAMTS6 PE=2 SV=2 - [ATS6_HUMAN]	10,32
B7ZLE1	FRMPD4 protein OS=Homo sapiens GN=FRMPD4 PE=2 SV=1 - [B7ZLE1_HUMAN]	10,31
Q5QPE7	Mitochondrial genome maintenance exonuclease 1 OS=Homo sapiens GN=MGME1 PE=1 SV=1 - [Q5QPE7_HUMAN]	10,31
Q9Y2F5	Little elongation complex subunit 1 OS=Homo sapiens GN=ICE1 PE=1 SV=5 - [ICE1_HUMAN]	10,30
Q9H195	Mucin-3B (Fragments) OS=Homo sapiens GN=MUC3B PE=2 SV=2 - [MUC3B_HUMAN]	10,30

C9J6P4	Zinc finger CCCH-type antiviral protein 1 OS=Homo sapiens GN=ZC3HAV1 PE=1 SV=1 - [C9J6P4_HUMAN]	10,30
Q9P2N4	A disintegrin and metalloproteinase with thrombospondin motifs 9 OS=Homo sapiens GN=ADAMTS9 PE=1 SV=4 - [ATS9_HUMAN]	10,28
A5PKW4	PH and SEC7 domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=PSD PE=1 SV=2 - [PSD1_HUMAN]	10,28
F2Z2Z0	Polyadenylate-binding protein 1-like OS=Homo sapiens GN=PABPC1L PE=1 SV=1 - [F2Z2Z0_HUMAN]	10,27
Q6PJ79	ITSN2 protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q6PJ79_HUMAN]	10,27
E7EWM1	Nuclear receptor coactivator 2 OS=Homo sapiens GN=NCOA2 PE=1 SV=2 - [E7EWM1_HUMAN]	10,23
P54289	Voltage-dependent calcium channel subunit alpha-2/delta-1 OS=Homo sapiens GN=CACNA2D1 PE=1 SV=3 - [CA2D1_HUMAN]	10,23
Q8N6B6	Forkhead/winged helix transcription factor (Fragment) OS=Homo sapiens GN=FOXP2 PE=2 SV=1 - [Q8N6B6_HUMAN]	10,23
O75182	Paired amphipathic helix protein Sin3b OS=Homo sapiens GN=SIN3B PE=1 SV=2 - [SIN3B_HUMAN]	10,22
P25391	Laminin subunit alpha-1 OS=Homo sapiens GN=LAMA1 PE=1 SV=2 - [LAMA1_HUMAN]	10,22
B7ZKJ5	ZFX protein OS=Homo sapiens GN=ZFX PE=2 SV=1 - [B7ZKJ5_HUMAN]	10,21
E9PK05	Phospholipid transfer protein C2CD2L OS=Homo sapiens GN=C2CD2L PE=1 SV=1 - [E9PK05_HUMAN]	10,18
Q6N022	Teneurin-4 OS=Homo sapiens GN=TENM4 PE=1 SV=2 - [TEN4_HUMAN]	10,17
Q6P4Q7	Metal transporter CNNM4 OS=Homo sapiens GN=CNNM4 PE=1 SV=3 - [CNNM4_HUMAN]	10,16
Q5HY54	Filamin-A OS=Homo sapiens GN=FLNA PE=1 SV=1 - [Q5HY54_HUMAN]	10,16
H0Y9Y3	Synaptopodin-2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SYNPO2 PE=1 SV=1 - [H0Y9Y3_HUMAN]	10,14
Q8NAF7	cDNA FLJ35424 fis, clone SMINT2001461 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8NAF7_HUMAN]	10,14
Q9P2P6	STAR-related lipid transfer protein 9 OS=Homo sapiens GN=STARD9 PE=1 SV=3 - [STAR9_HUMAN]	10,14
Q2Z218	XK-related protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=XK PE=3 SV=1 - [Q2Z218_HUMAN]	10,13
E7EV07	Rho guanine nucleotide exchange factor 4 OS=Homo sapiens GN=ARHGEF4 PE=1 SV=2 - [E7EV07_HUMAN]	10,13
D9ZHP7	Neuregulin 3 variant 3 OS=Homo sapiens GN=NRG3 PE=2 SV=1 - [D9ZHP7_HUMAN]	10,13
Q6ZN03	Putative uncharacterized protein encoded by LINC00322 OS=Homo sapiens GN=LINC00322 PE=5 SV=1 - [CU136_HUMAN]	10,13
B7Z5K0	cDNA FLJ52445, highly similar to Homo sapiens membrane-associated ring finger (C3HC4) 7 (MARCH7), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z5K0_HUMAN]	10,13
H3BPC9	Activating transcription factor 7-interacting protein 2 OS=Homo sapiens GN=ATF7IP2 PE=1 SV=1 - [H3BPC9_HUMAN]	10,11
Q59G31	Semaphorin 6B isoform 3 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59G31_HUMAN]	10,10
Q59EQ6	Myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia translocated to, 10 isoform a variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59EQ6_HUMAN]	10,09
H7BYZ3	Uncharacterized protein OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [H7BYZ3_HUMAN]	10,09
A8K3D5	cDNA FLJ77065, highly similar to Homo sapiens golgi autoantigen, golgin subfamily a, 4 (GOLGA4), mRNA (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K3D5_HUMAN]	10,09
F8WET1	Vasopressin V2 receptor OS=Homo sapiens GN=AVPR2 PE=4 SV=1 - [F8WET1_HUMAN]	10,08
I3L0Y2	PHD finger protein 23 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PHF23 PE=1 SV=1 - [I3L0Y2_HUMAN]	10,06
AOA126LAX4	U29 OS=Homo sapiens GN=U29 PE=3 SV=1 - [AOA126LAX4_HUMAN]	10,06
Q6UXX5	Inter-alpha-trypsin inhibitor heavy chain H6 OS=Homo sapiens GN=ITIH6 PE=2 SV=1 - [ITIH6_HUMAN]	10,05
A4D139	LOC389470 OS=Homo sapiens GN=LOC389470 PE=4 SV=1 - [A4D139_HUMAN]	10,04
A8KAE4	cDNA FLJ75520 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8KAE4_HUMAN]	10,03
Q76B58	BMP/retinoic acid-inducible neural-specific protein 3 OS=Homo sapiens GN=BRINP3 PE=1 SV=1 - [BRNP3_HUMAN]	10,02
Q6ZNA5	Ferric-chelate reductase 1 OS=Homo sapiens GN=FRRS1 PE=2 SV=2 - [FRRS1_HUMAN]	10,01
AOA0U1RRJ0	Neurexin-3-beta OS=Homo sapiens GN=NRXN3 PE=1 SV=1 - [AOA0U1RRJ0_HUMAN]	10,01
Q8IVF5	T-lymphoma invasion and metastasis-inducing protein 2 OS=Homo sapiens GN=TIAM2 PE=2 SV=4 - [TIAM2_HUMAN]	10,00
Q8N5Q1	Protein FAM71E2 OS=Homo sapiens GN=FAM71E2 PE=2 SV=3 - [F71E2_HUMAN]	10,00
Q9NQ76	Matrix extracellular phosphoglycoprotein OS=Homo sapiens GN=MEPE PE=1 SV=1 - [MEPE_HUMAN]	10,00
Q53SE4	Diacylglycerol kinase (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DGKD PE=3 SV=1 - [Q53SE4_HUMAN]	9,99
Q14828	MG44 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MG44 PE=2 SV=1 - [Q14828_HUMAN]	9,99
A2VEC9	SCO-spondin OS=Homo sapiens GN=SSPO PE=2 SV=1 - [SSPO_HUMAN]	9,98
B7WPD9	Kinesin-like protein KIF26B OS=Homo sapiens GN=KIF26B PE=1 SV=1 - [B7WPD9_HUMAN]	9,97
B4DID9	cDNA FLJ60559, highly similar to PX domain-containing protein kinase-like protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DID9_HUMAN]	9,97
Q8NFW9	Rab effector MyRIP OS=Homo sapiens GN=MYRIP PE=1 SV=2 - [MYRIP_HUMAN]	9,96
Q8N7Z5	Putative ankyrin repeat domain-containing protein 31 OS=Homo sapiens GN=ANKRD31 PE=5 SV=2 - [ANR31_HUMAN]	9,96
A7E2F9	SIPA1L2 protein OS=Homo sapiens GN=SIPA1L2 PE=2 SV=1 - [A7E2F9_HUMAN]	9,96
H3BNI7	Protein CBFA2T3 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=CBFA2T3 PE=1 SV=1 - [H3BNI7_HUMAN]	9,96
Q59GI4	Zinc finger, FYVE domain containing 9 isoform 3 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59GI4_HUMAN]	9,95
B4DYD1	cDNA FLJ57231, moderately similar to Homo sapiens polyhomeotic like 3 (PHC3), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DYD1_HUMAN]	9,94
B7ZM21	ZFP2 protein OS=Homo sapiens GN=ZFP2 PE=2 SV=1 - [B7ZM21_HUMAN]	9,93
AOA087X0K8	Probable G-protein-coupled receptor 179 OS=Homo sapiens GN=GPR179 PE=4 SV=1 - [AOA087X0K8_HUMAN]	9,93
Q6UWX4	HHIP-like protein 2 OS=Homo sapiens GN=HHIPL2 PE=1 SV=1 - [HHIPL2_HUMAN]	9,92
Q59FA8	Integrin alpha-IIb variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59FA8_HUMAN]	9,91
AOA0A0MTE2	LIM domain only protein 7 OS=Homo sapiens GN=LMO7 PE=1 SV=1 - [AOA0A0MTE2_HUMAN]	9,89
O15018	PDZ domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=PDZD2 PE=1 SV=4 - [PDZD2_HUMAN]	9,89
B4DH14	cDNA FLJ60515, highly similar to Period circadian protein 2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DH14_HUMAN]	9,88
Q8TDW5	Synaptotagmin-like protein 5 OS=Homo sapiens GN=SYTL5 PE=1 SV=1 - [SYTL5_HUMAN]	9,86
B4DYG2	cDNA FLJ53397, highly similar to Mitotic checkpoint serine/threonine-protein kinase BUB1 (EC 2.7.11.1) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DYG2_HUMAN]	9,85
Q53H40	Endomucin variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q53H40_HUMAN]	9,83
Q9NZJ4	Saccin OS=Homo sapiens GN=SACS PE=1 SV=2 - [SACS_HUMAN]	9,83
Q6TME4	Voltage-dependent L-type calcium channel subunit beta-1 OS=Homo sapiens GN=CACNB1 PE=1 SV=1 - [Q6TME4_HUMAN]	9,83
Q9H4H8	Protein FAM83D OS=Homo sapiens GN=FAM83D PE=1 SV=3 - [FA83D_HUMAN]	9,82

B2RU27	Testis expressed 15 OS=Homo sapiens GN=TEX15 PE=2 SV=1 - [B2RU27_HUMAN]	9,81
Q96AY4	Tetratricopeptide repeat protein 28 OS=Homo sapiens GN=TTTC28 PE=1 SV=4 - [TTTC28_HUMAN]	9,80
H0YA79	PRELI domain-containing protein 1, mitochondrial (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PRELID1 PE=1 SV=1 - [H0YA79_HUMAN]	9,79
M0R2B3	Uncharacterized protein C19orf44 OS=Homo sapiens GN=C19orf44 PE=1 SV=1 - [M0R2B3_HUMAN]	9,78
O43419	Intestinal mucin (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MUC3 PE=2 SV=1 - [O43419_HUMAN]	9,78
P01024	Complement C3 OS=Homo sapiens GN=C3 PE=1 SV=2 - [C03_HUMAN]	9,77
Q2TAC2	Coiled-coil domain-containing protein 57 OS=Homo sapiens GN=CCDC57 PE=1 SV=2 - [CCD57_HUMAN]	9,76
Q7RTS1	Class A basic helix-loop-helix protein 15 OS=Homo sapiens GN=BHLHA15 PE=1 SV=1 - [BHA15_HUMAN]	9,76
B3KQZ8	cDNA FLJ33349 fis, clone BRACE2003905 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KQZ8_HUMAN]	9,76
A8K449	Chloride channel protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K449_HUMAN]	9,76
P82987	ADAMTS-like protein 3 OS=Homo sapiens GN=ADAMTSL3 PE=1 SV=4 - [ATL3_HUMAN]	9,76
O60583	Cyclin-T2 OS=Homo sapiens GN=CCNT2 PE=1 SV=2 - [CCNT2_HUMAN]	9,75
AOA1B0GTH6	Uncharacterized protein OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [AOA1B0GTH6_HUMAN]	9,75
H0Y7V8	Serine/threonine-protein kinase MRCK alpha (Fragment) OS=Homo sapiens GN=CDC42BPA PE=1 SV=1 - [H0Y7V8_HUMAN]	9,75
Q08378	Golgin subfamily A member 3 OS=Homo sapiens GN=GOLGA3 PE=1 SV=2 - [GOGA3_HUMAN]	9,74
Q6P2D8	X-ray radiation resistance-associated protein 1 OS=Homo sapiens GN=XRRA1 PE=2 SV=2 - [XRRA1_HUMAN]	9,74
Q460P3	Hydrocephalus-inducing protein homolog OS=Homo sapiens GN=HYDIN PE=1 SV=3 - [HYDIN_HUMAN]	9,74
O15063	Uncharacterized protein KIAA0355 OS=Homo sapiens GN=KIAA0355 PE=1 SV=2 - [K0355_HUMAN]	9,72
AOA024RAB6	Heparan sulfate proteoglycan 2 (Perlecan), isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=HSPG2 PE=4 SV=1 - [AOA024RAB6_HUMAN]	9,71
Q12860	Contactin-1 OS=Homo sapiens GN=CNTN1 PE=1 SV=1 - [CNTN1_HUMAN]	9,70
Q96B97	SH3 domain-containing kinase-binding protein 1 OS=Homo sapiens GN=SH3KBP1 PE=1 SV=2 - [SH3K1_HUMAN]	9,68
B7Z1M7	cDNA FLJ59478, highly similar to Liprin-beta-2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z1M7_HUMAN]	9,67
A6NEM1	Golgin subfamily A member 6-like protein 9 OS=Homo sapiens GN=GOLGA6L9 PE=2 SV=4 - [GG6L9_HUMAN]	9,66
Q8WX93	Palladin OS=Homo sapiens GN=PALLD PE=1 SV=3 - [PALLD_HUMAN]	9,65
AOA090N8E5	Similar to OG-2 homeodomain protein-like similar to U65067 (PID:g1575526) OS=Homo sapiens GN=LOC135935 PE=4 SV=1 - [AOA090N8E5_HUMAN]	9,65
O76050	E3 ubiquitin-protein ligase NEURL1 OS=Homo sapiens GN=NEURL1 PE=2 SV=1 - [NEUL1_HUMAN]	9,65
J3KRU0	Pleckstrin homology domain-containing family M member 1 OS=Homo sapiens GN=PLEKHM1 PE=1 SV=1 - [J3KRU0_HUMAN]	9,64
Q96PF1	Protein-glutamine gamma-glutamyltransferase Z OS=Homo sapiens GN=TGM7 PE=2 SV=1 - [TGM7_HUMAN]	9,63
I6LEM2	KIR3DS1 OS=Homo sapiens GN=KIR3DS1 PE=4 SV=1 - [I6LEM2_HUMAN]	9,63
C9JYI0	E3 ubiquitin-protein ligase makorin-1 OS=Homo sapiens GN=MKRN1 PE=4 SV=1 - [C9JYI0_HUMAN]	9,63
B7Z5S1	cDNA FLJ16199, highly similar to Homo sapiens androgen-induced proliferation inhibitor (APRIN), transcript variant 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z5S1_HUMAN]	9,62
B7Z384	cDNA FLJ59024 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z384_HUMAN]	9,62
Q6PL18	ATPase family AAA domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=ATAD2 PE=1 SV=1 - [ATAD2_HUMAN]	9,62
D3DRA2	Collagen, type XVII, alpha 1, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=COL17A1 PE=2 SV=1 - [D3DRA2_HUMAN]	9,61
Q9NVB8	cDNA FLJ10824 fis, clone NT2RP4001086 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q9NVB8_HUMAN]	9,59
AOA024RAN2	Calpastatin, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=CAST PE=4 SV=1 - [AOA024RAN2_HUMAN]	9,59
Q5XUX1	F-box/WD repeat-containing protein 9 OS=Homo sapiens GN=FBXW9 PE=1 SV=2 - [FBXW9_HUMAN]	9,58
G3V0E6	Podocalyxin OS=Homo sapiens GN=PODXL PE=1 SV=1 - [G3V0E6_HUMAN]	9,56
Q13136	Liprin-alpha-1 OS=Homo sapiens GN=PPFIA1 PE=1 SV=1 - [LIPA1_HUMAN]	9,56
C9K0V9	Ataxin-7-like protein 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ATXN7L1 PE=1 SV=1 - [C9K0V9_HUMAN]	9,54
B5BU38	Annexin OS=Homo sapiens GN=ANXA1 PE=2 SV=1 - [B5BU38_HUMAN]	9,53
B1AUU8	Epidermal growth factor receptor substrate 15 OS=Homo sapiens GN=EPS15 PE=1 SV=1 - [B1AUU8_HUMAN]	9,53
Q6UX82	Ly6/PLAUR domain-containing protein 8 OS=Homo sapiens GN=LYPD8 PE=1 SV=2 - [LYPD8_HUMAN]	9,51
Q59G60	DHX57 protein variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59G60_HUMAN]	9,50
AOA126LAV0	Pp100 OS=Homo sapiens GN=U11 PE=4 SV=1 - [AOA126LAV0_HUMAN]	9,50
Q81Y92	Structure-specific endonuclease subunit SLX4 OS=Homo sapiens GN=SLX4 PE=1 SV=3 - [SLX4_HUMAN]	9,47
B7Z7H2	cDNA FLJ58079, highly similar to Homo sapiens SH3 multiple domains 1 (SH3MD1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z7H2_HUMAN]	9,46
Q5TIE3	von Willebrand factor A domain-containing protein 5B1 OS=Homo sapiens GN=VWA5B1 PE=1 SV=2 - [VW5B1_HUMAN]	9,45
P98196	Probable phospholipid-transporting ATPase IH OS=Homo sapiens GN=ATP11A PE=1 SV=3 - [AT11A_HUMAN]	9,44
B7Z8D2	cDNA FLJ53948, highly similar to LIM domain only protein 6 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z8D2_HUMAN]	9,43
Q9UKA4	A-kinase anchor protein 11 OS=Homo sapiens GN=AKAP11 PE=1 SV=1 - [AKA11_HUMAN]	9,38
D6RGG3	Collagen alpha-1(XII) chain OS=Homo sapiens GN=COL12A1 PE=1 SV=1 - [D6RGG3_HUMAN]	9,37
Q59FP8	Neogenin (Fragment) OS=Homo sapiens GN=NEO1 PE=1 SV=1 - [Q59FP8_HUMAN]	9,37
Q9C0A1	Zinc finger homeobox protein 2 OS=Homo sapiens GN=ZFHX2 PE=2 SV=3 - [ZFHX2_HUMAN]	9,35
Q06278	Aldehyde oxidase OS=Homo sapiens GN=AOX1 PE=1 SV=2 - [AOXA_HUMAN]	9,34
A8K8Y8	cDNA FLJ77796, highly similar to Homo sapiens evolutionarily conserved G-patch domain containing protein mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K8Y8_HUMAN]	9,34
F1T0E5	Calcium-dependent secretion activator 1 OS=Homo sapiens GN=CADPS PE=1 SV=1 - [F1T0E5_HUMAN]	9,33
Q8N1G0	Zinc finger protein 687 OS=Homo sapiens GN=ZNF687 PE=1 SV=1 - [ZN687_HUMAN]	9,33
AOA0J9YY01	Unconventional myosin-XVB OS=Homo sapiens GN=MYO15B PE=1 SV=1 - [AOA0J9YY01_HUMAN]	9,33
Q7Z401	C-myc promoter-binding protein OS=Homo sapiens GN=DENND4A PE=1 SV=2 - [MYCPP_HUMAN]	9,30
O43151	Methylcytosine dioxygenase TET3 OS=Homo sapiens GN=TET3 PE=1 SV=3 - [TET3_HUMAN]	9,28
AOA024R914	Centrosomal protein 350kDa, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=CEP350 PE=4 SV=1 - [AOA024R914_HUMAN]	9,28
O94851	[F-actin]-methionine sulfoxide oxidase MICAL2 OS=Homo sapiens GN=MICAL2 PE=1 SV=1 - [MICA2_HUMAN]	9,23
A1L4H1	Soluble scavenger receptor cysteine-rich domain-containing protein SSC5D OS=Homo sapiens GN=SSC5D PE=1 SV=3 - [SRCRL_HUMAN]	9,22
B4DJT3	cDNA FLJ54498, weakly similar to Mucin-like protein 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DJT3_HUMAN]	9,22
AOA0A0MSI1	Protein inscuteable homolog OS=Homo sapiens GN=INSC PE=1 SV=1 - [AOA0A0MSI1_HUMAN]	9,21
B4E1W0	cDNA FLJ61044, highly similar to Sodium/potassium/calcium exchanger 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E1W0_HUMAN]	9,20
B3KSI0	cDNA FLJ36270 fis, clone THYMU2003046, highly similar to Plexin domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KSI0_HUMAN]	9,17

B4DW58	cDNA FLJ61429, highly similar to Ena/VASP-like protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DW58_HUMAN]	9,17
Q9HBD1	Roquin-2 OS=Homo sapiens GN=RC3H2 PE=1 SV=2 - [RC3H2_HUMAN]	9,15
MOQZ32	Occludin/ELL domain-containing protein 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=OCEL1 PE=4 SV=1 - [MOQZ32_HUMAN]	9,11
B4DGV0	cDNA FLJ60251, highly similar to Contactin-6 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DGV0_HUMAN]	9,10
A0A024RCG1	Chromosome X open reading frame 34, isoform CRA_c OS=Homo sapiens GN=CXorf34 PE=3 SV=1 - [A0A024RCG1_HUMAN]	9,09
A8MYU2	Potassium channel subfamily U member 1 OS=Homo sapiens GN=KCNU1 PE=1 SV=2 - [KCNU1_HUMAN]	9,08
Q59EC9	Glyceronephosphate O-acyltransferase variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59EC9_HUMAN]	9,07
Q6ZNK2	FLJ00307 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=FLJ00307 PE=2 SV=1 - [Q6ZNK2_HUMAN]	9,02
Q5T2D2	Trem-like transcript 2 protein OS=Homo sapiens GN=TREML2 PE=1 SV=2 - [TRML2_HUMAN]	9,01
B4DZR3	cDNA FLJ59826, highly similar to Zinc finger protein ZFPM2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DZR3_HUMAN]	9,00
Q9UK58	Cyclin-L1 OS=Homo sapiens GN=CCNL1 PE=1 SV=1 - [CCNL1_HUMAN]	8,97
B3KUZ1	cDNA FLJ40943 fis, clone UTERU2008561 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KUZ1_HUMAN]	8,94
Q02817	Mucin-2 OS=Homo sapiens GN=MUC2 PE=1 SV=2 - [MUC2_HUMAN]	8,89
Q9NRJ5	Poly(A) polymerase beta OS=Homo sapiens GN=PAPOLB PE=2 SV=1 - [PAPOB_HUMAN]	8,85
A0A0C4DG97	FSD1-like protein OS=Homo sapiens GN=FSD1L PE=1 SV=1 - [A0A0C4DG97_HUMAN]	8,79
Q9ULM3	YEATS domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=YEATS2 PE=1 SV=2 - [YETS2_HUMAN]	8,76
Q96EF9	Zinc fingers and homeoboxes protein 1, isoform 2 OS=Homo sapiens GN=ZHX1-C8orf76 PE=2 SV=1 - [ZHX1R_HUMAN]	8,76
B5MDQ0	DNA excision repair protein ERCC-6-like OS=Homo sapiens GN=ERCC6L PE=1 SV=1 - [B5MDQ0_HUMAN]	8,73
Q9NRE2	Teashirt homolog 2 OS=Homo sapiens GN=TSHZ2 PE=1 SV=3 - [TSH2_HUMAN]	8,73
Q68CL5	Tubulin polyglutamylase complex subunit 2 OS=Homo sapiens GN=TPGS2 PE=2 SV=2 - [TPGS2_HUMAN]	8,70
A8K482	Aspartate aminotransferase OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K482_HUMAN]	8,69
P46020	Phosphorylase b kinase regulatory subunit alpha, skeletal muscle isoform OS=Homo sapiens GN=PHKA1 PE=1 SV=2 - [KPB1_HUMAN]	8,67
Q9P266	Junctional protein associated with coronary artery disease OS=Homo sapiens GN=KIAA1462 PE=1 SV=3 - [JCAD_HUMAN]	8,59
Q59FL5	Ras inhibitor RIN1 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59FL5_HUMAN]	8,49
Q92942	RaGDS-like (Fragment) OS=Homo sapiens GN=RGL2 PE=2 SV=1 - [Q92942_HUMAN]	8,48
A0A087WW46	Nodal modulator 1 OS=Homo sapiens GN=NOMO1 PE=1 SV=1 - [A0A087WW46_HUMAN]	8,44
Q5JR59	Microtubule-associated tumor suppressor candidate 2 OS=Homo sapiens GN=MTUS2 PE=1 SV=3 - [MTUS2_HUMAN]	8,41
Q14204	Cytoplasmic dynein 1 heavy chain 1 OS=Homo sapiens GN=DYNC1H1 PE=1 SV=5 - [DYHC1_HUMAN]	8,37
Q96BY7	Autophagy-related protein 2 homolog B OS=Homo sapiens GN=ATG2B PE=1 SV=5 - [ATG2B_HUMAN]	8,31
Q9BVI0	PHD finger protein 20 OS=Homo sapiens GN=PHF20 PE=1 SV=2 - [PHF20_HUMAN]	8,29
Q9NXG0	Centlein OS=Homo sapiens GN=CNTLN PE=1 SV=5 - [CNTLN_HUMAN]	8,21
Q9NQS7	Inner centromere protein OS=Homo sapiens GN=INCENP PE=1 SV=3 - [INCE_HUMAN]	8,21
B4DQM6	cDNA FLJ55563, highly similar to Homo sapiens G1 to S phase transition 2 (GSPT2), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DQM6_HUMAN]	8,12
Q9NT99	Leucine-rich repeat-containing protein 4B OS=Homo sapiens GN=LRRC4B PE=2 SV=3 - [LRC4B_HUMAN]	8,10
Q5JXC2	Migration and invasion-inhibitory protein OS=Homo sapiens GN=MIIP PE=1 SV=3 - [MIIP_HUMAN]	8,06
Q684P5	Rap1 GTPase-activating protein 2 OS=Homo sapiens GN=RAP1GAP2 PE=1 SV=2 - [RPGP2_HUMAN]	8,04
O75443	Alpha-tectorin OS=Homo sapiens GN=TECTA PE=1 SV=3 - [TECTA_HUMAN]	8,04
B8ZZB0	Coiled-coil domain-containing protein 74B OS=Homo sapiens GN=CCDC74B PE=4 SV=1 - [B8ZZB0_HUMAN]	7,98
A0A1W2PRA3	Protein Dok-7 OS=Homo sapiens GN=DOK7 PE=4 SV=1 - [A0A1W2PRA3_HUMAN]	7,97
Q8IZ48	Fas (TNFRSF6) binding factor 1 OS=Homo sapiens GN=FBF1 PE=2 SV=1 - [Q8IZ48_HUMAN]	7,96
A0A024R6Y5	Dipeptidase OS=Homo sapiens GN=DPEP2 PE=3 SV=1 - [A0A024R6Y5_HUMAN]	7,89
A0A0A0MRE6	WD repeat-containing protein 47 OS=Homo sapiens GN=WDR47 PE=1 SV=1 - [A0A0A0MRE6_HUMAN]	7,86
Q5TZA2	Rootletin OS=Homo sapiens GN=CROCC PE=1 SV=1 - [CROCC_HUMAN]	7,86
L8E853	von Willebrand factor OS=Homo sapiens GN=VWF PE=4 SV=1 - [L8E853_HUMAN]	7,85
A0A1B0GTU7	DNA polymerase subunit gamma-1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=POLG PE=1 SV=1 - [A0A1B0GTU7_HUMAN]	7,85
Q9H4L5	Oxysterol-binding protein-related protein 3 OS=Homo sapiens GN=OSBPL3 PE=1 SV=1 - [OSBPL3_HUMAN]	7,76
B4DZS5	cDNA FLJ58556, highly similar to Transmembrane glycoprotein NMB OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DZS5_HUMAN]	7,74
Q9NUE0	Palmitoyltransferase ZDHHC18 OS=Homo sapiens GN=ZDHHC18 PE=1 SV=2 - [ZDH18_HUMAN]	7,68
Q16594	Transcription initiation factor TFIID subunit 9 OS=Homo sapiens GN=TAF9 PE=1 SV=1 - [TAF9_HUMAN]	7,63
Q8TE23	Taste receptor type 1 member 2 OS=Homo sapiens GN=TAS1R2 PE=3 SV=2 - [TS1R2_HUMAN]	7,58
Q8NET4	Retrotransposon Gag-like protein 9 OS=Homo sapiens GN=RTL9 PE=1 SV=1 - [RTL9_HUMAN]	7,56
A0A0J9YW69	NHS-like protein 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=NHSL2 PE=1 SV=1 - [A0A0J9YW69_HUMAN]	7,55
A0A087WWJ1	DNA mismatch repair protein Msh6 OS=Homo sapiens GN=MSH6 PE=1 SV=1 - [A0A087WWJ1_HUMAN]	7,54
B3KX30	cDNA FLJ44557 fis, clone UTERU3007913, highly similar to FERM domain-containing protein 6 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KX30_HUMAN]	7,54
Q5VWN6	Protein FAM208B OS=Homo sapiens GN=FAM208B PE=1 SV=1 - [F208B_HUMAN]	7,53
A0A024R0E9	Membrane associated guanylate kinase, WW and PDZ domain containing 3, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=MAGI3 PE=4 SV=1 - [A0A024R0E9_HUMAN]	7,50
F5H7V9	Tenascin OS=Homo sapiens GN=TNC PE=1 SV=1 - [F5H7V9_HUMAN]	7,47
Q5H8Y1	Tyrosine-protein kinase receptor OS=Homo sapiens GN=ROS1 PE=1 SV=1 - [Q5H8Y1_HUMAN]	7,45
L8ECJ7	Alternative protein MMP25 OS=Homo sapiens GN=MMP25 PE=4 SV=1 - [L8ECJ7_HUMAN]	7,42
B3KUS4	cDNA FLJ40508 fis, clone TESTI2045850, highly similar to AP-3 complex subunit beta-2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KUS4_HUMAN]	7,40
B4E0H6	cDNA FLJ52584, highly similar to Heat shock 70 kDa protein 4 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E0H6_HUMAN]	7,39
Q7Z2Z2	Elongation factor-like GTPase 1 OS=Homo sapiens GN=EFL1 PE=1 SV=2 - [EFL1_HUMAN]	7,39
A8K9G4	cDNA FLJ77745, highly similar to Homo sapiens neutral sphingomyelinase (N-SMase) activation associated factor (NSMAF), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K9G4_HUMAN]	7,38
H0YC79	Alpha-1,3-mannosyl-glycoprotein 4-beta-N-acetylglucosaminyltransferase B (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MGAT4B PE=1 SV=1 - [H0YC79_HUMAN]	7,37
Q9UIF8	Bromodomain adjacent to zinc finger domain protein 2B OS=Homo sapiens GN=BAZ2B PE=1 SV=3 - [BAZ2B_HUMAN]	7,37

A0A024R6R9	ATP-binding cassette, sub-family C (CFTR/MRP), member 11, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=ABCC11 PE=4 SV=1 - [A0A024R6R9_HUMAN]	7,35
L8E931	Alternative protein BCAN OS=Homo sapiens GN=BCAN PE=4 SV=1 - [L8E931_HUMAN]	7,35
G8XUU6	Metabotropic glutamate receptor 5 variant F OS=Homo sapiens GN=GRM5 PE=2 SV=1 - [G8XUU6_HUMAN]	7,34
Q9H841	NIPA-like protein 2 OS=Homo sapiens GN=NIPAL2 PE=2 SV=1 - [NPAL2_HUMAN]	7,34
A0A087WV04	SUN domain-containing ossification factor OS=Homo sapiens GN=SUCO PE=1 SV=1 - [A0A087WV04_HUMAN]	7,33
Q4VB33	APOBEC1 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=APOBEC1 PE=2 SV=1 - [Q4VB33_HUMAN]	7,33
A0A1B0GTN9	Pleckstrin homology domain-containing family A member 7 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PLEKHA7 PE=1 SV=1 - [A0A1B0GTN9_HUMAN]	7,31
G3V2F6	Lymphoid-restricted membrane protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=LRMP PE=1 SV=8 - [G3V2F6_HUMAN]	7,31
Q9NPL4	ENO3, muscle enolase 3 beta (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q9NPL4_HUMAN]	7,29
P49247	Ribose-5-phosphate isomerase OS=Homo sapiens GN=RP1A PE=1 SV=3 - [RP1A_HUMAN]	7,29
Q96AZ4	Secretory carrier-associated membrane protein (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q96AZ4_HUMAN]	7,29
J3KNL6	Protein transport protein Sec16A OS=Homo sapiens GN=SEC16A PE=1 SV=1 - [J3KNL6_HUMAN]	7,28
B1AHL2	Fibulin-1 OS=Homo sapiens GN=FBLN1 PE=1 SV=1 - [B1AHL2_HUMAN]	7,27
Q96H78	Solute carrier family 25 member 44 OS=Homo sapiens GN=SLC25A44 PE=2 SV=1 - [S2544_HUMAN]	7,26
E9PDY4	Complement receptor type 1 OS=Homo sapiens GN=CR1 PE=1 SV=1 - [E9PDY4_HUMAN]	7,21
O94988	Protein FAM13A OS=Homo sapiens GN=FAM13A PE=1 SV=2 - [FA13A_HUMAN]	7,20
G3V5F7	Ena/VASP-like protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=EVL PE=1 SV=1 - [G3V5F7_HUMAN]	7,17
A0A087X2D6	Natural resistance-associated macrophage protein 1 OS=Homo sapiens GN=SLC11A1 PE=1 SV=1 - [A0A087X2D6_HUMAN]	7,14
A6ZIE2	MUC1 isoform M8 OS=Homo sapiens GN=MUC1 PE=2 SV=1 - [A6ZIE2_HUMAN]	7,13
B3KP53	cDNA FLJ31175 fis, clone KIDNE2000167, highly similar to Homo sapiens solute carrier family 22 (organic anion/cation transporter), member 12 (SLC22A12), transcript variant 2, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KP53_HUMAN]	7,13
L8E7G4	Alternative protein TGM3 OS=Homo sapiens GN=TGM3 PE=4 SV=1 - [L8E7G4_HUMAN]	7,12
Q68CX8	Putative uncharacterized protein DKFZp686P12272 OS=Homo sapiens GN=DKFZp686P12272 PE=4 SV=2 - [Q68CX8_HUMAN]	7,11
Q15403	Pregnancy-specific protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SP1 PE=2 SV=1 - [Q15403_HUMAN]	7,11
F8VYK4	Receptor tyrosine-protein kinase erbB-3 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ERBB3 PE=1 SV=2 - [F8VYK4_HUMAN]	7,09
Q96RS6	NudC domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=NUDC1 PE=1 SV=2 - [NUDC1_HUMAN]	7,09
G3V419	DNA mismatch repair protein Mlh3 OS=Homo sapiens GN=MLH3 PE=1 SV=1 - [G3V419_HUMAN]	7,08
B2R8T0	cDNA, FLJ94049, highly similar to Homo sapiens egf-like module containing, mucin-like, hormonereceptor-like sequence 1 (EMR1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2R8T0_HUMAN]	7,08
H0Y9E2	Fibroblast growth factor (Fragment) OS=Homo sapiens GN=FGF5 PE=3 SV=1 - [H0Y9E2_HUMAN]	7,08
Q701N4	Keratin-associated protein 5-2 OS=Homo sapiens GN=KRTAP5-2 PE=1 SV=1 - [KRA52_HUMAN]	7,07
K7ER64	Uncharacterized protein C18orf25 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=C18orf25 PE=4 SV=1 - [K7ER64_HUMAN]	7,07
Q05BS8	SFRS2IP protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SFRS2IP PE=2 SV=1 - [Q05BS8_HUMAN]	7,05
Q8WWA1	Transmembrane protein 40 OS=Homo sapiens GN=TMEM40 PE=1 SV=2 - [TMM40_HUMAN]	7,04
B4DZN6	cDNA FLJ57242, highly similar to DNA excision repair protein ERCC-6 (EC 3.6.1.-) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DZN6_HUMAN]	7,03
B2RDB1	cDNA, FLJ96533, highly similar to Homo sapiens golgi coiled-coil 1 (GCC1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2RDB1_HUMAN]	7,03
A0A024RBE3	Potassium voltage-gated channel, Shaw-related subfamily, member 2, isoform CRA_d OS=Homo sapiens GN=KCNC2 PE=3 SV=1 - [A0A024RBE3_HUMAN]	7,03
A6QL64	Ankyrin repeat domain-containing protein 36A OS=Homo sapiens GN=ANKRD36 PE=2 SV=3 - [AN36A_HUMAN]	7,02
Q8NFI9	Fibroblast growth factor (Fragment) OS=Homo sapiens GN=FGF10 PE=2 SV=1 - [Q8NFI9_HUMAN]	7,00
Q8NF24	FLJ00378 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=FLJ00378 PE=2 SV=1 - [Q8NF24_HUMAN]	7,00
A0A024R235	Zinc finger, CCHC domain containing 6, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=ZCCHC6 PE=4 SV=1 - [A0A024R235_HUMAN]	6,99
A6NMZ7	Collagen alpha-6(VI) chain OS=Homo sapiens GN=COL6A6 PE=1 SV=2 - [CO6A6_HUMAN]	6,99
Q6NYC5	MAP2 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MAP2 PE=2 SV=1 - [Q6NYC5_HUMAN]	6,98
O75603	Chorion-specific transcription factor GCMb OS=Homo sapiens GN=GCM2 PE=1 SV=1 - [GCM2_HUMAN]	6,97
A0A0A0MSW3	Nuclear pore complex protein Nup214 OS=Homo sapiens GN=NUP214 PE=1 SV=1 - [A0A0A0MSW3_HUMAN]	6,96
Q59FZ0	LAMP1 protein variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59FZ0_HUMAN]	6,95
Q96QI5	Heparan sulfate glucosamine 3-O-sulfotransferase 6 OS=Homo sapiens GN=HS3ST6 PE=1 SV=2 - [HS3S6_HUMAN]	6,95
O76039	Cyclin-dependent kinase-like 5 OS=Homo sapiens GN=CDKL5 PE=1 SV=1 - [CDKL5_HUMAN]	6,95
Q8NAG1	cDNA FLJ35409 fis, clone SKNSH2009435 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8NAG1_HUMAN]	6,95
Q8N930	cDNA FLJ38464 fis, clone FEBRA2021171 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8N930_HUMAN]	6,94
Q96D98	EP300-interacting inhibitor of differentiation 2B OS=Homo sapiens GN=EID2B PE=1 SV=2 - [EID2B_HUMAN]	6,94
B3KWV4	cDNA FLJ43940 fis, clone TESTI4014175, highly similar to Chromodomain helicase-DNA-binding protein 3 (EC 3.6.1.-) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KWV4_HUMAN]	6,94
G5E963	Transmembrane and coiled-coil domain family 2, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=TMCC2 PE=1 SV=1 - [G5E963_HUMAN]	6,93
J9JIF5	CXXC-type zinc finger protein 4 OS=Homo sapiens GN=CXXC4 PE=4 SV=1 - [J9JIF5_HUMAN]	6,92
Q724S6	Kinesin-like protein KIF21A OS=Homo sapiens GN=KIF21A PE=1 SV=2 - [KI21A_HUMAN]	6,92
H7C4M0	Filamin A-interacting protein 1-like (Fragment) OS=Homo sapiens GN=FLIP1L PE=1 SV=1 - [H7C4M0_HUMAN]	6,92
A6NKC6	Retinitis pigmentosa 1-like 1 protein OS=Homo sapiens GN=RP1L1 PE=1 SV=2 - [A6NKC6_HUMAN]	6,92
Q02Q02	Spermatogenesis-associated protein 31D1 OS=Homo sapiens GN=SPATA31D1 PE=2 SV=1 - [S31D1_HUMAN]	6,90
Q96JQ0	Protocadherin-16 OS=Homo sapiens GN=DCHS1 PE=1 SV=1 - [PCD16_HUMAN]	6,90
A8K8N3	cDNA FLJ78740, highly similar to Homo sapiens sperm associated antigen 5 (SPAG5), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K8N3_HUMAN]	6,90
O60307	Microtubule-associated serine/threonine-protein kinase 3 OS=Homo sapiens GN=MAST3 PE=1 SV=2 - [MAST3_HUMAN]	6,89
B7Z2F5	cDNA FLJ55918, highly similar to Echinoderm microtubule-associated protein-like 2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z2F5_HUMAN]	6,89
B4DW48	cDNA FLJ50256, highly similar to Trpc4-associated protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DW48_HUMAN]	6,89
Q9UE02	MICA protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MICA PE=4 SV=1 - [Q9UE02_HUMAN]	6,88

Q2YD81	INPP5E protein OS=Homo sapiens GN=INPP5E PE=2 SV=1 - [Q2YD81_HUMAN]	6,88
Q6FH54	GH2 protein OS=Homo sapiens GN=GH2 PE=2 SV=1 - [Q6FH54_HUMAN]	6,88
A2NWX0	VH-3 family (VH26)D/J protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=VH-3 family (VH26)D/J PE=4 SV=1 - [A2NWX0_HUMAN]	6,88
Q8IWJ2	GRIP and coiled-coil domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=GCC2 PE=1 SV=4 - [GCC2_HUMAN]	6,88
Q6NUJ5	PWWP domain-containing protein 2B OS=Homo sapiens GN=PWWP2B PE=1 SV=3 - [PWWP2B_HUMAN]	6,88
Q9H1H9	Kinesin-like protein KIF13A OS=Homo sapiens GN=KIF13A PE=1 SV=2 - [KIF13A_HUMAN]	6,87
Q59F53	Transducin beta-like 1X variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59F53_HUMAN]	6,86
A0A0A0MSP7	FERM and PDZ domain-containing protein 3 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=FRMPD3 PE=1 SV=1 - [A0A0A0MSP7_HUMAN]	6,86
Q8IWF6	Protein DENND6A OS=Homo sapiens GN=DENND6A PE=1 SV=1 - [DEN6A_HUMAN]	6,84
L8E852	Alternative protein PDZRN3 OS=Homo sapiens GN=PDZRN3 PE=4 SV=1 - [L8E852_HUMAN]	6,84
P10072	Krueppel-related zinc finger protein 1 OS=Homo sapiens GN=HKR1 PE=2 SV=4 - [HKR1_HUMAN]	6,82
A0A140VJD9	Testicular tissue protein Li 13 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A0A140VJD9_HUMAN]	6,82
J3KNS1	Cytosolic carboxypeptidase 1 OS=Homo sapiens GN=AGTPBP1 PE=1 SV=1 - [J3KNS1_HUMAN]	6,81
Q9NWN3	F-box only protein 34 OS=Homo sapiens GN=FBXO34 PE=1 SV=2 - [FBX34_HUMAN]	6,81
Q8NCW0	Kremen protein 2 OS=Homo sapiens GN=KREMEN2 PE=2 SV=1 - [KREM2_HUMAN]	6,81
Q6XEY3	FP17780 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q6XEY3_HUMAN]	6,80
F8VSG0	Zinc finger CCH domain-containing protein 10 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ZC3H10 PE=4 SV=1 - [F8VSG0_HUMAN]	6,80
Q8NGC0	Olfactory receptor 5AU1 OS=Homo sapiens GN=OR5AU1 PE=2 SV=2 - [O5AU1_HUMAN]	6,80
B5MD58	Sterol regulatory element-binding protein 1 OS=Homo sapiens GN=SREBF1 PE=1 SV=1 - [B5MD58_HUMAN]	6,80
Q9UF51	Putative uncharacterized protein DKFZp434P0917 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DKFZp434P0917 PE=2 SV=1 - [Q9UF51_HUMAN]	6,80
A0A087WXB2	Kielin/chordin-like protein OS=Homo sapiens GN=KCP PE=1 SV=1 - [A0A087WXB2_HUMAN]	6,80
B7ZLW1	CAMSAP1 protein OS=Homo sapiens GN=CAMSAP1 PE=2 SV=1 - [B7ZLW1_HUMAN]	6,79
Q6K0P9	Pyrin and HIN domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=PYHIN1 PE=1 SV=1 - [IFIX_HUMAN]	6,79
P43034	Platelet-activating factor acetylhydrolase IB subunit alpha OS=Homo sapiens GN=PFAH1B1 PE=1 SV=2 - [LIS1_HUMAN]	6,79
B4DSU7	cDNA FLJ60866, highly similar to Protein FAM13C1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DSU7_HUMAN]	6,77
Q8TC56	Protein FAM71B OS=Homo sapiens GN=FAM71B PE=1 SV=2 - [FA71B_HUMAN]	6,76
A7XYQ1	Sine oculis-binding protein homolog OS=Homo sapiens GN=SOBP PE=1 SV=2 - [SOBP_HUMAN]	6,76
B4DQP8	cDNA FLJ52729, highly similar to Zinc finger protein 692 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DQP8_HUMAN]	6,75
B7Z6L4	cDNA FLJ58691, highly similar to Mus musculus TBC1 domain family, member 8 (Tbc1d8), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z6L4_HUMAN]	6,75
Q99895	Chymotrypsin-C OS=Homo sapiens GN=CTRC PE=1 SV=2 - [CTRC_HUMAN]	6,74
Q15078	Cyclin-dependent kinase 5 activator 1 OS=Homo sapiens GN=CDK5R1 PE=1 SV=1 - [CD5R1_HUMAN]	6,74
O60269	G protein-regulated inducer of neurite outgrowth 2 OS=Homo sapiens GN=GPRIN2 PE=1 SV=2 - [GRIN2_HUMAN]	6,74
A0A0S2Z5Q7	Amyotrophic lateral sclerosis 2 isoform 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ALS2 PE=2 SV=1 - [A0A0S2Z5Q7_HUMAN]	6,73
Q96A84	EMI domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=EMID1 PE=2 SV=1 - [EMID1_HUMAN]	6,73
A0A0B7NS21	MHC class I antigen OS=Homo sapiens GN=HLA-C PE=3 SV=1 - [A0A0B7NS21_HUMAN]	6,73
H0YD47	Synaptotagmin-13 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SYT13 PE=1 SV=1 - [H0YD47_HUMAN]	6,72
Q499Y3	Putative uncharacterized protein C10orf88-like OS=Homo sapiens PE=2 SV=2 - [YJ016_HUMAN]	6,72
A0A0A0MQT4	DDB1- and CUL4-associated factor 10 OS=Homo sapiens GN=DCAF10 PE=1 SV=1 - [A0A0A0MQT4_HUMAN]	6,72
H0YF33	Nuclear autoantigenic sperm protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=NASP PE=1 SV=1 - [H0YF33_HUMAN]	6,72
ESRFK2	Protein FAM114A2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=FAM114A2 PE=1 SV=1 - [ESRFK2_HUMAN]	6,71
B7WPN9	Cation-transporting ATPase OS=Homo sapiens GN=ATP13A4 PE=1 SV=1 - [B7WPN9_HUMAN]	6,71
A0FGR9	Extended synaptotagmin-3 OS=Homo sapiens GN=ESYT3 PE=1 SV=1 - [ESYT3_HUMAN]	6,71
E9PK21	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase E OS=Homo sapiens GN=PIIE PE=1 SV=1 - [E9PK21_HUMAN]	6,71
Q6P3R8	Serine/threonine-protein kinase Nek5 OS=Homo sapiens GN=NEK5 PE=2 SV=1 - [NEK5_HUMAN]	6,70
A1X4P9	PMCA2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ATP2B2 PE=2 SV=1 - [A1X4P9_HUMAN]	6,70
Q9GZP8	Immortalization up-regulated protein OS=Homo sapiens GN=IMUP PE=1 SV=1 - [IMUP_HUMAN]	6,70
A0A0C4DGY1	Transmembrane protease serine 9 OS=Homo sapiens GN=TMPRSS9 PE=3 SV=1 - [A0A0C4DGY1_HUMAN]	6,70
O60372	R33683_3 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [O60372_HUMAN]	6,69
A0A1U9X8T1	VWA7 OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [A0A1U9X8T1_HUMAN]	6,69
B1APY4	Receptor tyrosine kinase-like orphan receptor 2, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=ROR2 PE=1 SV=1 - [B1APY4_HUMAN]	6,69
B4E0W3	cDNA FLJ60386, moderately similar to Signal-induced proliferation-associated protein 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E0W3_HUMAN]	6,69
A5YKK6	CCR4-NOT transcription complex subunit 1 OS=Homo sapiens GN=CNOT1 PE=1 SV=2 - [CNOT1_HUMAN]	6,69
Q9BYI3	Hyccin OS=Homo sapiens GN=FAM126A PE=1 SV=2 - [HYCCI_HUMAN]	6,69
Q5T7P2	Late cornified envelope protein 1A OS=Homo sapiens GN=LCE1A PE=1 SV=1 - [LCE1A_HUMAN]	6,68
A0A1U9X8Y4	CL1C1 OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [A0A1U9X8Y4_HUMAN]	6,68
Q6WRI0	Immunoglobulin superfamily member 10 OS=Homo sapiens GN=IGSF10 PE=1 SV=1 - [IGS10_HUMAN]	6,68
Q86VZ2	WD repeat-containing protein 5B OS=Homo sapiens GN=WDR5B PE=2 SV=1 - [WDR5B_HUMAN]	6,67
Q8IV03	Leucine rich adaptor protein 1-like OS=Homo sapiens GN=LURAP1L PE=1 SV=2 - [LUR1L_HUMAN]	6,67
O78117	MHC class II antigen (Fragment) OS=Homo sapiens GN=HLA-DR PE=2 SV=1 - [O78117_HUMAN]	6,67
A0A076VAC5	Dicer1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A0A076VAC5_HUMAN]	6,67
Q6UX71	Plexin domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=PLXDC2 PE=1 SV=1 - [PXDC2_HUMAN]	6,66
Q96F25	UDP-N-acetylglucosamine transferase subunit ALG14 homolog OS=Homo sapiens GN=ALG14 PE=1 SV=1 - [ALG14_HUMAN]	6,65
Q9BTA9	WW domain-containing adapter protein with coiled-coil OS=Homo sapiens GN=WAC PE=1 SV=3 - [WAC_HUMAN]	6,65
Q8N488	RING1 and YY1-binding protein OS=Homo sapiens GN=RYBP PE=1 SV=2 - [RYBP_HUMAN]	6,65
O43379	WD repeat-containing protein 62 OS=Homo sapiens GN=WDR62 PE=1 SV=4 - [WDR62_HUMAN]	6,64
O15360	Fanconi anemia group A protein OS=Homo sapiens GN=FANCA PE=1 SV=2 - [FANCA_HUMAN]	6,64
C4PKH3	MHC class I antigen OS=Homo sapiens GN=HLA-C PE=3 SV=1 - [C4PKH3_HUMAN]	6,64
Q9NSI6	Bromodomain and WD repeat-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=BRWD1 PE=1 SV=4 - [BRWD1_HUMAN]	6,64
I3L207	N-sulphoglucosamine sulphohydrolase OS=Homo sapiens GN=SGSH PE=1 SV=1 - [I3L207_HUMAN]	6,64
Q9NQW1	Protein transport protein Sec31B OS=Homo sapiens GN=SEC31B PE=1 SV=1 - [SC31B_HUMAN]	6,64

Q5T321	Neurobeachin OS=Homo sapiens GN=NBFA PE=1 SV=1 - [Q5T321_HUMAN]	6,64
Q62UJ8	Phosphoinositide 3-kinase adapter protein 1 OS=Homo sapiens GN=PIK3AP1 PE=1 SV=2 - [BCAP_HUMAN]	6,64
Q9NVW2	E3 ubiquitin-protein ligase RLIM OS=Homo sapiens GN=RLIM PE=1 SV=3 - [RNF12_HUMAN]	6,63
Q53EV5	Tektin 3 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q53EV5_HUMAN]	6,62
Q9P1C6	PRO2738 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q9P1C6_HUMAN]	6,62
Q8N913	cDNA FLJ38576 fis, clone HCHON2007482 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8N913_HUMAN]	6,61
Q5TFQ8	Signal-regulatory protein beta-1 isoform 3 OS=Homo sapiens GN=SIRPB1 PE=1 SV=1 - [SIRBL_HUMAN]	6,61
E9PFF2	Transketolase OS=Homo sapiens GN=TKT PE=1 SV=1 - [E9PFF2_HUMAN]	6,60
K7EMY4	Protein lin-37 homolog (Fragment) OS=Homo sapiens GN=LIN37 PE=1 SV=2 - [K7EMY4_HUMAN]	6,60
Q9ULH0	Kinase D-interacting substrate of 220 kDa OS=Homo sapiens GN=KIDINS220 PE=1 SV=3 - [KDIS_HUMAN]	6,60
F5H1J3	Kelch-like protein 1 OS=Homo sapiens GN=KLHL1 PE=4 SV=2 - [F5H1J3_HUMAN]	6,60
A0A0G2JN84	Suppressor of hairy wing homolog 1 (Drosophila) OS=Homo sapiens GN=ZNF280A PE=1 SV=1 - [A0A0G2JN84_HUMAN]	6,59
Q9Y5Y3	Probable G-protein coupled receptor 45 OS=Homo sapiens GN=GPR45 PE=2 SV=2 - [GPR45_HUMAN]	6,59
Q9UFY1	Phosphoinositide phospholipase C (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DKFZp434N101 PE=2 SV=1 - [Q9UFY1_HUMAN]	6,59
A0A0K0K1J6	Epididymis secretory protein Li 96 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=HEL-S-96 PE=2 SV=1 - [A0A0K0K1J6_HUMAN]	6,59
P31025	Lipocalin-1 OS=Homo sapiens GN=LCN1 PE=1 SV=1 - [LCN1_HUMAN]	6,58
F8VNX9	Rab-3A-interacting protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=RAB3IP PE=1 SV=8 - [F8VNX9_HUMAN]	6,58
B3KWN0	cDNA FLJ43389 fis, clone OCBBF2007068, highly similar to Ankyrin repeat domain-containing protein 52 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KWN0_HUMAN]	6,57
Q9H2L7	DC33 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q9H2L7_HUMAN]	6,57
Q9HC07	Transmembrane protein 165 OS=Homo sapiens GN=TMEM165 PE=1 SV=1 - [TM165_HUMAN]	6,57
Q9HCM3	UPF0606 protein KIAA1549 OS=Homo sapiens GN=KIAA1549 PE=1 SV=4 - [K1549_HUMAN]	6,57
B4DDW3	cDNA FLJ53774, moderately similar to Hepatocyte growth factor-like protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DDW3_HUMAN]	6,56
A7E2A6	Tensin like C1 domain containing phosphatase (Tensin 2) OS=Homo sapiens GN=TENC1 PE=2 SV=1 - [A7E2A6_HUMAN]	6,56
C8CHW6	Sphingomyelin phosphodiesterase (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SMPD3 PE=4 SV=1 - [C8CHW6_HUMAN]	6,56
Q86T35	Putative uncharacterized protein DKFZp451A177 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DKFZp451A177 PE=2 SV=1 - [Q86T35_HUMAN]	6,56
O95800	Probable G-protein coupled receptor 75 OS=Homo sapiens GN=GPR75 PE=1 SV=1 - [GPR75_HUMAN]	6,56
F5H1T5	CAP-Gly domain-containing linker protein 1 OS=Homo sapiens GN=CLIP1 PE=1 SV=1 - [F5H1T5_HUMAN]	6,55
Q8N2F8	cDNA PSEC0195 fis, clone HEMBA1001322, highly similar to ALPHA-ADAPTIN C OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8N2F8_HUMAN]	6,55
Q59GW5	Tripartite motif-containing 25 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59GW5_HUMAN]	6,55
H7C3F8	Centrosomal protein C10orf90 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=C10orf90 PE=1 SV=1 - [H7C3F8_HUMAN]	6,54
Q7Z6R9	Transcription factor AP-2-delta OS=Homo sapiens GN=TFAP2D PE=2 SV=1 - [AP2D_HUMAN]	6,54
A4D2D2	Procollagen C-endopeptidase enhancer OS=Homo sapiens GN=PCOLCE PE=4 SV=1 - [A4D2D2_HUMAN]	6,54
Q8TCI4	cDNA FLJ23854 fis, clone LNG06315 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8TCI4_HUMAN]	6,53
A8K9K3	cDNA FLJ76961, highly similar to Homo sapiens SH2 domain containing 3C (SH2D3C), transcript variant 2, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K9K3_HUMAN]	6,53
B4DV58	cDNA FLJ55250, highly similar to Cytochrome P450 4B1 (EC 1.14.14.1) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DV58_HUMAN]	6,53
Q96LQ7	Cadherin-like 24, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=CDH24 PE=2 SV=1 - [Q96LQ7_HUMAN]	6,53
Q9NZ44	Differentiation-related protein dif13 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q9NZ44_HUMAN]	6,52
Q6NUQ2	Calmin (Calponin-like, transmembrane) OS=Homo sapiens GN=CLMN PE=2 SV=1 - [Q6NUQ2_HUMAN]	6,52
A0A1B0GW60	Gamma-aminobutyric acid type B receptor subunit 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=GABBR2 PE=1 SV=1 - [A0A1B0GW60_HUMAN]	6,52
Q01546	Keratin, type II cytoskeletal 2 oral OS=Homo sapiens GN=KRT76 PE=1 SV=2 - [K22O_HUMAN]	6,52
D3DX07	Centaurin, gamma 3, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=CENTG3 PE=4 SV=1 - [D3DX07_HUMAN]	6,51
Q9NQ11	Cation-transporting ATPase 13A2 OS=Homo sapiens GN=ATP13A2 PE=1 SV=2 - [AT132_HUMAN]	6,51
Q9H1K0	Rabenosyn-5 OS=Homo sapiens GN=RBSN PE=1 SV=2 - [RBNS5_HUMAN]	6,51
B7Z6N1	cDNA FLJ54385, highly similar to ETS domain-containing transcription factor ERF OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z6N1_HUMAN]	6,51
K7EN31	Ran-binding protein 3 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=RANBP3 PE=1 SV=8 - [K7EN31_HUMAN]	6,51
B4DZS1	cDNA FLJ61004, highly similar to Homo sapiens ATP/GTP binding protein-like 2 (AGBL2), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DZS1_HUMAN]	6,51
Q5VUA4	Zinc finger protein 318 OS=Homo sapiens GN=ZNF318 PE=1 SV=2 - [ZN318_HUMAN]	6,51
A0A140VJJ5	Festicular tissue protein Li 69 OS=Homo sapiens GN=PE=2 SV=1 - [A0A140VJJ5_HUMAN]	6,50
A0A0A0MS66	Phosphatidate phosphatase LPIN1 OS=Homo sapiens GN=LPIN1 PE=1 SV=1 - [A0A0A0MS66_HUMAN]	6,50
Q6JQN1	Acyl-CoA dehydrogenase family member 10 OS=Homo sapiens GN=ACAD10 PE=1 SV=1 - [ACD10_HUMAN]	6,50
Q6UXQ7	PAMP6501 OS=Homo sapiens GN=UNQ6501 PE=2 SV=1 - [Q6UXQ7_HUMAN]	6,50
B7Z3E3	Reticulon OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z3E3_HUMAN]	6,49
Q9H752	cDNA: FLJ21318 fis, clone COL02295 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q9H752_HUMAN]	6,49
A0A0S1TJ81	Potassium voltage-gated channel subfamily H member 1 OS=Homo sapiens GN=KCNH1 PE=2 SV=1 - [A0A0S1TJ81_HUMAN]	6,49
Q96QP1	Alpha-protein kinase 1 OS=Homo sapiens GN=ALPK1 PE=2 SV=3 - [ALPK1_HUMAN]	6,49
E9PMF9	Volume-regulated anion channel subunit LRRC8D (Fragment) OS=Homo sapiens GN=LRRC8D PE=1 SV=1 - [E9PMF9_HUMAN]	6,48
B2RD76	cDNA, FLJ96491, highly similar to Homo sapiens mitogen-activated protein kinase kinase 5 (MAP2K5), transcript variant A, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2RD76_HUMAN]	6,48
B4DKI6	cDNA FLJ55412, highly similar to TFIIH basal transcription factor complex p44 subunit OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DKI6_HUMAN]	6,48
A0A087WYP7	Transducin beta-like protein 3 OS=Homo sapiens GN=TBL3 PE=1 SV=1 - [A0A087WYP7_HUMAN]	6,47
B2R950	cDNA, FLJ94213, highly similar to Homo sapiens pregnancy-zone protein (PZP), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2R950_HUMAN]	6,47
F8VNQ3	Teneurin-2 OS=Homo sapiens GN=TENM2 PE=1 SV=1 - [F8VNQ3_HUMAN]	6,47
Q6ZU84	cDNA FLJ43925 fis, clone TESTI4012505, weakly similar to Tumor suppressor p53-binding protein 2 OS=Homo	6,47

	sapiens PE=2 SV=1 - [Q6ZU84_HUMAN]	
K7ES96	Mothers against decapentaplegic homolog 4 OS=Homo sapiens GN=SMAD4 PE=1 SV=1 - [K7ES96_HUMAN]	6,47
B4E1W4	cDNA FLJ55383 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E1W4_HUMAN]	6,47
Q8NBF2	NHL repeat-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=NHLRC2 PE=1 SV=1 - [NHLRC2_HUMAN]	6,46
Q86SW5	Full-length cDNA 5-PRIME end of clone CS0DL002YI06 of B cells (Ramos cell line) of Homo sapiens (human) (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q86SW5_HUMAN]	6,46
P48169	Gamma-aminobutyric acid receptor subunit alpha-4 OS=Homo sapiens GN=GABRA4 PE=2 SV=2 - [GBRA4_HUMAN]	6,46
Q8N6F8	Methyltransferase-like protein 27 OS=Homo sapiens GN=METTL27 PE=1 SV=2 - [MET27_HUMAN]	6,46
B3KVF5	cDNA FLJ16494 fis, clone CTONG3004576, highly similar to Keratin, type I cytoskeletal 15 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KVF5_HUMAN]	6,46
Q9UNA3	Alpha-1,4-N-acetylglucosaminyltransferase OS=Homo sapiens GN=A4GNT PE=1 SV=1 - [A4GCT_HUMAN]	6,46
A2A3C3	Adhesion G protein-coupled receptor B2 OS=Homo sapiens GN=ADGRB2 PE=1 SV=1 - [A2A3C3_HUMAN]	6,46
POC851	Phosphoinositide-interacting protein OS=Homo sapiens GN=PIRT PE=2 SV=2 - [PIRT_HUMAN]	6,45
A4D1R9	Homeodomain interacting protein kinase 2 OS=Homo sapiens GN=HIPK2 PE=4 SV=1 - [A4D1R9_HUMAN]	6,44
Q9P1R1	Putative taste receptor HTR2 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q9P1R1_HUMAN]	6,44
H7BZX8	Single-minded homolog 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SIM2 PE=1 SV=1 - [H7BZX8_HUMAN]	6,44
A0A126LAV1	U7 OS=Homo sapiens GN=U7 PE=4 SV=1 - [A0A126LAV1_HUMAN]	6,44
A8K5D9	cDNA FLJ77424, highly similar to Homo sapiens anillin, actin binding protein (scraps homolog, Drosophila), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K5D9_HUMAN]	6,43
A0A1W2PRU1	Gamma-aminobutyric acid receptor subunit gamma-2 OS=Homo sapiens GN=GABRG2 PE=4 SV=1 - [A0A1W2PRU1_HUMAN]	6,43
H7C1K6	Interferon-induced protein 44-like (Fragment) OS=Homo sapiens GN=IFI44L PE=1 SV=1 - [H7C1K6_HUMAN]	6,43
P0DKV0	Spermatogenesis-associated protein 31C1 OS=Homo sapiens GN=SPATA31C1 PE=2 SV=1 - [S31C1_HUMAN]	6,43
Q9C0G6	Dynein heavy chain 6, axonemal OS=Homo sapiens GN=DNAH6 PE=2 SV=3 - [DYH6_HUMAN]	6,43
P80723	Brain acid soluble protein 1 OS=Homo sapiens GN=BASP1 PE=1 SV=2 - [BASP1_HUMAN]	6,43
R9RUZ6	Coiled-coil domain containing 28A/interleukin-22 receptor subunit alpha-2 fusion variant 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=CCDC28A PE=2 SV=1 - [R9RUZ6_HUMAN]	6,42
Q0KH88	Kell blood group antigen Cellano OS=Homo sapiens GN=KEL PE=4 SV=1 - [Q0KH88_HUMAN]	6,42
B4DGR7	cDNA FLJ52577, highly similar to Sorting nexin-19 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DGR7_HUMAN]	6,41
Q59G18	Polymerase (DNA directed) kappa variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59G18_HUMAN]	6,41
B4DLL6	cDNA FLJ54961, highly similar to Interferon-gamma receptor alpha chain OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DLL6_HUMAN]	6,41
P35228	Nitric oxide synthase, inducible OS=Homo sapiens GN=NOS2 PE=1 SV=2 - [NOS2_HUMAN]	6,41
A0A024R223	Vacuolar protein sorting 13A (Yeast), isoform CRA_c OS=Homo sapiens GN=VPS13A PE=4 SV=1 - [A0A024R223_HUMAN]	6,41
Q86V42	Protein FAM124A OS=Homo sapiens GN=FAM124A PE=1 SV=1 - [F124A_HUMAN]	6,41
F5H7X4	ADP-ribosylation factor-like protein 6-interacting protein 4 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ARL6IP4 PE=1 SV=1 - [F5H7X4_HUMAN]	6,40
Q9P270	SLAIN motif-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=SLAIN2 PE=1 SV=2 - [SLAI2_HUMAN]	6,40
A8K182	Sortilin-related VPS10 domain containing receptor 1, isoform CRA_d OS=Homo sapiens GN=SORCS1 PE=2 SV=1 - [A8K182_HUMAN]	6,40
A0A0A0MTJ5	Inactive tyrosine-protein kinase transmembrane receptor ROR1 OS=Homo sapiens GN=ROR1 PE=1 SV=1 - [A0A0A0MTJ5_HUMAN]	6,40
A0A0D9SF53	ATP-dependent RNA helicase DDX3X OS=Homo sapiens GN=DDX3X PE=1 SV=1 - [A0A0D9SF53_HUMAN]	6,40
H0YI34	Protein kinase C-binding protein NELL2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=NELL2 PE=1 SV=8 - [H0YI34_HUMAN]	6,40
A0A024R107	HCG1640179, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=hCG_1640179 PE=4 SV=1 - [A0A024R107_HUMAN]	6,39
B3KUM3	cDNA FLJ40221 fis, clone TESTI2021736, highly similar to Guanine deaminase (EC 3.5.4.3) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KUM3_HUMAN]	6,38
Q5T091	Protein RER1 OS=Homo sapiens GN=RER1 PE=1 SV=1 - [Q5T091_HUMAN]	6,38
B4DTA0	cDNA FLJ59049, highly similar to Homo sapiens zinc finger protein 404 (ZNF404), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DTA0_HUMAN]	6,35
B5A940	Soluble MET variant 12 OS=Homo sapiens GN=MET PE=2 SV=1 - [B5A940_HUMAN]	6,35
Q7Z3K3	Pogo transposable element with ZNF domain OS=Homo sapiens GN=POGZ PE=1 SV=2 - [POGZ_HUMAN]	6,35
E9PFJ4	Muscular LMNA-interacting protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MLIP PE=1 SV=1 - [E9PFJ4_HUMAN]	6,35
A0A1W2PR95	HCG1642624, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=hCG_1642624 PE=4 SV=1 - [A0A1W2PR95_HUMAN]	6,34
A0A1C7CYW9	Protein monoglycylase TTL8 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=TTL8 PE=4 SV=1 - [A0A1C7CYW9_HUMAN]	6,34
E9PKF5	Rod outer segment membrane protein 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ROM1 PE=4 SV=1 - [E9PKF5_HUMAN]	6,33
P11831	Serum response factor OS=Homo sapiens GN=SRF PE=1 SV=1 - [SRF_HUMAN]	6,32
Q58EX2	Protein sidekick-2 OS=Homo sapiens GN=SDK2 PE=1 SV=3 - [SDK2_HUMAN]	6,32
P13796	Plastin-2 OS=Homo sapiens GN=LCP1 PE=1 SV=6 - [PLSL_HUMAN]	6,32
A0A0G2JS92	Vacuolar protein sorting-associated protein 11 homolog OS=Homo sapiens GN=VPS11 PE=1 SV=1 - [A0A0G2JS92_HUMAN]	6,31
Q8N612	FTS and Hook-interacting protein OS=Homo sapiens GN=FAM160A2 PE=1 SV=3 - [F16A2_HUMAN]	6,31
D6RAS9	Ras-specific guanine nucleotide-releasing factor 2 OS=Homo sapiens GN=RASGRF2 PE=1 SV=1 - [D6RAS9_HUMAN]	6,30
A0A024QZC2	SH2-B homolog, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=SH2B PE=4 SV=1 - [A0A024QZC2_HUMAN]	6,30
H0YAE5	Matrix metalloproteinase-23 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MMP23B PE=4 SV=1 - [H0YAE5_HUMAN]	6,29
A8K8V8	cDNA FLJ76444 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K8V8_HUMAN]	6,29
B4DWR6	cDNA FLJ60929, highly similar to Zinc finger protein 544 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DWR6_HUMAN]	6,28
H0Y7N0	Protein DENND6B (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DENND6B PE=4 SV=2 - [H0Y7N0_HUMAN]	6,27
E9PEM5	Lipopolysaccharide-responsive and beige-like anchor protein OS=Homo sapiens GN=LRBA PE=1 SV=1 - [E9PEM5_HUMAN]	6,27
Q8WUL5	CCDC123 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=CCDC123 PE=2 SV=1 - [Q8WUL5_HUMAN]	6,26
Q9H2F5	Enhancer of polycomb homolog 1 OS=Homo sapiens GN=EPC1 PE=1 SV=1 - [EPC1_HUMAN]	6,26
Q9BZC7	ATP-binding cassette sub-family A member 2 OS=Homo sapiens GN=ABCA2 PE=1 SV=3 - [ABCA2_HUMAN]	6,25
Q9Y490	Talin-1 OS=Homo sapiens GN=TLN1 PE=1 SV=3 - [TLN1_HUMAN]	6,25
Q2KQ74	HECTD1 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q2KQ74_HUMAN]	6,24
A0A0A0MR62	Formin-like protein 1 OS=Homo sapiens GN=FMNL1 PE=1 SV=1 - [A0A0A0MR62_HUMAN]	6,24
C9JF58	Protein OSCP1 OS=Homo sapiens GN=OSCP1 PE=1 SV=2 - [C9JF58_HUMAN]	6,24

E5RHJ2	Aspartyl/asparaginyl beta-hydroxylase OS=Homo sapiens GN=ASPH PE=1 SV=1 - [E5RHJ2_HUMAN]	6,23
H0YD60	Suppression of tumorigenicity 5 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ST5 PE=4 SV=1 - [H0YD60_HUMAN]	6,22
Q5TB30	DEP domain-containing protein 1A OS=Homo sapiens GN=DEPDC1 PE=1 SV=2 - [DEP1A_HUMAN]	6,22
Q68DQ2	Very large A-kinase anchor protein OS=Homo sapiens GN=CRYBG3 PE=1 SV=3 - [CRYBG3_HUMAN]	6,21
Q6ZTH3	cDNA FLJ44654 fis, clone BRACE2047232 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q6ZTH3_HUMAN]	6,20
M0QZQ2	Mediator of RNA polymerase II transcription subunit 25 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MED25 PE=4 SV=1 - [M0QZQ2_HUMAN]	6,20
P13611	Versican core protein OS=Homo sapiens GN=VCAN PE=1 SV=3 - [CSPG2_HUMAN]	6,19
H7BZ93	Histone-lysine N-methyltransferase SETD2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SETD2 PE=1 SV=1 - [H7BZ93_HUMAN]	6,15
Q9UPN3	Microtubule-actin cross-linking factor 1, isoforms 1/2/3/5 OS=Homo sapiens GN=MACF1 PE=1 SV=4 - [MACF1_HUMAN]	6,15
A8K215	cDNA FLJ77883, highly similar to Human serotonin 1B receptor OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K215_HUMAN]	6,13
Q9Y5Y9	Sodium channel protein type 10 subunit alpha OS=Homo sapiens GN=SCN10A PE=1 SV=2 - [SCNAA_HUMAN]	6,13
B7Z3P3	cDNA FLJ53768, highly similar to Hepatocyte growth factor-like protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z3P3_HUMAN]	6,11
D6REN1	E3 ubiquitin-protein ligase MARCH1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MARCH1 PE=1 SV=1 - [D6REN1_HUMAN]	6,10
L8EC55	Alternative protein RPE65 OS=Homo sapiens GN=RPE65 PE=4 SV=1 - [L8EC55_HUMAN]	6,08
K7EJ94	Zinc finger protein 500 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ZNF500 PE=4 SV=1 - [K7EJ94_HUMAN]	6,08
Q59G04	Dystrophin related protein 2 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59G04_HUMAN]	6,08
V5M366	Mutant erythroid differentiation transcription factor OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [V5M366_HUMAN]	6,08
G8CWL5	Glycophorin B (Fragment) OS=Homo sapiens GN=GYPB PE=4 SV=1 - [G8CWL5_HUMAN]	6,08
B4DS56	cDNA FLJ58937 OS=Homo sapiens GN=VWCE PE=2 SV=1 - [B4DS56_HUMAN]	6,07
B4DGW0	E3 SUMO-protein ligase PIAS2 OS=Homo sapiens GN=PIAS2 PE=1 SV=1 - [B4DGW0_HUMAN]	6,05
Q13049	E3 ubiquitin-protein ligase TRIM32 OS=Homo sapiens GN=TRIM32 PE=1 SV=2 - [TRI32_HUMAN]	6,05
Q9ULE4	Protein FAM184B OS=Homo sapiens GN=FAM184B PE=2 SV=3 - [F184B_HUMAN]	6,05
J3KNM6	Arf-GAP with GTPase, ANK repeat and PH domain-containing protein 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=AGAP2 PE=1 SV=1 - [J3KNM6_HUMAN]	6,05
C9J1X0	WD repeat-containing protein 91 OS=Homo sapiens GN=WDR91 PE=1 SV=1 - [C9J1X0_HUMAN]	6,04
A0A1W2PQW0	FERM and PDZ domain-containing protein 4 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=FRMPD4 PE=4 SV=1 - [A0A1W2PQW0_HUMAN]	6,03
Q96T58	Msx2-interacting protein OS=Homo sapiens GN=SPEN PE=1 SV=1 - [MINT_HUMAN]	6,03
A0A1U9X993	PRRC2A OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [A0A1U9X993_HUMAN]	6,02
B4E345	cDNA FLJ50374, weakly similar to Protein groucho OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E345_HUMAN]	5,97
H9KV90	SH3 and multiple ankyrin repeat domains protein 1 OS=Homo sapiens GN=SHANK1 PE=1 SV=1 - [H9KV90_HUMAN]	5,97
H0Y765	Histone-lysine N-methyltransferase 2C (Fragment) OS=Homo sapiens GN=KMT2C PE=1 SV=1 - [H0Y765_HUMAN]	5,97
Q7Z6E7	Putative uncharacterized protein DKFZp779A0512 OS=Homo sapiens GN=DKFZp779A0512 PE=2 SV=1 - [Q7Z6E7_HUMAN]	5,96
X6RB12	CD209 antigen OS=Homo sapiens GN=CD209 PE=1 SV=1 - [X6RB12_HUMAN]	5,94
A2A5X0	Phosphatidylinositol 4-phosphate 5-kinase type-1 alpha (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PIP5K1A PE=1 SV=1 - [A2A5X0_HUMAN]	5,93
Q155Q3	Dixin OS=Homo sapiens GN=DIXDC1 PE=1 SV=2 - [DIXC1_HUMAN]	5,91
A0A0G2JN42	Mucin-6 OS=Homo sapiens GN=MUC6 PE=1 SV=1 - [A0A0G2JN42_HUMAN]	5,91
Q9NVK5	FGFR1 oncogene partner 2 OS=Homo sapiens GN=FGFR1OP2 PE=1 SV=1 - [FGOP2_HUMAN]	5,91
Q8N3F8	MICAL-like protein 1 OS=Homo sapiens GN=MICAL1 PE=1 SV=2 - [MILK1_HUMAN]	5,90
P48167	Glycine receptor subunit beta OS=Homo sapiens GN=GLRB PE=1 SV=1 - [GLRB_HUMAN]	5,89
P14651	Homeobox protein Hox-B3 OS=Homo sapiens GN=HOXB3 PE=2 SV=2 - [HXB3_HUMAN]	5,89
Q9ULI3	Protein HEG homolog 1 OS=Homo sapiens GN=HEG1 PE=1 SV=3 - [HEG1_HUMAN]	5,85
Q96PY6	Serine/threonine-protein kinase Nek1 OS=Homo sapiens GN=NEK1 PE=1 SV=2 - [NEK1_HUMAN]	5,85
Q8N8K9	Uncharacterized protein KIAA1958 OS=Homo sapiens GN=KIAA1958 PE=1 SV=1 - [K1958_HUMAN]	5,84
A0A087X0K4	CUB and sushi domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=CSDM2 PE=1 SV=1 - [A0A087X0K4_HUMAN]	5,84
A8MYS5	Post-GPI attachment to proteins factor 2 OS=Homo sapiens GN=PGAP2 PE=1 SV=2 - [A8MYS5_HUMAN]	5,83
H0Y488	AT-rich interactive domain-containing protein 1A OS=Homo sapiens GN=ARID1A PE=1 SV=2 - [H0Y488_HUMAN]	5,82
B4DTT7	cDNA FLJ53458, highly similar to SAPS domain family member 3 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DTT7_HUMAN]	5,82
A0A0A0MRS7	Ankyrin repeat and SAM domain-containing protein 6 OS=Homo sapiens GN=ANKS6 PE=1 SV=1 - [A0A0A0MRS7_HUMAN]	5,81
A0A0U1RQX8	E3 ubiquitin-protein ligase CBL OS=Homo sapiens GN=CBL PE=1 SV=1 - [A0A0U1RQX8_HUMAN]	5,80
A0A087X014	Zinc finger protein 804A OS=Homo sapiens GN=ZNF804A PE=1 SV=1 - [A0A087X014_HUMAN]	5,79
D3DTY0	ATP-binding cassette, sub-family C (CFTR/MRP), member 3, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=ABCC3 PE=4 SV=1 - [D3DTY0_HUMAN]	5,76
Q68DX6	Putative uncharacterized protein DKFZp686P0776 OS=Homo sapiens GN=DKFZp686P0776 PE=2 SV=1 - [Q68DX6_HUMAN]	5,76
Q7Z5Y0	eIF4B protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=EIF4B PE=2 SV=1 - [Q7Z5Y0_HUMAN]	5,76
Q86US8	Telomerase-binding protein EST1A OS=Homo sapiens GN=SMG6 PE=1 SV=2 - [EST1A_HUMAN]	5,76
K7N7B3	Synaptonemal complex protein 2-like OS=Homo sapiens GN=SYCP2L PE=4 SV=1 - [K7N7B3_HUMAN]	5,74
B7Z2D3	cDNA FLJ52487, highly similar to LIM domain-binding protein 2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z2D3_HUMAN]	5,73
B3KMY8	cDNA FLJ12958 fis, clone NT2RP2005539, highly similar to Homo sapiens influenza virus NS1A binding protein (IVNS1ABP), transcript variant 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KMY8_HUMAN]	5,73
Q92831	Histone acetyltransferase KAT2B OS=Homo sapiens GN=KAT2B PE=1 SV=3 - [KAT2B_HUMAN]	5,71
P04220	Ig mu heavy chain disease protein OS=Homo sapiens PE=1 SV=1 - [MUCB_HUMAN]	5,71
A0A5E8	GAS2-like protein 1 OS=Homo sapiens GN=GAS2L1 PE=1 SV=1 - [A0A5E8_HUMAN]	5,69
B7Z549	cDNA FLJ56821, highly similar to Inter-alpha-trypsin inhibitor heavy chain H1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z549_HUMAN]	5,68
Q14534	Squalene monooxygenase OS=Homo sapiens GN=SQLE PE=1 SV=3 - [ERG1_HUMAN]	5,68
Q59H97	Zinc finger protein ZNF-U69274 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59H97_HUMAN]	5,66
L8EA77	Alternative protein NEURL OS=Homo sapiens GN=NEURL PE=4 SV=1 - [L8EA77_HUMAN]	5,66
A0A1U9X8V2	ZBED9 OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [A0A1U9X8V2_HUMAN]	5,65
Q687X5	Metalloreductase STEAP4 OS=Homo sapiens GN=STEAP4 PE=1 SV=1 - [STEAP4_HUMAN]	5,63

B7Z830	cDNA FLJ61741, highly similar to HIRA protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z830_HUMAN]	5,63
A6H8M9	Cadherin-related family member 4 OS=Homo sapiens GN=CDHR4 PE=2 SV=1 - [CDHR4_HUMAN]	5,63
Q9NY46	Sodium channel protein type 3 subunit alpha OS=Homo sapiens GN=SCN3A PE=1 SV=2 - [SCN3A_HUMAN]	5,63
F5H5K2	Mediator of RNA polymerase II transcription subunit 24 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MED24 PE=1 SV=2 - [F5H5K2_HUMAN]	5,63
K7EQB2	Putative oxidoreductase GLYR1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=GLYR1 PE=1 SV=8 - [K7EQB2_HUMAN]	5,62
P0CG39	POTE ankyrin domain family member J OS=Homo sapiens GN=POTEJ PE=3 SV=1 - [POTEJ_HUMAN]	5,61
Q9P225	Dynein heavy chain 2, axonemal OS=Homo sapiens GN=DNAH2 PE=2 SV=3 - [DYH2_HUMAN]	5,55
B4DFZ4	cDNA FLJ50481, highly similar to SPARC-like protein 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DFZ4_HUMAN]	5,43
Q9Y6R9	Coiled-coil domain-containing protein 61 OS=Homo sapiens GN=CCDC61 PE=1 SV=3 - [CCDC61_HUMAN]	5,42
F5GWJ4	Tumor necrosis factor receptor superfamily member 1A OS=Homo sapiens GN=TNFRSF1A PE=4 SV=1 - [F5GWJ4_HUMAN]	5,30
H3BU64	Regulator of G-protein-signaling protein-like OS=Homo sapiens GN=RGSL1 PE=1 SV=1 - [H3BU64_HUMAN]	5,19
B3KM42	cDNA FLJ10219 fis, clone HEMBA1007018, highly similar to Cytoplasmic dynein 1 light intermediate chain 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KM42_HUMAN]	5,17
Q75T13	GPI inositol-deacylase OS=Homo sapiens GN=PGAP1 PE=1 SV=1 - [PGAP1_HUMAN]	5,10
A0A024QZH7	D site of albumin promoter (Albumin D-box) binding protein, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=DBP PE=4 SV=1 - [A0A024QZH7_HUMAN]	5,07
H0Y994	Transmembrane protein 201 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=TMEM201 PE=1 SV=1 - [H0Y994_HUMAN]	5,07
B4E100	cDNA FLJ61520, highly similar to Amyloid beta A4 protein-bindingfamily B member 1- interacting protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E100_HUMAN]	5,01
B4DR89	cDNA FLJ60823 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DR89_HUMAN]	4,98
Q59GS8	Complement component 5 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59GS8_HUMAN]	4,98
P31629	Transcription factor HIVP2 OS=Homo sapiens GN=HIVEP2 PE=1 SV=2 - [ZEP2_HUMAN]	4,79
B4E135	DNA ligase 1 OS=Homo sapiens GN=LIG1 PE=1 SV=1 - [B4E135_HUMAN]	4,76
B3KTN7	cDNA FLJ38547 fis, clone HCHON2001665, highly similar to Probable G-protein coupled receptor 125 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KTN7_HUMAN]	4,76
Q659A1	Little elongation complex subunit 2 OS=Homo sapiens GN=ICE2 PE=1 SV=2 - [ICE2_HUMAN]	4,73
A8K169	cDNA FLJ77252, highly similar to Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, receptor type, O (PTPRO), transcript variant 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K169_HUMAN]	4,72
E9PKY2	Terminal uridylyltransferase 4 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ZCCHC11 PE=1 SV=1 - [E9PKY2_HUMAN]	4,71
G3V4C4	Cochlin OS=Homo sapiens GN=COCH PE=1 SV=1 - [G3V4C4_HUMAN]	4,71
P48751	Anion exchange protein 3 OS=Homo sapiens GN=SLC4A3 PE=2 SV=2 - [B3A3_HUMAN]	4,66
Q16666	Gamma-interferon-inducible protein 16 OS=Homo sapiens GN=IFI16 PE=1 SV=3 - [IFI16_HUMAN]	4,66
A0A1W2PQJ7	Retinoic acid-induced protein 1 OS=Homo sapiens GN=RAI1 PE=4 SV=1 - [A0A1W2PQJ7_HUMAN]	4,64
O75167	Phosphatase and actin regulator 2 OS=Homo sapiens GN=PHACTR2 PE=1 SV=2 - [PHAR2_HUMAN]	4,17
Q4W514	Putative uncharacterized protein COL25A1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=COL25A1 PE=4 SV=1 - [Q4W514_HUMAN]	4,11

Dados das proteínas salivares identificadas. por LC-ESI-MS / MS para o grupo G2:

Accession	Description	Score
B7ZMD7	Alpha-amylase OS=Homo sapiens GN=AMY1A PE=2 SV=1 - [B7ZMD7_HUMAN]	1021,74
A0A0G2JQA9	Mucin-4 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MUC4 PE=1 SV=1 - [A0A0G2JQA9_HUMAN]	827,62
E7ERH1	Tensin-1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=TNS1 PE=1 SV=1 - [E7ERH1_HUMAN]	324,83
P02814	Submaxillary gland androgen-regulated protein 3B OS=Homo sapiens GN=SMR3B PE=1 SV=2 - [SMR3B_HUMAN]	294,92
F6KPG5	Albumin (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [F6KPG5_HUMAN]	210,84
Q8WZ42	Titin OS=Homo sapiens GN=TTN PE=1 SV=4 - [TITIN_HUMAN]	210,76
Q0KKI6	Immunoglobulin light chain (Fragment) OS=Homo sapiens PE=1 SV=1 - [Q0KKI6_HUMAN]	182,17
Q8WXI7	Mucin-16 OS=Homo sapiens GN=MUC16 PE=1 SV=3 - [MUC16_HUMAN]	177,03
A0A0C4DGN4	Zymogen granule protein 16 homolog B OS=Homo sapiens GN=ZG16B PE=1 SV=1 - [A0A0C4DGN4_HUMAN]	172,68
Q9HC84	Mucin-5B OS=Homo sapiens GN=MUC5B PE=1 SV=3 - [MUC5B_HUMAN]	169,99
P01036	Cystatin-S OS=Homo sapiens GN=CST4 PE=1 SV=3 - [CYTS_HUMAN]	168,44
P12273	Prolactin-inducible protein OS=Homo sapiens GN=PIP PE=1 SV=1 - [PIP_HUMAN]	163,01
P01833	Polymeric immunoglobulin receptor OS=Homo sapiens GN=PIGR PE=1 SV=4 - [PIGR_HUMAN]	153,27
E9PIL3	CKLF-like MARVEL transmembrane domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=CMTM1 PE=1 SV=1 - [E9PIL3_HUMAN]	145,12
Q8TDL5	BPI fold-containing family B member 1 OS=Homo sapiens GN=BPIFB1 PE=1 SV=1 - [BPIB1_HUMAN]	141,37
Q9HCE0	Ectopic P granules protein 5 homolog OS=Homo sapiens GN=EPG5 PE=1 SV=2 - [EPG5_HUMAN]	130,60
A2NUT2	Lambda-chain (AA -20 to 215) OS=Homo sapiens PE=1 SV=1 - [A2NUT2_HUMAN]	120,76
B4DW52	cDNA FLJ55253, highly similar to Actin, cytoplasmic 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DW52_HUMAN]	120,27
P23280	Carbonic anhydrase 6 OS=Homo sapiens GN=CA6 PE=1 SV=3 - [CAH6_HUMAN]	116,28
P15515	Histatin-1 OS=Homo sapiens GN=HTN1 PE=1 SV=2 - [HIS1_HUMAN]	105,02
Q13707	ACTA2 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ACTA2 PE=3 SV=1 - [Q13707_HUMAN]	101,97
P01037	Cystatin-SN OS=Homo sapiens GN=CST1 PE=1 SV=3 - [CYTN_HUMAN]	93,18
Q6ZW64	cDNA FLJ41552 fis, clone COLON2004478, highly similar to Protein Tro alpha1 H, myeloma OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q6ZW64_HUMAN]	93,09
Q9H7U1	Serine-rich coiled-coil domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=CCSER2 PE=1 SV=2 - [CCSE2_HUMAN]	90,49
Q7Z5P9	Mucin-19 OS=Homo sapiens GN=MUC19 PE=1 SV=3 - [MUC19_HUMAN]	80,37
B2R4M6	Protein S100 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2R4M6_HUMAN]	80,30
B7ZA42	cDNA, FLJ79056 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7ZA42_HUMAN]	77,98
Q86UR5	Regulating synaptic membrane exocytosis protein 1 OS=Homo sapiens GN=RIMS1 PE=1 SV=1 - [RIMS1_HUMAN]	75,71
Q7Z351	Putative uncharacterized protein DKFZp686N02209 OS=Homo sapiens GN=DKFZp686N02209 PE=2 SV=1 - [Q7Z351_HUMAN]	74,44
A0A0A0MSQ4	Espin OS=Homo sapiens GN=ESPN PE=1 SV=1 - [A0A0A0MSQ4_HUMAN]	67,53
Q562R1	Beta-actin-like protein 2 OS=Homo sapiens GN=ACTBL2 PE=1 SV=2 - [ACTBL_HUMAN]	65,46
Q0QET7	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (Fragment) OS=Homo sapiens GN=GAPDH PE=2 SV=1 - [Q0QET7_HUMAN]	61,13
P98088	Mucin-5AC OS=Homo sapiens GN=MUC5AC PE=1 SV=4 - [MUC5A_HUMAN]	59,77

Q15772	Striated muscle preferentially expressed protein kinase OS=Homo sapiens GN=SPEG PE=1 SV=4 - [SPEG_HUMAN]	58,56
A8K2H9	cDNA FLJ78503, highly similar to Homo sapiens keratin 13 (KRT13), transcript variant 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K2H9_HUMAN]	55,05
Q9UKN1	Mucin-12 OS=Homo sapiens GN=MUC12 PE=1 SV=2 - [MUC12_HUMAN]	54,29
P06733	Alpha-enolase OS=Homo sapiens GN=ENO1 PE=1 SV=2 - [ENOA_HUMAN]	52,93
B3KXW2	cDNA FLJ46178 fis, clone TESTI4003944, highly similar to Homo sapiens zinc finger protein 532 (ZNF532), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KXW2_HUMAN]	52,87
Q92954	Proteoglycan 4 OS=Homo sapiens GN=PRG4 PE=1 SV=2 - [PRG4_HUMAN]	52,57
A0A0U1RR20	Proteoglycan 4 OS=Homo sapiens GN=PRG4 PE=1 SV=1 - [A0A0U1RR20_HUMAN]	52,22
E9PAV3	Nascent polypeptide-associated complex subunit alpha, muscle-specific form OS=Homo sapiens GN=NACA PE=1 SV=1 - [NACAM_HUMAN]	49,33
Q8NAH9	cDNA FLJ35331 fis, clone PROST2014659 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8NAH9_HUMAN]	48,82
Q0ZCH9	Immunoglobulin heavy chain variable region (Fragment) OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [Q0ZCH9_HUMAN]	47,84
E1A689	Mutant Apo B 100 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [E1A689_HUMAN]	47,50
H7C517	Adenylate kinase 9 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=AK9 PE=1 SV=1 - [H7C517_HUMAN]	47,03
E1U198	Ubiquitously transcribed tetratricopeptide repeat protein Y-linked transcript variant 67 OS=Homo sapiens GN=UTY PE=2 SV=1 - [E1U198_HUMAN]	46,92
D6RA03	Regulating synaptic membrane exocytosis protein 2 OS=Homo sapiens GN=RIMS2 PE=1 SV=1 - [D6RA03_HUMAN]	46,86
P09211	Glutathione S-transferase P OS=Homo sapiens GN=GSTP1 PE=1 SV=2 - [GSTP1_HUMAN]	46,25
Q5T4S7	E3 ubiquitin-protein ligase UBR4 OS=Homo sapiens GN=UBR4 PE=1 SV=1 - [UBR4_HUMAN]	45,62
K7ESB7	Dedicator of cytokinesis protein 6 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DOCK6 PE=1 SV=1 - [K7ESB7_HUMAN]	44,71
F5GZK2	Collagen alpha-1(XI) chain OS=Homo sapiens GN=COL21A1 PE=1 SV=2 - [F5GZK2_HUMAN]	44,24
Q9NR99	Matrix-remodeling-associated protein 5 OS=Homo sapiens GN=MXRA5 PE=2 SV=3 - [MXRA5_HUMAN]	42,97
P01024	Complement C3 OS=Homo sapiens GN=C3 PE=1 SV=2 - [CO3_HUMAN]	42,72
Q03164	Histone-lysine N-methyltransferase 2A OS=Homo sapiens GN=KMT2A PE=1 SV=5 - [KMT2A_HUMAN]	42,25
B7ZAX4	cDNA, FLJ79338, highly similar to Krueppel-like factor 11 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7ZAX4_HUMAN]	41,29
P01009	Alpha-1-antitrypsin OS=Homo sapiens GN=SERPINA1 PE=1 SV=3 - [A1AT_HUMAN]	40,68
Q9C0F0	Putative Polycomb group protein ASXL3 OS=Homo sapiens GN=ASXL3 PE=2 SV=3 - [ASXL3_HUMAN]	40,06
Q6N030	Uncharacterized protein OS=Homo sapiens GN=DKFZp686115212 PE=1 SV=1 - [Q6N030_HUMAN]	39,87
P04080	Cystatin-B OS=Homo sapiens GN=CSTB PE=1 SV=2 - [CYTB_HUMAN]	39,05
F4MH44	Ubiquitously transcribed tetratricopeptide repeat protein Y-linked transcript variant 22 OS=Homo sapiens GN=UTY PE=2 SV=1 - [F4MH44_HUMAN]	38,79
B3KRC8	cDNA FLJ34042 fis, clone FCBBF2006418, highly similar to Parathyroid hormone-responsive B1 gene protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KRC8_HUMAN]	38,47
P02647	Apolipoprotein A-I OS=Homo sapiens GN=APOA1 PE=1 SV=1 - [APOA1_HUMAN]	38,23
Q53SF6	Putative uncharacterized protein PTHR2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PTHR2 PE=3 SV=1 - [Q53SF6_HUMAN]	36,30
A0A1U9XBE1	MDC1 OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [A0A1U9XBE1_HUMAN]	35,75
B4E1M1	cDNA FLJ60391, highly similar to Lactoperoxidase (EC 1.11.1.7) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E1M1_HUMAN]	35,72
A0A1B0GUS7	Protein unc-13 homolog B OS=Homo sapiens GN=UNC13B PE=1 SV=1 - [A0A1B0GUS7_HUMAN]	35,09
P78386	Keratin, type II cuticular Hb5 OS=Homo sapiens GN=KRT85 PE=1 SV=1 - [KRT85_HUMAN]	35,06
O14514	Brain-specific angiogenesis inhibitor 1 OS=Homo sapiens GN=BAI1 PE=1 SV=2 - [BAI1_HUMAN]	34,81
Q6N021	Methylcytosine dioxygenase TET2 OS=Homo sapiens GN=TET2 PE=1 SV=3 - [TET2_HUMAN]	34,27
F8W703	Roundabout homolog 2 OS=Homo sapiens GN=ROBO2 PE=1 SV=1 - [F8W703_HUMAN]	33,73
Q5M9Q1	NKAP-like protein OS=Homo sapiens GN=NKAPL PE=2 SV=3 - [NKAPL_HUMAN]	33,53
O95835	Serine/threonine-protein kinase LATS1 OS=Homo sapiens GN=LATS1 PE=1 SV=1 - [LATS1_HUMAN]	32,64
Q12955	Ankyrin-3 OS=Homo sapiens GN=ANK3 PE=1 SV=3 - [ANK3_HUMAN]	32,54
A0A024R914	Centrosomal protein 350kDa, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=CEP350 PE=4 SV=1 - [A0A024R914_HUMAN]	32,47
AOA024R3K2	RNA pseudouridylation synthase domain containing 4, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=RPUSD4 PE=4 SV=1 - [AOA024R3K2_HUMAN]	32,44
Q8WXG9	G-protein coupled receptor 98 OS=Homo sapiens GN=GPR98 PE=1 SV=2 - [GPR98_HUMAN]	32,28
Q4VB01	HOXB1 protein OS=Homo sapiens GN=HOXB1 PE=2 SV=1 - [Q4VB01_HUMAN]	31,89
Q13796	Protein Shroom2 OS=Homo sapiens GN=SHROOM2 PE=1 SV=1 - [SHRM2_HUMAN]	31,22
AOA087WUZ6	InaD-like protein OS=Homo sapiens GN=PATJ PE=1 SV=1 - [AOA087WUZ6_HUMAN]	30,82
Q5CZC0	Fibrous sheath-interacting protein 2 OS=Homo sapiens GN=FSIP2 PE=2 SV=4 - [FSIP2_HUMAN]	30,69
Q9Y6V0	Protein piccolo OS=Homo sapiens GN=PCLO PE=1 SV=4 - [PCLO_HUMAN]	30,44
C9J7T7	Nuclear receptor corepressor 2 OS=Homo sapiens GN=NCOR2 PE=1 SV=3 - [C9J7T7_HUMAN]	30,26
B1W6B2	NADH-ubiquinone oxidoreductase chain 5 OS=Homo sapiens GN=NADH5 PE=3 SV=1 - [B1W6B2_HUMAN]	30,03
B7Z854	cDNA FLJ61649, highly similar to Homo sapiens estrogen receptor binding protein (ERBP), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z854_HUMAN]	29,88
A0A0A0MTP6	Phosphatidylinositol 3,4,5-trisphosphate 5-phosphatase 2 OS=Homo sapiens GN=INPPL1 PE=1 SV=1 - [A0A0A0MTP6_HUMAN]	29,80
B4DMX2	cDNA FLJ51250, highly similar to Plasma kallikrein (EC 3.4.21.34) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DMX2_HUMAN]	29,80
Q2F831	Tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan 5-monooxygenase activation protein zeta (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q2F831_HUMAN]	29,76
H7C155	RAF proto-oncogene serine/threonine-protein kinase (Fragment) OS=Homo sapiens GN=RAF1 PE=1 SV=1 - [H7C155_HUMAN]	29,61
B3KRQ8	DNA-directed RNA polymerase subunit beta OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KRQ8_HUMAN]	29,58
P25054	Adenomatous polyposis coli protein OS=Homo sapiens GN=APC PE=1 SV=2 - [APC_HUMAN]	29,42
B7Z7A2	Phosphodiesterase OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z7A2_HUMAN]	29,33
Q14484	Beta-globin (Fragment) OS=Homo sapiens GN=HBB PE=3 SV=1 - [Q14484_HUMAN]	29,33
F5H212	Zinc finger protein 40 OS=Homo sapiens GN=HIVEP1 PE=1 SV=2 - [F5H212_HUMAN]	29,05
Q96M65	cDNA FLJ32792 fis, clone TESTI2002369 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q96M65_HUMAN]	28,86
B2RAG9	Mediator of RNA polymerase II transcription subunit 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2RAG9_HUMAN]	28,85
C9JB56	Rho GTPase-activating protein 25 OS=Homo sapiens GN=ARHGAP25 PE=1 SV=1 - [C9JB56_HUMAN]	28,82
Q9H799	Protein JBT517 OS=Homo sapiens GN=C5orf42 PE=1 SV=4 - [CE042_HUMAN]	28,82
B3KU17	cDNA FLJ39071 fis, clone NT2RP7015789, highly similar to Zinc finger protein 267 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KU17_HUMAN]	28,72

	[B3KU17_HUMAN]	
A8K739	cDNA FLJ77339 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K739_HUMAN]	28,16
Q2WEN9	Carcinoembryonic antigen-related cell adhesion molecule 16 OS=Homo sapiens GN=CEACAM16 PE=1 SV=2 - [CEA16_HUMAN]	27,79
I0B0K8	Truncated profilaggrin OS=Homo sapiens GN=FLG PE=4 SV=1 - [I0B0K8_HUMAN]	27,69
A2VDJ0	Transmembrane protein 131-like OS=Homo sapiens GN=KIAA0922 PE=1 SV=2 - [T131L_HUMAN]	27,62
E9PPJ1	Kinetochore scaffold 1 OS=Homo sapiens GN=KNL1 PE=1 SV=2 - [E9PPJ1_HUMAN]	27,60
Q8TE73	Dynein heavy chain 5, axonemal OS=Homo sapiens GN=DNAH5 PE=1 SV=3 - [DYH5_HUMAN]	27,36
Q92833	Protein Jumonji OS=Homo sapiens GN=JARID2 PE=1 SV=2 - [JARID2_HUMAN]	27,33
Q96S21	Ras-related protein Rab-40C OS=Homo sapiens GN=RAB40C PE=1 SV=1 - [RB40C_HUMAN]	27,27
Q8NAX2	Keratinocyte differentiation factor 1 OS=Homo sapiens GN=KDF1 PE=1 SV=2 - [KDF1_HUMAN]	27,03
O94991	SLIT and NTRK-like protein 5 OS=Homo sapiens GN=SLITRK5 PE=2 SV=2 - [SLIK5_HUMAN]	26,77
B5M450	Anion exchange protein OS=Homo sapiens GN=SLC4A7 PE=2 SV=1 - [B5M450_HUMAN]	26,37
P49454	Centromere protein F OS=Homo sapiens GN=CENPF PE=1 SV=2 - [CENPF_HUMAN]	26,35
X6R7H2	Peroxisome proliferator-activated receptor gamma coactivator-related protein 1 OS=Homo sapiens GN=PPRC1 PE=1 SV=1 - [X6R7H2_HUMAN]	26,25
J3KPQ4	Rho GTPase activating protein 9, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=ARHGAP9 PE=1 SV=1 - [J3KPQ4_HUMAN]	26,11
Q96Q06	Perilipin-4 OS=Homo sapiens GN=PLIN4 PE=1 SV=2 - [PLIN4_HUMAN]	26,05
B7Z7U0	cDNA FLJ61739, highly similar to Serine/arginine repetitive matrix protein 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z7U0_HUMAN]	26,00
B3KNL1	cDNA FLJ14826 fis, clone OVARC1000850, highly similar to Large neutral amino acids transporter small subunit 3 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KNL1_HUMAN]	25,91
Q9NR48	Histone-lysine N-methyltransferase ASH1L OS=Homo sapiens GN=ASH1L PE=1 SV=2 - [ASH1L_HUMAN]	25,76
H9KV90	SH3 and multiple ankyrin repeat domains protein 1 OS=Homo sapiens GN=SHANK1 PE=1 SV=1 - [H9KV90_HUMAN]	25,63
Q9UQ35	Serine/arginine repetitive matrix protein 2 OS=Homo sapiens GN=SRRM2 PE=1 SV=2 - [SRRM2_HUMAN]	25,07
Q13516	Oligodendrocyte transcription factor 2 OS=Homo sapiens GN=OLIG2 PE=2 SV=2 - [OLIG2_HUMAN]	24,87
O94827	Pleckstrin homology domain-containing family G member 5 OS=Homo sapiens GN=PLEKHG5 PE=1 SV=3 - [PKHG5_HUMAN]	24,63
Q9UPN3	Microtubule-actin cross-linking factor 1, isoforms 1/2/3/5 OS=Homo sapiens GN=MACF1 PE=1 SV=4 - [MACF1_HUMAN]	24,62
F5GXF5	Nucleosome-remodeling factor subunit BPTF (Fragment) OS=Homo sapiens GN=BPTF PE=1 SV=2 - [F5GXF5_HUMAN]	24,48
B3KWI5	cDNA FLJ43124 fis, clone CTONG3004072, highly similar to Protein EMSY OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KWI5_HUMAN]	24,37
O15061	Synemin OS=Homo sapiens GN=SYNM PE=1 SV=2 - [SYNM_HUMAN]	24,36
Q92878	DNA repair protein RAD50 OS=Homo sapiens GN=RAD50 PE=1 SV=1 - [RAD50_HUMAN]	24,13
E9PMG1	RalBP1-associated Eps domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=REPS1 PE=1 SV=1 - [E9PMG1_HUMAN]	24,03
Q19VH1	Actin-binding LIM protein 2 splice variant 1 OS=Homo sapiens GN=ABLIM2 PE=2 SV=1 - [Q19VH1_HUMAN]	23,96
F4MHR0	Ubiquitously transcribed tetratricopeptide repeat protein Y-linked transcript variant 91 OS=Homo sapiens GN=UTY PE=2 SV=1 - [F4MHR0_HUMAN]	23,91
Q8TD57	Dynein heavy chain 3, axonemal OS=Homo sapiens GN=DNAH3 PE=2 SV=1 - [DYH3_HUMAN]	23,88
E7EPM4	Mucin-17 OS=Homo sapiens GN=MUC17 PE=1 SV=1 - [E7EPM4_HUMAN]	23,81
A0A024QZH6	Serine arginine-rich pre-mRNA splicing factor SR-A1, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=SR-A1 PE=4 SV=1 - [A0A024QZH6_HUMAN]	23,53
G3V112	Regulator of G-protein signalling 22, isoform CRA_c OS=Homo sapiens GN=RG522 PE=1 SV=1 - [G3V112_HUMAN]	23,45
A1L306	TNR protein OS=Homo sapiens GN=TNR PE=1 SV=1 - [A1L306_HUMAN]	23,43
B4E392	cDNA FLJ52602, highly similar to Pinin OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E392_HUMAN]	23,35
Q92574	Ryanodine receptor 3 OS=Homo sapiens GN=RYP3 PE=1 SV=1 - [TSC1_HUMAN]	22,85
P25311	Zinc-alpha-2-glycoprotein OS=Homo sapiens GN=AZGP1 PE=1 SV=2 - [ZA2G_HUMAN]	22,79
C9K0V9	Ataxin-7-like protein 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ATXN7L1 PE=1 SV=1 - [C9K0V9_HUMAN]	22,59
H3BQQ2	E3 ubiquitin-protein ligase ZNF598 OS=Homo sapiens GN=ZNF598 PE=1 SV=1 - [H3BQQ2_HUMAN]	22,18
Q9HBD1	Roquin-2 OS=Homo sapiens GN=RC3H2 PE=1 SV=2 - [RC3H2_HUMAN]	22,05
Q8WWQ8	Stabilin-2 OS=Homo sapiens GN=STAB2 PE=1 SV=3 - [STAB2_HUMAN]	21,99
A0A024RBS1	GCN1 general control of amino-acid synthesis 1-like 1 (Yeast), isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=GCN1L1 PE=4 SV=1 - [A0A024RBS1_HUMAN]	21,82
P27482	Calmodulin-like protein 3 OS=Homo sapiens GN=CALML3 PE=1 SV=2 - [CALL3_HUMAN]	21,82
E7ER44	Lactotransferrin OS=Homo sapiens GN=LTF PE=1 SV=1 - [E7ER44_HUMAN]	21,58
A0A0X1KG73	Ryanodine receptor 3 OS=Homo sapiens GN=RYP3 PE=1 SV=1 - [A0A0X1KG73_HUMAN]	21,44
A4UGR9	Xin actin-binding repeat-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=XIRP2 PE=1 SV=2 - [XIRP2_HUMAN]	21,36
E9PD12	Adenylyl cyclase-associated protein OS=Homo sapiens GN=CAP2 PE=1 SV=1 - [E9PD12_HUMAN]	21,19
P07737	Profilin-1 OS=Homo sapiens GN=PFN1 PE=1 SV=2 - [PROF1_HUMAN]	21,01
Q8NDA2	Hemicentin-2 OS=Homo sapiens GN=HMCN2 PE=2 SV=3 - [HMCN2_HUMAN]	20,96
H0YMW2	A-kinase anchor protein 13 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=AKAP13 PE=1 SV=1 - [H0YMW2_HUMAN]	20,83
Q9UIG0	Tyrosine-protein kinase BAZ1B OS=Homo sapiens GN=BAZ1B PE=1 SV=2 - [BAZ1B_HUMAN]	20,77
Q9P273	Teneurin-3 OS=Homo sapiens GN=TENM3 PE=2 SV=3 - [TEN3_HUMAN]	20,61
A0A1U9X7M2	DPCR1 OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [A0A1U9X7M2_HUMAN]	20,60
Q8WYL5	Protein phosphatase Slingshot homolog 1 OS=Homo sapiens GN=SSH1 PE=1 SV=2 - [SSH1_HUMAN]	20,43
P46939	Utrrophin OS=Homo sapiens GN=UTRN PE=1 SV=2 - [UTRO_HUMAN]	20,39
H7BZY0	TP53-binding protein 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=TP53BP1 PE=1 SV=1 - [H7BZY0_HUMAN]	20,35
Q6P5S2	Protein LEG1 homolog OS=Homo sapiens GN=LEG1 PE=1 SV=2 - [LEG1H_HUMAN]	20,31
A0A0A0MS79	Nck-associated protein 5 OS=Homo sapiens GN=NCKAP5 PE=1 SV=1 - [A0A0A0MS79_HUMAN]	20,31
Q07954	Prolow-density lipoprotein receptor-related protein 1 OS=Homo sapiens GN=LRP1 PE=1 SV=2 - [LRP1_HUMAN]	20,29
B7ZMA3	Uncharacterized protein (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7ZMA3_HUMAN]	20,18
Q86YV5	Tyrosine-protein kinase PRAG1 OS=Homo sapiens GN=PRAG1 PE=1 SV=4 - [PRAG1_HUMAN]	20,06
P98164	Low-density lipoprotein receptor-related protein 2 OS=Homo sapiens GN=LRP2 PE=1 SV=3 - [LRP2_HUMAN]	20,05
Q59H85	Proprotein convertase subtilisin/kexin type 1 preproprotein variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59H85_HUMAN]	19,96

A0A087X0K8	Probable G-protein-coupled receptor 179 OS=Homo sapiens GN=GPR179 PE=4 SV=1 - [A0A087X0K8_HUMAN]	19,95
E7EPN9	Protein PRRC2C OS=Homo sapiens GN=PRRC2C PE=1 SV=1 - [E7EPN9_HUMAN]	19,66
Q86XX4	Extracellular matrix protein FRAS1 OS=Homo sapiens GN=FRAS1 PE=1 SV=2 - [FRAS1_HUMAN]	19,64
E9PII5	MAP kinase-interacting serine/threonine-protein kinase 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MKNK1 PE=1 SV=2 - [E9PII5_HUMAN]	19,64
E7EWQ5	Microtubule-associated serine/threonine-protein kinase 4 OS=Homo sapiens GN=MAST4 PE=1 SV=1 - [E7EWQ5_HUMAN]	19,39
A0A023Q8L4	NADH-ubiquinone oxidoreductase chain 5 OS=Homo sapiens GN=ND5 PE=3 SV=1 - [A0A023Q8L4_HUMAN]	19,39
B4DYD1	cDNA FLJ57231, moderately similar to Homo sapiens polyhomeotic like 3 (PHC3), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DYD1_HUMAN]	19,37
Q8IVL0	Neuron navigator 3 OS=Homo sapiens GN=NAV3 PE=1 SV=3 - [NAV3_HUMAN]	19,24
B4E195	cDNA FLJ51442, highly similar to Homo sapiens 2-aminoadipic 6-semialdehyde dehydrogenase (AASDH), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E195_HUMAN]	19,19
B4E223	cDNA FLJ52075, moderately similar to Mus musculus SPT2, Suppressor of Ty, domain containing 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E223_HUMAN]	19,18
A0A024QZW7	Nucleoporin 153kDa, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=NUP153 PE=4 SV=1 - [A0A024QZW7_HUMAN]	19,17
A0A024RBF1	Protein phosphatase 1, regulatory (Inhibitor) subunit 12A, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=PPP1R12A PE=4 SV=1 - [A0A024RBF1_HUMAN]	18,99
H7C5N8	Protein PRRC2C (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PRRC2C PE=1 SV=1 - [H7C5N8_HUMAN]	18,96
P20929	Nebulin OS=Homo sapiens GN=NEB PE=1 SV=5 - [NEBU_HUMAN]	18,94
Q9C0G6	Dynein heavy chain 6, axonemal OS=Homo sapiens GN=DNAH6 PE=2 SV=3 - [DYH6_HUMAN]	18,92
B2RDF5	cDNA, FLJ96587, highly similar to Homo sapiens SUMO-1 activating enzyme subunit 2 (UBA2), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2RDF5_HUMAN]	18,73
F2Z2U4	Transformation/transcription domain-associated protein OS=Homo sapiens GN=TRRAP PE=1 SV=3 - [F2Z2U4_HUMAN]	18,73
J3KNM6	Arf-GAP with GTPase, ANK repeat and PH domain-containing protein 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=AGAP2 PE=1 SV=1 - [J3KNM6_HUMAN]	18,40
P48357	Leptin receptor OS=Homo sapiens GN=LEPR PE=1 SV=2 - [LEPR_HUMAN]	18,11
Q6N093	Putative uncharacterized protein DKFZp686I04196 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DKFZp686I04196 PE=2 SV=1 - [Q6N093_HUMAN]	17,99
B3KWW1	cDNA FLJ43914 fis, clone TESTI4011161, weakly similar to Proline-rich protein 12 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KWW1_HUMAN]	17,97
B3KPZ8	cDNA FLJ32530 fis, clone SMINT2000185, highly similar to TRANSKETOLASE (EC 2.2.1.1) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KPZ8_HUMAN]	17,85
P46013	Proliferation marker protein Ki-67 OS=Homo sapiens GN=MKI67 PE=1 SV=2 - [KI67_HUMAN]	17,72
B4E2K8	cDNA FLJ61075, highly similar to Mineralocorticoid receptor OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E2K8_HUMAN]	17,34
Q02388	Collagen alpha-1(VII) chain OS=Homo sapiens GN=COL7A1 PE=1 SV=2 - [CO7A1_HUMAN]	17,32
Q9NVY3	cDNA FLJ10438 fis, clone NT2RP1000630, weakly similar to NECDIN OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q9NVY3_HUMAN]	17,23
A0A096LNH0	Protocadherin-23 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DCHS2 PE=1 SV=1 - [A0A096LNH0_HUMAN]	17,21
H7BYR4	Calcium-dependent secretion activator 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=CADPS2 PE=1 SV=1 - [H7BYR4_HUMAN]	17,21
A0A0R4J2E4	Fas-binding factor 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=FBF1 PE=1 SV=2 - [A0A0R4J2E4_HUMAN]	17,17
A0A0K1P7S2	Usher syndrome 2A OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [A0A0K1P7S2_HUMAN]	17,10
A0A024R2Y4	Bassoon (Presynaptic cytomatrix protein), isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=BSN PE=4 SV=1 - [A0A024R2Y4_HUMAN]	17,09
E7EPJ7	Triple functional domain protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=TRIO PE=1 SV=2 - [E7EPJ7_HUMAN]	17,02
G3V5X7	Telomerase protein component 1 OS=Homo sapiens GN=TEP1 PE=1 SV=1 - [G3V5X7_HUMAN]	16,95
A0A0S2Z5S2	S100P binding protein isoform 2 OS=Homo sapiens GN=S100BP PE=2 SV=1 - [A0A0S2Z5S2_HUMAN]	16,85
Q8IWI9	MAX gene-associated protein OS=Homo sapiens GN=MGA PE=1 SV=3 - [MGAP_HUMAN]	16,80
Q9NUQ5	Serine/threonine-protein kinase PAK 6 OS=Homo sapiens GN=PAK6 PE=1 SV=1 - [PAK6_HUMAN]	16,80
A7XYQ1	Sine oculis-binding protein homolog OS=Homo sapiens GN=SOBP PE=1 SV=2 - [SOBP_HUMAN]	16,78
A0A1B0GU24	Trinucleotide repeat-containing gene 6C protein OS=Homo sapiens GN=TNRC6C PE=1 SV=1 - [A0A1B0GU24_HUMAN]	16,68
A0A0A0MTP3	M-phase phosphoprotein 9 OS=Homo sapiens GN=MPHOSPH9 PE=1 SV=1 - [A0A0A0MTP3_HUMAN]	16,60
Q3V6T2	Girdin OS=Homo sapiens GN=CCDC88A PE=1 SV=2 - [GRDN_HUMAN]	16,53
O43283	Mitogen-activated protein kinase kinase kinase 13 OS=Homo sapiens GN=MAP3K13 PE=1 SV=1 - [M3K13_HUMAN]	16,53
Q96RW7	Hemicentin-1 OS=Homo sapiens GN=HMCN1 PE=1 SV=2 - [HMCN1_HUMAN]	16,51
Q8IVE3	Pleckstrin homology domain-containing family H member 2 OS=Homo sapiens GN=PLEKHH2 PE=1 SV=2 - [PKHH2_HUMAN]	16,44
Q6NVU7	ZP1 protein OS=Homo sapiens GN=ZP1 PE=2 SV=1 - [Q6NVU7_HUMAN]	16,42
Q99698	Lysosomal-trafficking regulator OS=Homo sapiens GN=LYST PE=1 SV=3 - [LYST_HUMAN]	16,39
A0A0J9YWK3	Protein cordon-bleu OS=Homo sapiens GN=COBL PE=1 SV=1 - [A0A0J9YWK3_HUMAN]	16,37
A0A087WV90	Dystrophin OS=Homo sapiens GN=DMD PE=1 SV=1 - [A0A087WV90_HUMAN]	16,34
F6QMI7	Dystonin OS=Homo sapiens GN=DST PE=1 SV=2 - [F6QMI7_HUMAN]	16,34
Q9H4M7	Pleckstrin homology domain-containing family A member 4 OS=Homo sapiens GN=PLEKHA4 PE=1 SV=2 - [PKHA4_HUMAN]	16,30
P01023	Alpha-2-macroglobulin OS=Homo sapiens GN=A2M PE=1 SV=3 - [A2MG_HUMAN]	16,16
Q8IZF6	Adhesion G-protein coupled receptor G4 OS=Homo sapiens GN=ADGRG4 PE=2 SV=2 - [AGRG4_HUMAN]	16,14
Q9UKZ4	Teneurin-1 OS=Homo sapiens GN=TENM1 PE=1 SV=2 - [TEN1_HUMAN]	16,13
A0A087WW06	Tetratricopeptide repeat protein 28 OS=Homo sapiens GN=TTC28 PE=1 SV=1 - [A0A087WW06_HUMAN]	16,07
Q6V0I7	Protocadherin Fat 4 OS=Homo sapiens GN=FAT4 PE=1 SV=2 - [FAT4_HUMAN]	15,90
E7EVA0	Microtubule-associated protein OS=Homo sapiens GN=MAP4 PE=1 SV=1 - [E7EVA0_HUMAN]	15,79
Q6ZVD8	PH domain leucine-rich repeat-containing protein phosphatase 2 OS=Homo sapiens GN=PHLPP2 PE=1 SV=3 - [PHLP2_HUMAN]	15,51
B3KQT8	cDNA PSEC0172 fis, clone PLACE1011835, highly similar to Procollagen C-endopeptidase enhancer 2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KQT8_HUMAN]	15,50
B2RMV2	CYTSA protein OS=Homo sapiens GN=CYTSA PE=2 SV=1 - [B2RMV2_HUMAN]	15,46

Q8TCN5	Zinc finger protein 507 OS=Homo sapiens GN=ZNF507 PE=1 SV=2 - [ZN507_HUMAN]	15,19
A0A0C4DGR2	Prostate tumor overexpressed gene 1, isoform CRA_d OS=Homo sapiens GN=PTOV1 PE=1 SV=1 - [A0A0C4DGR2_HUMAN]	15,03
Q14643	Inositol 1,4,5-trisphosphate receptor type 1 OS=Homo sapiens GN=ITPR1 PE=1 SV=3 - [ITPR1_HUMAN]	15,01
M0R2B3	Uncharacterized protein C19orf44 OS=Homo sapiens GN=C19orf44 PE=1 SV=1 - [M0R2B3_HUMAN]	15,00
E7ETY2	Treacle protein OS=Homo sapiens GN=TCOF1 PE=1 SV=1 - [E7ETY2_HUMAN]	14,96
A0A1W2PS94	Testis-expressed protein 15 OS=Homo sapiens GN=TEX15 PE=4 SV=1 - [A0A1W2PS94_HUMAN]	14,95
Q8TD26	Chromodomain-helicase-DNA-binding protein 6 OS=Homo sapiens GN=CHD6 PE=1 SV=4 - [CHD6_HUMAN]	14,93
Q6ZTR5	Cilia- and flagella-associated protein 47 OS=Homo sapiens GN=CFAP47 PE=2 SV=4 - [CFA47_HUMAN]	14,87
E9PEJ1	T-cell surface protein tactile OS=Homo sapiens GN=CD96 PE=1 SV=1 - [E9PEJ1_HUMAN]	14,80
A0A075B6F5	Unconventional myosin-XVIIb OS=Homo sapiens GN=MYO18B PE=1 SV=1 - [A0A075B6F5_HUMAN]	14,73
A2VBQ3	Autogenous vein graft remodeling associated protein 8 OS=Homo sapiens GN=AVGR8 PE=2 SV=1 - [A2VBQ3_HUMAN]	14,59
Q5SRD1	Putative mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim23B OS=Homo sapiens GN=TIMM23B PE=5 SV=2 - [T23B_HUMAN]	14,59
P16070	CD44 antigen OS=Homo sapiens GN=CD44 PE=1 SV=3 - [CD44_HUMAN]	14,49
A0A024R731	Uncharacterized protein OS=Homo sapiens GN=NAG6 PE=4 SV=1 - [A0A024R731_HUMAN]	14,47
Q12923	Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 13 OS=Homo sapiens GN=PTPN13 PE=1 SV=2 - [PTN13_HUMAN]	14,46
Q9GZP8	Immortalization up-regulated protein OS=Homo sapiens GN=IMUP PE=1 SV=1 - [IMUP_HUMAN]	14,45
A0A0C4DG40	Nesprin-1 OS=Homo sapiens GN=SYNE1 PE=1 SV=1 - [A0A0C4DG40_HUMAN]	14,44
Q55YE7	NHS-like protein 1 OS=Homo sapiens GN=NHSL1 PE=1 SV=2 - [NHSL1_HUMAN]	14,29
H9A532	BCL6 corepressor-cyclin B3 fusion protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [H9A532_HUMAN]	14,09
Q96HA1	Nuclear envelope pore membrane protein POM 121 OS=Homo sapiens GN=POM121 PE=1 SV=2 - [P121A_HUMAN]	14,09
P48444	Coatmer subunit delta OS=Homo sapiens GN=ARCN1 PE=1 SV=1 - [COPD_HUMAN]	14,06
Q5VUJ6	Leucine-rich repeat and calponin homology domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=LRCH2 PE=2 SV=2 - [LRCH2_HUMAN]	14,05
A6NNC1	Putative POM121-like protein 1-like OS=Homo sapiens PE=5 SV=3 - [P12LL_HUMAN]	14,00
J3QR75	Kinase suppressor of Ras 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=KSR1 PE=1 SV=1 - [J3QR75_HUMAN]	13,93
E9PRD2	39S ribosomal protein L49, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=MRPL49 PE=4 SV=1 - [E9PRD2_HUMAN]	13,93
A5YKK5	KIAA0232 OS=Homo sapiens GN=KIAA0232 PE=2 SV=1 - [A5YKK5_HUMAN]	13,92
O15265	Ataxin-7 OS=Homo sapiens GN=ATXN7 PE=1 SV=1 - [ATX7_HUMAN]	13,92
Q5TGY3	AT-hook DNA-binding motif-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=AHDC1 PE=1 SV=1 - [AHDC1_HUMAN]	13,89
Q9H195	Mucin-3B (Fragments) OS=Homo sapiens GN=MUC3B PE=2 SV=2 - [MUC3B_HUMAN]	13,84
O14646	Chromodomain-helicase-DNA-binding protein 1 OS=Homo sapiens GN=CHD1 PE=1 SV=2 - [CHD1_HUMAN]	13,77
B2RBN7	cDNA, FLJ95607, highly similar to Homo sapiens breast carcinoma amplified sequence 3 (BCAS3), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2RBN7_HUMAN]	13,73
C9JA99	Protocadherin alpha-13 OS=Homo sapiens GN=PCDHA13 PE=4 SV=1 - [C9JA99_HUMAN]	13,71
P25391	Laminin subunit alpha-1 OS=Homo sapiens GN=LAMA1 PE=1 SV=2 - [LAMA1_HUMAN]	13,68
A0A0U1RR71	Pleckstrin homology domain-containing family G member 3 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PLEKHG3 PE=1 SV=1 - [A0A0U1RR71_HUMAN]	13,67
E9PFE2	General transcription factor II-I repeat domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=GTF2IRD1 PE=1 SV=1 - [E9PFE2_HUMAN]	13,65
A0A0B4J1X2	Voltage-dependent T-type calcium channel subunit alpha-1G OS=Homo sapiens GN=CACNA1G PE=1 SV=1 - [A0A0B4J1X2_HUMAN]	13,61
Q8TEY7	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 33 OS=Homo sapiens GN=USP33 PE=1 SV=2 - [UBP33_HUMAN]	13,60
A0A024R528	Interleukin 1 receptor antagonist, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=IL1RN PE=3 SV=1 - [A0A024R528_HUMAN]	13,57
A0A024R3V2	Exonuclease 1, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=EXO1 PE=4 SV=1 - [A0A024R3V2_HUMAN]	13,55
H0Y6D1	Z-DNA-binding protein 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ZBP1 PE=4 SV=1 - [H0Y6D1_HUMAN]	13,54
B1AN48	Small proline-rich protein 3 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SPRR3 PE=1 SV=8 - [B1AN48_HUMAN]	13,51
A8K2G7	cDNA FLJ76071, highly similar to Homo sapiens filamin A interacting protein 1 (FILIP1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K2G7_HUMAN]	13,48
Q5T321	Neurobeachin OS=Homo sapiens GN=NBEA PE=1 SV=1 - [Q5T321_HUMAN]	13,48
Q5VST9	Obscurin OS=Homo sapiens GN=OBSCN PE=1 SV=3 - [OBSCN_HUMAN]	13,47
K7EJN2	Transcription factor HES-2 OS=Homo sapiens GN=HES2 PE=4 SV=1 - [K7EJN2_HUMAN]	13,46
P78527	DNA-dependent protein kinase catalytic subunit OS=Homo sapiens GN=PRKDC PE=1 SV=3 - [PRKDC_HUMAN]	13,43
Q9H7I4	FLJ00104 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=FLJ00104 PE=2 SV=1 - [Q9H7I4_HUMAN]	13,41
O75949	Transmembrane protein FAM155B OS=Homo sapiens GN=FAM155B PE=2 SV=2 - [F155B_HUMAN]	13,41
B3KQX8	cDNA FLJ33261 fis, clone ASTRO2005902, highly similar to WD repeat protein 20 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KQX8_HUMAN]	13,39
F5GYF8	Signal-induced proliferation-associated 1-like protein 1 OS=Homo sapiens GN=SIPA1L1 PE=1 SV=1 - [F5GYF8_HUMAN]	13,38
I3L072	Uncharacterized protein C17orf80 OS=Homo sapiens GN=C17orf80 PE=1 SV=1 - [I3L072_HUMAN]	13,38
Q96JG9	Zinc finger protein 469 OS=Homo sapiens GN=ZNF469 PE=2 SV=3 - [ZN469_HUMAN]	13,34
B4DE36	Glucose-6-phosphate isomerase OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DE36_HUMAN]	13,33
Q9BYW2	Histone-lysine N-methyltransferase SETD2 OS=Homo sapiens GN=SETD2 PE=1 SV=3 - [SETD2_HUMAN]	13,31
Q33E94	Transcription factor RFX4 OS=Homo sapiens GN=RFX4 PE=1 SV=2 - [RFX4_HUMAN]	13,31
B3KUS4	cDNA FLJ40508 fis, clone TESTI2045850, highly similar to AP-3 complex subunit beta-2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KUS4_HUMAN]	13,29
Q9ULI3	Protein HEG homolog 1 OS=Homo sapiens GN=HEG1 PE=1 SV=3 - [HEG1_HUMAN]	13,29
Q12836	Zona pellucida sperm-binding protein 4 OS=Homo sapiens GN=ZP4 PE=2 SV=1 - [ZP4_HUMAN]	13,28
P49840	Glycogen synthase kinase-3 alpha OS=Homo sapiens GN=GSK3A PE=1 SV=2 - [GSK3A_HUMAN]	13,27
Q59GI3	I-kappa-B-related protein variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59GI3_HUMAN]	13,26
Q5D862	Flaggrin-2 OS=Homo sapiens GN=FLG2 PE=1 SV=1 - [FLA2_HUMAN]	13,24
B4DE33	cDNA FLJ56616, highly similar to Semaphorin-5A OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DE33_HUMAN]	13,23
Q59EK9	RUN domain-containing protein 3A OS=Homo sapiens GN=RUNDC3A PE=1 SV=2 - [RUN3A_HUMAN]	13,22
Q9P096	HSPC285 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q9P096_HUMAN]	13,21
A0A0A0MQV9	Histone-lysine N-methyltransferase SETD1B OS=Homo sapiens GN=SETD1B PE=1 SV=1 - [A0A0A0MQV9_HUMAN]	13,21

B9EK44	Potassium voltage-gated channel, subfamily H (Eag-related), member 3 OS=Homo sapiens GN=KCNH3 PE=2 SV=1 - [B9EK44_HUMAN]	13,21
B7Z4E5	cDNA FLJ55338, highly similar to CLIP-associating protein 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z4E5_HUMAN]	13,16
A0A024RB48	Tensin like C1 domain containing phosphatase (Tensin 2), isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=TENC1 PE=4 SV=1 - [A0A024RB48_HUMAN]	13,15
B7ZLE5	FN1 protein OS=Homo sapiens GN=FN1 PE=2 SV=1 - [B7ZLE5_HUMAN]	13,11
Q6ZUB1	Spermatogenesis-associated protein 31E1 OS=Homo sapiens GN=SPATA31E1 PE=2 SV=2 - [S31E1_HUMAN]	13,08
A6QL64	Ankyrin repeat domain-containing protein 36A OS=Homo sapiens GN=ANKRD36 PE=2 SV=3 - [AN36A_HUMAN]	13,06
B7Z2W3	cDNA FLJ54432, highly similar to Alpha-actinin-1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z2W3_HUMAN]	13,04
O95831	Apoptosis-inducing factor 1, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=AIFM1 PE=1 SV=1 - [AIFM1_HUMAN]	13,02
Q86V42	Protein FAM124A OS=Homo sapiens GN=FAM124A PE=1 SV=1 - [F124A_HUMAN]	12,99
A0A0A0MRJ1	Serine/threonine-protein kinase MRCK alpha OS=Homo sapiens GN=CDC42BPA PE=1 SV=1 - [A0A0A0MRJ1_HUMAN]	12,96
J3KRA9	Serine/threonine-protein kinase SMG1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SMG1 PE=1 SV=1 - [J3KRA9_HUMAN]	12,96
B7Z526	cDNA FLJ59292, highly similar to Homo sapiens neuron navigator 2 (NAV2), transcript variant 2, mRNA (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z526_HUMAN]	12,95
A0A0A0MSY2	General transcription factor II-I repeat domain-containing protein 2A OS=Homo sapiens GN=GTF2IRD2 PE=1 SV=1 - [A0A0A0MSY2_HUMAN]	12,89
A8E631	KIAA1881 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=KIAA1881 PE=2 SV=1 - [A8E631_HUMAN]	12,86
B4DIF3	cDNA FLJ59282, highly similar to Glutamate receptor-interacting protein 1 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DIF3_HUMAN]	12,86
A6NKB5	Pecanex-like protein 2 OS=Homo sapiens GN=PCNX2 PE=2 SV=3 - [PCX2_HUMAN]	12,82
Q8NFC6	Biorientation of chromosomes in cell division protein 1-like 1 OS=Homo sapiens GN=BOD1L1 PE=1 SV=2 - [BD1L1_HUMAN]	12,81
A0A126LAYO	Glycoprotein O OS=Homo sapiens GN=U47 PE=4 SV=1 - [A0A126LAYO_HUMAN]	12,80
O60673	DNA polymerase zeta catalytic subunit OS=Homo sapiens GN=REV3L PE=1 SV=2 - [REV3L_HUMAN]	12,78
Q8N397	Putative uncharacterized protein DKFZp761M142 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DKFZp761M142 PE=2 SV=1 - [Q8N397_HUMAN]	12,76
J3KPF0	Probable E3 ubiquitin-protein ligase HECTD4 OS=Homo sapiens GN=HECTD4 PE=1 SV=3 - [J3KPF0_HUMAN]	12,73
B3KUM3	cDNA FLJ40221 fis, clone TEST12021736, highly similar to Guanine deaminase (EC 3.5.4.3) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KUM3_HUMAN]	12,65
Q8N3X5	Similar to ATPase, Ca++ transporting, cardiac muscle, fast twitch 1 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8N3X5_HUMAN]	12,63
P20061	Transcobalamin-1 OS=Homo sapiens GN=TCN1 PE=1 SV=2 - [TCO1_HUMAN]	12,62
P0C6C1	Ankyrin repeat domain-containing protein 34C OS=Homo sapiens GN=ANKRD34C PE=3 SV=2 - [AN34C_HUMAN]	12,62
P51610	Host cell factor 1 OS=Homo sapiens GN=HCFC1 PE=1 SV=2 - [HCFC1_HUMAN]	12,60
A0A0J9YY72	NHS-like protein 2 OS=Homo sapiens GN=NHSL2 PE=1 SV=1 - [A0A0J9YY72_HUMAN]	12,59
P01040	Cystatin-A OS=Homo sapiens GN=CSTA PE=1 SV=1 - [CYTA_HUMAN]	12,58
B1AJS1	Astrotactin-1 OS=Homo sapiens GN=ASTN1 PE=1 SV=1 - [B1AJS1_HUMAN]	12,57
B7Z388	cDNA FLJ56564, highly similar to Mitogen-activated protein kinase kinase kinase kinase 4 (EC 2.7.11.1) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z388_HUMAN]	12,56
Q8IVF2	Protein AHNK2 OS=Homo sapiens GN=AHNK2 PE=1 SV=2 - [AHNK2_HUMAN]	12,55
Q5VVM6	Coiled-coil domain-containing protein 30 OS=Homo sapiens GN=CCDC30 PE=2 SV=1 - [CCD30_HUMAN]	12,55
A4LAA3	Alpha thalassemia/mental retardation syndrome X-linked OS=Homo sapiens GN=ATRX PE=4 SV=1 - [A4LAA3_HUMAN]	12,52
Q5JUK3	Potassium channel subfamily T member 1 OS=Homo sapiens GN=KCNT1 PE=1 SV=2 - [KCNT1_HUMAN]	12,49
H7C3G7	CWF19-like protein 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=CWF19L2 PE=1 SV=1 - [H7C3G7_HUMAN]	12,48
H0YAE5	Matrix metalloproteinase-23 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MMP23B PE=4 SV=1 - [H0YAE5_HUMAN]	12,46
B4DWX1	cDNA FLJ56800 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DWX1_HUMAN]	12,32
O14529	Homeobox protein cut-like 2 OS=Homo sapiens GN=CUX2 PE=1 SV=4 - [CUX2_HUMAN]	12,30
Q59HE3	Calpastatin isoform a variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59HE3_HUMAN]	12,26
A4D0S4	Laminin subunit beta-4 OS=Homo sapiens GN=LAMB4 PE=2 SV=1 - [LAMB4_HUMAN]	12,23
E7EV07	Rho guanine nucleotide exchange factor 4 OS=Homo sapiens GN=ARHGEF4 PE=1 SV=2 - [E7EV07_HUMAN]	12,23
B2RAU8	cDNA, FLJ95131, highly similar to Homo sapiens nucleolar and coiled-body phosphoprotein 1 (NOLC1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2RAU8_HUMAN]	12,19
B3KPU4	cDNA FLJ32196 fis, clone PLACE6002668, highly similar to Homo sapiens sorbin and SH3 domain containing 2 (SORBS2), transcript variant 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KPU4_HUMAN]	12,18
O75037	Kinesin-like protein KIF21B OS=Homo sapiens GN=KIF21B PE=1 SV=2 - [KI21B_HUMAN]	12,18
Q5VT25	Serine/threonine-protein kinase MRCK alpha OS=Homo sapiens GN=CDC42BPA PE=1 SV=1 - [MRCKA_HUMAN]	12,15
P56645	Period circadian protein homolog 3 OS=Homo sapiens GN=PER3 PE=1 SV=4 - [PER3_HUMAN]	12,09
Q6P0Q8	Microtubule-associated serine/threonine-protein kinase 2 OS=Homo sapiens GN=MAST2 PE=1 SV=2 - [MAST2_HUMAN]	12,03
K7EK91	Dynein heavy chain 17, axonemal OS=Homo sapiens GN=DNAH17 PE=1 SV=1 - [K7EK91_HUMAN]	12,02
Q9Y6X0	SET-binding protein OS=Homo sapiens GN=SETBP1 PE=1 SV=3 - [SETBP_HUMAN]	11,99
Q9Y2H0	Disks large-associated protein 4 OS=Homo sapiens GN=DLGAP4 PE=1 SV=3 - [DLGP4_HUMAN]	11,98
H6VRF8	Keratin 1 OS=Homo sapiens GN=KRT1 PE=3 SV=1 - [H6VRF8_HUMAN]	11,90
A0A0C4DGW7	Protein FAM47A OS=Homo sapiens GN=FAM47A PE=1 SV=1 - [A0A0C4DGW7_HUMAN]	11,83
O00592	Podocalyxin OS=Homo sapiens GN=PODXL PE=1 SV=2 - [PODXL_HUMAN]	11,79
H0YLY2	DNA-binding protein RFX7 OS=Homo sapiens GN=RFX7 PE=1 SV=2 - [H0YLY2_HUMAN]	11,64
Q8NEZ4	Histone-lysine N-methyltransferase 2C OS=Homo sapiens GN=KMT2C PE=1 SV=3 - [KMT2C_HUMAN]	11,63
Q92545	Transmembrane protein 131 OS=Homo sapiens GN=TMEM131 PE=1 SV=3 - [TM131_HUMAN]	11,54
H0Y3R4	SET domain-containing protein 5 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SETD5 PE=1 SV=1 - [H0Y3R4_HUMAN]	11,43
Q9Y4C1	Lysine-specific demethylase 3A OS=Homo sapiens GN=KDM3A PE=1 SV=4 - [KDM3A_HUMAN]	11,29
Q504T8	Midnolin OS=Homo sapiens GN=MIDN PE=1 SV=2 - [MIDN_HUMAN]	11,28
Q9BXP8	Pappalysin-2 OS=Homo sapiens GN=PAPPA2 PE=1 SV=4 - [PAPP2_HUMAN]	11,18
D3DVR8	Huntingtin (Huntington disease), isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=HD PE=4 SV=1 - [D3DVR8_HUMAN]	11,14
Q8N2C7	Protein unc-80 homolog OS=Homo sapiens GN=UNC80 PE=1 SV=2 - [UNC80_HUMAN]	11,10
A2A2V2	RNA-binding protein 34 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=RBM34 PE=1 SV=1 - [A2A2V2_HUMAN]	11,07
Q9Y2E6	E3 ubiquitin-protein ligase DTX4 OS=Homo sapiens GN=DTX4 PE=1 SV=2 - [DTX4_HUMAN]	11,02
Q7Z6G8	Ankyrin repeat and sterile alpha motif domain-containing protein 1B OS=Homo sapiens GN=ANKS1B PE=1 SV=2 -	10,99

	[ANS1B_HUMAN]	
Q6P4R8	Nuclear factor related to kappa-B-binding protein OS=Homo sapiens GN=NFRKB PE=1 SV=2 - [NFRKB_HUMAN]	10,95
Q14005	Pro-interleukin-16 OS=Homo sapiens GN=IL16 PE=1 SV=4 - [IL16_HUMAN]	10,89
D3YTG3	Target of Nesh-SH3 OS=Homo sapiens GN=ABI3BP PE=1 SV=1 - [D3YTG3_HUMAN]	10,87
Q68DE3	Basic helix-loop-helix domain-containing protein USF3 OS=Homo sapiens GN=USF3 PE=1 SV=3 - [USF3_HUMAN]	10,80
A0A0A0MSK6	Rho GTPase-activating protein 5 OS=Homo sapiens GN=ARHGAP5 PE=1 SV=1 - [A0A0A0MSK6_HUMAN]	10,77
A0A024R4Z9	SET binding factor 1, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=SBF1 PE=3 SV=1 - [A0A024R4Z9_HUMAN]	10,74
B7ZLW1	CAMSAP1 protein OS=Homo sapiens GN=CAMSAP1 PE=2 SV=1 - [B7ZLW1_HUMAN]	10,73
Q92766	Ras-responsive element-binding protein 1 OS=Homo sapiens GN=RREB1 PE=1 SV=3 - [RREB1_HUMAN]	10,73
Q8IVT4	Hypothetical MGC50722 OS=Homo sapiens GN=MGC50722 PE=2 SV=1 - [Q8IVT4_HUMAN]	10,68
B2R6Q9	cDNA, FLJ93067, highly similar to Homo sapiens interferon gamma receptor 1 (IFNGR1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2R6Q9_HUMAN]	10,68
Q96MT7	Cilia- and flagella-associated protein 44 OS=Homo sapiens GN=CFAP44 PE=1 SV=1 - [CFA44_HUMAN]	10,63
Q9UFY1	Phosphoinositide phospholipase C (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DKFp434N101 PE=2 SV=1 - [Q9UFY1_HUMAN]	10,63
Q9ULI0	ATPase family AAA domain-containing protein 2B OS=Homo sapiens GN=ATAD2B PE=1 SV=3 - [ATD2B_HUMAN]	10,62
E9PQ73	Protocadherin Fat 3 OS=Homo sapiens GN=FAT3 PE=1 SV=1 - [E9PQ73_HUMAN]	10,62
A0A1B0GWJ6	Unconventional myosin-XVIIa (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MYO18A PE=1 SV=1 - [A0A1B0GWJ6_HUMAN]	10,60
C9JFF0	Kinesin-like protein KIF26A OS=Homo sapiens GN=KIF26A PE=1 SV=1 - [C9JFF0_HUMAN]	10,59
Q14781	Chromobox protein homolog 2 OS=Homo sapiens GN=CBX2 PE=1 SV=2 - [CBX2_HUMAN]	10,58
O15063	Uncharacterized protein KIAA0355 OS=Homo sapiens GN=KIAA0355 PE=1 SV=2 - [K0355_HUMAN]	10,56
D6RFI0	Sideroflexin-1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SFXN1 PE=1 SV=8 - [D6RFI0_HUMAN]	10,53
P38432	Coilin OS=Homo sapiens GN=COIL PE=1 SV=1 - [COIL_HUMAN]	10,52
E7EUW0	Serine-rich coiled-coil domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=CCSER1 PE=1 SV=1 - [E7EUW0_HUMAN]	10,47
B4DET1	cDNA FLJ53860, highly similar to DNA-directed RNA polymerase II largest subunit (EC 2.7.7.6) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DET1_HUMAN]	10,46
Q9N2J8	HERV-H_2q24.1 provirus ancestral Env polyprotein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [ENH3_HUMAN]	10,45
A0A1U9X8X8	CDSN OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [A0A1U9X8X8_HUMAN]	10,43
O76105	Phosphodiesterase (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PDE4C PE=3 SV=1 - [O76105_HUMAN]	10,42
Q8N7X0	Androgen receptor OS=Homo sapiens GN=ADGB PE=2 SV=3 - [ADGB_HUMAN]	10,40
E9PPH6	Exophilin-5 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=EXPH5 PE=1 SV=1 - [E9PPH6_HUMAN]	10,39
A8K5K3	cDNA FLJ76841, highly similar to Homo sapiens microphthalmia-associated transcription factor (MITF), transcript variant 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K5K3_HUMAN]	10,37
B3KTW3	cDNA FLJ38861 fis, clone MESAN2011984, highly similar to Homo sapiens collaborates/cooperates with ARF (alternate reading frame) protein (CARF), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KTW3_HUMAN]	10,35
Q9UKA4	A-kinase anchor protein 11 OS=Homo sapiens GN=AKAP11 PE=1 SV=1 - [AKA11_HUMAN]	10,33
Q6ZT16	cDNA FLJ45044 fis, clone BRAWH3021574 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q6ZT16_HUMAN]	10,32
D3DTC3	HCG1742968, isoform CRA_c OS=Homo sapiens GN=hCG_1742968 PE=4 SV=1 - [D3DTC3_HUMAN]	10,31
B7Z4U6	cDNA FLJ55803, highly similar to Gelsolin OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z4U6_HUMAN]	10,31
Q5UIP0	Telomere-associated protein RIF1 OS=Homo sapiens GN=RIF1 PE=1 SV=2 - [RIF1_HUMAN]	10,30
Q96M86	Dynein heavy chain domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=DNHD1 PE=2 SV=2 - [DNHD1_HUMAN]	10,30
Q6P9F7	Volume-regulated anion channel subunit LRRC8B OS=Homo sapiens GN=LRRC8B PE=1 SV=2 - [LRRC8B_HUMAN]	10,29
Q5U623	Activating transcription factor 7-interacting protein 2 OS=Homo sapiens GN=ATF7IP2 PE=1 SV=2 - [MCAF2_HUMAN]	10,27
B4DDN6	cDNA FLJ54422, highly similar to Teashirt homolog 3 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DDN6_HUMAN]	10,24
Q9UKJ3	G patch domain-containing protein 8 OS=Homo sapiens GN=GPATCH8 PE=1 SV=2 - [GPTC8_HUMAN]	10,23
Q9Y2H9	Microtubule-associated serine/threonine-protein kinase 1 OS=Homo sapiens GN=MAST1 PE=1 SV=2 - [MAST1_HUMAN]	10,23
Q8WU11	Putative uncharacterized protein (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8WU11_HUMAN]	10,23
Q14395	Mucin (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q14395_HUMAN]	10,23
A8MYU2	Potassium channel subfamily U member 1 OS=Homo sapiens GN=KCNU1 PE=1 SV=2 - [KCNU1_HUMAN]	10,22
Q1JQ81	B-cell CLL/lymphoma 9 OS=Homo sapiens GN=BCL9 PE=2 SV=1 - [Q1JQ81_HUMAN]	10,21
Q6DN14	Multiple C2 and transmembrane domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=MCTP1 PE=2 SV=2 - [MCTP1_HUMAN]	10,19
Q8IWIY9	Codanin-1 OS=Homo sapiens GN=CDAN1 PE=1 SV=4 - [CDAN1_HUMAN]	10,18
Q6A163	Keratin, type I cytoskeletal 39 OS=Homo sapiens GN=KRT39 PE=1 SV=2 - [K1C39_HUMAN]	10,17
Q96DT5	Dynein heavy chain 11, axonemal OS=Homo sapiens GN=DNH11 PE=1 SV=4 - [DYH11_HUMAN]	10,17
Q8N4F0	BPI fold-containing family B member 2 OS=Homo sapiens GN=BPIFB2 PE=1 SV=2 - [BPIB2_HUMAN]	10,15
A8K2A8	cDNA FLJ77274, highly similar to Homo sapiens importin 13 (IPO13), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K2A8_HUMAN]	10,15
B7Z7H2	cDNA FLJ58079, highly similar to Homo sapiens SH3 multiple domains 1 (SH3MD1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z7H2_HUMAN]	10,13
G3V461	Creatine kinase B-type (Fragment) OS=Homo sapiens GN=CKB PE=1 SV=1 - [G3V461_HUMAN]	10,13
A8MTU8	cDNA FLJ38006 fis, clone CTONG2012422, highly similar to Sterol regulatory element-binding protein 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8MTU8_HUMAN]	10,13
Q5THK1	Protein PRR14L OS=Homo sapiens GN=PRR14L PE=1 SV=1 - [PR14L_HUMAN]	10,12
G3V2U4	Protein unc-79 homolog OS=Homo sapiens GN=UNC79 PE=4 SV=1 - [G3V2U4_HUMAN]	10,10
B3KU50	cDNA FLJ39199 fis, clone OCBBF2005189, highly similar to Homo sapiens ankyrin repeat domain 17 (ANKRD17), transcript variant 2, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KU50_HUMAN]	10,07
P15144	Aminopeptidase N OS=Homo sapiens GN=ANPEP PE=1 SV=4 - [AMPN_HUMAN]	10,07
Q8NAU5	cDNA FLJ34770 fis, clone NT2NE2002870 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8NAU5_HUMAN]	10,07
Q9NSI6	Bromodomain and WD repeat-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=BRWD1 PE=1 SV=4 - [BRWD1_HUMAN]	10,06
Q4LE60	TNPO2 variant protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=TNPO2 variant protein PE=2 SV=1 - [Q4LE60_HUMAN]	10,06
A0A0S2Z513	A kinase anchor protein 10 isoform 2 OS=Homo sapiens GN=AKAP10 PE=2 SV=1 - [A0A0S2Z513_HUMAN]	10,05
A0A087WXN9	MTSS1-like protein OS=Homo sapiens GN=MTSS1L PE=1 SV=1 - [A0A087WXN9_HUMAN]	10,05
A2RU29	MORC3 protein OS=Homo sapiens GN=MORC3 PE=2 SV=1 - [A2RU29_HUMAN]	10,04
Q9H1H9	Kinesin-like protein KIF13A OS=Homo sapiens GN=KIF13A PE=1 SV=2 - [K113A_HUMAN]	10,04
A0A140T8X5	STK19 OS=Homo sapiens GN=STK19 PE=1 SV=1 - [A0A140T8X5_HUMAN]	10,04
A0A0A0MSG0	WAS/WASL-interacting protein family member 3 OS=Homo sapiens GN=WIPF3 PE=1 SV=1 -	10,02

	[A0A0A0MSG0_HUMAN]	
H3BTR6	RNA-binding protein with serine-rich domain 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=RNPS1 PE=1 SV=1 - [H3BTR6_HUMAN]	10,01
M0R2K1	Radial spoke head protein 6 homolog A OS=Homo sapiens GN=RSPH6A PE=1 SV=1 - [M0R2K1_HUMAN]	10,01
Q9H7P6	Multivesicular body subunit 12B OS=Homo sapiens GN=MVB12B PE=1 SV=2 - [MB12B_HUMAN]	10,00
Q5H9S0	Putative uncharacterized protein DKFZp781N1974 OS=Homo sapiens GN=DKFZp781N1974 PE=2 SV=1 - [Q5H9S0_HUMAN]	10,00
Q9UI33	Sodium channel protein type 11 subunit alpha OS=Homo sapiens GN=SCN11A PE=1 SV=2 - [SCNBA_HUMAN]	9,99
Q71F56	Mediator of RNA polymerase II transcription subunit 13-like OS=Homo sapiens GN=MED13L PE=1 SV=1 - [MD13L_HUMAN]	9,98
A0A0D9SG23	Methyl-CpG-binding domain protein 5 OS=Homo sapiens GN=MBD5 PE=1 SV=1 - [A0A0D9SG23_HUMAN]	9,98
Q5T751	Late cornified envelope protein 1C OS=Homo sapiens GN=LCE1C PE=2 SV=1 - [LCE1C_HUMAN]	9,97
F8WAT8	DENN domain-containing protein 2A OS=Homo sapiens GN=DENND2A PE=1 SV=1 - [F8WAT8_HUMAN]	9,95
Q8N5Q1	Protein FAM71E2 OS=Homo sapiens GN=FAM71E2 PE=2 SV=3 - [F71E2_HUMAN]	9,95
Q9Y2I9	TBC1 domain family member 30 OS=Homo sapiens GN=TBC1D30 PE=1 SV=2 - [TBC30_HUMAN]	9,93
B4DJ06	cDNA FLJ56620 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DJ06_HUMAN]	9,93
Q5T1R4	Transcription factor HIVEP3 OS=Homo sapiens GN=HIVEP3 PE=2 SV=1 - [ZEP3_HUMAN]	9,91
B4DS89	cDNA FLJ53091, highly similar to GDNF family receptor alpha-2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DS89_HUMAN]	9,91
I3L456	Rab GTPase-binding effector protein 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=RABEP1 PE=1 SV=8 - [I3L456_HUMAN]	9,89
A0A024RDQ1	Furry homolog (Drosophila), isoform CRA_c OS=Homo sapiens GN=FRY PE=4 SV=1 - [A0A024RDQ1_HUMAN]	9,89
Q70CQ2	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 34 OS=Homo sapiens GN=USP34 PE=1 SV=2 - [UBP34_HUMAN]	9,88
Q5VV43	Dyslexia-associated protein KIAA0319 OS=Homo sapiens GN=KIAA0319 PE=1 SV=1 - [K0319_HUMAN]	9,88
B4E250	cDNA FLJ61540, highly similar to Centrosomal protein of 68 kDa OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E250_HUMAN]	9,88
A0A0D9SEU5	Ran-binding protein 10 OS=Homo sapiens GN=RANBP10 PE=1 SV=1 - [A0A0D9SEU5_HUMAN]	9,88
Q8NET4	Retrotransposon Gag-like protein 9 OS=Homo sapiens GN=RTL9 PE=1 SV=1 - [RTL9_HUMAN]	9,87
HOY488	AT-rich interactive domain-containing protein 1A OS=Homo sapiens GN=ARID1A PE=1 SV=2 - [HOY488_HUMAN]	9,84
Q9ULT8	E3 ubiquitin-protein ligase HECTD1 OS=Homo sapiens GN=HECTD1 PE=1 SV=3 - [HECD1_HUMAN]	9,84
Q8NDV7	Trinucleotide repeat-containing gene 6A protein OS=Homo sapiens GN=TNRC6A PE=1 SV=2 - [TNR6A_HUMAN]	9,83
C9JPC9	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 42 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=USP42 PE=1 SV=9 - [C9JPC9_HUMAN]	9,82
Q59FQ6	GLIS family zinc finger 3 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59FQ6_HUMAN]	9,81
K7ENV2	Telomere zinc finger-associated protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ZBTB48 PE=4 SV=1 - [K7ENV2_HUMAN]	9,81
A0A024RA66	Cell division cycle 2-like 5 (Cholinesterase-related cell division controller), isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=CDC2L5 PE=4 SV=1 - [A0A024RA66_HUMAN]	9,81
B0JFA2	Interleukin-4 OS=Homo sapiens GN=IL4 PE=2 SV=1 - [B0JFA2_HUMAN]	9,80
O60299	Leucine zipper putative tumor suppressor 3 OS=Homo sapiens GN=LZTS3 PE=2 SV=1 - [LZTS3_HUMAN]	9,80
S6BAM6	IgG H chain OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [S6BAM6_HUMAN]	9,80
A0A1B0GU45	Lymphoid-restricted membrane protein OS=Homo sapiens GN=LRMP PE=1 SV=1 - [A0A1B0GU45_HUMAN]	9,80
F8WC07	Leukocyte-associated immunoglobulin-like receptor 1 OS=Homo sapiens GN=LAIR1 PE=1 SV=2 - [F8WC07_HUMAN]	9,79
Q70CQ4	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 31 OS=Homo sapiens GN=USP31 PE=2 SV=2 - [UBP31_HUMAN]	9,76
A0A126LAZ9	U56 OS=Homo sapiens GN=U56 PE=3 SV=1 - [A0A126LAZ9_HUMAN]	9,76
X5D7J4	Non-specific serine/threonine protein kinase (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MARK1 PE=2 SV=1 - [X5D7J4_HUMAN]	9,74
Q9C0D2	Centrosomal protein of 295 kDa OS=Homo sapiens GN=CEP295 PE=1 SV=4 - [CE295_HUMAN]	9,74
D6RFH5	Folliculin-interacting protein 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=FNIP2 PE=1 SV=1 - [D6RFH5_HUMAN]	9,74
D3DTP5	HCG42028, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=hCG_42028 PE=4 SV=1 - [D3DTP5_HUMAN]	9,72
Q5TB80	Centrosomal protein of 162 kDa OS=Homo sapiens GN=CEP162 PE=1 SV=2 - [CE162_HUMAN]	9,72
L8E7G9	Alternative protein ZNF74 OS=Homo sapiens GN=ZNF74 PE=4 SV=1 - [L8E7G9_HUMAN]	9,71
Q5VWN6	Protein FAM208B OS=Homo sapiens GN=FAM208B PE=1 SV=1 - [F208B_HUMAN]	9,70
Q8N4U5	T-complex protein 11-like protein 2 OS=Homo sapiens GN=TCP11L2 PE=2 SV=1 - [T11L2_HUMAN]	9,69
C9J6P4	Zinc finger CCH-type antiviral protein 1 OS=Homo sapiens GN=ZC3HAV1 PE=1 SV=1 - [C9J6P4_HUMAN]	9,69
E9PB77	Integrin alpha-2 OS=Homo sapiens GN=ITGA2 PE=1 SV=1 - [E9PB77_HUMAN]	9,69
Q5VTM2	Arf-GAP with GTPase, ANK repeat and PH domain-containing protein 9 OS=Homo sapiens GN=AGAP9 PE=3 SV=2 - [AGAP9_HUMAN]	9,67
HOY6M6	YEATS domain-containing protein 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=YEATS2 PE=1 SV=1 - [HOY6M6_HUMAN]	9,65
P17948	Vascular endothelial growth factor receptor 1 OS=Homo sapiens GN=FLT1 PE=1 SV=2 - [VGFR1_HUMAN]	9,64
Q5VT52	Regulation of nuclear pre-mRNA domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=RPRD2 PE=1 SV=1 - [RPRD2_HUMAN]	9,64
COL7J0	L-Fucosyltransferase OS=Homo sapiens GN=FUT1 PE=3 SV=1 - [COL7J0_HUMAN]	9,61
Q9UKX7	Nuclear pore complex protein Nup50 OS=Homo sapiens GN=NUP50 PE=1 SV=2 - [NUP50_HUMAN]	9,61
Q9ULD2	Microtubule-associated tumor suppressor 1 OS=Homo sapiens GN=MTUS1 PE=1 SV=2 - [MTUS1_HUMAN]	9,61
Q9NZR2	Low-density lipoprotein receptor-related protein 1B OS=Homo sapiens GN=LRP1B PE=1 SV=2 - [LRP1B_HUMAN]	9,60
Q76I76	Protein phosphatase Slingshot homolog 2 OS=Homo sapiens GN=SSH2 PE=1 SV=1 - [SSH2_HUMAN]	9,60
O94988	Protein FAM13A OS=Homo sapiens GN=FAM13A PE=1 SV=2 - [FA13A_HUMAN]	9,60
A8K322	cDNA FLJ76782, highly similar to Homo sapiens RAD54 homolog B (S. cerevisiae) (RAD54B), transcript variant 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K322_HUMAN]	9,60
Q9UHV7	Mediator of RNA polymerase II transcription subunit 13 OS=Homo sapiens GN=MED13 PE=1 SV=3 - [MED13_HUMAN]	9,59
Q9UHR4	Brain-specific angiogenesis inhibitor 1-associated protein 2-like protein 1 OS=Homo sapiens GN=BAIAP2L1 PE=1 SV=2 - [BI2L1_HUMAN]	9,58
HOYA93	NEDD4-binding protein 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=N4BP2 PE=1 SV=1 - [HOYA93_HUMAN]	9,54
Q9P2F6	Rho GTPase-activating protein 20 OS=Homo sapiens GN=ARHGAP20 PE=1 SV=2 - [RHG20_HUMAN]	9,54
Q02505	Mucin-3A OS=Homo sapiens GN=MUC3A PE=1 SV=3 - [MUC3A_HUMAN]	9,53
B4DMH1	cDNA FLJ55932, highly similar to Homo sapiens WW domain containing adaptor with coiled-coil (WAC), transcript variant 2, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DMH1_HUMAN]	9,53
Q86TB3	Alpha-protein kinase 2 OS=Homo sapiens GN=ALPK2 PE=2 SV=3 - [ALPK2_HUMAN]	9,50
A0A0A0MQZ4	Protein phosphatase 1K, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=PPM1K PE=1 SV=1 - [A0A0A0MQZ4_HUMAN]	9,49

Q59FR9	Fibroblast growth factor 11 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59FR9_HUMAN]	9,47
Q86VQ1	Glucocorticoid-induced transcript 1 protein OS=Homo sapiens GN=GLCCI1 PE=1 SV=1 - [GLCI1_HUMAN]	9,47
A0A024RB03	KIAA0528, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=KIAA0528 PE=4 SV=1 - [A0A024RB03_HUMAN]	9,44
E7EMW7	E3 ubiquitin-protein ligase UBR5 OS=Homo sapiens GN=UBR5 PE=1 SV=1 - [E7EMW7_HUMAN]	9,42
A0A087WVF8	Myomegalin OS=Homo sapiens GN=PDE4DIP PE=1 SV=1 - [A0A087WVF8_HUMAN]	9,42
Q15650	Activating signal cointegrator 1 OS=Homo sapiens GN=TRIP4 PE=1 SV=4 - [TRIP4_HUMAN]	9,42
Q8N307	Mucin-20 OS=Homo sapiens GN=MUC20 PE=1 SV=3 - [MUC20_HUMAN]	9,40
Q86XZ4	Spermatogenesis-associated serine-rich protein 2 OS=Homo sapiens GN=SPATS2 PE=1 SV=1 - [SPAS2_HUMAN]	9,40
D6W5C0	Spectrin beta chain OS=Homo sapiens GN=SPTBN1 PE=3 SV=1 - [D6W5C0_HUMAN]	9,38
Q96T58	Msx2-interacting protein OS=Homo sapiens GN=SPEN PE=1 SV=1 - [MINT_HUMAN]	9,36
Q96RG4	Insulin receptor substrate 2 insertion mutant (Fragment) OS=Homo sapiens GN=IRS2 PE=4 SV=1 - [Q96RG4_HUMAN]	9,34
A0A024RCB5	Chitinase domain containing 1, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=CHID1 PE=4 SV=1 - [A0A024RCB5_HUMAN]	9,32
B4DUL7	cDNA FLJ58283, highly similar to Mus musculus leiomodlin 2 (cardiac) (Lmod2), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DUL7_HUMAN]	9,32
H0YEF4	Palmitoyltransferase ZDHHC5 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ZDHHC5 PE=1 SV=1 - [H0YEF4_HUMAN]	9,30
J3KNV1	Zinc finger protein 292 OS=Homo sapiens GN=ZNF292 PE=1 SV=1 - [J3KNV1_HUMAN]	9,30
B2RXG6	GALNT9 protein OS=Homo sapiens GN=GALNT9 PE=2 SV=1 - [B2RXG6_HUMAN]	9,29
O95996	Adenomatous polyposis coli protein 2 OS=Homo sapiens GN=APC2 PE=1 SV=1 - [APCL_HUMAN]	9,27
Q9UBL0	cAMP-regulated phosphoprotein 21 OS=Homo sapiens GN=ARPP21 PE=1 SV=2 - [ARP21_HUMAN]	9,20
A0A1B0GTX7	Uncharacterized protein KIAA1107 OS=Homo sapiens GN=KIAA1107 PE=4 SV=1 - [A0A1B0GTX7_HUMAN]	9,19
D5G3K3	SEC14L1 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SEC14L1 PE=2 SV=1 - [D5G3K3_HUMAN]	9,18
A0A1B0GW72	Pleckstrin homology domain-containing family G member 4B OS=Homo sapiens GN=PLEKHG4B PE=1 SV=1 - [A0A1B0GW72_HUMAN]	9,11
Q8IYA6	Cytoskeleton-associated protein 2-like OS=Homo sapiens GN=CKAP2L PE=1 SV=4 - [CKP2L_HUMAN]	9,11
Q9Y3Q4	Potassium/sodium hyperpolarization-activated cyclic nucleotide-gated channel 4 OS=Homo sapiens GN=HCN4 PE=1 SV=1 - [HCN4_HUMAN]	9,08
B4DED3	cDNA FLJ59576, highly similar to Sal-like protein 2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DED3_HUMAN]	9,06
H6D9T5	CD5 molecule (Fragment) OS=Homo sapiens GN=CD5 PE=4 SV=1 - [H6D9T5_HUMAN]	9,05
O95428	Papilin OS=Homo sapiens GN=PAPLN PE=2 SV=4 - [PPN_HUMAN]	9,04
Q8TDJ6	Dmx-like protein 2 OS=Homo sapiens GN=DMXL2 PE=1 SV=2 - [DMXL2_HUMAN]	9,03
Q8WWW8	GRB2-associated-binding protein 3 OS=Homo sapiens GN=GAB3 PE=1 SV=1 - [GAB3_HUMAN]	9,03
Q7RTS7	Keratin, type II cytoskeletal 74 OS=Homo sapiens GN=KRT74 PE=1 SV=2 - [K2C74_HUMAN]	9,01
B4DRW1	cDNA FLJ55805, highly similar to Keratin, type II cytoskeletal 4 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DRW1_HUMAN]	8,98
A0A1W2PR28	IQ motif and SEC7 domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=IQSEC2 PE=4 SV=1 - [A0A1W2PR28_HUMAN]	8,98
Q8WWH5	Probable tRNA pseudouridine synthase 1 OS=Homo sapiens GN=TRUB1 PE=1 SV=1 - [TRUB1_HUMAN]	8,97
Q9UMN6	Histone-lysine N-methyltransferase 2B OS=Homo sapiens GN=KMT2B PE=1 SV=1 - [KMT2B_HUMAN]	8,96
A8KAL2	cDNA FLJ76981, highly similar to Homo sapiens golgi autoantigen, golgin subfamily a, 5 (GOLGA5), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8KAL2_HUMAN]	8,96
B2RAL3	cDNA, FLJ94988, highly similar to Homo sapiens protein phosphatase 2 (formerly 2A), regulatory subunit B", alpha (PPP2R3A), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2RAL3_HUMAN]	8,94
Q96EP1	E3 ubiquitin-protein ligase CHFR OS=Homo sapiens GN=CHFR PE=1 SV=2 - [CHFR_HUMAN]	8,91
D5L9I5	Methyl-CpG-binding protein 2 OS=Homo sapiens GN=MECP2 PE=2 SV=1 - [D5L9I5_HUMAN]	8,90
A0A1W2PQA7	Elongator complex protein 4 OS=Homo sapiens GN=ELP4 PE=4 SV=1 - [A0A1W2PQA7_HUMAN]	8,84
K7EPU2	Nuclear factor 1 X-type OS=Homo sapiens GN=NFIX PE=4 SV=1 - [K7EPU2_HUMAN]	8,82
Q86U70	LIM domain-binding protein 1 OS=Homo sapiens GN=LDB1 PE=1 SV=2 - [LDB1_HUMAN]	8,81
A2CJ06	Dystrotelin OS=Homo sapiens GN=DYTN PE=2 SV=1 - [DYTN_HUMAN]	8,80
A8K8U1	cDNA FLJ77762, highly similar to Homo sapiens cullin-associated and neddylation-dissociated 1 (CAND1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K8U1_HUMAN]	8,76
B4DL87	cDNA FLJ52243, highly similar to Heat-shock protein beta-1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DL87_HUMAN]	8,76
P35568	Insulin receptor substrate 1 OS=Homo sapiens GN=IRS1 PE=1 SV=1 - [IRS1_HUMAN]	8,75
B4DR36	cDNA FLJ56414, highly similar to Homo sapiens proline-, glutamic acid-, leucine-rich protein 1 (PELP1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DR36_HUMAN]	8,71
P27987	Inositol-trisphosphate 3-kinase B OS=Homo sapiens GN=ITPKB PE=1 SV=5 - [IP3KB_HUMAN]	8,67
P48764	Sodium/hydrogen exchanger 3 OS=Homo sapiens GN=SLC9A3 PE=1 SV=2 - [SL9A3_HUMAN]	8,65
Q9UMS6	Synaptopodin-2 OS=Homo sapiens GN=SYNPO2 PE=1 SV=2 - [SYNP2_HUMAN]	8,62
P13796	Plastin-2 OS=Homo sapiens GN=LCP1 PE=1 SV=6 - [PLSL_HUMAN]	8,57
A6H8X9	Centrosomal protein 170kDa OS=Homo sapiens GN=CEP170 PE=2 SV=1 - [A6H8X9_HUMAN]	8,55
B3KND7	cDNA FLJ14378 fis, clone HEMBA1001804, highly similar to Zinc finger protein 281 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KND7_HUMAN]	8,54
H0Y4R5	Transmembrane protein 201 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=TMEM201 PE=1 SV=1 - [H0Y4R5_HUMAN]	8,53
Q460N5	Poly [ADP-ribose] polymerase 14 OS=Homo sapiens GN=PARP14 PE=1 SV=3 - [PAR14_HUMAN]	8,40
P31025	Lipocalin-1 OS=Homo sapiens GN=LCN1 PE=1 SV=1 - [LCN1_HUMAN]	8,36
A0A087WXI2	IgGfC-binding protein OS=Homo sapiens GN=FCGBP PE=1 SV=1 - [A0A087WXI2_HUMAN]	8,32
Q9UHS8	PRO1975 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q9UHS8_HUMAN]	8,29
Q86YU9	Phosphoinositide phospholipase C (Fragment) OS=Homo sapiens GN=FLJ00414 PE=2 SV=1 - [Q86YU9_HUMAN]	8,27
A8K9U4	cDNA FLJ77205, highly similar to Homo sapiens hect domain and RLD 4 (HERC4), transcript variant 2, mRNA (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K9U4_HUMAN]	8,26
E7EUL6	MDS1 and EVI1 complex locus protein EVI1 OS=Homo sapiens GN=MECOM PE=1 SV=1 - [E7EUL6_HUMAN]	8,26
O94806	Serine/threonine-protein kinase D3 OS=Homo sapiens GN=PRKD3 PE=1 SV=1 - [KPCD3_HUMAN]	8,23
A0A087WYX8	FERM and PDZ domain-containing protein 4 OS=Homo sapiens GN=FRMPD4 PE=1 SV=1 - [A0A087WYX8_HUMAN]	8,09
Q59FY5	Brefeldin A-inhibited guanine nucleotide-exchange protein 1 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59FY5_HUMAN]	8,09
P51816	AF4/FMR2 family member 2 OS=Homo sapiens GN=AFF2 PE=1 SV=4 - [AFF2_HUMAN]	8,08
Q9UMD9	Collagen alpha-1(XVII) chain OS=Homo sapiens GN=COL17A1 PE=1 SV=3 - [COHA1_HUMAN]	7,96
D9ZGF8	Rho-associated protein kinase OS=Homo sapiens GN=ROCK1 PE=3 SV=1 - [D9ZGF8_HUMAN]	7,96
Q92665	28S ribosomal protein S31, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=MRPS31 PE=1 SV=3 - [RT31_HUMAN]	7,95
A0A0K0KSD3	Mutant ectodysplasin A OS=Homo sapiens GN=EDA PE=3 SV=1 - [A0A0K0KSD3_HUMAN]	7,92

E7EX40	Rab11 family-interacting protein 1 OS=Homo sapiens GN=RAB11FIP1 PE=1 SV=1 - [E7EX40_HUMAN]	7,86
Q56UN5	Mitogen-activated protein kinase kinase kinase 19 OS=Homo sapiens GN=MAP3K19 PE=2 SV=1 - [M3K19_HUMAN]	7,84
B3KUL5	Oxysterol-binding protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KUL5_HUMAN]	7,82
B7Z8G0	cDNA FLJ58964 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z8G0_HUMAN]	7,81
H0UI11	Dopey family member 1, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=DOPEY1 PE=4 SV=1 - [H0UI11_HUMAN]	7,78
F6SS63	TAK1-binding protein 3, isoform CRA_c OS=Homo sapiens GN=TAB3 PE=1 SV=2 - [F6SS63_HUMAN]	7,72
A4D1P7	KIAA1466 protein OS=Homo sapiens GN=KIAA1466 PE=4 SV=1 - [A4D1P7_HUMAN]	7,71
H9KVB3	Otogelin OS=Homo sapiens GN=OTOG PE=4 SV=2 - [H9KVB3_HUMAN]	7,70
K7ES28	Protein strawberry notch homolog 2 OS=Homo sapiens GN=SBNO2 PE=1 SV=1 - [K7ES28_HUMAN]	7,66
Q92827	Myosin-ID (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MYO1F PE=4 SV=1 - [Q92827_HUMAN]	7,55
B7WPD9	Kinesin-like protein KIF26B OS=Homo sapiens GN=KIF26B PE=1 SV=1 - [B7WPD9_HUMAN]	7,52
B4DYY0	cDNA FLJ58866, highly similar to Very-long-chain specific acyl-CoA dehydrogenase, mitochondrial (EC 1.3.99.-) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DYY0_HUMAN]	7,47
A7VJS2	Transient receptor potential cation channel, subfamily C, member 1, short isoform OS=Homo sapiens GN=TRPC1 PE=2 SV=1 - [A7VJS2_HUMAN]	7,46
P23471	Receptor-type tyrosine-protein phosphatase zeta OS=Homo sapiens GN=PTPRZ1 PE=1 SV=4 - [PTPRZ_HUMAN]	7,45
Q3KP66	Uncharacterized protein C1orf106 OS=Homo sapiens GN=C1orf106 PE=2 SV=2 - [CA106_HUMAN]	7,44
Q6RAS0	Microcephalin (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MCPH1 PE=4 SV=1 - [Q6RAS0_HUMAN]	7,43
H7C0P0	Centrosome-associated protein CEP250 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=CEP250 PE=1 SV=1 - [H7C0P0_HUMAN]	7,43
A5D8Z7	SIGLEC1 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SIGLEC1 PE=2 SV=1 - [A5D8Z7_HUMAN]	7,42
Q6ICA4	DJ402G11.5 protein OS=Homo sapiens GN=DJ402G11.5 PE=2 SV=1 - [Q6ICA4_HUMAN]	7,41
H0YDC2	Pro-neuregulin-1, membrane-bound isoform (Fragment) OS=Homo sapiens GN=NRG1 PE=4 SV=1 - [H0YDC2_HUMAN]	7,41
O60346	PH domain leucine-rich repeat-containing protein phosphatase 1 OS=Homo sapiens GN=PHLPP1 PE=1 SV=3 - [PHLP1_HUMAN]	7,36
Q6UB98	Ankyrin repeat domain-containing protein 12 OS=Homo sapiens GN=ANKRD12 PE=1 SV=3 - [ANR12_HUMAN]	7,34
Q6XE3	FP17780 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q6XE3_HUMAN]	7,32
D3DWE7	HCG1994053, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=hCG_1994053 PE=4 SV=1 - [D3DWE7_HUMAN]	7,27
J3KTC1	RNA-binding protein Musashi homolog 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MSI2 PE=1 SV=8 - [J3KTC1_HUMAN]	7,26
Q969H0	F-box/WD repeat-containing protein 7 OS=Homo sapiens GN=FBXW7 PE=1 SV=1 - [FBXW7_HUMAN]	7,26
C9K0S0	Adenosylhomocysteinase 3 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=AHCL2 PE=1 SV=8 - [C9K0S0_HUMAN]	7,26
Q8NA23	WD repeat-containing protein 31 OS=Homo sapiens GN=WDR31 PE=2 SV=1 - [WDR31_HUMAN]	7,22
B3KXS7	cDNA FLJ45975 fis, clone PLACE7018479, highly similar to 182 kDa tankyrase 1-binding protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KXS7_HUMAN]	7,21
Q7Z417	Nuclear fragile X mental retardation-interacting protein 2 OS=Homo sapiens GN=NUFIP2 PE=1 SV=1 - [NUFP2_HUMAN]	7,21
A1L3A9	TBC1 domain family, member 9B (With GRAM domain) OS=Homo sapiens GN=TBC1D9B PE=2 SV=1 - [A1L3A9_HUMAN]	7,19
Q8IW67	PRAME family member 1, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=PRAMEF2 PE=2 SV=1 - [Q8IW67_HUMAN]	7,15
Q9HD72	Krueppel-related zinc finger protein SBZF5 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q9HD72_HUMAN]	7,15
G3V160	Connector enhancer of kinase suppressor of Ras 1, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=CNKSR1 PE=1 SV=1 - [G3V160_HUMAN]	7,14
B7Z7U2	cDNA FLJ50916, highly similar to Rho guanine nucleotide exchange factor 11 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z7U2_HUMAN]	7,14
Q86YV0	RAS protein activator like-3 OS=Homo sapiens GN=RASAL3 PE=1 SV=2 - [RASL3_HUMAN]	7,13
B1ALM3	Voltage-dependent L-type calcium channel subunit alpha OS=Homo sapiens GN=CACNA1S PE=1 SV=1 - [B1ALM3_HUMAN]	7,12
Q6UVK1	Chondroitin sulfate proteoglycan 4 OS=Homo sapiens GN=CSPG4 PE=1 SV=2 - [CSPG4_HUMAN]	7,12
B4DKE2	cDNA FLJ58092, highly similar to Host cell factor 2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DKE2_HUMAN]	7,09
H7BYU4	Myelin transcription factor 1-like protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MYT1L PE=4 SV=1 - [H7BYU4_HUMAN]	7,09
J3QS93	Netrin receptor DCC OS=Homo sapiens GN=DCC PE=1 SV=1 - [J3QS93_HUMAN]	7,09
A0A0D9SGI2	T-box transcription factor TBX22 OS=Homo sapiens GN=TBX22 PE=4 SV=1 - [A0A0D9SGI2_HUMAN]	7,09
E5RHJ2	Aspartyl/asparaginyl beta-hydroxylase OS=Homo sapiens GN=ASPH PE=1 SV=1 - [E5RHJ2_HUMAN]	7,06
Q2TAZ0	Autophagy-related protein 2 homolog A OS=Homo sapiens GN=ATG2A PE=1 SV=3 - [ATG2A_HUMAN]	7,06
H7BY35	Ryanodine receptor 2 OS=Homo sapiens GN=RYSR2 PE=1 SV=2 - [H7BY35_HUMAN]	7,05
P0C671	Uncharacterized protein C6orf222 OS=Homo sapiens GN=C6orf222 PE=1 SV=1 - [CF222_HUMAN]	7,05
Q9ULL0	Acrosomal protein KIAA1210 OS=Homo sapiens GN=KIAA1210 PE=2 SV=3 - [K1210_HUMAN]	7,04
Q86TW6	Full-length cDNA clone CS0DI075YC18 of Placenta of Homo sapiens (human) (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q86TW6_HUMAN]	7,04
Q8IZQ1	WD repeat and FYVE domain-containing protein 3 OS=Homo sapiens GN=WDFY3 PE=1 SV=2 - [WDFY3_HUMAN]	7,03
A0A087WVA8	Testis-expressed protein 2 OS=Homo sapiens GN=TEX2 PE=1 SV=1 - [A0A087WVA8_HUMAN]	7,02
H3BTQ4	Chymotrypsinogen B2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=CTRB2 PE=3 SV=1 - [H3BTQ4_HUMAN]	7,02
Q86YZ4	Solute carrier family 26, member 6 OS=Homo sapiens GN=SLC26A6 PE=1 SV=1 - [Q86YZ4_HUMAN]	7,02
O60844	Zymogen granule membrane protein 16 OS=Homo sapiens GN=ZG16 PE=1 SV=2 - [ZG16_HUMAN]	7,01
B3KY41	cDNA FLJ46786 fis, clone TRACH3028837, highly similar to Homo sapiens smoothenin (SMTN), transcript variant 2, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KY41_HUMAN]	7,00
Q4G115	DNAI2 protein OS=Homo sapiens GN=DNAI2 PE=2 SV=1 - [Q4G115_HUMAN]	7,00
Q7L804	Rab11 family-interacting protein 2 OS=Homo sapiens GN=RAB11FIP2 PE=1 SV=1 - [RFIP2_HUMAN]	7,00
A8K2T9	cDNA FLJ78705, highly similar to Homo sapiens oral-facial-digital syndrome 1 (OFD1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K2T9_HUMAN]	6,97
B4DEQ2	cDNA FLJ57908, moderately similar to Nuclear transport factor 2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DEQ2_HUMAN]	6,95
A0A0A0MRV0	Ribosome-binding protein 1 OS=Homo sapiens GN=RRBP1 PE=1 SV=1 - [A0A0A0MRV0_HUMAN]	6,95
A8K8H7	cDNA FLJ77598 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K8H7_HUMAN]	6,94
B7Z8I9	cDNA FLJ54975 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z8I9_HUMAN]	6,94
P50395	Rab GDP dissociation inhibitor beta OS=Homo sapiens GN=GDI2 PE=1 SV=2 - [GDI2_HUMAN]	6,93
Q9P242	Neuronal tyrosine-phosphorylated phosphoinositide-3-kinase adapter 2 OS=Homo sapiens GN=NYAP2 PE=1 SV=3	6,93

	- [NYAP2_HUMAN]	
B1ANE3	Methionine synthase (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MTR PE=1 SV=1 - [B1ANE3_HUMAN]	6,93
A0A0U5Q074	MHC class I antigen OS=Homo sapiens GN=HLA-A PE=3 SV=1 - [A0A0U5Q074_HUMAN]	6,93
Q86YZ3	Hornerin OS=Homo sapiens GN=HRNR PE=1 SV=2 - [HORN_HUMAN]	6,92
L8E9B0	Alternative protein ZNF598 OS=Homo sapiens GN=ZNF598 PE=4 SV=1 - [L8E9B0_HUMAN]	6,92
Q70Z35	Phosphatidylinositol 3,4,5-trisphosphate-dependent Rac exchanger 2 protein OS=Homo sapiens GN=PREX2 PE=2 SV=1 - [PREX2_HUMAN]	6,91
A0A1B0GTN9	Pleckstrin homology domain-containing family A member 7 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PLEKHA7 PE=1 SV=1 - [A0A1B0GTN9_HUMAN]	6,91
H0Y599	Dedicator of cytokinesis protein 4 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DOCK4 PE=1 SV=1 - [H0Y599_HUMAN]	6,90
Q6NUQ2	Calmin (Calponin-like, transmembrane) OS=Homo sapiens GN=CLMN PE=2 SV=1 - [Q6NUQ2_HUMAN]	6,90
Q4W514	Putative uncharacterized protein COL25A1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=COL25A1 PE=4 SV=1 - [Q4W514_HUMAN]	6,90
B4E1V8	cDNA FLJ52912 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E1V8_HUMAN]	6,89
Q6ZNJ1	Neurobeachin-like protein 2 OS=Homo sapiens GN=NBAL2 PE=1 SV=2 - [NBEL2_HUMAN]	6,88
S4R3K6	Lebercilin OS=Homo sapiens GN=LCA5 PE=1 SV=1 - [S4R3K6_HUMAN]	6,88
B2R9L8	Delta-like protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2R9L8_HUMAN]	6,87
Q8N8Y2	V-type proton ATPase subunit d 2 OS=Homo sapiens GN=ATP6V0D2 PE=2 SV=1 - [VA0D2_HUMAN]	6,87
Q6ZML5	FLJ00268 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=FLJ00268 PE=2 SV=1 - [Q6ZML5_HUMAN]	6,87
C9JDV5	Putative uncharacterized protein C12orf77 OS=Homo sapiens GN=C12orf77 PE=2 SV=1 - [CLO97_HUMAN]	6,87
B5MBY4	Ankyrin repeat and MYND domain containing 1, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=ANKMY1 PE=1 SV=1 - [B5MBY4_HUMAN]	6,85
A0A0J9YVW4	Protein O-mannosyl-transferase 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=POMT2 PE=1 SV=1 - [A0A0J9YVW4_HUMAN]	6,85
Q9BSS9	DNPEP protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DNPEP PE=2 SV=2 - [Q9BSS9_HUMAN]	6,85
O00409	Forkhead box protein N3 OS=Homo sapiens GN=FOXN3 PE=1 SV=1 - [FOXN3_HUMAN]	6,84
AGNJB7	Proline-rich protein 19 OS=Homo sapiens GN=PRR19 PE=1 SV=1 - [PRR19_HUMAN]	6,84
Q8N122	Regulatory-associated protein of mTOR OS=Homo sapiens GN=RPTOR PE=1 SV=1 - [RPTOR_HUMAN]	6,84
P54762	Ephrin type-B receptor 1 OS=Homo sapiens GN=EPHB1 PE=1 SV=1 - [EPHB1_HUMAN]	6,84
Q14213	Interleukin-27 subunit beta OS=Homo sapiens GN=EBI3 PE=1 SV=2 - [IL27B_HUMAN]	6,83
E9PAK5	DENN domain-containing protein 4B (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DENND4B PE=1 SV=1 - [E9PAK5_HUMAN]	6,83
Q96HL7	EPB41L3 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=EPB41L3 PE=1 SV=2 - [Q96HL7_HUMAN]	6,83
H0YF33	Nuclear autoantigenic sperm protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=NASP PE=1 SV=1 - [H0YF33_HUMAN]	6,83
A0N8P9	V(Alpha) Linv /J(Alpha) Q (Fragment) OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [A0N8P9_HUMAN]	6,83
P20393	Nuclear receptor subfamily 1 group D member 1 OS=Homo sapiens GN=NR1D1 PE=1 SV=1 - [NR1D1_HUMAN]	6,83
Q14DG7	Transmembrane protein 132B OS=Homo sapiens GN=TMEM132B PE=2 SV=2 - [T132B_HUMAN]	6,82
B3KX86	cDNA FLJ44973 fis, clone BRAWH3001638, highly similar to Sentrin-specific protease 6 (EC 3.4.22.-) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KX86_HUMAN]	6,82
B4DSF5	cDNA FLJ56759 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DSF5_HUMAN]	6,82
B4DZH5	cDNA FLJ55753, highly similar to Transcription factor 12 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DZH5_HUMAN]	6,81
C9J7P8	Cbp/p300-interacting transactivator 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=CITED1 PE=1 SV=2 - [C9J7P8_HUMAN]	6,81
Q8WX93	Palladin OS=Homo sapiens GN=PALLD PE=1 SV=3 - [PALLD_HUMAN]	6,81
O60269	G protein-regulated inducer of neurite outgrowth 2 OS=Homo sapiens GN=GPRIN2 PE=1 SV=2 - [GRIN2_HUMAN]	6,81
B7ZM61	Phosphoinositide phospholipase C OS=Homo sapiens GN=PLCE1 PE=2 SV=1 - [B7ZM61_HUMAN]	6,81
Q5CZB5	Putative uncharacterized protein DKFZp686M0430 OS=Homo sapiens GN=DKFZp686M0430 PE=2 SV=1 - [Q5CZB5_HUMAN]	6,80
Q8TEM4	FLJ00169 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=FLJ00169 PE=2 SV=1 - [Q8TEM4_HUMAN]	6,80
A0A087X0B7	Synaptosomal-associated protein 47 OS=Homo sapiens GN=SNAP47 PE=1 SV=1 - [A0A087X0B7_HUMAN]	6,80
Q9H6A9	Pecanex-like protein 3 OS=Homo sapiens GN=PCNX3 PE=1 SV=2 - [PCX3_HUMAN]	6,79
A0A087WUJ9	Ras GTPase-activating protein 4 OS=Homo sapiens GN=RASA4 PE=4 SV=1 - [A0A087WUJ9_HUMAN]	6,79
Q63ZY3	KN motif and ankyrin repeat domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=KANK2 PE=1 SV=1 - [KANK2_HUMAN]	6,79
B7Z3G5	cDNA FLJ61285, highly similar to Trafficking kinesin-binding protein 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z3G5_HUMAN]	6,78
A0A087WXM9	Meiosis-specific kinetochore protein OS=Homo sapiens GN=MEIKIN PE=2 SV=2 - [MEIKN_HUMAN]	6,78
A4D2M2	LOC402538 OS=Homo sapiens GN=LOC402538 PE=4 SV=1 - [A4D2M2_HUMAN]	6,78
D3TTY5	Truncated tumor necrosis factor alpha-induced protein 3 OS=Homo sapiens GN=TNFAIP3 PE=1 SV=1 - [D3TTY5_HUMAN]	6,78
B4DH82	cDNA FLJ54437, highly similar to RRP5 protein homolog (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DH82_HUMAN]	6,76
Q09MP3	RAD51-associated protein 2 OS=Homo sapiens GN=RAD51AP2 PE=1 SV=1 - [R51A2_HUMAN]	6,76
A0PJB2	CDT1 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=CDT1 PE=2 SV=1 - [A0PJB2_HUMAN]	6,76
B4DQT0	cDNA FLJ56229 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DQT0_HUMAN]	6,76
B3KUX7	cDNA FLJ40874 fis, clone UMVEN1000186, highly similar to Homo sapiens Rho GTPase activating protein 24 (ARHGAP24), transcript variant 1, mRNA (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KUX7_HUMAN]	6,75
Q6ZT85	cDNA FLJ44876 fis, clone BRAMY2031516 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q6ZT85_HUMAN]	6,75
A8K5I6	cDNA FLJ78643, highly similar to Homo sapiens cornulin (CRNN), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K5I6_HUMAN]	6,74
Q9BTC0	Death-inducer obliterator 1 OS=Homo sapiens GN=DIDO1 PE=1 SV=5 - [DIDO1_HUMAN]	6,74
A0A0G2JN84	Suppressor of hairy wing homolog 1 (Drosophila) OS=Homo sapiens GN=ZNF280A PE=1 SV=1 - [A0A0G2JN84_HUMAN]	6,73
Q8WVQ2	ZNF584 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ZNF584 PE=2 SV=1 - [Q8WVQ2_HUMAN]	6,72
H7C3P6	Nuclear pore complex protein Nup98-Nup96 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=NUP98 PE=1 SV=1 - [H7C3P6_HUMAN]	6,72
F2Z3H8	1-phosphatidylinositol 4,5-bisphosphate phosphodiesterase delta-4 OS=Homo sapiens GN=PLCD4 PE=4 SV=1 - [F2Z3H8_HUMAN]	6,72
Q5VYM1	Uncharacterized protein C9orf131 OS=Homo sapiens GN=C9orf131 PE=2 SV=3 - [CI131_HUMAN]	6,71
H0Y6X0	Taste receptor type 1 member 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=TAS1R1 PE=4 SV=1 - [H0Y6X0_HUMAN]	6,70
B5MCN7	Nuclear receptor coactivator 1 OS=Homo sapiens GN=NCOA1 PE=1 SV=1 - [B5MCN7_HUMAN]	6,70

Q6NUQ9	Mitogen-activated protein kinase 8 interacting protein 1 OS=Homo sapiens GN=MAPK8IP1 PE=2 SV=1 - [Q6NUQ9_HUMAN]	6,70
Q8TEA3	cDNA FLJ23738 fis, clone HEP15081, highly similar to PDZ domain-containing guanine nucleotide exchange factor I OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8TEA3_HUMAN]	6,70
Q15375	Ephrin type-A receptor 7 OS=Homo sapiens GN=EPHA7 PE=1 SV=3 - [EPHA7_HUMAN]	6,69
E9PMN0	Ribonuclease inhibitor OS=Homo sapiens GN=RNH1 PE=1 SV=1 - [E9PMN0_HUMAN]	6,69
Q6PJY3	Anion exchange protein OS=Homo sapiens GN=SLC4A2 PE=2 SV=1 - [Q6PJY3_HUMAN]	6,69
F8VWH5	Amiloride-sensitive sodium channel subunit delta OS=Homo sapiens GN=SCNN1D PE=4 SV=1 - [F8VWH5_HUMAN]	6,68
A0A0A0MSU2	ELM2 and SANT domain-containing protein 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ELMSAN1 PE=1 SV=6 - [A0A0A0MSU2_HUMAN]	6,68
F5GY08	RNA-binding protein 7 OS=Homo sapiens GN=RBM7 PE=1 SV=1 - [F5GY08_HUMAN]	6,68
D6RGG3	Collagen alpha-1(XII) chain OS=Homo sapiens GN=COL12A1 PE=1 SV=1 - [D6RGG3_HUMAN]	6,68
A6NP16	Angiomotin OS=Homo sapiens GN=AMOT PE=1 SV=1 - [A6NP16_HUMAN]	6,67
Q6PKC3	Thioredoxin domain-containing protein 11 OS=Homo sapiens GN=TXNDC11 PE=1 SV=2 - [TXD11_HUMAN]	6,66
A0A1W2PRD5	Uncharacterized protein OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [A0A1W2PRD5_HUMAN]	6,66
B4DNL1	cDNA FLJ51512, highly similar to Periodic tryptophan protein 1 homolog OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DNL1_HUMAN]	6,66
O60926	CD22 protein OS=Homo sapiens GN=CD22 PE=4 SV=1 - [O60926_HUMAN]	6,65
A7MD96	SYNPO protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SYNPO PE=2 SV=1 - [A7MD96_HUMAN]	6,65
B7ZL84	Uncharacterized protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7ZL84_HUMAN]	6,65
Q9Y3S1	Serine/threonine-protein kinase WNK2 OS=Homo sapiens GN=WNK2 PE=1 SV=4 - [WNK2_HUMAN]	6,64
A0A088AWP5	Protein prune homolog 2 OS=Homo sapiens GN=PRUNE2 PE=1 SV=1 - [A0A088AWP5_HUMAN]	6,64
Q8TDE3	Ribonuclease 8 OS=Homo sapiens GN=RNASE8 PE=1 SV=1 - [RNASE8_HUMAN]	6,64
A0A087WYV8	Fibrillin-2 OS=Homo sapiens GN=FBN2 PE=1 SV=1 - [A0A087WYV8_HUMAN]	6,64
B4DKG6	cDNA FLJ53559 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DKG6_HUMAN]	6,64
Q86XA9	HEAT repeat-containing protein 5A OS=Homo sapiens GN=HEATR5A PE=1 SV=2 - [HTR5A_HUMAN]	6,64
Q49AT5	CPXM2 protein OS=Homo sapiens GN=CPXM2 PE=1 SV=1 - [Q49AT5_HUMAN]	6,63
A0A1W2PSB2	Sodium channel protein type 3 subunit alpha OS=Homo sapiens GN=SCN3A PE=4 SV=1 - [A0A1W2PSB2_HUMAN]	6,63
H0YBJ0	DNA polymerase beta (Fragment) OS=Homo sapiens GN=POLB PE=1 SV=1 - [H0YBJ0_HUMAN]	6,63
Q13751	Laminin subunit beta-3 OS=Homo sapiens GN=LAMB3 PE=1 SV=1 - [LAMB3_HUMAN]	6,63
Q9BZQ6	ER degradation-enhancing alpha-mannosidase-like protein 3 OS=Homo sapiens GN=EDEM3 PE=1 SV=2 - [EDEM3_HUMAN]	6,62
H0Y2M6	Chloride channel 7, isoform CRA_c OS=Homo sapiens GN=CLCN7 PE=1 SV=1 - [H0Y2M6_HUMAN]	6,62
A6NF34	Anthrax toxin receptor-like OS=Homo sapiens GN=ANTXRL PE=3 SV=3 - [ANTRL_HUMAN]	6,62
B2RDY3	Katanin p60 ATPase-containing subunit A-like 1 OS=Homo sapiens GN=KATNAL1 PE=2 SV=1 - [B2RDY3_HUMAN]	6,62
E9PBD5	A disintegrin and metalloproteinase with thrombospondin motifs 20 OS=Homo sapiens GN=ADAMTS20 PE=4 SV=2 - [E9PBD5_HUMAN]	6,61
F6X8W2	Nuclear factor of activated T-cells 5 OS=Homo sapiens GN=NFAT5 PE=1 SV=1 - [F6X8W2_HUMAN]	6,61
B4DX38	cDNA FLJ61441, highly similar to Tankyrase-1 (EC 2.4.2.30) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DX38_HUMAN]	6,61
Q6PG49	TRDN protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=TRDN PE=2 SV=1 - [Q6PG49_HUMAN]	6,60
O94822	E3 ubiquitin-protein ligase listerin OS=Homo sapiens GN=LTN1 PE=1 SV=6 - [LTN1_HUMAN]	6,60
Q5JTH9	RRP12-like protein OS=Homo sapiens GN=RRP12 PE=1 SV=2 - [RRP12_HUMAN]	6,60
J3QSD7	Cyclin-dependent kinase 12 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=CDK12 PE=1 SV=1 - [J3QSD7_HUMAN]	6,60
J3KRL7	Period circadian protein homolog 1 OS=Homo sapiens GN=PER1 PE=1 SV=1 - [J3KRL7_HUMAN]	6,59
Q969X6	U3 small nucleolar RNA-associated protein 4 homolog OS=Homo sapiens GN=UTP4 PE=1 SV=1 - [UTP4_HUMAN]	6,59
Q8TE60	A disintegrin and metalloproteinase with thrombospondin motifs 18 OS=Homo sapiens GN=ADAMTS18 PE=1 SV=3 - [ATS18_HUMAN]	6,58
Q92585	Mastermind-like protein 1 OS=Homo sapiens GN=MAML1 PE=1 SV=3 - [MAML1_HUMAN]	6,58
O60774	Putative dimethylaniline monooxygenase [N-oxide-forming] 6 OS=Homo sapiens GN=FMO6P PE=5 SV=1 - [FMO6_HUMAN]	6,58
Q7RTM1	Otopetrin-1 OS=Homo sapiens GN=OTOP1 PE=2 SV=1 - [OTOP1_HUMAN]	6,57
A5PLL3	Histone acetyltransferase OS=Homo sapiens GN=MYST3 PE=1 SV=1 - [A5PLL3_HUMAN]	6,57
Q3ZCT3	SPON1 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SPON1 PE=2 SV=1 - [Q3ZCT3_HUMAN]	6,56
Q6P6D1	C2CD2 protein OS=Homo sapiens GN=C2CD2 PE=2 SV=1 - [Q6P6D1_HUMAN]	6,55
Q16581	C3a anaphylatoxin chemotactic receptor OS=Homo sapiens GN=C3AR1 PE=1 SV=2 - [C3AR_HUMAN]	6,55
F6M2K3	Nuclear receptor coactivator-6 gamma OS=Homo sapiens GN=NCOA6 PE=2 SV=1 - [F6M2K3_HUMAN]	6,55
Q17RS7	Flap endonuclease GEN homolog 1 OS=Homo sapiens GN=GEN1 PE=1 SV=2 - [GEN_HUMAN]	6,54
B4DEL2	Inhibitor of growth protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DEL2_HUMAN]	6,54
B4DM73	cDNA FLJ60078, highly similar to CLIP-associating protein 2 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DM73_HUMAN]	6,54
Q9H792	Pseudopodium-enriched atypical kinase 1 OS=Homo sapiens GN=PEAK1 PE=1 SV=4 - [PEAK1_HUMAN]	6,54
D6RFZ4	Protein FAM193A OS=Homo sapiens GN=FAM193A PE=1 SV=1 - [D6RFZ4_HUMAN]	6,54
B4DF20	cDNA FLJ58172, highly similar to Zinc finger protein 238 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DF20_HUMAN]	6,53
Q59FG4	Brain adenylate cyclase 1 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59FG4_HUMAN]	6,53
P18433	Receptor-type tyrosine-protein phosphatase alpha OS=Homo sapiens GN=PTPRA PE=1 SV=2 - [PTPRA_HUMAN]	6,52
Q53HP2	Tripeptidyl-peptidase I variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q53HP2_HUMAN]	6,51
B4E186	cDNA FLJ56834 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E186_HUMAN]	6,51
D6RDG4	Centrosomal protein POC5 OS=Homo sapiens GN=POC5 PE=1 SV=1 - [D6RDG4_HUMAN]	6,51
POCJ92	Golgin subfamily A member 8H OS=Homo sapiens GN=GOLGA8H PE=3 SV=1 - [GOG8H_HUMAN]	6,51
Q6R327	Rapamycin-insensitive companion of mTOR OS=Homo sapiens GN=RICTOR PE=1 SV=1 - [RICTR_HUMAN]	6,51
Q8NDP0	Putative uncharacterized protein DKFZp586G1518 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DKFZp586G1518 PE=2 SV=1 - [Q8NDP0_HUMAN]	6,50
B2RWN8	Histone acetyltransferase OS=Homo sapiens GN=MYST4 PE=2 SV=1 - [B2RWN8_HUMAN]	6,50
A0A0F7G8H5	FKBP1 OS=Homo sapiens GN=FKBP4 PE=2 SV=1 - [A0A0F7G8H5_HUMAN]	6,50
J3QR65	Myotubularin-related protein 4 OS=Homo sapiens GN=MTMR4 PE=1 SV=1 - [J3QR65_HUMAN]	6,50
P21675	Transcription initiation factor TFIID subunit 1 OS=Homo sapiens GN=TAF1 PE=1 SV=2 - [TAF1_HUMAN]	6,50
B4DXI4	cDNA FLJ52689, highly similar to Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein L21 (MRPL21), transcript variant 4, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DXI4_HUMAN]	6,49
C9JEB9	D-beta-hydroxybutyrate dehydrogenase, mitochondrial (Fragment) OS=Homo sapiens GN=BDH1 PE=1 SV=1 - [C9JEB9_HUMAN]	6,49

B3KV38	cDNA FLJ16098 fis, clone TESTI2005767, highly similar to Homeodomain-interacting protein kinase 1 (EC 2.7.11.1) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KV38_HUMAN]	6,49
Q9P2B7	Cilia- and flagella-associated protein 97 OS=Homo sapiens GN=CFAP97 PE=1 SV=2 - [CFA97_HUMAN]	6,49
Q55XM2	snRNA-activating protein complex subunit 4 OS=Homo sapiens GN=SNAPC4 PE=1 SV=1 - [SNPC4_HUMAN]	6,48
B4E3R2	cDNA FLJ59085, highly similar to Polycystin-1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E3R2_HUMAN]	6,48
B7Z5K0	cDNA FLJ52445, highly similar to Homo sapiens membrane-associated ring finger (C3HC4) 7 (MARCH7), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z5K0_HUMAN]	6,47
Q8N822	cDNA FLJ40118 fis, clone TESTI2009412 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8N822_HUMAN]	6,47
Q5XUX1	F-box/WD repeat-containing protein 9 OS=Homo sapiens GN=FBXW9 PE=1 SV=2 - [FBXW9_HUMAN]	6,47
B4DVQ7	cDNA FLJ57616, highly similar to WD repeat protein 13 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DVQ7_HUMAN]	6,47
B4E117	cDNA FLJ57037, highly similar to SWI/SNF-related matrix-associated actin-dependent regulator of chromatin subfamily B member 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E117_HUMAN]	6,47
Q9NV58	E3 ubiquitin-protein ligase RNF19A OS=Homo sapiens GN=RNF19A PE=1 SV=3 - [RN19A_HUMAN]	6,47
A6XGN5	BORIS transcription factor transcript variant B6 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A6XGN5_HUMAN]	6,47
B2RBH2	cDNA, FLJ95508, highly similar to Homo sapiens 5'-nucleotidase, ecto (CD73) (NT5E), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2RBH2_HUMAN]	6,46
Q15079	Syntrophin OS=Homo sapiens GN=SNPH PE=1 SV=2 - [SNPH_HUMAN]	6,46
Q1RMC9	ERBB2IP protein OS=Homo sapiens GN=ERBB2IP PE=2 SV=1 - [Q1RMC9_HUMAN]	6,46
O95948	One cut domain family member 2 OS=Homo sapiens GN=ONECUT2 PE=2 SV=2 - [ONEC2_HUMAN]	6,45
K7ERT9	Protein FAM57A OS=Homo sapiens GN=FAM57A PE=1 SV=2 - [FA57A_HUMAN]	6,44
B4DRY0	Hsp70-binding protein 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=HSPBP1 PE=1 SV=8 - [K7ERT9_HUMAN]	6,44
A8K631	cDNA FLJ54379, highly similar to Keratin, type II cytoskeletal 6E OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DRY0_HUMAN]	6,44
C9J542	cDNA FLJ75310 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K631_HUMAN]	6,44
I3L0M2	PDZ and LIM domain protein 4 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PDLIM4 PE=1 SV=1 - [C9J542_HUMAN]	6,44
A0A0S224F2	N-sulphoglucosamine sulphohydrolase OS=Homo sapiens GN=SGSH PE=4 SV=1 - [I3L0M2_HUMAN]	6,43
A0A087X032	TEA domain family member 4 isoform 2 OS=Homo sapiens GN=TEAD4 PE=2 SV=1 - [A0A0S224F2_HUMAN]	6,43
Q9Y2K6	Centrosomal protein kizuna (Fragment) OS=Homo sapiens GN=KIZ PE=1 SV=1 - [A0A087X032_HUMAN]	6,43
B3KSJ7	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 20 OS=Homo sapiens GN=USP20 PE=1 SV=2 - [UBP20_HUMAN]	6,43
B3KVD4	Protein artemis OS=Homo sapiens GN=DCLRE1C PE=1 SV=1 - [B3KSJ7_HUMAN]	6,42
B4DEQ6	cDNA FLJ16429 fis, clone BRACE3008238, highly similar to Zinc finger and BTB domain-containing protein 4 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KVD4_HUMAN]	6,42
Q6ZR29	cDNA FLJ58501, highly similar to Homo sapiens PAX interacting (with transcription-activation domain) protein 1 (PAXIP1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DEQ6_HUMAN]	6,42
Q94823	cDNA FLJ46702 fis, clone TRACH3014183 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q6ZR29_HUMAN]	6,42
Q96AC6	Probable phospholipid-transporting ATPase VB OS=Homo sapiens GN=ATP10B PE=2 SV=2 - [AT10B_HUMAN]	6,42
A8KAL3	Kinesin-like protein KIFC2 OS=Homo sapiens GN=KIFC2 PE=2 SV=1 - [KIFC2_HUMAN]	6,42
O94898	cDNA FLJ77478, highly similar to Homo sapiens Rho GTPase activating protein 6 (ARHGAP6), transcript variant 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8KAL3_HUMAN]	6,41
Q9H808	Leucine-rich repeats and immunoglobulin-like domains protein 2 OS=Homo sapiens GN=LRIG2 PE=2 SV=3 - [LRIG2_HUMAN]	6,40
A0PJJ4	Transducin-like enhancer protein 6 OS=Homo sapiens GN=TLE6 PE=1 SV=2 - [TLE6_HUMAN]	6,39
A0A087WWY3	LRRC4B protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=LRRC4B PE=2 SV=1 - [A0PJJ4_HUMAN]	6,39
A1XPJ1	Filamin-A OS=Homo sapiens GN=FLNA PE=1 SV=1 - [A0A087WWY3_HUMAN]	6,38
D6RCD0	SARP3 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A1XPJ1_HUMAN]	6,38
B4DKR6	Estradiol 17-beta-dehydrogenase 11 OS=Homo sapiens GN=HSD17B11 PE=1 SV=2 - [D6RCD0_HUMAN]	6,38
J3KTF0	cDNA FLJ60283, highly similar to Protein CASC3 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DKR6_HUMAN]	6,37
Q9NQR7	Fatty acid synthase (Fragment) OS=Homo sapiens GN=FASN PE=1 SV=1 - [J3KTF0_HUMAN]	6,37
Q9HCK8	Coiled-coil domain-containing protein 177 OS=Homo sapiens GN=CCDC177 PE=2 SV=3 - [CC177_HUMAN]	6,37
Q51RN2	Chromodomain-helicase-DNA-binding protein 8 OS=Homo sapiens GN=CHD8 PE=1 SV=5 - [CHD8_HUMAN]	6,37
B4DJJ6	DAZAP1/MEF2D fusion protein OS=Homo sapiens GN=DAZAP1/MEF2D fusion PE=2 SV=1 - [Q51RN2_HUMAN]	6,37
Q96JE9	cDNA FLJ60598, highly similar to Choline O-acetyltransferase (EC 2.3.1.6) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DJJ6_HUMAN]	6,36
A6NE21	Microtubule-associated protein 6 OS=Homo sapiens GN=MAP6 PE=1 SV=2 - [MAP6_HUMAN]	6,36
Q92670	Putative protein FAM90A18P/FAM90A19P OS=Homo sapiens GN=FAM90A18P PE=5 SV=1 - [F90AI_HUMAN]	6,35
Q68DD5	Putative zinc finger protein 75C OS=Homo sapiens GN=ZNF75CP PE=5 SV=2 - [ZN75C_HUMAN]	6,34
F2Z357	Putative uncharacterized protein DKFZp686L21135 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DKFZp686L21135 PE=2 SV=1 - [Q68DD5_HUMAN]	6,34
D6RD46	Rap1 GTPase-activating protein 1 OS=Homo sapiens GN=RAP1GAP PE=1 SV=1 - [F2Z357_HUMAN]	6,34
A0A096LNS6	LIM and calponin homology domains-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=LIMCH1 PE=1 SV=1 - [D6RD46_HUMAN]	6,34
B5MCM0	Uncharacterized protein OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [A0A096LNS6_HUMAN]	6,33
B4E2A4	Transcriptional enhancer factor TEF-5 OS=Homo sapiens GN=TEAD3 PE=1 SV=1 - [B5MCM0_HUMAN]	6,33
Q8NBQ7	cDNA FLJ53275, highly similar to Homo sapiens spectrin domain with coiled-coils 1 (SPECC1), transcript variant, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E2A4_HUMAN]	6,33
O43422	Aquaporin-11 OS=Homo sapiens GN=AQP11 PE=2 SV=1 - [AQP11_HUMAN]	6,32
Q59GI4	52 kDa repressor of the inhibitor of the protein kinase OS=Homo sapiens GN=THAP12 PE=1 SV=2 - [P52K_HUMAN]	6,32
A0A024R0X0	Zinc finger, FYVE domain containing 9 isoform 3 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59GI4_HUMAN]	6,32
Q6ZNZ8	AP1 gamma subunit binding protein 1, isoform CRA_d OS=Homo sapiens GN=AP1GBP1 PE=4 SV=1 - [A0A024R0X0_HUMAN]	6,31
Q5VVJ2	cDNA FLJ26816 fis, clone PRS06437 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q6ZNZ8_HUMAN]	6,31
F8VW21	Histone H2A deubiquitinase MYSM1 OS=Homo sapiens GN=MYSM1 PE=1 SV=1 - [MYSM1_HUMAN]	6,30
A0A0B6XK53	60S acidic ribosomal protein P0 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=RPLP0 PE=1 SV=1 - [F8VW21_HUMAN]	6,30
P55201	Interferon regulatory factor 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=IRF1 PE=2 SV=1 - [A0A0B6XK53_HUMAN]	6,30
Q5SZK8	Peregrin OS=Homo sapiens GN=BRPF1 PE=1 SV=2 - [BRPF1_HUMAN]	6,30
B4DKB2	FRAS1-related extracellular matrix protein 2 OS=Homo sapiens GN=FREM2 PE=1 SV=2 - [FREM2_HUMAN]	6,29
	Endothelin-converting enzyme 1 OS=Homo sapiens GN=ECE1 PE=1 SV=1 - [B4DKB2_HUMAN]	6,29

E7ERY9	Calcium-transporting ATPase OS=Homo sapiens GN=ATP2B1 PE=1 SV=2 - [E7ERY9_HUMAN]	6,28
C9JH25	Proline-rich transmembrane protein 4 OS=Homo sapiens GN=PRRT4 PE=2 SV=1 - [PRRT4_HUMAN]	6,28
Q5TIG5	Afadin OS=Homo sapiens GN=AFDN PE=1 SV=1 - [Q5TIG5_HUMAN]	6,28
Q8NC93	cDNA FLJ90405 fis, clone NT2RP2006099 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8NC93_HUMAN]	6,27
Q58FF8	Putative heat shock protein HSP 90-beta 2 OS=Homo sapiens GN=HSP90AB2P PE=1 SV=2 - [H90B2_HUMAN]	6,27
F5GYT8	Methylcrotonoyl-CoA carboxylase subunit alpha, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=MCCC1 PE=1 SV=2 - [F5GYT8_HUMAN]	6,26
Q0ZCH4	Immunoglobulin heavy chain variable region (Fragment) OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [Q0ZCH4_HUMAN]	6,26
Q8NDF8	Non-canonical poly(A) RNA polymerase PAPD5 OS=Homo sapiens GN=PAPD5 PE=1 SV=2 - [PAPD5_HUMAN]	6,26
A0A126GW47	Olfactory receptor OS=Homo sapiens GN=OR13C5 PE=3 SV=1 - [A0A126GW47_HUMAN]	6,24
Q6ZP14	cDNA FLJ26728 fis, clone PNC06635 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q6ZP14_HUMAN]	6,24
Q9HC58	Sodium/potassium/calcium exchanger 3 OS=Homo sapiens GN=SLC24A3 PE=2 SV=4 - [NCKX3_HUMAN]	6,24
B3KMW2	cDNA FLJ12778 fis, clone NT2RP2001740, moderately similar to Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 36 (EC 3.1.2.15) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KMW2_HUMAN]	6,24
E9PNU1	Nucleoside diphosphate kinase 7 OS=Homo sapiens GN=NME7 PE=1 SV=1 - [E9PNU1_HUMAN]	6,20
A0A1S5UZ39	Hemoglobin subunit alpha OS=Homo sapiens GN=HBA2 PE=2 SV=1 - [A0A1S5UZ39_HUMAN]	6,19
B4DG45	cDNA FLJ53877, highly similar to Sortilin-related receptor OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DG45_HUMAN]	6,18
A0A0A8KWK3	Transforming growth factor, beta receptor III OS=Homo sapiens GN=TGFBR3 PE=2 SV=1 - [A0A0A8KWK3_HUMAN]	6,17
B7Z1S3	cDNA FLJ56058, highly similar to Castor homolog 1 zinc finger protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z1S3_HUMAN]	6,16
O14637	Laminin alpha 3b chain (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [O14637_HUMAN]	6,16
H0YF27	Tripartite motif-containing protein 29 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=TRIM29 PE=1 SV=1 - [H0YF27_HUMAN]	6,16
Q6ZNG2	Homeobox protein DBX2 OS=Homo sapiens GN=DBX2 PE=2 SV=2 - [DBX2_HUMAN]	6,14
C9IYV2	Calcium/calmodulin-dependent protein kinase type 1G (Fragment) OS=Homo sapiens GN=CAMK1G PE=3 SV=1 - [C9IYV2_HUMAN]	6,13
D6RD59	Protein FAM189B (Fragment) OS=Homo sapiens GN=FAM189B PE=1 SV=1 - [D6RD59_HUMAN]	6,09
B4E1N9	cDNA FLJ53430, highly similar to Homo sapiens FERM and PDZ domain containing 2 (FRMPD2), transcript variant 3, mRNA (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E1N9_HUMAN]	6,09
H0YCW2	Zinc finger SWIM domain-containing protein 8 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ZSWIM8 PE=1 SV=1 - [H0YCW2_HUMAN]	6,06
A0A075B6T1	Activating molecule in BECN1-regulated autophagy protein 1 OS=Homo sapiens GN=AMBRA1 PE=1 SV=1 - [A0A075B6T1_HUMAN]	6,04
Q96L73	Histone-lysine N-methyltransferase, H3 lysine-36 and H4 lysine-20 specific OS=Homo sapiens GN=NSD1 PE=1 SV=1 - [NSD1_HUMAN]	6,03
B4DY59	cDNA FLJ56267, highly similar to Transducin beta-like 2 protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DY59_HUMAN]	6,03
B3KTN7	cDNA FLJ38547 fis, clone HCHON2001665, highly similar to Probable G-protein coupled receptor 125 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KTN7_HUMAN]	5,99
B3KWC2	cDNA FLJ42746 fis, clone BRAWH3000166, highly similar to Contactin-2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KWC2_HUMAN]	5,98
B7WP89	Protein ABHD18 OS=Homo sapiens GN=ABHD18 PE=1 SV=1 - [B7WP89_HUMAN]	5,98
A0A0S2Z4V0	Alport syndrome mental retardation midface hypoplasia and elliptocytosis chromosomal region protein 1 isoform 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=AMMECR1 PE=2 SV=1 - [A0A0S2Z4V0_HUMAN]	5,97
B3KVI8	cDNA FLJ16604 fis, clone TESTI4008097, highly similar to Polycomb group protein ASXL1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KVI8_HUMAN]	5,96
Q59H97	Zinc finger protein ZNF-U69274 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59H97_HUMAN]	5,96
Q6IQ50	NOTCH2 protein OS=Homo sapiens GN=NOTCH2 PE=2 SV=2 - [Q6IQ50_HUMAN]	5,95
B4DQK4	Tubulin alpha chain OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DQK4_HUMAN]	5,95
B4DWH5	cDNA FLJ53224, highly similar to Calpain-1 catalytic subunit (EC 3.4.22.52) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DWH5_HUMAN]	5,93
Q9P206	Uncharacterized protein KIAA1522 OS=Homo sapiens GN=KIAA1522 PE=1 SV=2 - [K1522_HUMAN]	5,91
P54278	Mismatch repair endonuclease PMS2 OS=Homo sapiens GN=PMS2 PE=1 SV=2 - [PMS2_HUMAN]	5,90
B1Q2B0	URCC5 OS=Homo sapiens GN=URCC5 PE=2 SV=1 - [B1Q2B0_HUMAN]	5,90
Q8IVL8	Carboxypeptidase O OS=Homo sapiens GN=CPO PE=1 SV=1 - [CBPO_HUMAN]	5,89
Q7Z353	Highly divergent homeobox OS=Homo sapiens GN=HDX PE=1 SV=1 - [HDX_HUMAN]	5,88
E7EWM1	Nuclear receptor coactivator 2 OS=Homo sapiens GN=NCOA2 PE=1 SV=2 - [E7EWM1_HUMAN]	5,87
Q4G170	ACACB protein OS=Homo sapiens GN=ACACB PE=2 SV=1 - [Q4G170_HUMAN]	5,87
Q5T088	MORN repeat-containing protein 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MORN1 PE=4 SV=1 - [Q5T088_HUMAN]	5,86
Q96N91	V-type proton ATPase subunit a OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q96N91_HUMAN]	5,86
Q9ULI1	NACHT and WD repeat domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=NWD2 PE=2 SV=3 - [NWD2_HUMAN]	5,86
Q96RL6	Sialic acid-binding Ig-like lectin 11 OS=Homo sapiens GN=SIGLEC11 PE=1 SV=2 - [SIG11_HUMAN]	5,85
Q5HYI2	Putative uncharacterized protein DKFZp313N0733 OS=Homo sapiens GN=DKFZp313N0733 PE=2 SV=1 - [Q5HYI2_HUMAN]	5,84
O94804	Serine/threonine-protein kinase 10 OS=Homo sapiens GN=STK10 PE=1 SV=1 - [STK10_HUMAN]	5,84
M0R0F3	Zinc finger protein 841 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ZNF841 PE=4 SV=1 - [M0R0F3_HUMAN]	5,83
Q7Z2E5	Putative uncharacterized protein DKFZp686G1540 OS=Homo sapiens GN=DKFZp686G1540 PE=2 SV=1 - [Q7Z2E5_HUMAN]	5,83
Q6ZQQ2	Spermatogenesis-associated protein 31D1 OS=Homo sapiens GN=SPATA31D1 PE=2 SV=1 - [S31D1_HUMAN]	5,81
Q5U5J6	KNDC1 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=KNDC1 PE=2 SV=1 - [Q5U5J6_HUMAN]	5,80
D3DPE6	Wiskott-Aldrich syndrome protein interacting protein, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=WASPPI PE=4 SV=1 - [D3DPE6_HUMAN]	5,79
Q96IE3	Similar to plectin 1, intermediate filament binding protein, 500kD (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q96IE3_HUMAN]	5,75
B7Z4Z1	cDNA FLJ50598, highly similar to Homo sapiens cAMP responsive element binding protein 5 (CREB5), transcript variant 4, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z4Z1_HUMAN]	5,75
A0A024RAP3	Chondroitin sulfate proteoglycan 2 (Versican), isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=CSPG2 PE=4 SV=1 - [A0A024RAP3_HUMAN]	5,75
Q5VZ46	Uncharacterized protein KIAA1614 OS=Homo sapiens GN=KIAA1614 PE=2 SV=3 - [K1614_HUMAN]	5,74
Q8NA90	cDNA FLJ35733 fis, clone TESTI2003277, weakly similar to ANTER-SPECIFIC PROLINE-RICH PROTEIN APG	5,72

	OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8NA90_HUMAN]	
Q59EV0	RAB40B, member RAS oncogene family variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59EV0_HUMAN]	5,71
A7E2X1	PPM1E protein OS=Homo sapiens GN=PPM1E PE=2 SV=1 - [A7E2X1_HUMAN]	5,71
Q9UPW5	Cytosolic carboxypeptidase 1 OS=Homo sapiens GN=AGTPBP1 PE=1 SV=3 - [CBPC1_HUMAN]	5,70
B3KX27	cDNA FLJ44542 fis, clone UTERU3005585, highly similar to Rhophilin-2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KX27_HUMAN]	5,68
A8K731	cDNA FLJ77429, highly similar to Homo sapiens glucokinase (hexokinase 4) regulator (GCKR), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K731_HUMAN]	5,67
F8VUY0	Homeobox protein TGIF1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=TGIF1 PE=1 SV=1 - [F8VUY0_HUMAN]	5,67
J3KP16	RIMS-binding protein 3C OS=Homo sapiens GN=RIMBP3C PE=4 SV=1 - [J3KP16_HUMAN]	5,66
Q5VTT5	Myomesin-3 OS=Homo sapiens GN=MYOM3 PE=1 SV=1 - [MYOM3_HUMAN]	5,66
A0A087WVK4	Elongin-A2 OS=Homo sapiens GN=ELOA2 PE=4 SV=1 - [A0A087WVK4_HUMAN]	5,61
A0A1W2PR14	Voltage-dependent T-type calcium channel subunit alpha-1H OS=Homo sapiens GN=CACNA1H PE=4 SV=1 - [A0A1W2PR14_HUMAN]	5,59
Q02413	Desmoglein-1 OS=Homo sapiens GN=DSG1 PE=1 SV=2 - [DSG1_HUMAN]	5,48
E1CKY7	Protein phosphatase 1 regulatory subunit 12B OS=Homo sapiens GN=sm-M20 PE=1 SV=1 - [E1CKY7_HUMAN]	5,44
A0A1B0GW57	T-lymphoma invasion and metastasis-inducing protein 1 OS=Homo sapiens GN=TIAM1 PE=1 SV=1 - [A0A1B0GW57_HUMAN]	5,42
Q5VUA4	Zinc finger protein 318 OS=Homo sapiens GN=ZNF318 PE=1 SV=2 - [ZN318_HUMAN]	5,41
Q59FU5	Ligatin variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59FU5_HUMAN]	5,34
Q6ZWK7	cDNA FLJ16045 fis, clone CTONG2000042, weakly similar to ALPHA-2-MACROGLOBULIN OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q6ZWK7_HUMAN]	5,31
O94811	Tubulin polymerization-promoting protein OS=Homo sapiens GN=TPPP PE=1 SV=1 - [TPPP_HUMAN]	5,27
P07108	Acyl-CoA-binding protein OS=Homo sapiens GN=DBI PE=1 SV=2 - [ACBP_HUMAN]	5,22
E9PKX1	Terminal uridylyltransferase 4 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ZCCHC11 PE=1 SV=1 - [E9PKX1_HUMAN]	5,21
B4DI57	cDNA FLJ54111, highly similar to Serotransferrin OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DI57_HUMAN]	5,18
Q16539	Mitogen-activated protein kinase 14 OS=Homo sapiens GN=MAPK14 PE=1 SV=3 - [MK14_HUMAN]	5,12
Q59GS8	Complement component 5 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59GS8_HUMAN]	5,06
Q59HA6	Laminin alpha 3b chain variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59HA6_HUMAN]	4,94
A0A0A0MSI1	Protein inscuteable homolog OS=Homo sapiens GN=INSC PE=1 SV=1 - [A0A0A0MSI1_HUMAN]	4,86
B4DDR0	cDNA FLJ55674, highly similar to DNA-directed RNA polymerases III 80 kDa polypeptide (EC 2.7.7.6) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DDR0_HUMAN]	4,86
H0Y9G6	39S ribosomal protein L3, mitochondrial (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MRPL3 PE=1 SV=1 - [H0Y9G6_HUMAN]	4,80
Q96JB6	Lysyl oxidase homolog 4 OS=Homo sapiens GN=LOXL4 PE=1 SV=1 - [LOXL4_HUMAN]	4,80
O60583	Cyclin-T2 OS=Homo sapiens GN=CCNT2 PE=1 SV=2 - [CCNT2_HUMAN]	4,77
B2RBY8	cDNA, FLJ95771, highly similar to Homo sapiens ectonucleotide pyrophosphatase/phosphodiesterase 1 (ENPP1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2RBY8_HUMAN]	4,62
Q6P1L6	Zinc finger protein 343 OS=Homo sapiens GN=ZNF343 PE=1 SV=1 - [ZN343_HUMAN]	4,38
B7Z5R5	cDNA FLJ61652, highly similar to Mus musculus DEP domain containing 1a (Depdc1a), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z5R5_HUMAN]	4,08
H0YIT6	GAS2-like protein 3 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=GAS2L3 PE=1 SV=1 - [H0YIT6_HUMAN]	3,11

Dados das proteínas salivares identificadas. por LC-ESI-MS / MS para o grupo G3:

Accession	Description	Score
B7ZMD7	Alpha-amylase OS=Homo sapiens GN=AMY1A PE=2 SV=1 - [B7ZMD7_HUMAN]	1381,84
A8K5R2	cDNA FLJ77293, highly similar to Homo sapiens vasohibin 1 (VASH1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K5R2_HUMAN]	1096,05
A0A0G2JS91	Mucin-4 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MUC4 PE=1 SV=1 - [A0A0G2JS91_HUMAN]	825,14
P02814	Submaxillary gland androgen-regulated protein 3B OS=Homo sapiens GN=SMR3B PE=1 SV=2 - [SMR3B_HUMAN]	253,73
F6KPG5	Albumin (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ALB PE=1 SV=1 - [F6KPG5_HUMAN]	202,56
C0JY22	Titin OS=Homo sapiens GN=TTN PE=4 SV=1 - [C0JY22_HUMAN]	199,30
Q8WXI7	Mucin-16 OS=Homo sapiens GN=MUC16 PE=1 SV=3 - [MUC16_HUMAN]	196,37
P01833	Polymorphic immunoglobulin receptor OS=Homo sapiens GN=PIGR PE=1 SV=4 - [PIGR_HUMAN]	178,49
Q6PIL8	IGK@ protein OS=Homo sapiens GN=IGK@ PE=1 SV=1 - [Q6PIL8_HUMAN]	175,58
P01036	Cystatin-S OS=Homo sapiens GN=CST4 PE=1 SV=3 - [CYTS_HUMAN]	166,93
K7ENS1	Ectopic P granules protein 5 homolog (Fragment) OS=Homo sapiens GN=EPG5 PE=1 SV=1 - [K7ENS1_HUMAN]	159,32
A0A0C4DGN4	Zymogen granule protein 16 homolog B OS=Homo sapiens GN=ZG16B PE=1 SV=1 - [A0A0C4DGN4_HUMAN]	153,35
Q9UBG0	C-type mannose receptor 2 OS=Homo sapiens GN=MRC2 PE=1 SV=2 - [MRC2_HUMAN]	149,03
P23280	Carbonic anhydrase 6 OS=Homo sapiens GN=CA6 PE=1 SV=3 - [CAH6_HUMAN]	124,91
P12273	Prolactin-inducible protein OS=Homo sapiens GN=PIP PE=1 SV=1 - [PIP_HUMAN]	120,25
P01037	Cystatin-SN OS=Homo sapiens GN=CST1 PE=1 SV=3 - [CYTN_HUMAN]	112,18
Q7Z5P9	Mucin-19 OS=Homo sapiens GN=MUC19 PE=1 SV=3 - [MUC19_HUMAN]	110,04
Q9HC84	Mucin-5B OS=Homo sapiens GN=MUC5B PE=1 SV=3 - [MUC5B_HUMAN]	103,71
F5H6N4	Chromodomain-helicase-DNA-binding protein 4 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=CHD4 PE=1 SV=1 - [F5H6N4_HUMAN]	103,11
Q9H7U1	Serine-rich coiled-coil domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=CCSER2 PE=1 SV=2 - [CCSE2_HUMAN]	101,46
Q6PJG0	Uncharacterized protein OS=Homo sapiens PE=1 SV=1 - [Q6PJG0_HUMAN]	94,03
P15515	Histatin-1 OS=Homo sapiens GN=HTN1 PE=1 SV=2 - [HIS1_HUMAN]	87,69
Q53GK6	Beta actin variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q53GK6_HUMAN]	86,60
Q460X9	Coiled-coil domain-containing protein 40 OS=Homo sapiens GN=CCDC40 PE=2 SV=2 - [CCDC40_HUMAN]	84,59
A6NES4	Maestro heat-like repeat-containing protein family member 2A OS=Homo sapiens GN=MROH2A PE=4 SV=4 - [MRO2A_HUMAN]	81,16
Q99665	Interleukin-12 receptor subunit beta-2 OS=Homo sapiens GN=IL12RB2 PE=1 SV=1 - [I12R2_HUMAN]	79,66
B4DYQ3	cDNA FLJ60974, highly similar to Mediator of RNA polymerase II transcription subunit 12 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DYQ3_HUMAN]	77,71

Q6N090	Putative uncharacterized protein DKFZp686G21220 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DKFZp686G21220 PE=2 SV=1 - [Q6N090_HUMAN]	77,45
Q13707	ACTA2 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ACTA2 PE=3 SV=1 - [Q13707_HUMAN]	74,15
Q6MZX9	Putative uncharacterized protein DKFZp686M08189 OS=Homo sapiens GN=DKFZp686M08189 PE=2 SV=1 - [Q6MZX9_HUMAN]	73,78
Q86UR5	Regulating synaptic membrane exocytosis protein 1 OS=Homo sapiens GN=RIMS1 PE=1 SV=1 - [RIMS1_HUMAN]	73,44
MOR088	Serine/arginine repetitive matrix protein 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SRRM1 PE=1 SV=1 - [MOR088_HUMAN]	71,99
B7ZA42	cDNA, FLJ79056 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7ZA42_HUMAN]	70,24
A8K2H9	cDNA FLJ78503, highly similar to Homo sapiens keratin 13 (KRT13), transcript variant 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K2H9_HUMAN]	66,30
A0A087WUZ6	InaD-like protein OS=Homo sapiens GN=PATJ PE=1 SV=1 - [A0A087WUZ6_HUMAN]	61,47
B4DRR0	cDNA FLJ53910, highly similar to Keratin, type II cytoskeletal 6A OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DRR0_HUMAN]	55,29
V9HW68	Epididymis luminal protein 214 OS=Homo sapiens GN=HEL-214 PE=2 SV=1 - [V9HW68_HUMAN]	54,56
P09211	Glutathione S-transferase P OS=Homo sapiens GN=GSTP1 PE=1 SV=2 - [GSTP1_HUMAN]	54,34
A0A1B0GUE0	Janus kinase and microtubule-interacting protein 1 OS=Homo sapiens GN=JAKMIP1 PE=1 SV=1 - [A0A1B0GUE0_HUMAN]	53,95
P04080	Cystatin-B OS=Homo sapiens GN=CSTB PE=1 SV=2 - [CYTB_HUMAN]	53,88
F5GZK2	Collagen alpha-1(XI) chain OS=Homo sapiens GN=COL21A1 PE=1 SV=2 - [F5GZK2_HUMAN]	52,68
E1A689	Mutant Apo B 100 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [E1A689_HUMAN]	51,63
A7E2D6	NAV2 protein OS=Homo sapiens GN=NAV2 PE=2 SV=1 - [A7E2D6_HUMAN]	51,44
T1R7Q9	MUC5AC (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MUC5AC PE=4 SV=1 - [T1R7Q9_HUMAN]	49,85
A8K6L7	cDNA FLJ78668, highly similar to Homo sapiens deleted in liver cancer 1 (DLC1), transcript variant 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K6L7_HUMAN]	49,40
A2A2V2	RNA-binding protein 34 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=RBM34 PE=1 SV=1 - [A2A2V2_HUMAN]	48,92
B4DRW1	cDNA FLJ55805, highly similar to Keratin, type II cytoskeletal 4 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DRW1_HUMAN]	48,79
Q12955	Ankyrin-3 OS=Homo sapiens GN=ANK3 PE=1 SV=3 - [ANK3_HUMAN]	48,58
Q9Y6V0	Protein piccolo OS=Homo sapiens GN=PCLO PE=1 SV=4 - [PCLO_HUMAN]	47,93
Q07954	Prolow-density lipoprotein receptor-related protein 1 OS=Homo sapiens GN=LRP1 PE=1 SV=2 - [LRP1_HUMAN]	46,12
Q15772	Striated muscle preferentially expressed protein kinase OS=Homo sapiens GN=SPEG PE=1 SV=4 - [SPEG_HUMAN]	44,56
D6RA03	Regulating synaptic membrane exocytosis protein 2 OS=Homo sapiens GN=RIMS2 PE=1 SV=1 - [D6RA03_HUMAN]	43,52
Q03164	Histone-lysine N-methyltransferase 2A OS=Homo sapiens GN=KMT2A PE=1 SV=5 - [KMT2A_HUMAN]	42,38
A3F718	MHC class I antigen (Fragment) OS=Homo sapiens GN=HLA-B PE=3 SV=1 - [A3F718_HUMAN]	41,87
Q14484	Beta-globin (Fragment) OS=Homo sapiens GN=HBB PE=3 SV=1 - [Q14484_HUMAN]	40,40
A0A0D9SG04	Cordon-bleu protein-like 1 OS=Homo sapiens GN=COBL1 PE=1 SV=2 - [A0A0D9SG04_HUMAN]	40,02
B3KXW2	cDNA FLJ46178 fis, clone TEST14003944, highly similar to Homo sapiens zinc finger protein 532 (ZNF532), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KXW2_HUMAN]	39,80
Q8NAH9	cDNA FLJ35331 fis, clone PROST2014659 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8NAH9_HUMAN]	37,99
Q9UL78	Myosin-reactive immunoglobulin light chain variable region (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q9UL78_HUMAN]	37,90
Q8IVL0	Neuron navigator 3 OS=Homo sapiens GN=NAV3 PE=1 SV=3 - [NAV3_HUMAN]	37,81
Q9UPN3	Microtubule-actin cross-linking factor 1, isoforms 1/2/3/5 OS=Homo sapiens GN=MACF1 PE=1 SV=4 - [MACF1_HUMAN]	37,10
Q6N030	Uncharacterized protein OS=Homo sapiens GN=DKFZp686I15212 PE=1 SV=1 - [Q6N030_HUMAN]	36,94
Q92954	Proteoglycan 4 OS=Homo sapiens GN=PRG4 PE=1 SV=2 - [PRG4_HUMAN]	36,56
A0A1B0GVP4	Ligand-dependent nuclear receptor corepressor-like protein OS=Homo sapiens GN=LCORL PE=1 SV=1 - [A0A1B0GVP4_HUMAN]	36,48
F8W9J4	Dystonin OS=Homo sapiens GN=DST PE=1 SV=1 - [F8W9J4_HUMAN]	35,91
Q8TDL5	BPI fold-containing family B member 1 OS=Homo sapiens GN=BP1FB1 PE=1 SV=1 - [BP1FB1_HUMAN]	35,84
Q9ULI3	Protein HEG homolog 1 OS=Homo sapiens GN=HEG1 PE=1 SV=3 - [HEG1_HUMAN]	35,60
Q2F831	Tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan 5-monooxygenase activation protein zeta (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q2F831_HUMAN]	33,83
A0A0S2Z559	V-raf-1 murine leukemia viral oncogene-like protein 1 isoform 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=RAF1 PE=2 SV=1 - [A0A0S2Z559_HUMAN]	33,79
B4E223	cDNA FLJ52075, moderately similar to Mus musculus SPT2, Suppressor of Ty, domain containing 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E223_HUMAN]	33,47
Q5SYE7	NHS-like protein 1 OS=Homo sapiens GN=NHSL1 PE=1 SV=2 - [NHSL1_HUMAN]	33,35
B5BU38	Annexin OS=Homo sapiens GN=ANXA1 PE=2 SV=1 - [B5BU38_HUMAN]	33,30
B2RWP0	Signal-induced proliferation-associated 1 like 3 OS=Homo sapiens GN=SIPA1L3 PE=2 SV=1 - [B2RWP0_HUMAN]	33,18
P06733	Alpha-enolase OS=Homo sapiens GN=ENO1 PE=1 SV=2 - [ENO1_HUMAN]	32,57
I0B0K8	Truncated profilaggrin OS=Homo sapiens GN=FLG PE=4 SV=1 - [I0B0K8_HUMAN]	32,41
Q9H799	Protein JBTS17 OS=Homo sapiens GN=C5orf42 PE=1 SV=4 - [CE042_HUMAN]	32,35
C9JEV0	Zinc-alpha-2-glycoprotein OS=Homo sapiens GN=AZGP1 PE=1 SV=1 - [C9JEV0_HUMAN]	32,16
A0A1U9X7M7	DPCR1 OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [A0A1U9X7M7_HUMAN]	32,07
E9PAV3	Nascent polypeptide-associated complex subunit alpha, muscle-specific form OS=Homo sapiens GN=NACA PE=1 SV=1 - [NACAM_HUMAN]	32,01
Q17RV3	Leucine-rich repeat kinase 2 OS=Homo sapiens GN=LRRK2 PE=2 SV=1 - [Q17RV3_HUMAN]	31,96
B3KWI5	cDNA FLJ43124 fis, clone CTONG3004072, highly similar to Protein EMSY OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KWI5_HUMAN]	31,88
O75592	E3 ubiquitin-protein ligase MYCBP2 OS=Homo sapiens GN=MYCBP2 PE=1 SV=3 - [MYCB2_HUMAN]	31,49
B3KNL1	cDNA FLJ14826 fis, clone OVARC1000850, highly similar to Large neutral amino acids transporter small subunit 3 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KNL1_HUMAN]	31,19
Q4FZB7	Histone-lysine N-methyltransferase KMT5B OS=Homo sapiens GN=KMT5B PE=1 SV=4 - [KMT5B_HUMAN]	31,02
Q8TE73	Dynein heavy chain 5, axonemal OS=Homo sapiens GN=DNAH5 PE=1 SV=3 - [DYH5_HUMAN]	30,68
C9JG08	Uncharacterized protein C2orf16 OS=Homo sapiens GN=C2orf16 PE=1 SV=2 - [C9JG08_HUMAN]	30,65
D6W632	Protein tyrosine phosphatase, receptor type, S, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=PTPRS PE=4 SV=1 - [D6W632_HUMAN]	30,49

E9PPJ1	Kinetochore scaffold 1 OS=Homo sapiens GN=KNL1 PE=1 SV=2 - [E9PPJ1_HUMAN]	29,68
Q9C0F0	Putative Polycomb group protein ASXL3 OS=Homo sapiens GN=ASXL3 PE=2 SV=3 - [ASXL3_HUMAN]	29,60
F4MHHS	Ubiquitously transcribed tetratricopeptide repeat protein Y-linked transcript variant 189 OS=Homo sapiens GN=UTY PE=2 SV=2 - [F4MHHS_HUMAN]	29,40
E1U1M9	Ubiquitously transcribed tetratricopeptide repeat protein Y-linked transcript variant 68 OS=Homo sapiens GN=UTY PE=2 SV=1 - [E1U1M9_HUMAN]	29,37
F8VVT9	Arf-GAP with GTPase, ANK repeat and PH domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=AGAP2 PE=1 SV=1 - [F8VVT9_HUMAN]	28,73
O15265	Ataxin-7 OS=Homo sapiens GN=ATXN7 PE=1 SV=1 - [ATX7_HUMAN]	28,44
O43166	Signal-induced proliferation-associated 1-like protein 1 OS=Homo sapiens GN=SIPA1L1 PE=1 SV=4 - [SI1L1_HUMAN]	27,89
A2KBC0	Anti-(ED-B) scFV (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A2KBC0_HUMAN]	27,78
B4E1T1	cDNA FLJ54081, highly similar to Keratin, type II cytoskeletal 5 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E1T1_HUMAN]	27,51
Q8N126	Cell adhesion molecule 3 OS=Homo sapiens GN=CADM3 PE=1 SV=1 - [CADM3_HUMAN]	27,51
Q9NSI6	Bromodomain and WD repeat-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=BRWD1 PE=1 SV=4 - [BRWD1_HUMAN]	27,04
A0A0U1RRC7	Serine/threonine-protein kinase/endoribonuclease IRE2 OS=Homo sapiens GN=ERN2 PE=1 SV=1 - [A0A0U1RRC7_HUMAN]	27,01
Q9UQ35	Serine/arginine repetitive matrix protein 2 OS=Homo sapiens GN=SRRM2 PE=1 SV=2 - [SRRM2_HUMAN]	26,94
B1W6B2	NADH-ubiquinone oxidoreductase chain 5 OS=Homo sapiens GN=NADH5 PE=3 SV=1 - [B1W6B2_HUMAN]	26,85
Q6AI59	Putative uncharacterized protein DKFZp781H0795 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DKFZp781H0795 PE=2 SV=1 - [Q6AI59_HUMAN]	26,57
Q96S21	Ras-related protein Rab-40C OS=Homo sapiens GN=RAB40C PE=1 SV=1 - [RB40C_HUMAN]	26,54
A0A0X1KG73	Ryanodine receptor 3 OS=Homo sapiens GN=RYP3 PE=1 SV=1 - [A0A0X1KG73_HUMAN]	26,42
Q14126	Desmoglein-2 OS=Homo sapiens GN=DSG2 PE=1 SV=2 - [DSG2_HUMAN]	26,38
Q53TS1	Putative uncharacterized protein BCL11A (Fragment) OS=Homo sapiens GN=BCL11A PE=4 SV=1 - [Q53TS1_HUMAN]	26,28
J3KNQ2	Fibronectin type III domain-containing protein 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=FNDC1 PE=1 SV=1 - [J3KNQ2_HUMAN]	26,16
P01023	Alpha-2-macroglobulin OS=Homo sapiens GN=A2M PE=1 SV=3 - [A2MG_HUMAN]	26,12
Q8IZF0	Sodium leak channel non-selective protein OS=Homo sapiens GN=NALCN PE=1 SV=1 - [NALCN_HUMAN]	26,11
A2VDJ0	Transmembrane protein 131-like OS=Homo sapiens GN=KIAA0922 PE=1 SV=2 - [T131L_HUMAN]	25,93
Q96Q06	Perilipin-4 OS=Homo sapiens GN=PLIN4 PE=1 SV=2 - [PLIN4_HUMAN]	25,71
HOYAH0	Protocadherin-7 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PCDH7 PE=1 SV=1 - [HOYAH0_HUMAN]	25,61
E9PBB9	C-Jun-amino-terminal kinase-interacting protein 1 OS=Homo sapiens GN=MAPK8IP1 PE=1 SV=1 - [E9PBB9_HUMAN]	25,51
Q14CN4	Keratin, type II cytoskeletal 72 OS=Homo sapiens GN=KRT72 PE=1 SV=2 - [K2C72_HUMAN]	25,41
Q8IXT1	DNA damage-induced apoptosis suppressor protein OS=Homo sapiens GN=DDIAS PE=2 SV=2 - [DDIAS_HUMAN]	24,86
A0A0C4DG40	Nesprin-1 OS=Homo sapiens GN=SYNE1 PE=1 SV=1 - [A0A0C4DG40_HUMAN]	24,80
F5GXF5	Nucleosome-remodeling factor subunit BPTF (Fragment) OS=Homo sapiens GN=BPTF PE=1 SV=2 - [F5GXF5_HUMAN]	24,79
P35908	Keratin, type II cytoskeletal 2 epidermal OS=Homo sapiens GN=KRT2 PE=1 SV=2 - [K22E_HUMAN]	24,62
P78333	Glypican-5 OS=Homo sapiens GN=GPC5 PE=2 SV=1 - [GPC5_HUMAN]	24,59
HOYEG8	Nucleobindin-2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=NUCB2 PE=1 SV=2 - [HOYEG8_HUMAN]	24,56
Q59FL8	Receptor protein-tyrosine kinase (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59FL8_HUMAN]	24,45
A0A1U9XBC3	MDC1 OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [A0A1U9XBC3_HUMAN]	24,40
O94827	Pleckstrin homology domain-containing family G member 5 OS=Homo sapiens GN=PLEKHG5 PE=1 SV=3 - [PKHG5_HUMAN]	24,07
Q6UB99	Ankyrin repeat domain-containing protein 11 OS=Homo sapiens GN=ANKRD11 PE=1 SV=3 - [ANR11_HUMAN]	23,75
C9J7T7	Nuclear receptor corepressor 2 OS=Homo sapiens GN=NCOR2 PE=1 SV=3 - [C9J7T7_HUMAN]	23,64
F4MH59	Ubiquitously transcribed tetratricopeptide repeat protein Y-linked transcript variant 8 OS=Homo sapiens GN=UTY PE=2 SV=1 - [F4MH59_HUMAN]	23,58
Q6ZS56	cDNA FLJ45819 fis, clone NT2RP8001363, highly similar to Mus musculus signal peptide, CUB domain, EGF-like 1 (Scube1) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q6ZS56_HUMAN]	23,53
F5H212	Zinc finger protein 40 OS=Homo sapiens GN=HIVEP1 PE=1 SV=2 - [F5H212_HUMAN]	23,22
B2R4M6	Protein S100 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2R4M6_HUMAN]	23,20
D3YTG3	Target of Nesh-SH3 OS=Homo sapiens GN=ABI3BP PE=1 SV=1 - [D3YTG3_HUMAN]	23,05
B4DZG6	cDNA FLJ53254, highly similar to Nucleoporin NDC1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DZG6_HUMAN]	22,89
Q59EL7	Sulfotransferase (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59EL7_HUMAN]	22,73
Q5CZC0	Fibrous sheath-interacting protein 2 OS=Homo sapiens GN=FSIP2 PE=2 SV=4 - [FSIP2_HUMAN]	22,52
Q5HY54	Filamin-A OS=Homo sapiens GN=FLNA PE=1 SV=1 - [Q5HY54_HUMAN]	22,49
HOYN99	Pseudopodium-enriched atypical kinase 1 OS=Homo sapiens GN=PEAK1 PE=1 SV=1 - [HOYN99_HUMAN]	22,06
B4DSK7	Mediator of RNA polymerase II transcription subunit 1 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DSK7_HUMAN]	21,92
Q7Z333	Probable helicase senataxin OS=Homo sapiens GN=SETX PE=1 SV=4 - [SETX_HUMAN]	21,75
Q8IVE3	Pleckstrin homology domain-containing family H member 2 OS=Homo sapiens GN=PLEKHH2 PE=1 SV=2 - [PKHH2_HUMAN]	21,56
A0A024RBS1	GCN1 general control of amino-acid synthesis 1-like 1 (Yeast), isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=GCN1L1 PE=4 SV=1 - [A0A024RBS1_HUMAN]	21,44
Q9BRL5	CALM3 protein OS=Homo sapiens PE=1 SV=1 - [Q9BRL5_HUMAN]	21,43
A0A0A0MST8	Anion exchange protein OS=Homo sapiens GN=SLC4A7 PE=1 SV=1 - [A0A0A0MST8_HUMAN]	21,19
Q96Q15	Serine/threonine-protein kinase SMG1 OS=Homo sapiens GN=SMG1 PE=1 SV=3 - [SMG1_HUMAN]	21,18
Q8WXG9	G-protein coupled receptor 98 OS=Homo sapiens GN=GPR98 PE=1 SV=2 - [GPR98_HUMAN]	21,10
Q5T4S7	E3 ubiquitin-protein ligase UBR4 OS=Homo sapiens GN=UBR4 PE=1 SV=1 - [UBR4_HUMAN]	21,07
E7EPM4	Mucin-17 OS=Homo sapiens GN=MUC17 PE=1 SV=1 - [E7EPM4_HUMAN]	21,04
Q59FH1	Transformation/transcription domain-associated protein variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59FH1_HUMAN]	20,94
Q9NXV6	CDKN2A-interacting protein OS=Homo sapiens GN=CDKN2AIP PE=1 SV=3 - [CARF_HUMAN]	20,75
Q13428	Treacle protein OS=Homo sapiens GN=TCOF1 PE=1 SV=3 - [TCOF_HUMAN]	20,68
Q9C0G6	Dynein heavy chain 6, axonemal OS=Homo sapiens GN=DNAH6 PE=2 SV=3 - [DYH6_HUMAN]	20,67

P46013	Proliferation marker protein Ki-67 OS=Homo sapiens GN=MKI67 PE=1 SV=2 - [KI67_HUMAN]	20,60
Q9UKN1	Mucin-12 OS=Homo sapiens GN=MUC12 PE=1 SV=2 - [MUC12_HUMAN]	20,47
Q9UIF8	Bromodomain adjacent to zinc finger domain protein 2B OS=Homo sapiens GN=BAZ2B PE=1 SV=3 - [BAZ2B_HUMAN]	20,39
Q6ZRK5	cDNA FLJ46283 fis, clone TEST14031173 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q6ZRK5_HUMAN]	20,14
Q5SYB0	FERM and PDZ domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=FRMPD1 PE=1 SV=1 - [FRPD1_HUMAN]	20,09
P98161	Polycystin-1 OS=Homo sapiens GN=PKD1 PE=1 SV=3 - [PKD1_HUMAN]	20,00
A0A1L1ZCD7	NADH-ubiquinone oxidoreductase chain 5 OS=Homo sapiens GN=ND5 PE=3 SV=1 - [A0A1L1ZCD7_HUMAN]	19,97
Q99698	Lysosomal-traffic regulator OS=Homo sapiens GN=LYST PE=1 SV=3 - [LYST_HUMAN]	19,92
Q9P2P6	STAR-related lipid transfer protein 9 OS=Homo sapiens GN=STAR9 PE=1 SV=3 - [STAR9_HUMAN]	19,92
A4PB67	YY1AP-related protein1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A4PB67_HUMAN]	19,90
Q68DQ2	Very large A-kinase anchor protein OS=Homo sapiens GN=CRYBG3 PE=1 SV=3 - [CRBG3_HUMAN]	19,90
A8K930	cDNA FLJ75500, highly similar to Homo sapiens EH domain binding protein 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K930_HUMAN]	19,73
Q8IZF6	Adhesion G-protein coupled receptor G4 OS=Homo sapiens GN=ADGRG4 PE=2 SV=2 - [AGRG4_HUMAN]	19,62
B4DL87	cDNA FLJ52243, highly similar to Heat-shock protein beta-1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DL87_HUMAN]	19,49
H0YCG0	Protein scribble homolog (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SCRIB PE=1 SV=1 - [H0YCG0_HUMAN]	19,44
Q9NR48	Histone-lysine N-methyltransferase ASH1L OS=Homo sapiens GN=ASH1L PE=1 SV=2 - [ASH1L_HUMAN]	19,43
A6H8X9	Centrosomal protein 170kDa OS=Homo sapiens GN=CEP170 PE=2 SV=1 - [A6H8X9_HUMAN]	19,34
B2RWP5	Histone-lysine N-methyltransferase OS=Homo sapiens GN=NSD1 PE=2 SV=1 - [B2RWP5_HUMAN]	19,21
A0A0K1P7S2	Usher syndrome 2A OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [A0A0K1P7S2_HUMAN]	19,18
B2RMV2	CYTSA protein OS=Homo sapiens GN=CYTSA PE=2 SV=1 - [B2RMV2_HUMAN]	19,16
Q6ZR19	Receptor-type tyrosine-protein phosphatase beta (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PTPRB PE=1 SV=1 - [Q6ZR19_HUMAN]	19,07
P56715	Oxygen-regulated protein 1 OS=Homo sapiens GN=RP1 PE=1 SV=1 - [RP1_HUMAN]	19,04
B7Z5R7	cDNA FLJ61355, highly similar to CLIP-associating protein 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z5R7_HUMAN]	19,00
Q8NBH6	Fibulin-1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8NBH6_HUMAN]	18,93
A0A0A0MQV9	Histone-lysine N-methyltransferase SETD1B OS=Homo sapiens GN=SETD1B PE=1 SV=1 - [A0A0A0MQV9_HUMAN]	18,91
B4DDL2	Component of oligomeric golgi complex 4, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=COG4 PE=2 SV=1 - [B4DDL2_HUMAN]	18,90
B4DUL7	cDNA FLJ58283, highly similar to Mus musculus leiomodion 2 (cardiac) (Lmod2), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DUL7_HUMAN]	18,79
E7EVA0	Microtubule-associated protein OS=Homo sapiens GN=MAP4 PE=1 SV=1 - [E7EVA0_HUMAN]	18,27
Q709C8	Vacuolar protein sorting-associated protein 13C OS=Homo sapiens GN=VPS13C PE=1 SV=1 - [VP13C_HUMAN]	18,26
A0A087X1N7	Nebulin OS=Homo sapiens GN=NEB PE=1 SV=1 - [A0A087X1N7_HUMAN]	18,24
F5GYN0	Protein FAM186A OS=Homo sapiens GN=FAM186A PE=1 SV=1 - [F5GYN0_HUMAN]	18,13
Q02413	Desmoglein-1 OS=Homo sapiens GN=DSG1 PE=1 SV=2 - [DSG1_HUMAN]	18,01
A0A087WYC6	Dynein heavy chain 11, axonemal OS=Homo sapiens GN=DNAH11 PE=4 SV=1 - [A0A087WYC6_HUMAN]	18,00
Q6UB98	Ankyrin repeat domain-containing protein 12 OS=Homo sapiens GN=ANKRD12 PE=1 SV=3 - [ANR12_HUMAN]	17,99
Q02505	Mucin-3A OS=Homo sapiens GN=MUC3A PE=1 SV=3 - [MUC3A_HUMAN]	17,79
Q9NTB5	Putative uncharacterized protein DKFZp434M102 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DKFZp434M102 PE=2 SV=2 - [Q9NTB5_HUMAN]	17,78
P27482	Calmodulin-like protein 3 OS=Homo sapiens GN=CALML3 PE=1 SV=2 - [CALL3_HUMAN]	17,76
P25391	Laminin subunit alpha-1 OS=Homo sapiens GN=LAMA1 PE=1 SV=2 - [LAMA1_HUMAN]	17,75
A0A087WV61	Regulator of G-protein-signaling 22 OS=Homo sapiens GN=RGS22 PE=1 SV=1 - [A0A087WV61_HUMAN]	17,67
A6NGQ3	Obscurin OS=Homo sapiens GN=OBSCN PE=1 SV=5 - [A6NGQ3_HUMAN]	17,50
Q81YW4	ENTH domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=ENTHD1 PE=2 SV=1 - [ENTD1_HUMAN]	17,50
Q9UF83	Uncharacterized protein DKFZp434B061 OS=Homo sapiens PE=2 SV=2 - [YM012_HUMAN]	17,46
A8K0I8	cDNA FLJ76207, highly similar to Homo sapiens delta-notch-like EGF repeat-containing transmembrane (DNER), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K0I8_HUMAN]	17,43
Q684P5	Rap1 GTPase-activating protein 2 OS=Homo sapiens GN=RAP1GAP2 PE=1 SV=2 - [RPGP2_HUMAN]	17,39
J3QT34	Microtubule-associated serine/threonine-protein kinase 4 OS=Homo sapiens GN=MAST4 PE=1 SV=1 - [J3QT34_HUMAN]	17,25
B9EGE6	DFNB31 protein OS=Homo sapiens GN=DFNB31 PE=2 SV=1 - [B9EGE6_HUMAN]	17,25
H6VRG2	Keratin 1 OS=Homo sapiens GN=KRT1 PE=3 SV=1 - [H6VRG2_HUMAN]	17,10
B4DTC8	cDNA FLJ57432, highly similar to Endoglin OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DTC8_HUMAN]	17,07
A0A087WWM5	Roundabout homolog 2 OS=Homo sapiens GN=ROBO2 PE=1 SV=1 - [A0A087WWM5_HUMAN]	17,07
E5RH37	Zinc finger protein ZFAT OS=Homo sapiens GN=ZFAT PE=1 SV=1 - [E5RH37_HUMAN]	17,01
Q86YZ3	Hornerin OS=Homo sapiens GN=HRNR PE=1 SV=2 - [HORN_HUMAN]	17,00
Q0VDD8	Dynein heavy chain 14, axonemal OS=Homo sapiens GN=DNAH14 PE=2 SV=3 - [DYH14_HUMAN]	16,95
A0A0S2Z4F2	TEA domain family member 4 isoform 2 OS=Homo sapiens GN=TEAD4 PE=2 SV=1 - [A0A0S2Z4F2_HUMAN]	16,93
A0A024R952	Plakophilin 1 (Ectodermal dysplasia/skin fragility syndrome), isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=PKP1 PE=4 SV=1 - [A0A024R952_HUMAN]	16,93
A0A0A0MS59	Helicase SRCAP OS=Homo sapiens GN=SRCAP PE=1 SV=1 - [A0A0A0MS59_HUMAN]	16,92
B7Z3K0	cDNA FLJ51645, highly similar to Serine/threonine-protein kinase P>AK 1 (EC 2.7.11.1) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z3K0_HUMAN]	16,91
Q5D862	Filaggrin-2 OS=Homo sapiens GN=FLG2 PE=1 SV=1 - [FILA2_HUMAN]	16,87
B4DKZ7	cDNA FLJ55704, highly similar to Transcriptional repressor p66 alpha OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DKZ7_HUMAN]	16,82
Q92538	Golgi-specific brefeldin A-resistance guanine nucleotide exchange factor 1 OS=Homo sapiens GN=GBF1 PE=1 SV=2 - [GBF1_HUMAN]	16,77
E9PFF2	Transketolase OS=Homo sapiens GN=TKT PE=1 SV=1 - [E9PFF2_HUMAN]	16,76
Q96HA1	Nuclear envelope pore membrane protein POM 121 OS=Homo sapiens GN=POM121 PE=1 SV=2 - [P121A_HUMAN]	16,72
A0A087WYX8	FERM and PDZ domain-containing protein 4 OS=Homo sapiens GN=FRMPD4 PE=1 SV=1 - [A0A087WYX8_HUMAN]	16,71
J3KPQ4	Rho GTPase activating protein 9, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=ARHGAP9 PE=1 SV=1 - [J3KPQ4_HUMAN]	16,69
B4DZC9	cDNA FLJ61681, highly similar to STE20-like serine/threonine-protein kinase (EC2.7.11.1) (Fragment) OS=Homo	16,58

	sapiens PE=2 SV=1 - [B4DZC9_HUMAN]	
Q96L96	Alpha-protein kinase 3 OS=Homo sapiens GN=ALPK3 PE=2 SV=2 - [ALPK3_HUMAN]	16,57
Q8NDH2	Coiled-coil domain-containing protein 168 OS=Homo sapiens GN=CCDC168 PE=2 SV=2 - [CC168_HUMAN]	16,53
Q5HYC2	Uncharacterized protein KIAA2026 OS=Homo sapiens GN=KIAA2026 PE=2 SV=2 - [K2026_HUMAN]	16,48
Q92574	Hamartin OS=Homo sapiens GN=TSC1 PE=1 SV=2 - [TSC1_HUMAN]	16,45
Q6P4R8	Nuclear factor related to kappa-B-binding protein OS=Homo sapiens GN=NFRKB PE=1 SV=2 - [NFRKB_HUMAN]	16,44
A0A0G2JK44	Bromodomain-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=BRD2 PE=1 SV=1 - [A0A0G2JK44_HUMAN]	16,44
D6RIA3	Uncharacterized protein OS=Homo sapiens GN=LOC285556 PE=1 SV=1 - [D6RIA3_HUMAN]	16,42
A0A0C4DFX2	Protein furry homolog OS=Homo sapiens GN=FRY PE=1 SV=1 - [A0A0C4DFX2_HUMAN]	16,35
O60469	Down syndrome cell adhesion molecule OS=Homo sapiens GN=DSCAM PE=1 SV=2 - [DSCAM_HUMAN]	16,31
K7EP24	FH1/FH2 domain-containing protein 3 OS=Homo sapiens GN=FHOD3 PE=1 SV=1 - [K7EP24_HUMAN]	16,31
F8J2B5	LIM domain only 7 protein OS=Homo sapiens GN=LMO7 PE=2 SV=1 - [F8J2B5_HUMAN]	16,30
Q5THJ4	Vacuolar protein sorting-associated protein 13D OS=Homo sapiens GN=VPS13D PE=1 SV=2 - [VPS13D_HUMAN]	16,28
B9EK47	HEAT repeat containing 5B OS=Homo sapiens GN=HEATR5B PE=2 SV=1 - [B9EK47_HUMAN]	16,26
A0A024QZH6	Serine arginine-rich pre-mRNA splicing factor SR-A1, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=SR-A1 PE=4 SV=1 - [A0A024QZH6_HUMAN]	16,22
Q95996	Adenomatous polyposis coli protein 2 OS=Homo sapiens GN=APC2 PE=1 SV=1 - [APCL_HUMAN]	16,20
B7Z2B6	Adenomatous polyposis coli protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=APC PE=1 SV=1 - [B7Z2B6_HUMAN]	16,20
B4E1M1	cDNA FLJ60391, highly similar to Lactoperoxidase (EC 1.11.1.7) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E1M1_HUMAN]	16,17
B2RA91	cDNA, FLJ94773, highly similar to Homo sapiens splicing factor, arginine/serine-rich 2, interacting protein (SFRS2IP), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2RA91_HUMAN]	16,17
A0A087WV90	Dystrophin OS=Homo sapiens GN=DMD PE=1 SV=1 - [A0A087WV90_HUMAN]	16,00
Q9BWF0	RGL2 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=RGL2 PE=2 SV=1 - [Q9BWF0_HUMAN]	15,90
Q9NQJ5	Serine/threonine-protein kinase PAK 6 OS=Homo sapiens GN=PAK6 PE=1 SV=1 - [PAK6_HUMAN]	15,90
A8K5D9	cDNA FLJ77424, highly similar to Homo sapiens anillin, actin binding protein (scraps homolog, Drosophila), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K5D9_HUMAN]	15,89
A0A1B0GV45	Unconventional myosin-XVIIa (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MYO18A PE=1 SV=1 - [A0A1B0GV45_HUMAN]	15,89
A8K0G4	cDNA FLJ77683, highly similar to Homo sapiens SET domain containing 5, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K0G4_HUMAN]	15,87
A0A0D9SG23	Methyl-CpG-binding domain protein 5 OS=Homo sapiens GN=MBD5 PE=1 SV=1 - [A0A0D9SG23_HUMAN]	15,75
B5MCN7	Nuclear receptor coactivator 1 OS=Homo sapiens GN=NCOA1 PE=1 SV=1 - [B5MCN7_HUMAN]	15,72
A0A024RAM4	Microtubule-associated protein 1B, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=MAP1B PE=4 SV=1 - [A0A024RAM4_HUMAN]	15,71
Q4G0Z0	LOC100170229 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=LOC100170229 PE=2 SV=1 - [Q4G0Z0_HUMAN]	15,71
B4E392	cDNA FLJ52602, highly similar to Pinin OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E392_HUMAN]	15,67
A0A087WU78	Nance-Horan syndrome protein OS=Homo sapiens GN=NHS PE=1 SV=1 - [A0A087WU78_HUMAN]	15,59
Q5TAX3	Terminal uridylyltransferase 4 OS=Homo sapiens GN=ZCCHC11 PE=1 SV=3 - [TUT4_HUMAN]	15,50
A0A024R8K8	Helicase with zinc finger, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=HELZ PE=4 SV=1 - [A0A024R8K8_HUMAN]	15,45
O15018	PDZ domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=PDZD2 PE=1 SV=4 - [PDZD2_HUMAN]	15,42
C7FEN9	Zinc finger protein Evi1 OS=Homo sapiens GN=EVI1 PE=2 SV=1 - [C7FEN9_HUMAN]	15,31
A1YBP1	Breast and ovarian cancer susceptibility protein 2 truncated variant OS=Homo sapiens GN=BRCA2 PE=2 SV=1 - [A1YBP1_HUMAN]	15,31
A8K5I6	cDNA FLJ78643, highly similar to Homo sapiens cornulin (CRNN), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K5I6_HUMAN]	15,27
Q96N67	Dedicator of cytokinesis protein 7 OS=Homo sapiens GN=DOCK7 PE=1 SV=4 - [DOCK7_HUMAN]	15,27
B7Z4M3	Adenylyl cyclase-associated protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z4M3_HUMAN]	15,18
B8XCX8	EPC1/ASXL2b fusion protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B8XCX8_HUMAN]	15,14
A0A087WW76	Rho GTPase-activating protein 21 OS=Homo sapiens GN=ARHGAP21 PE=1 SV=1 - [A0A087WW76_HUMAN]	15,12
Q9H6B1	Zinc finger protein 385D OS=Homo sapiens GN=ZNF385D PE=2 SV=1 - [Z385D_HUMAN]	15,05
A0A087X208	Agrin OS=Homo sapiens GN=AGRN PE=1 SV=1 - [A0A087X208_HUMAN]	15,04
A0A087X165	SRC kinase-signaling inhibitor 1 OS=Homo sapiens GN=SRCIN1 PE=1 SV=1 - [A0A087X165_HUMAN]	14,99
Q68DE3	Basic helix-loop-helix domain-containing protein USF3 OS=Homo sapiens GN=USF3 PE=1 SV=3 - [USF3_HUMAN]	14,89
Q92545	Transmembrane protein 131 OS=Homo sapiens GN=TMEM131 PE=1 SV=3 - [TM131_HUMAN]	14,84
H9KV90	SH3 and multiple ankyrin repeat domains protein 1 OS=Homo sapiens GN=SHANK1 PE=1 SV=1 - [H9KV90_HUMAN]	14,83
Q7Z401	C-myc promoter-binding protein OS=Homo sapiens GN=DENND4A PE=1 SV=2 - [MYCPP_HUMAN]	14,78
B4DM04	cDNA FLJ53394, highly similar to Zinc finger protein 281 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DM04_HUMAN]	14,74
B4DRV9	cDNA FLJ58855, highly similar to Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (EC 1.2.1.12) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DRV9_HUMAN]	14,69
Q9P2F8	Signal-induced proliferation-associated 1-like protein 2 OS=Homo sapiens GN=SIPA1L2 PE=1 SV=2 - [SI1L2_HUMAN]	14,67
Q96JG9	Zinc finger protein 469 OS=Homo sapiens GN=ZNF469 PE=2 SV=3 - [ZN469_HUMAN]	14,61
G3V5X4	Nesprin-2 OS=Homo sapiens GN=SYNE2 PE=1 SV=1 - [G3V5X4_HUMAN]	14,59
Q5VZL5	Zinc finger MYM-type protein 4 OS=Homo sapiens GN=ZMYM4 PE=1 SV=1 - [ZMYM4_HUMAN]	14,58
B4DTX1	cDNA FLJ53196, highly similar to SAM and SH3 domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DTX1_HUMAN]	14,57
Q59EG0	Basement membrane-specific heparan sulfate proteoglycan core protein variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59EG0_HUMAN]	14,55
H0Y7V4	Dynein heavy chain 8, axonemal OS=Homo sapiens GN=DNAH8 PE=1 SV=1 - [H0Y7V4_HUMAN]	14,52
A0A024R7F2	Peroxisomal protein 2, isoform CRA_d OS=Homo sapiens GN=PRDX2 PE=4 SV=1 - [A0A024R7F2_HUMAN]	14,47
H0YM23	Ankyrin repeat domain-containing protein 17 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ANKRD17 PE=1 SV=1 - [H0YM23_HUMAN]	14,39
A5YKK5	KIAA0232 OS=Homo sapiens GN=KIAA0232 PE=2 SV=1 - [A5YKK5_HUMAN]	14,35
B4DGV1	cDNA FLJ61589 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DGV1_HUMAN]	14,31
H3BLT2	WD repeat- and FYVE domain-containing protein 4 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=WDFY4 PE=1 SV=1 - [H3BLT2_HUMAN]	14,20
B4DQI5	cDNA FLJ52686, highly similar to Homo sapiens LysM, peptidoglycan-binding, domain containing 1 (LYSMD1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DQI5_HUMAN]	14,14
Q5T1H1	Protein eyes shut homolog OS=Homo sapiens GN=EYS PE=1 SV=5 - [EYS_HUMAN]	14,13

Q5T9C2	Protein FAM102A OS=Homo sapiens GN=FAM102A PE=1 SV=2 - [F102A_HUMAN]	14,01
K7ER84	Podocan-like protein 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PODNL1 PE=1 SV=1 - [K7ER84_HUMAN]	13,94
Q4VCS5	Angiomotin OS=Homo sapiens GN=AMOT PE=1 SV=1 - [AMOT_HUMAN]	13,93
Q17R98	Zinc finger protein 827 OS=Homo sapiens GN=ZNF827 PE=1 SV=1 - [ZN827_HUMAN]	13,86
B3KMZ6	cDNA FLJ13058 fis, clone NT2RP3001587, highly similar to Ubiquitin-like 1-activating enzyme E1B OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KMZ6_HUMAN]	13,83
D3DTP5	HCG42028, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=hCG_42028 PE=4 SV=1 - [D3DTP5_HUMAN]	13,82
Q8N1T3	Unconventional myosin-Ih OS=Homo sapiens GN=MYO1H PE=1 SV=2 - [MYO1H_HUMAN]	13,81
O43419	Intestinal mucin (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MUC3 PE=2 SV=1 - [O43419_HUMAN]	13,79
A0A0A0MQT4	DDB1- and CUL4-associated factor 10 OS=Homo sapiens GN=DCAF10 PE=1 SV=1 - [A0A0A0MQT4_HUMAN]	13,79
O60307	Microtubule-associated serine/threonine-protein kinase 3 OS=Homo sapiens GN=MAST3 PE=1 SV=2 - [MAST3_HUMAN]	13,78
Q9NZJ4	Sacsin OS=Homo sapiens GN=SACS PE=1 SV=2 - [SACS_HUMAN]	13,78
Q0JRZ9	F-BAR domain only protein 2 OS=Homo sapiens GN=FCHO2 PE=1 SV=2 - [FCHO2_HUMAN]	13,76
A6NGG8	Uncharacterized protein C2orf71 OS=Homo sapiens GN=C2orf71 PE=1 SV=1 - [CB071_HUMAN]	13,76
F8W696	Apolipoprotein A-I OS=Homo sapiens GN=APOA1 PE=1 SV=1 - [F8W696_HUMAN]	13,72
HOYDT0	RalBP1-associated Eps domain-containing protein 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=REPS1 PE=1 SV=1 - [HOYDT0_HUMAN]	13,71
A0A024R6M2	KIAA2010, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=KIAA2010 PE=4 SV=1 - [A0A024R6M2_HUMAN]	13,68
Q14395	Mucin (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q14395_HUMAN]	13,67
O43283	Mitogen-activated protein kinase kinase kinase 13 OS=Homo sapiens GN=MAP3K13 PE=1 SV=1 - [M3K13_HUMAN]	13,61
M0QZD8	Uncharacterized protein OS=Homo sapiens GN=LOC400499 PE=4 SV=2 - [M0QZD8_HUMAN]	13,53
B3KXG5	cDNA FLJ45375 fis, clone BRHIP3019824 OS=Homo sapiens GN=TTTC28 PE=2 SV=1 - [B3KXG5_HUMAN]	13,53
C9JFF0	Kinesin-like protein KIF26A OS=Homo sapiens GN=KIF26A PE=1 SV=1 - [C9JFF0_HUMAN]	13,51
A0A087WV69	Period circadian protein homolog 3 OS=Homo sapiens GN=PER3 PE=1 SV=1 - [A0A087WV69_HUMAN]	13,51
A0A087WW06	Tetratricopeptide repeat protein 28 OS=Homo sapiens GN=TTTC28 PE=1 SV=1 - [A0A087WW06_HUMAN]	13,48
Q86XX4	Extracellular matrix protein FRAS1 OS=Homo sapiens GN=FRAS1 PE=1 SV=2 - [FRAS1_HUMAN]	13,45
H7BXG6	Zinc finger protein 541 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ZNF541 PE=4 SV=1 - [H7BXG6_HUMAN]	13,45
A0A1B0GV47	Kinesin-like protein KIF21A (Fragment) OS=Homo sapiens GN=KIF21A PE=1 SV=1 - [A0A1B0GV47_HUMAN]	13,45
P42858	Huntingtin OS=Homo sapiens GN=HTT PE=1 SV=2 - [HD_HUMAN]	13,42
Q9NTG1	Polycystic kidney disease and receptor for egg jelly-related protein OS=Homo sapiens GN=PKDREJ PE=2 SV=2 - [PKDRE_HUMAN]	13,40
F5GX59	Zonadhesin OS=Homo sapiens GN=ZAN PE=4 SV=2 - [F5GX59_HUMAN]	13,34
A0A1W2PNZ9	Probable JmjC domain-containing histone demethylation protein 2C OS=Homo sapiens GN=JMJD1C PE=4 SV=1 - [A0A1W2PNZ9_HUMAN]	13,32
Q9Y2H9	Microtubule-associated serine/threonine-protein kinase 1 OS=Homo sapiens GN=MAST1 PE=1 SV=2 - [MAST1_HUMAN]	13,30
Q14432	cGMP-inhibited 3',5'-cyclic phosphodiesterase A OS=Homo sapiens GN=PDE3A PE=1 SV=3 - [PDE3A_HUMAN]	13,30
Q96T58	Msx2-interacting protein OS=Homo sapiens GN=SPEN PE=1 SV=1 - [MINT_HUMAN]	13,25
Q723C4	Putative uncharacterized protein DKFZp686J0330 OS=Homo sapiens GN=DKFZp686J0330 PE=2 SV=1 - [Q723C4_HUMAN]	13,24
Q92766	Ras-responsive element-binding protein 1 OS=Homo sapiens GN=RREB1 PE=1 SV=3 - [RREB1_HUMAN]	13,23
Q9C0I3	Serine-rich coiled-coil domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=CCSER1 PE=2 SV=2 - [CCSE1_HUMAN]	13,21
B4DS98	cDNA FLJ56792, highly similar to Leucine-rich repeat and fibronectin type-III domain-containing protein 5 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DS98_HUMAN]	13,20
Q8IVL8	Carboxypeptidase O OS=Homo sapiens GN=CPO PE=1 SV=1 - [CBPO_HUMAN]	13,20
Q9NWN3	F-box only protein 34 OS=Homo sapiens GN=FBXO34 PE=1 SV=2 - [FBX34_HUMAN]	13,19
A0A0G2JN42	Mucin-6 OS=Homo sapiens GN=MUC6 PE=1 SV=1 - [A0A0G2JN42_HUMAN]	13,19
A0A0D9SFL5	Trafficking kinesin-binding protein 1 OS=Homo sapiens GN=TRAK1 PE=1 SV=1 - [A0A0D9SFL5_HUMAN]	13,16
Q9ULL5	Proline-rich protein 12 OS=Homo sapiens GN=PRR12 PE=1 SV=2 - [PRR12_HUMAN]	13,14
Q6A163	Keratin, type I cytoskeletal 39 OS=Homo sapiens GN=KRT39 PE=1 SV=2 - [K1C39_HUMAN]	13,13
Q01212	Profilaggrin (Fragment) OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [Q01212_HUMAN]	13,09
B3KUB6	cDNA FLJ39529 fis, clone PUAEN2004067, highly similar to Band 4.1-like protein 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KUB6_HUMAN]	13,09
Q6ZTJ7	cDNA FLJ44590 fis, clone BLADE2000256, moderately similar to Homo sapiens suppression of tumorigenicity 5 (ST5) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q6ZTJ7_HUMAN]	13,06
B4DZR9	cDNA FLJ54781, highly similar to Sex comb on midleg-like protein 2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DZR9_HUMAN]	13,02
Q9ULK2	Ataxin-7-like protein 1 OS=Homo sapiens GN=ATXN7L1 PE=1 SV=3 - [AT7L1_HUMAN]	13,00
Q92667	A-kinase anchor protein 1, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=AKAP1 PE=1 SV=1 - [AKAP1_HUMAN]	13,00
A0A0U1RQP0	Synaptotagmin-like protein 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SYTL2 PE=1 SV=1 - [A0A0U1RQP0_HUMAN]	12,99
Q9Y2I9	TBC1 domain family member 30 OS=Homo sapiens GN=TBC1D30 PE=1 SV=2 - [TBC30_HUMAN]	12,98
Q9UPU5	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 24 OS=Homo sapiens GN=USP24 PE=1 SV=3 - [UBP24_HUMAN]	12,97
O14640	Segment polarity protein dishevelled homolog DVL-1 OS=Homo sapiens GN=DVL1 PE=1 SV=2 - [DVL1_HUMAN]	12,96
B9EK44	Potassium voltage-gated channel, subfamily H (Eag-related), member 3 OS=Homo sapiens GN=KCNH3 PE=2 SV=1 - [B9EK44_HUMAN]	12,96
B4DRB6	cDNA FLJ59394, highly similar to Homo sapiens ubiquitin associated protein 2 (UBAP2), transcript variant 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DRB6_HUMAN]	12,94
B4DSE2	cDNA FLJ57277, highly similar to Tripeptidyl-peptidase 1 (EC 3.4.14.9) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DSE2_HUMAN]	12,90
K7EK91	Dynein heavy chain 17, axonemal OS=Homo sapiens GN=DNAH17 PE=1 SV=1 - [K7EK91_HUMAN]	12,89
C9J0X3	PDZ and LIM domain protein 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PDLIM2 PE=1 SV=8 - [C9J0X3_HUMAN]	12,89
B4DFU0	cDNA FLJ50070, weakly similar to Tesmin (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DFU0_HUMAN]	12,88
Q6ZQV0	cDNA FLJ46873 fis, clone UTERU3013302, highly similar to Homo sapiens NP220 nuclear protein (NP220) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q6ZQV0_HUMAN]	12,86
Q53HC0	Coiled-coil domain-containing protein 92 OS=Homo sapiens GN=CCDC92 PE=1 SV=2 - [CCD92_HUMAN]	12,86
A0A087WYI0	Integrator complex subunit 11 OS=Homo sapiens GN=INTS11 PE=1 SV=1 - [A0A087WYI0_HUMAN]	12,84
Q96RG4	Insulin receptor substrate 2 insertion mutant (Fragment) OS=Homo sapiens GN=IRS2 PE=4 SV=1 - [Q96RG4_HUMAN]	12,81

A0A1V1G0E9	Tuberin OS=Homo sapiens GN=TSC2 PE=2 SV=1 - [A0A1V1G0E9_HUMAN]	12,80
O43497	Voltage-dependent T-type calcium channel subunit alpha-1G OS=Homo sapiens GN=CACNA1G PE=1 SV=3 - [CAC1G_HUMAN]	12,80
P01040	Cystatin-A OS=Homo sapiens GN=CSTA PE=1 SV=1 - [CYTA_HUMAN]	12,78
A0A1B0GUS7	Protein unc-13 homolog B OS=Homo sapiens GN=UNC13B PE=1 SV=1 - [A0A1B0GUS7_HUMAN]	12,78
A0A087WYS3	Protein kinase C-binding protein 1 OS=Homo sapiens GN=ZMYND8 PE=1 SV=1 - [A0A087WYS3_HUMAN]	12,77
Q9H7S9	Zinc finger protein 703 OS=Homo sapiens GN=ZNF703 PE=1 SV=1 - [ZN703_HUMAN]	12,75
O60346	PH domain leucine-rich repeat-containing protein phosphatase 1 OS=Homo sapiens GN=PHLPP1 PE=1 SV=3 - [PHLP1_HUMAN]	12,74
A0A1B0GWD8	Sperm flagellar protein 2 OS=Homo sapiens GN=SPEF2 PE=1 SV=1 - [A0A1B0GWD8_HUMAN]	12,71
Q59GQ3	Nuclear receptor subfamily 3, group C, member 2 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59GQ3_HUMAN]	12,70
F8VW41	Phosphofurin acidic cluster sorting protein 2 OS=Homo sapiens GN=PACS2 PE=1 SV=1 - [F8VW41_HUMAN]	12,65
Q5THK1	Protein PRR14L OS=Homo sapiens GN=PRR14L PE=1 SV=1 - [PR14L_HUMAN]	12,64
B7XCW9	ATP-binding cassette transporter A1 OS=Homo sapiens GN=ABCA1 PE=2 SV=1 - [B7XCW9_HUMAN]	12,60
B7ZMD2	ZBBX protein OS=Homo sapiens GN=ZBBX PE=2 SV=1 - [B7ZMD2_HUMAN]	12,58
Q5T5P2	Sickle tail protein homolog OS=Homo sapiens GN=KIAA1217 PE=1 SV=2 - [SKT_HUMAN]	12,52
A0A024R914	Centrosomal protein 350kDa, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=CEP350 PE=4 SV=1 - [A0A024R914_HUMAN]	12,49
Q9NVY3	cDNA FLJ10438 fis, clone NT2RP1000630, weakly similar to NECDIN OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q9NVY3_HUMAN]	12,49
A0A024R8E9	KIAA0649, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=KIAA0649 PE=4 SV=1 - [A0A024R8E9_HUMAN]	12,37
B4DYT5	cDNA FLJ53590, highly similar to Nuclear receptor coactivator 3 (EC 2.3.1.48) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DYT5_HUMAN]	12,37
Q9H4H8	Protein FAM83D OS=Homo sapiens GN=FAM83D PE=1 SV=3 - [FA83D_HUMAN]	12,36
A0A024R7E3	DNA (Cytosine-5-)-methyltransferase 1, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=DNMT1 PE=3 SV=1 - [A0A024R7E3_HUMAN]	12,33
Q8TE57	A disintegrin and metalloproteinase with thrombospondin motifs 16 OS=Homo sapiens GN=ADAMTS16 PE=2 SV=3 - [ATS16_HUMAN]	12,33
J3KNE4	M-phase phosphoprotein 9 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MPHOSPH9 PE=1 SV=2 - [J3KNE4_HUMAN]	12,32
Q6ZU65	Ubinuclein-2 OS=Homo sapiens GN=UBN2 PE=1 SV=2 - [UBN2_HUMAN]	12,32
Q9P273	Teneurin-3 OS=Homo sapiens GN=TENM3 PE=2 SV=3 - [TEN3_HUMAN]	12,24
H0YNQ5	Transcription factor 12 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=TCF12 PE=1 SV=1 - [H0YNQ5_HUMAN]	12,21
Q9Y4F5	Centrosomal protein of 170 kDa protein B OS=Homo sapiens GN=CEP170B PE=1 SV=4 - [C170B_HUMAN]	12,19
O75167	Phosphatase and actin regulator 2 OS=Homo sapiens GN=PHACTR2 PE=1 SV=2 - [PHAR2_HUMAN]	12,17
A2A341	Synaptonemal complex protein 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SYCP2 PE=1 SV=1 - [A2A341_HUMAN]	12,16
H0YIT6	GAS2-like protein 3 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=GAS2L3 PE=1 SV=1 - [H0YIT6_HUMAN]	12,15
Q9P232	Contactin-3 OS=Homo sapiens GN=CNTN3 PE=1 SV=3 - [CNTN3_HUMAN]	12,12
Q6UWNO	Ly6/PLAUR domain-containing protein 4 OS=Homo sapiens GN=LYPD4 PE=2 SV=2 - [LYPD4_HUMAN]	12,11
Q5UIP0	Telomere-associated protein RIF1 OS=Homo sapiens GN=RIF1 PE=1 SV=2 - [RIF1_HUMAN]	12,06
A0A024R528	Interleukin 1 receptor antagonist, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=IL1RN PE=3 SV=1 - [A0A024R528_HUMAN]	12,04
Q5JPB2	Zinc finger protein 831 OS=Homo sapiens GN=ZNF831 PE=2 SV=4 - [ZN831_HUMAN]	11,94
Q10571	Transcriptional activator MN1 OS=Homo sapiens GN=MN1 PE=1 SV=3 - [MN1_HUMAN]	11,93
A0A024R638	Endothelin receptor type B, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=EDNRB PE=3 SV=1 - [A0A024R638_HUMAN]	11,92
P31025	Lipocalin-1 OS=Homo sapiens GN=LCN1 PE=1 SV=1 - [LCN1_HUMAN]	11,88
O75339	Cartilage intermediate layer protein 1 OS=Homo sapiens GN=CILP PE=1 SV=4 - [CILP1_HUMAN]	11,80
Q0ZCJ2	Immunoglobulin heavy chain variable region (Fragment) OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [Q0ZCJ2_HUMAN]	11,78
E9PD35	Vascular endothelial growth factor receptor 3 OS=Homo sapiens GN=FLT4 PE=1 SV=1 - [E9PD35_HUMAN]	11,75
A0A024R680	AT rich interactive domain 4A (RBP1-like), isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=ARID4A PE=4 SV=1 - [A0A024R680_HUMAN]	11,74
I6L894	Ankyrin-2 OS=Homo sapiens GN=ANK2 PE=1 SV=1 - [I6L894_HUMAN]	11,68
Q8NBN9	cDNA FLJ44548 fis, clone UTERU3006308, highly similar to Semaphorin-4C OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8NBN9_HUMAN]	11,67
Q96RW7	Hemicentin-1 OS=Homo sapiens GN=HMCN1 PE=1 SV=2 - [HMCN1_HUMAN]	11,66
Q12882	Dihydropyrimidine dehydrogenase [NADP(+)] OS=Homo sapiens GN=DPYD PE=1 SV=2 - [DPYD_HUMAN]	11,49
B7ZKN7	BLM protein OS=Homo sapiens GN=BLM PE=2 SV=1 - [B7ZKN7_HUMAN]	11,47
A0A0G2JR84	Mucin-20 OS=Homo sapiens GN=MUC20 PE=1 SV=1 - [A0A0G2JR84_HUMAN]	11,45
B7ZVZ4	KIAA1211 protein OS=Homo sapiens GN=KIAA1211 PE=2 SV=1 - [B7ZVZ4_HUMAN]	11,43
B4DLI0	cDNA FLJ56104, highly similar to Homo sapiens SH3KBP1 binding protein 1 (SHKBP1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DLI0_HUMAN]	11,42
B4DV80	cDNA FLJ58330, highly similar to Protein kinase C and casein kinase substrate in neurons protein 3 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DV80_HUMAN]	11,39
A0A140T9E6	Kinesin-like protein KIFC1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=KIFC1 PE=1 SV=1 - [A0A140T9E6_HUMAN]	11,36
B3KS49	cDNA FLJ35478 fis, clone SMINT2007796, highly similar to Gelsolin OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KS49_HUMAN]	11,33
A0A1S5UZ39	Hemoglobin subunit alpha OS=Homo sapiens GN=HBA2 PE=2 SV=1 - [A0A1S5UZ39_HUMAN]	11,33
E9PKF5	Rod outer segment membrane protein 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ROM1 PE=4 SV=1 - [E9PKF5_HUMAN]	11,33
B5ME25	Methyltransferase-like protein 8 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=METTL8 PE=1 SV=9 - [B5ME25_HUMAN]	11,30
Q14204	Cytoplasmic dynein 1 heavy chain 1 OS=Homo sapiens GN=DYNC1H1 PE=1 SV=5 - [DYHC1_HUMAN]	11,30
Q8WU76	Sec1 family domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=SCFD2 PE=1 SV=2 - [SCFD2_HUMAN]	11,29
B2R7F8	Plasminogen OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2R7F8_HUMAN]	11,24
A9YTQ3	Aryl hydrocarbon receptor repressor OS=Homo sapiens GN=AHRR PE=1 SV=3 - [AHRR_HUMAN]	11,24
P78409	Butyrophilin OS=Homo sapiens GN=BT3.3 PE=4 SV=2 - [P78409_HUMAN]	11,18
Q8NDL9	Cytosolic carboxypeptidase-like protein 5 OS=Homo sapiens GN=AGBL5 PE=1 SV=1 - [CBPC5_HUMAN]	11,17
E9PHV5	Sperm-specific antigen 2 OS=Homo sapiens GN=SSFA2 PE=1 SV=1 - [E9PHV5_HUMAN]	11,16
K7EP02	Chromosome 19 open reading frame 66 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=C19orf66 PE=4 SV=1 - [K7EP02_HUMAN]	11,14
H9A532	BCL6 corepressor-cyclin B3 fusion protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [H9A532_HUMAN]	11,07
A0A024R1E2	Myosin XVIIIB, isoform CRA_c OS=Homo sapiens GN=MYO18B PE=4 SV=1 - [A0A024R1E2_HUMAN]	11,05

Q5HY64	Putative protein FAM47C OS=Homo sapiens GN=FAM47C PE=2 SV=1 - [FA47C_HUMAN]	11,02
Q9BYV9	Transcription regulator protein BACH2 OS=Homo sapiens GN=BACH2 PE=1 SV=1 - [BACH2_HUMAN]	11,01
A0A1W2PQQ1	NHS-like protein 2 OS=Homo sapiens GN=NHSL2 PE=4 SV=1 - [A0A1W2PQQ1_HUMAN]	11,01
B7SFD2	Dentin sialophosphoprotein variant A (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DSPP PE=4 SV=1 - [B7SFD2_HUMAN]	11,00
A0A0C4DH07	Latent-transforming growth factor beta-binding protein 4 OS=Homo sapiens GN=LTBP4 PE=1 SV=1 - [A0A0C4DH07_HUMAN]	10,97
Q5JC45	Transformation-related protein 2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q5JC45_HUMAN]	10,92
B4DHJ4	cDNA FLJ57931, highly similar to MORC family CW-type zinc finger 3 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DHJ4_HUMAN]	10,91
H0YEN2	Serine/threonine-protein phosphatase 6 regulatory subunit 3 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PPP6R3 PE=1 SV=1 - [H0YEN2_HUMAN]	10,89
Q8TEM4	FLJ00169 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=FLJ00169 PE=2 SV=1 - [Q8TEM4_HUMAN]	10,79
A8KAP4	Autophagy-related protein 13 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8KAP4_HUMAN]	10,78
A0A1U9X8V2	ZBED9 OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [A0A1U9X8V2_HUMAN]	10,72
A8K5A5	cDNA FLJ75393, highly similar to Homo sapiens PHD finger protein 16 (PHF16), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K5A5_HUMAN]	10,72
B7Z5Q8	cDNA FLJ52519, weakly similar to LIM domain only protein 7 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z5Q8_HUMAN]	10,70
A0A140VK16	Dipeptidase OS=Homo sapiens GN=DPEP3 PE=2 SV=1 - [A0A140VK16_HUMAN]	10,67
B7Z7S7	cDNA FLJ60964, weakly similar to Homo sapiens dentin sialophosphoprotein (DSPP), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z7S7_HUMAN]	10,60
Q5SVZ6	Zinc finger MYM-type protein 1 OS=Homo sapiens GN=ZMYM1 PE=1 SV=1 - [ZMYM1_HUMAN]	10,58
Q92942	RalGDS-like (Fragment) OS=Homo sapiens GN=RGL2 PE=2 SV=1 - [Q92942_HUMAN]	10,57
Q8N397	Putative uncharacterized protein DKFZp761M142 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DKFZp761M142 PE=2 SV=1 - [Q8N397_HUMAN]	10,52
Q4W5I4	Putative uncharacterized protein COL25A1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=COL25A1 PE=4 SV=1 - [Q4W5I4_HUMAN]	10,52
Q8TF01	Arginine/serine-rich protein PNISR OS=Homo sapiens GN=PNISR PE=1 SV=2 - [PNISR_HUMAN]	10,49
Q5T321	Neurobeachin OS=Homo sapiens GN=NBEA PE=1 SV=1 - [Q5T321_HUMAN]	10,48
A0A0A0MSY2	General transcription factor II-I repeat domain-containing protein 2A OS=Homo sapiens GN=GTF2IRD2 PE=1 SV=1 - [A0A0A0MSY2_HUMAN]	10,48
O15060	Zinc finger and BTB domain-containing protein 39 OS=Homo sapiens GN=ZBTB39 PE=2 SV=1 - [ZBT39_HUMAN]	10,46
Q5ST95	LTA OS=Homo sapiens GN=LTA PE=3 SV=1 - [Q5ST95_HUMAN]	10,46
Q8IYE1	Coiled-coil domain-containing protein 13 OS=Homo sapiens GN=CCDC13 PE=1 SV=2 - [CCDC13_HUMAN]	10,45
H0YCW2	Zinc finger SWIM domain-containing protein 8 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ZSWIM8 PE=1 SV=1 - [H0YCW2_HUMAN]	10,41
O14654	Insulin receptor substrate 4 OS=Homo sapiens GN=IRS4 PE=1 SV=1 - [IRS4_HUMAN]	10,37
Q5T6X5	G-protein coupled receptor family C group 6 member A OS=Homo sapiens GN=GPRC6A PE=1 SV=1 - [GPC6A_HUMAN]	10,36
Q5SZK8	FRAS1-related extracellular matrix protein 2 OS=Homo sapiens GN=FREM2 PE=1 SV=2 - [FREM2_HUMAN]	10,35
A0A0C4DFT5	Solute carrier family 26 member 6 OS=Homo sapiens GN=SLC26A6 PE=1 SV=1 - [A0A0C4DFT5_HUMAN]	10,33
Q86TA0	Putative uncharacterized protein DKFZp451C1616 OS=Homo sapiens GN=DKFZp451C1616 PE=2 SV=1 - [Q86TA0_HUMAN]	10,33
Q8NEB9	Phosphatidylinositol 3-kinase catalytic subunit type 3 OS=Homo sapiens GN=PIK3C3 PE=1 SV=1 - [PK3C3_HUMAN]	10,32
A0A087WV20	Alstrom syndrome protein 1 OS=Homo sapiens GN=ALMS1 PE=1 SV=1 - [A0A087WV20_HUMAN]	10,31
B4E3V6	cDNA FLJ58240 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E3V6_HUMAN]	10,31
B7ZM25	Kinesin-like protein OS=Homo sapiens GN=KIF3C PE=2 SV=1 - [B7ZM25_HUMAN]	10,30
P35568	Insulin receptor substrate 1 OS=Homo sapiens GN=IRS1 PE=1 SV=1 - [IRS1_HUMAN]	10,28
O94988	Protein FAM13A OS=Homo sapiens GN=FAM13A PE=1 SV=2 - [FA13A_HUMAN]	10,26
B4DNH6	Perilipin OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DNH6_HUMAN]	10,25
A8K171	cDNA FLJ77253, highly similar to Homo sapiens nuclear receptor interacting protein 1 (NRIP1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K171_HUMAN]	10,25
A0A0A0MQR4	Protein capicua homolog OS=Homo sapiens GN=CIC PE=1 SV=1 - [A0A0A0MQR4_HUMAN]	10,25
Q5NKU1	Intercellular adhesion molecule 3 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ICAM3 PE=2 SV=1 - [Q5NKU1_HUMAN]	10,24
Q6GMQ3	PHC1 protein OS=Homo sapiens GN=PHC1 PE=2 SV=1 - [Q6GMQ3_HUMAN]	10,21
H3BQM0	Non-canonical poly(A) RNA polymerase PAPD5 OS=Homo sapiens GN=PAPD5 PE=1 SV=1 - [H3BQM0_HUMAN]	10,21
B4DKH1	cDNA FLJ54417, highly similar to Pro-neuregulin-3, membrane-bound isoform OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DKH1_HUMAN]	10,20
Q9UPV0	Centrosomal protein of 164 kDa OS=Homo sapiens GN=CEP164 PE=1 SV=3 - [CE164_HUMAN]	10,20
A0A0G2JN84	Suppressor of hairy wing homolog 1 (Drosophila) OS=Homo sapiens GN=ZNF280A PE=1 SV=1 - [A0A0G2JN84_HUMAN]	10,20
Q59H97	Zinc finger protein ZNF-U69274 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59H97_HUMAN]	10,17
H0YJN0	Ena/VASP-like protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=EVL PE=1 SV=1 - [H0YJN0_HUMAN]	10,17
Q8N1G1	RNA exonuclease 1 homolog OS=Homo sapiens GN=REXO1 PE=1 SV=3 - [REXO1_HUMAN]	10,15
Q8NGB0	Seven transmembrane helix receptor OS=Homo sapiens PE=3 SV=1 - [Q8NGB0_HUMAN]	10,15
A0A024RD40	Tumor necrosis factor receptor superfamily, member 21, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=TNFRSF21 PE=4 SV=1 - [A0A024RD40_HUMAN]	10,14
Q6P6D1	C2CD2 protein OS=Homo sapiens GN=C2CD2 PE=2 SV=1 - [Q6P6D1_HUMAN]	10,13
C9J6P4	Zinc finger CCCH-type antiviral protein 1 OS=Homo sapiens GN=ZC3HAV1 PE=1 SV=1 - [C9J6P4_HUMAN]	10,13
B2R538	cDNA, FLJ92328 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2R538_HUMAN]	10,13
H3BNU7	RNA-binding protein with serine-rich domain 1 OS=Homo sapiens GN=RNPS1 PE=1 SV=1 - [H3BNU7_HUMAN]	10,12
Q12860	Contactin-1 OS=Homo sapiens GN=CTN11 PE=1 SV=1 - [CTN11_HUMAN]	10,09
A1L305	DLEC1 protein OS=Homo sapiens GN=DLEC1 PE=2 SV=1 - [A1L305_HUMAN]	10,08
B4DMH1	cDNA FLJ55932, highly similar to Homo sapiens WW domain containing adaptor with coiled-coil (WAC), transcript variant 2, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DMH1_HUMAN]	10,07
Q8NEB1	Similar to mitogen-activated protein kinase kinase kinase 9 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8NEB1_HUMAN]	10,06
O60299	Leucine zipper putative tumor suppressor 3 OS=Homo sapiens GN=LZTS3 PE=2 SV=1 - [LZTS3_HUMAN]	10,04
Q96BU6	EXOC7 protein OS=Homo sapiens GN=EXOC7 PE=1 SV=1 - [Q96BU6_HUMAN]	10,04
B5LMG6	Aurora borealis OS=Homo sapiens GN=C13orf34 PE=1 SV=1 - [B5LMG6_HUMAN]	10,03

A0A0G2JQJ7	Microtubule-associated protein OS=Homo sapiens GN=MAPT PE=1 SV=1 - [A0A0G2JQJ7_HUMAN]	10,01
Q9NV58	E3 ubiquitin-protein ligase RNF19A OS=Homo sapiens GN=RNF19A PE=1 SV=3 - [RN19A_HUMAN]	10,01
A0A0A0MTS5	HCG1811249, isoform CRA_f OS=Homo sapiens GN=LAMA3 PE=1 SV=1 - [A0A0A0MTS5_HUMAN]	10,01
A0A087WYG4	Maestro heat-like repeat family member 5 OS=Homo sapiens GN=MROH5 PE=4 SV=1 - [A0A087WYG4_HUMAN]	10,00
B2RWP4	TACC2 protein OS=Homo sapiens GN=TACC2 PE=2 SV=1 - [B2RWP4_HUMAN]	9,98
B4DPZ3	cDNA FLJ53290, highly similar to Cytoplasmic dynein 1 intermediate chain 2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DPZ3_HUMAN]	9,98
O95155	Ubiquitin conjugation factor E4 B OS=Homo sapiens GN=UBE4B PE=1 SV=1 - [UBE4B_HUMAN]	9,97
Q9P242	Neuronal tyrosine-phosphorylated phosphoinositide-3-kinase adapter 2 OS=Homo sapiens GN=NYAP2 PE=1 SV=3 - [NYAP2_HUMAN]	9,96
B3KU02	cDNA FLJ39019 fis, clone NT2RP7002738, highly similar to Homo sapiens sorting nexin 26 (SNX26), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KU02_HUMAN]	9,95
F8WCX2	Zinc finger protein 687 OS=Homo sapiens GN=ZNF687 PE=1 SV=1 - [F8WCX2_HUMAN]	9,95
Q59H85	Protein convertase subtilisin/kexin type 1 preproprotein variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59H85_HUMAN]	9,94
Q09MP3	RAD51-associated protein 2 OS=Homo sapiens GN=RAD51AP2 PE=1 SV=1 - [R51A2_HUMAN]	9,93
Q13635	Protein patched homolog 1 OS=Homo sapiens GN=PTCH1 PE=1 SV=2 - [PTC1_HUMAN]	9,93
J3QKX6	SWI/SNF-related matrix-associated actin-dependent regulator of chromatin subfamily E member 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SMARCE1 PE=1 SV=1 - [J3QKX6_HUMAN]	9,92
Q7Z410	Transmembrane protease serine 9 OS=Homo sapiens GN=TMPRSS9 PE=1 SV=2 - [TMPSS9_HUMAN]	9,92
F8VNQ3	Teneurin-2 OS=Homo sapiens GN=TENM2 PE=1 SV=1 - [F8VNQ3_HUMAN]	9,92
Q9NQV8	PR domain zinc finger protein 8 OS=Homo sapiens GN=PRDM8 PE=1 SV=3 - [PRDM8_HUMAN]	9,91
A0A191URJ7	Killer cell immunoglobulin-like receptor two domains long cytoplasmic tail 1 OS=Homo sapiens GN=KIR2DL1 PE=4 SV=1 - [A0A191URJ7_HUMAN]	9,90
Q9H2F5	Enhancer of polycomb homolog 1 OS=Homo sapiens GN=EPC1 PE=1 SV=1 - [EPC1_HUMAN]	9,89
A8K5K3	cDNA FLJ76841, highly similar to Homo sapiens microphthalmia-associated transcription factor (MITF), transcript variant 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K5K3_HUMAN]	9,88
B4DQ39	cDNA FLJ55743, highly similar to DNA replication licensing factor MCM5 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DQ39_HUMAN]	9,88
Q01546	Keratin, type II cytoskeletal 2 oral OS=Homo sapiens GN=KRT76 PE=1 SV=2 - [K22O_HUMAN]	9,86
Q8NCN4	E3 ubiquitin-protein ligase RNF169 OS=Homo sapiens GN=RNF169 PE=1 SV=2 - [RN169_HUMAN]	9,86
Q2F3K1	Calcium sensing receptor (Fragment) OS=Homo sapiens GN=CASR PE=4 SV=1 - [Q2F3K1_HUMAN]	9,84
H0YC31	Magnesium transporter NIPA4 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=NIPAL4 PE=4 SV=1 - [H0YC31_HUMAN]	9,83
E7EUF7	Receptor expression-enhancing protein OS=Homo sapiens GN=REEP1 PE=1 SV=2 - [E7EUF7_HUMAN]	9,82
B7Z718	HCG2014417, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=hCG_2014417 PE=2 SV=1 - [B7Z718_HUMAN]	9,82
B4DWC0	cDNA FLJ58290, highly similar to Zinc finger MYM-type protein 6 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DWC0_HUMAN]	9,82
Q86XV3	DIP2C protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DIP2C PE=2 SV=1 - [Q86XV3_HUMAN]	9,81
Q9H9P5	Putative E3 ubiquitin-protein ligase UNKL OS=Homo sapiens GN=UNKL PE=1 SV=3 - [UNKL_HUMAN]	9,81
A8K5Q1	cDNA FLJ77548, highly similar to Homo sapiens bin3, bicoid-interacting 3, homolog (Drosophila) (BCDIN3), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K5Q1_HUMAN]	9,80
P27987	Inositol-trisphosphate 3-kinase B OS=Homo sapiens GN=ITPKB PE=1 SV=5 - [IP3KB_HUMAN]	9,80
H0UIA3	HCG1641026, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=hCG_1641026 PE=4 SV=1 - [H0UIA3_HUMAN]	9,79
A0A024RA92	GLI-Kruppel family member GLI3 (Greig cephalopolysyndactyly syndrome), isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=GLI3 PE=4 SV=1 - [A0A024RA92_HUMAN]	9,78
P22102	Trifunctional purine biosynthetic protein adenosine-3 OS=Homo sapiens GN=GART PE=1 SV=1 - [PUR2_HUMAN]	9,77
C9JUJ3	Bromodomain testis-specific protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=BRDT PE=1 SV=1 - [C9JUJ3_HUMAN]	9,76
H0YA93	NEDD4-binding protein 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=N4BP2 PE=1 SV=1 - [H0YA93_HUMAN]	9,76
J3KPQ8	Guanylate cyclase soluble subunit alpha-3 OS=Homo sapiens GN=GUCY1A3 PE=1 SV=1 - [J3KPQ8_HUMAN]	9,75
A4FUT8	JMJD1B protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=JMJD1B PE=2 SV=1 - [A4FUT8_HUMAN]	9,74
A8MYU2	Potassium channel subfamily U member 1 OS=Homo sapiens GN=KCNU1 PE=1 SV=2 - [KCNU1_HUMAN]	9,72
Q5T1N2	Protein AKNAD1 OS=Homo sapiens GN=AKNAD1 PE=4 SV=1 - [Q5T1N2_HUMAN]	9,70
S4R418	Bridging integrator 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=BIN2 PE=1 SV=2 - [S4R418_HUMAN]	9,69
A8MUX0	Keratin-associated protein 16-1 OS=Homo sapiens GN=KRTAP16-1 PE=3 SV=1 - [KR161_HUMAN]	9,68
Q14686	Nuclear receptor coactivator 6 OS=Homo sapiens GN=NCOA6 PE=1 SV=3 - [NCOA6_HUMAN]	9,67
B4DYV8	Roundabout homolog 4 OS=Homo sapiens GN=ROBO4 PE=1 SV=1 - [B4DYV8_HUMAN]	9,67
Q86XL3	Ankyrin repeat and LEM domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=ANKLE2 PE=1 SV=4 - [ANKL2_HUMAN]	9,66
B7Z8Y6	cDNA FLJ58394, highly similar to Platelet endothelial cell adhesion molecule OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z8Y6_HUMAN]	9,66
A0A087WYV8	Fibrillin-2 OS=Homo sapiens GN=FBN2 PE=1 SV=1 - [A0A087WYV8_HUMAN]	9,66
Q16394	Exostosin-1 OS=Homo sapiens GN=EXT1 PE=1 SV=2 - [EXT1_HUMAN]	9,66
B3KUX7	cDNA FLJ40874 fis, clone UMVEN1000186, highly similar to Homo sapiens Rho GTPase activating protein 24 (ARHGAP24), transcript variant 1, mRNA (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KUX7_HUMAN]	9,66
H0YXL2	DNA-binding protein RFX7 OS=Homo sapiens GN=RFX7 PE=1 SV=2 - [H0YXL2_HUMAN]	9,65
Q08495	Dematin OS=Homo sapiens GN=DMTN PE=1 SV=3 - [DEMA_HUMAN]	9,65
Q9NXN7	cDNA FLJ20139 fis, clone COL07179 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q9NXN7_HUMAN]	9,64
B2RCR7	cDNA, FLJ96239, highly similar to Homo sapiens CD96 antigen (CD96), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2RCR7_HUMAN]	9,64
A8MTJ6	Forkhead box protein I3 OS=Homo sapiens GN=FOXI3 PE=2 SV=3 - [FOXI3_HUMAN]	9,63
B4DLC6	cDNA FLJ59330, highly similar to Chromodomain helicase-DNA-binding protein 3 (EC 3.6.1.-) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DLC6_HUMAN]	9,63
F5GZS7	Pro-neuregulin-2, membrane-bound isoform OS=Homo sapiens GN=NRG2 PE=4 SV=1 - [F5GZS7_HUMAN]	9,63
A8K8Y8	cDNA FLJ77796, highly similar to Homo sapiens evolutionarily conserved G-patch domain containing protein mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K8Y8_HUMAN]	9,63
E9PRA0	Transmembrane protease serine 13 OS=Homo sapiens GN=TMPRSS13 PE=1 SV=1 - [E9PRA0_HUMAN]	9,62
A8K8N7	Phosphoribosylformylglycinamide synthase (FGAR amidotransferase), isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=PFAS PE=2 SV=1 - [A8K8N7_HUMAN]	9,61
B3KRS8	cDNA FLJ34845 fis, clone NT2NE2011221, highly similar to Homo sapiens cell division cycle associated 2 (CDCA2), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KRS8_HUMAN]	9,61

Q16829	Dual specificity protein phosphatase 7 OS=Homo sapiens GN=DUSP7 PE=1 SV=4 - [DUS7_HUMAN]	9,60
A0A0S2Z4Z2	Ring finger protein 40 isoform 2 OS=Homo sapiens GN=RNF40 PE=2 SV=1 - [A0A0S2Z4Z2_HUMAN]	9,59
B4DY48	Kinesin-like protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DY48_HUMAN]	9,58
Q460N3	Poly [ADP-ribose] polymerase 15 OS=Homo sapiens GN=PARP15 PE=1 SV=2 - [PAR15_HUMAN]	9,58
Q02446	Transcription factor Sp4 OS=Homo sapiens GN=SP4 PE=1 SV=2 - [SP4_HUMAN]	9,54
A0A1B0GW10	Zinc finger E-box-binding homeobox 2 OS=Homo sapiens GN=ZEB2 PE=1 SV=1 - [A0A1B0GW10_HUMAN]	9,53
E9PB77	Integrin alpha-2 OS=Homo sapiens GN=ITGA2 PE=1 SV=1 - [E9PB77_HUMAN]	9,47
Q9Y6X0	SET-binding protein OS=Homo sapiens GN=SETBP1 PE=1 SV=3 - [SETBP_HUMAN]	9,46
Q9H2D6	TRIO and F-actin-binding protein OS=Homo sapiens GN=TRIOBP PE=1 SV=3 - [TARA_HUMAN]	9,45
O00409	Forkhead box protein N3 OS=Homo sapiens GN=FOXN3 PE=1 SV=1 - [FOXN3_HUMAN]	9,45
H3BU78	Fructose-bisphosphate aldolase (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ALDOA PE=1 SV=2 - [H3BU78_HUMAN]	9,44
Q9BVA0	Katanin p80 WD40 repeat-containing subunit B1 OS=Homo sapiens GN=KATNB1 PE=1 SV=1 - [KTNB1_HUMAN]	9,43
B4DR21	cDNA FLJ58156, highly similar to Membrane-bound transcription factor site 1 protease (EC 3.4.21.-) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DR21_HUMAN]	9,43
A0A1B0GTW7	Uncharacterized protein OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [A0A1B0GTW7_HUMAN]	9,42
A8KA84	cDNA FLJ78682, highly similar to Homo sapiens 2'-5'-oligoadenylate synthetase 3, 100kDa (OAS3), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8KA84_HUMAN]	9,41
Q5H924	HECT, UBA and WWE domain containing 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=HUWE1 PE=4 SV=1 - [Q5H924_HUMAN]	9,41
Q7Z7K6	Centromere protein V OS=Homo sapiens GN=CENPV PE=1 SV=1 - [CENPV_HUMAN]	9,38
A0A087WZX0	B-cell CLL/lymphoma 9-like protein OS=Homo sapiens GN=BCL9L PE=1 SV=1 - [A0A087WZX0_HUMAN]	9,37
Q02952	A-kinase anchor protein 12 OS=Homo sapiens GN=AKAP12 PE=1 SV=4 - [AKA12_HUMAN]	9,37
H7C1X5	SH3 and multiple ankyrin repeat domains protein 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SHANK2 PE=1 SV=1 - [H7C1X5_HUMAN]	9,36
B2RD36	cDNA, FLJ96437 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2RD36_HUMAN]	9,35
B4DVD2	cDNA FLJ60170, highly similar to Guanine nucleotide-binding protein subunit beta 2-like 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DVD2_HUMAN]	9,34
O15419	CAGH4 alternate open reading frame OS=Homo sapiens GN=CAGH4 PE=2 SV=1 - [O15419_HUMAN]	9,32
Q8WYP5	Protein ELYS OS=Homo sapiens GN=AHCTF1 PE=1 SV=3 - [ELYS_HUMAN]	9,31
A6NK89	Ras association domain-containing protein 10 OS=Homo sapiens GN=RASSF10 PE=2 SV=3 - [RASFA_HUMAN]	9,31
Q9NZT1	Calmodulin-like protein 5 OS=Homo sapiens GN=CALML5 PE=1 SV=2 - [CALL5_HUMAN]	9,29
V9HWG4	Epididymis luminal protein 37 OS=Homo sapiens GN=HEL37 PE=2 SV=1 - [V9HWG4_HUMAN]	9,27
H0YAE5	Matrix metalloproteinase-23 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MMP23B PE=4 SV=1 - [H0YAE5_HUMAN]	9,20
A1JUI8	Chaperonin subunit 6A (Fragment) OS=Homo sapiens GN=CCT6A PE=2 SV=1 - [A1JUI8_HUMAN]	9,19
Q9C0D6	FH2 domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=FHDC1 PE=1 SV=2 - [FHDC1_HUMAN]	9,18
A0A0A0YLM8	Chemokine U83A/B OS=Homo sapiens GN=U83 PE=4 SV=1 - [A0A0A0YLM8_HUMAN]	9,17
P07108	AcyL-CoA-binding protein OS=Homo sapiens GN=DBI PE=1 SV=2 - [ACBP_HUMAN]	9,16
Q9HCK8	Chromodomain-helicase-DNA-binding protein 8 OS=Homo sapiens GN=CHD8 PE=1 SV=5 - [CHD8_HUMAN]	9,12
ESRHJ2	Aspartyl/asparaginyl beta-hydroxylase OS=Homo sapiens GN=ASPH PE=1 SV=1 - [ESRHJ2_HUMAN]	9,11
Q6WKZ4	Rab11 family-interacting protein 1 OS=Homo sapiens GN=RAB11FIP1 PE=1 SV=3 - [RFIP1_HUMAN]	9,11
Q81ZQ1	WD repeat and FYVE domain-containing protein 3 OS=Homo sapiens GN=WDFY3 PE=1 SV=2 - [WDFY3_HUMAN]	9,11
F5H5I3	Lamin tail domain-containing protein 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=LMNTD1 PE=1 SV=1 - [F5H5I3_HUMAN]	9,04
A0A024RDD6	Uncharacterized protein OS=Homo sapiens GN=LOC285513 PE=4 SV=1 - [A0A024RDD6_HUMAN]	9,02
D3DTY0	ATP-binding cassette, sub-family C (CFTR/MRP), member 3, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=ABCC3 PE=4 SV=1 - [D3DTY0_HUMAN]	9,00
Q6P5Q2	CGNL1 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=CGNL1 PE=2 SV=1 - [Q6P5Q2_HUMAN]	9,00
I3L072	Uncharacterized protein C17orf80 OS=Homo sapiens GN=C17orf80 PE=1 SV=1 - [I3L072_HUMAN]	8,98
Q9H2X6	Homeodomain-interacting protein kinase 2 OS=Homo sapiens GN=HIPK2 PE=1 SV=2 - [HIPK2_HUMAN]	8,97
J3QS80	Uncharacterized protein C19orf47 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=C19orf47 PE=1 SV=1 - [J3QS80_HUMAN]	8,94
P63135	Endogenous retrovirus group K member 7 Pol protein OS=Homo sapiens GN=ERVK-7 PE=3 SV=1 - [POK7_HUMAN]	8,93
Q8N568	Serine/threonine-protein kinase DCLK2 OS=Homo sapiens GN=DCLK2 PE=1 SV=4 - [DCLK2_HUMAN]	8,93
D3DRA2	Collagen, type XVII, alpha 1, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=COL17A1 PE=2 SV=1 - [D3DRA2_HUMAN]	8,89
B4DZB2	cDNA FLJ51408 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DZB2_HUMAN]	8,89
Q8NFD5	AT-rich interactive domain-containing protein 1B OS=Homo sapiens GN=ARID1B PE=1 SV=2 - [ARI1B_HUMAN]	8,88
A0A1C9J732	Histone-lysine N-methyltransferase, H3 lysine-79 specific OS=Homo sapiens GN=DOT1L PE=2 SV=1 - [A0A1C9J732_HUMAN]	8,87
Q59GL3	G protein-coupled receptor 61 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=3 SV=1 - [Q59GL3_HUMAN]	8,80
D6RGG3	Collagen alpha-1(XII) chain OS=Homo sapiens GN=COL12A1 PE=1 SV=1 - [D6RGG3_HUMAN]	8,78
Q8NHM5	Lysine-specific demethylase 2B OS=Homo sapiens GN=KDM2B PE=1 SV=1 - [KDM2B_HUMAN]	8,78
A0A1B0GVF0	Voltage-dependent L-type calcium channel subunit beta-4 OS=Homo sapiens GN=CACNB4 PE=1 SV=1 - [A0A1B0GVF0_HUMAN]	8,77
Q9BY89	Uncharacterized protein KIAA1671 OS=Homo sapiens GN=KIAA1671 PE=1 SV=2 - [K1671_HUMAN]	8,77
Q9H659	cDNA: FLJ22584 fis, clone HSI02661 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q9H659_HUMAN]	8,77
Q7Z5Y0	eIF4B protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=EIF4B PE=2 SV=1 - [Q7Z5Y0_HUMAN]	8,75
O14529	Homeobox protein cut-like 2 OS=Homo sapiens GN=CUX2 PE=1 SV=4 - [CUX2_HUMAN]	8,67
B4DVG9	cDNA FLJ57007, highly similar to Microtubule-associated protein 9 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DVG9_HUMAN]	8,63
J3KT00	Rotatin (Fragment) OS=Homo sapiens GN=RTTN PE=1 SV=1 - [J3KT00_HUMAN]	8,54
P48764	Sodium/hydrogen exchanger 3 OS=Homo sapiens GN=SLC9A3 PE=1 SV=2 - [SL9A3_HUMAN]	8,50
B011S4	DNHD1 variant protein (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B011S4_HUMAN]	8,49
Q1RMC9	ERBB2IP protein OS=Homo sapiens GN=ERBB2IP PE=2 SV=1 - [Q1RMC9_HUMAN]	8,39
Q14690	Protein RRP5 homolog OS=Homo sapiens GN=PDCD11 PE=1 SV=3 - [RRP5_HUMAN]	8,39
B4DDK6	Putative mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim23B OS=Homo sapiens GN=TIMM23B PE=2 SV=1 - [B4DDK6_HUMAN]	8,38
A8K8D2	cDNA FLJ77371, highly similar to Homo sapiens MLF1 interacting protein (MLF1IP), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K8D2_HUMAN]	8,36
A0A1W2PQA7	Elongator complex protein 4 OS=Homo sapiens GN=ELP4 PE=4 SV=1 - [A0A1W2PQA7_HUMAN]	8,34
Q6PGP7	Tetratricopeptide repeat protein 37 OS=Homo sapiens GN=TTC37 PE=1 SV=1 - [TTC37_HUMAN]	8,26

Q53TD0	Putative uncharacterized protein SP100 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SP100 PE=4 SV=1 - [Q53TD0_HUMAN]	8,23
Q86YC2	Partner and localizer of BRCA2 OS=Homo sapiens GN=PALB2 PE=1 SV=1 - [PALB2_HUMAN]	8,23
Q96N83	Podocalyxin OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q96N83_HUMAN]	8,20
X6R456	Tau-tubulin kinase 1 OS=Homo sapiens GN=TTBK1 PE=1 SV=1 - [X6R456_HUMAN]	8,17
A0A024RBF1	Protein phosphatase 1, regulatory (Inhibitor) subunit 12A, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=PPP1R12A PE=4 SV=1 - [A0A024RBF1_HUMAN]	8,17
O75443	Alpha-tectorin OS=Homo sapiens GN=TECTA PE=1 SV=3 - [TECTA_HUMAN]	8,16
O60706	ATP-binding cassette sub-family C member 9 OS=Homo sapiens GN=ABCC9 PE=1 SV=2 - [ABCC9_HUMAN]	8,15
F8WBA3	Serine/threonine-protein kinase OS=Homo sapiens GN=PRKD1 PE=1 SV=1 - [F8WBA3_HUMAN]	8,10
A6NNC1	Putative POM121-like protein 1-like OS=Homo sapiens PE=5 SV=3 - [P12LL_HUMAN]	8,08
Q5T011	KICSTOR complex protein SZT2 OS=Homo sapiens GN=SZT2 PE=1 SV=3 - [SZT2_HUMAN]	8,04
Q59GL0	Rearranged L-myc fusion sequence variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59GL0_HUMAN]	8,03
B7ZLR3	ATP7B protein OS=Homo sapiens GN=ATP7B PE=2 SV=1 - [B7ZLR3_HUMAN]	7,99
O14813	Paired mesoderm homeobox protein 2A OS=Homo sapiens GN=PHOX2A PE=1 SV=2 - [PHX2A_HUMAN]	7,96
Q6ZQN2	cDNA FLJ46846 fis, clone UTERU3004635, moderately similar to Neuroblast differentiation associated protein AHNAK (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q6ZQN2_HUMAN]	7,94
Q8NGS7	Olfactory receptor 13C8 OS=Homo sapiens GN=OR13C8 PE=3 SV=1 - [O13C8_HUMAN]	7,86
Q9ULG1	DNA helicase INO80 OS=Homo sapiens GN=INO80 PE=1 SV=2 - [INO80_HUMAN]	7,84
H3BSR6	Fractalkine OS=Homo sapiens GN=CX3CL1 PE=1 SV=1 - [H3BSR6_HUMAN]	7,83
Q12836	Zona pellucida sperm-binding protein 4 OS=Homo sapiens GN=ZP4 PE=2 SV=1 - [ZP4_HUMAN]	7,83
B4DPC0	cDNA FLJ52713, moderately similar to Mus musculus leucine rich repeat (in FLII) interacting protein 1 (Lrrfip1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DPC0_HUMAN]	7,79
Q9UKA9	Polypyrimidine tract-binding protein 2 OS=Homo sapiens GN=PTBP2 PE=1 SV=1 - [PTBP2_HUMAN]	7,79
O15050	TPR and ankyrin repeat-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=TRANK1 PE=2 SV=4 - [TRNK1_HUMAN]	7,74
B4DZC2	cDNA FLJ51161, highly similar to Bromodomain-containing protein 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DZC2_HUMAN]	7,73
B4DGA3	cDNA FLJ55898, highly similar to Receptor-type tyrosine-protein phosphatase mu (EC 3.1.3.48) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DGA3_HUMAN]	7,72
J3QRV6	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 22 OS=Homo sapiens GN=USP22 PE=4 SV=1 - [J3QRV6_HUMAN]	7,62
A0A087WXN4	Integrator complex subunit 12 OS=Homo sapiens GN=INTS12 PE=1 SV=1 - [A0A087WXN4_HUMAN]	7,60
B3KQZ8	cDNA FLJ33349 fis, clone BRACE2003905 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KQZ8_HUMAN]	7,56
A2RUU9	PCM1 protein OS=Homo sapiens GN=PCM1 PE=2 SV=1 - [A2RUU9_HUMAN]	7,56
A0A024R2U2	CaM kinase-like vesicle-associated, isoform CRA_d OS=Homo sapiens GN=CAMKV PE=4 SV=1 - [A0A024R2U2_HUMAN]	7,50
B3KX11	T-complex protein 1 subunit gamma OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KX11_HUMAN]	7,49
K4HVA1	FAM230A (Fragment) OS=Homo sapiens GN=FAM230A PE=4 SV=1 - [K4HVA1_HUMAN]	7,48
A8K4M5	cDNA FLJ76043, highly similar to Homo sapiens cyclin T1 (CCNT1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K4M5_HUMAN]	7,45
Q8NAT2	Tudor domain-containing protein 5 OS=Homo sapiens GN=TDRD5 PE=1 SV=3 - [TDRD5_HUMAN]	7,42
O95817	BAG family molecular chaperone regulator 3 OS=Homo sapiens GN=BAG3 PE=1 SV=3 - [BAG3_HUMAN]	7,42
Q9UKX7	Nuclear pore complex protein Nup50 OS=Homo sapiens GN=NUP50 PE=1 SV=2 - [NUP50_HUMAN]	7,41
Q96N23	Cilia- and flagella-associated protein 54 OS=Homo sapiens GN=CFAP54 PE=2 SV=3 - [CFA54_HUMAN]	7,40
A6NCI8	Uncharacterized protein C2orf78 OS=Homo sapiens GN=C2orf78 PE=2 SV=3 - [CB078_HUMAN]	7,40
Q9BZD2	Equilibrative nucleoside transporter 3 OS=Homo sapiens GN=SLC29A3 PE=1 SV=3 - [S29A3_HUMAN]	7,36
A0A140VJ5	Testicular tissue protein Li 69 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A0A140VJ5_HUMAN]	7,36
O60372	R33683_3 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [O60372_HUMAN]	7,36
B4E0B7	Condensin complex subunit 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E0B7_HUMAN]	7,36
B1AUU8	Epidermal growth factor receptor substrate 15 OS=Homo sapiens GN=EPS15 PE=1 SV=1 - [B1AUU8_HUMAN]	7,34
H7C582	Integrator complex subunit 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=INTS1 PE=1 SV=1 - [H7C582_HUMAN]	7,31
P30414	NK-tumor recognition protein OS=Homo sapiens GN=NKTR PE=1 SV=2 - [NKTR_HUMAN]	7,30
A0A024R2N2	Vasoactive intestinal peptide receptor 1, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=VIPR1 PE=3 SV=1 - [A0A024R2N2_HUMAN]	7,30
H7C4Q3	Proline-rich transmembrane protein 4 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PRRT4 PE=4 SV=1 - [H7C4Q3_HUMAN]	7,28
K7EK24	Asc-type amino acid transporter 1 OS=Homo sapiens GN=SLC7A10 PE=1 SV=1 - [K7EK24_HUMAN]	7,27
Q7Z6G8	Ankyrin repeat and sterile alpha motif domain-containing protein 1B OS=Homo sapiens GN=ANKS1B PE=1 SV=2 - [ANS1B_HUMAN]	7,27
E9PGF6	Pleckstrin homology-like domain family B member 2 OS=Homo sapiens GN=PHLDB2 PE=1 SV=1 - [E9PGF6_HUMAN]	7,26
Q02388	Collagen alpha-1(VII) chain OS=Homo sapiens GN=COL7A1 PE=1 SV=2 - [C07A1_HUMAN]	7,26
B7Z6V3	cDNA FLJ51331, highly similar to WD repeat protein 81 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z6V3_HUMAN]	7,25
Q8IZD4	mRNA-decapping enzyme 1B OS=Homo sapiens GN=DCP1B PE=1 SV=2 - [DCP1B_HUMAN]	7,24
Q6P5Z9	CLIP1 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=CLIP1 PE=2 SV=1 - [Q6P5Z9_HUMAN]	7,23
P01031	Complement C5 OS=Homo sapiens GN=C5 PE=1 SV=4 - [C05_HUMAN]	7,21
Q86UU5	Gametogenetin OS=Homo sapiens GN=GGN PE=1 SV=2 - [GGN_HUMAN]	7,20
Q96J65	Multidrug resistance-associated protein 9 OS=Homo sapiens GN=ABCC12 PE=1 SV=2 - [MRP9_HUMAN]	7,20
A0A0B4J2A0	Uncharacterized protein OS=Homo sapiens PE=1 SV=1 - [A0A0B4J2A0_HUMAN]	7,20
A0A024QZK6	HCG1998530, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=hCG_1998530 PE=4 SV=1 - [A0A024QZK6_HUMAN]	7,20
B4E229	cDNA FLJ56202, highly similar to Smoothelin OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E229_HUMAN]	7,18
A0A1B0GUT5	Uncharacterized protein C10orf67, mitochondrial (Fragment) OS=Homo sapiens GN=C10orf67 PE=1 SV=1 - [A0A1B0GUT5_HUMAN]	7,18
A3KC71	Nuclear envelope protein okuribin OS=Homo sapiens GN=okuribin PE=2 SV=1 - [A3KC71_HUMAN]	7,17
P42166	Lamina-associated polypeptide 2, isoform alpha OS=Homo sapiens GN=TMPO PE=1 SV=2 - [LAP2A_HUMAN]	7,17
B4DL98	cDNA FLJ56563, highly similar to Golgin subfamily B member 1 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DL98_HUMAN]	7,15
B3KSZ7	cDNA FLJ37361 fis, clone BRAMY2023514, highly similar to Protocadherin-20 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KSZ7_HUMAN]	7,15
Q86UN2	Reticulon-4 receptor-like 1 OS=Homo sapiens GN=RTN4RL1 PE=1 SV=1 - [R4RL1_HUMAN]	7,14
A8KAB8	cDNA FLJ77595, highly similar to Homo sapiens RAS guanyl releasing protein 3 (calcium and DAG-regulated) (RASGRP3), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8KAB8_HUMAN]	7,14

B4DVX0	cDNA FLJ50251, highly similar to Neurobeachin-like 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DVX0_HUMAN]	7,14
H3BQI0	Probable glutamate-tRNA ligase, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=EARS2 PE=4 SV=1 - [H3BQI0_HUMAN]	7,13
C9J9R2	Zinc finger protein 655 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ZNF655 PE=4 SV=1 - [C9J9R2_HUMAN]	7,13
B2RXH4	BTB/POZ domain-containing protein 18 OS=Homo sapiens GN=BTBD18 PE=2 SV=1 - [BTBD1_HUMAN]	7,12
AOA1B0GTX1	Dynamin-binding protein OS=Homo sapiens GN=DNMBP PE=1 SV=1 - [AOA1B0GTX1_HUMAN]	7,12
Q86Z22	Epididymis secretory protein Li 297 OS=Homo sapiens GN=HEL-S-297 PE=2 SV=1 - [Q86Z22_HUMAN]	7,12
B4E2Y0	cDNA FLJ51470, highly similar to Homo sapiens SCY1-like 3 (SCYL3), transcript variant 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E2Y0_HUMAN]	7,11
P48169	Gamma-aminobutyric acid receptor subunit alpha-4 OS=Homo sapiens GN=GABRA4 PE=2 SV=2 - [GBRA4_HUMAN]	7,11
B4DF20	cDNA FLJ58172, highly similar to Zinc finger protein 238 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DF20_HUMAN]	7,10
B2RWN8	Histone acetyltransferase OS=Homo sapiens GN=MYST4 PE=2 SV=1 - [B2RWN8_HUMAN]	7,09
Q9Y6M4	Casein kinase I isoform gamma-3 OS=Homo sapiens GN=CSNK1G3 PE=1 SV=2 - [KC1G3_HUMAN]	7,09
D6RC96	Zinc finger and BTB domain-containing protein 49 OS=Homo sapiens GN=ZBTB49 PE=1 SV=1 - [D6RC96_HUMAN]	7,08
Q92576	PHD finger protein 3 OS=Homo sapiens GN=PHF3 PE=1 SV=3 - [PHF3_HUMAN]	7,08
HOYEM4	von Willebrand factor A domain-containing protein 3B (Fragment) OS=Homo sapiens GN=VWA3B PE=1 SV=1 - [HOYEM4_HUMAN]	7,06
P55201	Peregrin OS=Homo sapiens GN=BRPF1 PE=1 SV=2 - [BRPF1_HUMAN]	7,06
AOA1B0GVV9	Syntaxin-binding protein 1 OS=Homo sapiens GN=STXBP1 PE=1 SV=1 - [AOA1B0GVV9_HUMAN]	7,06
F8WAT8	DENN domain-containing protein 2A OS=Homo sapiens GN=DENND2A PE=1 SV=1 - [F8WAT8_HUMAN]	7,06
A8KAL1	cDNA FLJ76980, highly similar to Homo sapiens LYST-interacting protein LIP8 (LIP8), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8KAL1_HUMAN]	7,06
Q7L804	Rab11 family-interacting protein 2 OS=Homo sapiens GN=RAB11FIP2 PE=1 SV=1 - [RFIP2_HUMAN]	7,05
P38432	Coilin OS=Homo sapiens GN=COIL PE=1 SV=1 - [COIL_HUMAN]	7,04
Q9Y535	DNA-directed RNA polymerase III subunit RPC8 OS=Homo sapiens GN=POLR3H PE=1 SV=1 - [RPC8_HUMAN]	7,04
C9J2P7	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 17-like protein 15 OS=Homo sapiens GN=USP17L15 PE=3 SV=1 - [U17LF_HUMAN]	7,04
Q24JP5	Transmembrane protein 132A OS=Homo sapiens GN=TMEM132A PE=1 SV=1 - [T132A_HUMAN]	7,04
AOA024R054	Selenoprotein P, plasma, 1 OS=Homo sapiens GN=SEPP1 PE=4 SV=1 - [AOA024R054_HUMAN]	7,03
B4DLY9	Sodium/hydrogen exchanger OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DLY9_HUMAN]	7,03
Q17R54	Synapsin III OS=Homo sapiens GN=SYN3 PE=2 SV=1 - [Q17R54_HUMAN]	7,02
Q9P266	Junctional protein associated with coronary artery disease OS=Homo sapiens GN=KIAA1462 PE=1 SV=3 - [JCAD_HUMAN]	7,00
Q5PT55	Sodium/bile acid cotransporter 5 OS=Homo sapiens GN=SLC10A5 PE=2 SV=1 - [NTCP5_HUMAN]	7,00
D6RDG4	Centrosomal protein POC5 OS=Homo sapiens GN=POC5 PE=1 SV=1 - [D6RDG4_HUMAN]	6,99
Q9NQ60	Equatorin OS=Homo sapiens GN=EQTN PE=2 SV=2 - [EQTN_HUMAN]	6,99
B4DM60	cDNA FLJ51499, highly similar to BR serine/threonine-protein kinase 2 (EC 2.7.11.1) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DM60_HUMAN]	6,99
G3V419	DNA mismatch repair protein Mlh3 OS=Homo sapiens GN=MLH3 PE=1 SV=1 - [G3V419_HUMAN]	6,99
Q9NX09	DNA damage-inducible transcript 4 protein OS=Homo sapiens GN=DDIT4 PE=1 SV=1 - [DDIT4_HUMAN]	6,98
Q8WZ94	Olfactory receptor 5P3 OS=Homo sapiens GN=OR5P3 PE=2 SV=1 - [OR5P3_HUMAN]	6,97
HOY9U6	Histone-lysine N-methyltransferase NSD2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=NSD2 PE=1 SV=1 - [HOY9U6_HUMAN]	6,96
Q7LBC9	Vomerolateral type-1 receptor OS=Homo sapiens GN=FKSG47 PE=2 SV=1 - [Q7LBC9_HUMAN]	6,94
Q4AC94	C2 domain-containing protein 3 OS=Homo sapiens GN=C2CD3 PE=1 SV=4 - [C2CD3_HUMAN]	6,94
Q53EY1	Phosphoserine phosphatase variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q53EY1_HUMAN]	6,94
AOA1W1RN26	MHC class I antigen OS=Homo sapiens GN=HLA-C PE=4 SV=1 - [AOA1W1RN26_HUMAN]	6,93
B4DQE5	cDNA FLJ51044, highly similar to Homo sapiens protein phosphatase 1, regulatory (inhibitor) subunit 15A (PPP1R15A), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DQE5_HUMAN]	6,93
Q59H53	Peroxisomal biogenesis factor 6 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59H53_HUMAN]	6,93
Q72434	Mitochondrial antiviral-signaling protein OS=Homo sapiens GN=MAVS PE=1 SV=2 - [MAVS_HUMAN]	6,93
D3DT96	Integrator complex subunit 7, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=INTS7 PE=4 SV=1 - [D3DT96_HUMAN]	6,92
P35555	Fibrillin-1 OS=Homo sapiens GN=FBN1 PE=1 SV=3 - [FBN1_HUMAN]	6,92
B2RNA7	HCG1982192, isoform CRA_y OS=Homo sapiens GN=PCDHAC1 PE=2 SV=1 - [B2RNA7_HUMAN]	6,92
AOA0A8KB70	MDM2 protein OS=Homo sapiens GN=MDM2 PE=2 SV=1 - [AOA0A8KB70_HUMAN]	6,91
E7ETC6	Podoplanin OS=Homo sapiens GN=PDPN PE=1 SV=1 - [E7ETC6_HUMAN]	6,91
L0R8C7	Alternative protein PRIC285 OS=Homo sapiens GN=PRIC285 PE=4 SV=1 - [L0R8C7_HUMAN]	6,91
AOA1B0GV57	TGF-beta-activated kinase 1 and MAP3K7-binding protein 2 OS=Homo sapiens GN=TAB2 PE=1 SV=1 - [AOA1B0GV57_HUMAN]	6,90
Q8WW39	SLC38A10 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SLC38A10 PE=2 SV=1 - [Q8WW39_HUMAN]	6,90
I6L9D8	IL9R protein OS=Homo sapiens GN=IL9R PE=2 SV=1 - [I6L9D8_HUMAN]	6,89
O15047	Histone-lysine N-methyltransferase SETD1A OS=Homo sapiens GN=SETD1A PE=1 SV=3 - [SET1A_HUMAN]	6,89
Q86UK0	ATP-binding cassette sub-family A member 12 OS=Homo sapiens GN=ABCA12 PE=1 SV=3 - [ABCA12_HUMAN]	6,88
Q8N2P0	cDNA FLJ90088 fis, clone HEMBA1005246 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8N2P0_HUMAN]	6,88
J3QR12	Tether-containing UBX domain for GLUT4 OS=Homo sapiens GN=ASPSR1 PE=1 SV=1 - [J3QR12_HUMAN]	6,87
A8MYI2	cDNA FLJ31596 fis, clone NT2RI2002530, highly similar to Homo sapiens neuron navigator 1 (NAV1), mRNA (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=2 - [A8MYI2_HUMAN]	6,87
E7EWP2	Triple functional domain protein OS=Homo sapiens GN=TRIO PE=1 SV=2 - [E7EWP2_HUMAN]	6,87
Q96SB3	Neurabin-2 OS=Homo sapiens GN=PPP1R9B PE=1 SV=2 - [NEB2_HUMAN]	6,86
Q725M5	Transmembrane channel-like protein 3 OS=Homo sapiens GN=TM3 PE=2 SV=3 - [TM3_HUMAN]	6,86
A2SY06	MAP/microtubule affinity-regulating kinase 3 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MARK3 PE=1 SV=1 - [A2SY06_HUMAN]	6,86
Q9Y4F4	TG array regulator of axonemal microtubules protein 1 OS=Homo sapiens GN=TOGARAM1 PE=1 SV=4 - [TGRM1_HUMAN]	6,86
Q59FJ7	Casein kinase I, delta isoform 1 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59FJ7_HUMAN]	6,86
Q5JPJ9	Putative uncharacterized protein DKFZp686D0114 OS=Homo sapiens GN=DKFZp686D0114 PE=4 SV=1 - [Q5JPJ9_HUMAN]	6,86
B8Q188	Glycophorin B MNS blood group OS=Homo sapiens GN=GYPB PE=2 SV=1 - [B8Q188_HUMAN]	6,85
Q96BY6	Dedicator of cytokinesis protein 10 OS=Homo sapiens GN=DOCK10 PE=1 SV=3 - [DOC10_HUMAN]	6,85

Q8NCC5	Sugar phosphate exchanger 3 OS=Homo sapiens GN=SLC37A3 PE=2 SV=2 - [SPX3_HUMAN]	6,85
Q59F71	Metalloendopeptidase (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59F71_HUMAN]	6,84
C4P9N5	Truncated DNA polymerase eta (Fragment) OS=Homo sapiens GN=POLH PE=4 SV=1 - [C4P9N5_HUMAN]	6,83
Q6PL18	ATPase family AAA domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=ATAD2 PE=1 SV=1 - [ATAD2_HUMAN]	6,83
E9PLZ7	Sodium-coupled monocarboxylate transporter 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SLC5A12 PE=1 SV=8 - [E9PLZ7_HUMAN]	6,82
A0A024R035	Complement component 9, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=C9 PE=4 SV=1 - [A0A024R035_HUMAN]	6,81
Q7Z2Y8	Interferon-induced very large GTPase 1 OS=Homo sapiens GN=GVINP1 PE=2 SV=2 - [GVIN1_HUMAN]	6,81
A8K5G2	cDNA FLJ55894, highly similar to Homo sapiens myotubularin related protein 2 (MTMR2), transcript variant 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K5G2_HUMAN]	6,81
H0YCR7	Ribonuclease inhibitor (Fragment) OS=Homo sapiens GN=RNH1 PE=1 SV=1 - [H0YCR7_HUMAN]	6,80
Q9Y5I2	Protocadherin alpha-10 OS=Homo sapiens GN=PCDHA10 PE=2 SV=1 - [PCDAA_HUMAN]	6,80
X6RGK9	SLAIN motif-containing protein 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SLAIN1 PE=1 SV=1 - [X6RGK9_HUMAN]	6,80
B4DMI9	cDNA FLJ55894, highly similar to Discs large homolog 7 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DMI9_HUMAN]	6,79
B3KS48	cDNA FLJ35471 fis, clone SMINT2006708, highly similar to Homo sapiens ubiquitin specific peptidase 31 (USP31), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KS48_HUMAN]	6,77
Q2KHM5	CENPJ protein OS=Homo sapiens GN=CENPJ PE=2 SV=1 - [Q2KHM5_HUMAN]	6,77
A0A024QYV8	CP110 protein, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=CP110 PE=4 SV=1 - [A0A024QYV8_HUMAN]	6,77
Q9BZV3	Interphotoreceptor matrix proteoglycan 2 OS=Homo sapiens GN=IMPG2 PE=1 SV=3 - [IMPG2_HUMAN]	6,76
A0A1W2PR85	Synaptojanin-2 OS=Homo sapiens GN=SYNJ2 PE=4 SV=1 - [A0A1W2PR85_HUMAN]	6,76
B4DLI3	cDNA FLJ51237, moderately similar to Carcinoembryonic antigen-related cell adhesion molecule 8 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DLI3_HUMAN]	6,76
A7E2D9	PCDH9 protein OS=Homo sapiens GN=PCDH9 PE=2 SV=1 - [A7E2D9_HUMAN]	6,75
J3KRU0	Pleckstrin homology domain-containing family M member 1 OS=Homo sapiens GN=PLEKHM1 PE=1 SV=1 - [J3KRU0_HUMAN]	6,75
A8K192	cDNA FLJ75584, highly similar to Homo sapiens DIX domain containing 1 (DIXDC1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K192_HUMAN]	6,75
Q8IZ48	Fas (TNFRSF6) binding factor 1 OS=Homo sapiens GN=FBF1 PE=2 SV=1 - [Q8IZ48_HUMAN]	6,75
A8K1E1	cDNA FLJ75589, highly similar to Homo sapiens mutS homolog 3 (E. coli) (MSH3), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K1E1_HUMAN]	6,74
Q9H1H9	Kinesin-like protein KIF13A OS=Homo sapiens GN=KIF13A PE=1 SV=2 - [K113A_HUMAN]	6,74
Q6P1L5	Protein FAM117B OS=Homo sapiens GN=FAM117B PE=1 SV=2 - [F117B_HUMAN]	6,74
Q7Z2Z1	Treslin OS=Homo sapiens GN=TICRR PE=1 SV=2 - [TICRR_HUMAN]	6,74
V9GYC6	Cytochrome P450 4A11 OS=Homo sapiens GN=CYP4A11 PE=1 SV=1 - [V9GYC6_HUMAN]	6,74
E7EQM8	Netrin receptor DCC OS=Homo sapiens GN=DCC PE=1 SV=2 - [E7EQM8_HUMAN]	6,73
A4LAA3	Alpha thalassemia/mental retardation syndrome X-linked OS=Homo sapiens GN=ATRX PE=4 SV=1 - [A4LAA3_HUMAN]	6,73
F8W8V9	Kinesin-like protein KIF1A (Fragment) OS=Homo sapiens GN=KIF1A PE=1 SV=2 - [F8W8V9_HUMAN]	6,72
H0YAI1	Protein intuned (Fragment) OS=Homo sapiens GN=INTU PE=1 SV=1 - [H0YAI1_HUMAN]	6,72
Q8IU82	Breast and ovarian cancer susceptibility protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=BRCA2 PE=4 SV=1 - [Q8IU82_HUMAN]	6,72
Q8N9T9	cDNA FLJ36558 fis, clone TRACH2009107, highly similar to ALDEHYDE DEHYDROGENASE, DIMERIC NADP-PREFERRING (EC 1.2.1.5) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8N9T9_HUMAN]	6,72
F8WC16	Glycerol-3-phosphate dehydrogenase 1-like protein OS=Homo sapiens GN=GPD1L PE=4 SV=1 - [F8WC16_HUMAN]	6,71
Q7Z443	Polycystic kidney disease protein 1-like 3 OS=Homo sapiens GN=PKD1L3 PE=1 SV=1 - [PK1L3_HUMAN]	6,71
Q5JRA6	Melanoma inhibitory activity protein 3 OS=Homo sapiens GN=MIA3 PE=1 SV=1 - [MIA3_HUMAN]	6,71
B7Z2K9	cDNA FLJ59303, highly similar to Dedicator of cytokinesis protein 4 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z2K9_HUMAN]	6,71
H7BXJ2	Netrin receptor UNC5D OS=Homo sapiens GN=UNC5D PE=1 SV=1 - [H7BXJ2_HUMAN]	6,70
Q9UPW0	Forkhead box protein J3 OS=Homo sapiens GN=FOXJ3 PE=1 SV=2 - [FOXJ3_HUMAN]	6,70
Q5VVC0	Uncharacterized protein C1orf146 OS=Homo sapiens GN=C1orf146 PE=2 SV=1 - [CA146_HUMAN]	6,70
B1AK88	Capping protein (Actin filament) muscle Z-line, beta, isoform CRA_d OS=Homo sapiens GN=CAPZB PE=1 SV=1 - [B1AK88_HUMAN]	6,69
L8E853	von Willebrand factor OS=Homo sapiens GN=VWF PE=4 SV=1 - [L8E853_HUMAN]	6,69
B4DVW8	cDNA FLJ60913, highly similar to Nuclear body protein SP140 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DVW8_HUMAN]	6,69
A0A023I985	NADH-ubiquinone oxidoreductase chain 5 OS=Homo sapiens GN=ND5 PE=3 SV=1 - [A0A023I985_HUMAN]	6,68
A0A087WZW1	Colipase OS=Homo sapiens GN=CLPS PE=1 SV=1 - [A0A087WZW1_HUMAN]	6,68
A0A087WY08	Thrombospondin type-1 domain-containing protein 7A OS=Homo sapiens GN=THSD7A PE=1 SV=1 - [A0A087WY08_HUMAN]	6,68
Q9P2Q2	FERM domain-containing protein 4A OS=Homo sapiens GN=FRMD4A PE=1 SV=3 - [FRM4A_HUMAN]	6,68
B4DFS1	cDNA FLJ60240, highly similar to WD repeat and SOCS box-containing protein 2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DFS1_HUMAN]	6,67
J3KR82	Serine/threonine-protein kinase PLK4 OS=Homo sapiens GN=PLK4 PE=1 SV=1 - [J3KR82_HUMAN]	6,67
Q8TAB3	Protocadherin-19 OS=Homo sapiens GN=PCDH19 PE=1 SV=3 - [PCD19_HUMAN]	6,67
Q96PH1	NADPH oxidase 5 OS=Homo sapiens GN=NOX5 PE=1 SV=1 - [NOX5_HUMAN]	6,67
B4E0W3	cDNA FLJ60386, moderately similar to Signal-induced proliferation-associated protein 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E0W3_HUMAN]	6,67
Q9NU22	Midasin OS=Homo sapiens GN=MDN1 PE=1 SV=2 - [MDN1_HUMAN]	6,67
Q71RG2	FP2860 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q71RG2_HUMAN]	6,66
C9J718	Krev interaction trapped protein 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=KRIT1 PE=1 SV=1 - [C9J718_HUMAN]	6,66
A0A087X210	P2X purinoceptor OS=Homo sapiens GN=P2RX3 PE=3 SV=1 - [A0A087X210_HUMAN]	6,66
Q5SXH7	Pleckstrin homology domain-containing family S member 1 OS=Homo sapiens GN=PLEKHS1 PE=1 SV=2 - [PKHS1_HUMAN]	6,66
Q2NKK6	FLJ40448 protein OS=Homo sapiens GN=FLJ40448 PE=2 SV=1 - [Q2NKK6_HUMAN]	6,66
Q5CZ99	Putative uncharacterized protein DKFZp686I1370 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DKFZp686I1370 PE=2 SV=1 - [Q5CZ99_HUMAN]	6,66
B4DMC3	cDNA FLJ60302, highly similar to Neurocan core protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DMC3_HUMAN]	6,66
E9PN76	RING finger protein 214 OS=Homo sapiens GN=RNF214 PE=1 SV=1 - [E9PN76_HUMAN]	6,66
A0A087WWJ1	DNA mismatch repair protein Msh6 OS=Homo sapiens GN=MSH6 PE=1 SV=1 - [A0A087WWJ1_HUMAN]	6,66

B4E3W1	cDNA FLJ57204, highly similar to Homo sapiens ancient ubiquitous protein 1 (AUP1), transcript variant 2, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E3W1_HUMAN]	6,66
H0YLF2	Homeobox-containing protein 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=HMBX1 PE=1 SV=8 - [H0YLF2_HUMAN]	6,65
J3QKX5	Meprin A subunit OS=Homo sapiens GN=MEP1B PE=1 SV=1 - [J3QKX5_HUMAN]	6,65
B4DEV5	cDNA FLJ56863 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DEV5_HUMAN]	6,64
P23468	Receptor-type tyrosine-protein phosphatase delta OS=Homo sapiens GN=PTPRD PE=1 SV=2 - [PTPRD_HUMAN]	6,64
Q96G03	Phosphoglucosyltransferase-2 OS=Homo sapiens GN=PGM2 PE=1 SV=4 - [PGM2_HUMAN]	6,64
B7ZLF1	Src homology 2 domain containing E OS=Homo sapiens GN=SHE PE=2 SV=1 - [B7ZLF1_HUMAN]	6,64
Q14997	Proteasome activator complex subunit 4 OS=Homo sapiens GN=PSME4 PE=1 SV=2 - [PSME4_HUMAN]	6,64
A0A024R0E4	von Willebrand factor A domain containing 1, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=VWA1 PE=4 SV=1 - [A0A024R0E4_HUMAN]	6,63
Q9Y6N6	Laminin subunit gamma-3 OS=Homo sapiens GN=LAMC3 PE=1 SV=3 - [LAMC3_HUMAN]	6,63
B4DUT7	cDNA FLJ57604, highly similar to GMP synthase (glutamine-hydrolyzing) (EC 6.3.5.2) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DUT7_HUMAN]	6,63
P56704	Protein Wnt-3a OS=Homo sapiens GN=WNT3A PE=1 SV=2 - [WNT3A_HUMAN]	6,62
B7Z1Q6	cDNA FLJ61217, highly similar to Regulator of G-protein signaling 12 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z1Q6_HUMAN]	6,62
Q86VQ1	Glucocorticoid-induced transcript 1 protein OS=Homo sapiens GN=GLCCI1 PE=1 SV=1 - [GLCCI1_HUMAN]	6,62
Q99558	Mitogen-activated protein kinase kinase kinase 14 OS=Homo sapiens GN=MAP3K14 PE=1 SV=2 - [M3K14_HUMAN]	6,62
A0A0A0MT53	Cell surface glycoprotein CD200 receptor 2 OS=Homo sapiens GN=CD200R1L PE=4 SV=1 - [A0A0A0MT53_HUMAN]	6,60
A0A087X0T2	Carcinoembryonic antigen-related cell adhesion molecule 20 OS=Homo sapiens GN=CEACAM20 PE=4 SV=1 - [A0A087X0T2_HUMAN]	6,60
Q14674	Separin OS=Homo sapiens GN=ESPL1 PE=1 SV=3 - [ESPL1_HUMAN]	6,60
Q8N8P2	cDNA FLJ39077, clone NT2RP7017795, highly similar to TBX15 PROTEIN OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8N8P2_HUMAN]	6,60
Q8TF40	Folliculin-interacting protein 1 OS=Homo sapiens GN=FNIP1 PE=1 SV=3 - [FNIP1_HUMAN]	6,59
Q6AWA4	Putative uncharacterized protein DKFZp686O0870 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DKFZp686O0870 PE=2 SV=1 - [Q6AWA4_HUMAN]	6,59
H7C3H4	Histone-lysine N-methyltransferase SETD2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SETD2 PE=1 SV=1 - [H7C3H4_HUMAN]	6,59
H7C3M7	FERM, RhoGEF and pleckstrin domain-containing protein 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=FARP2 PE=1 SV=2 - [H7C3M7_HUMAN]	6,58
Q8IZ22	McKusick-Kaufman syndrome OS=Homo sapiens GN=MKKS PE=2 SV=1 - [Q8IZ22_HUMAN]	6,58
Q9HCB6	Spondin-1 OS=Homo sapiens GN=SPON1 PE=1 SV=2 - [SPON1_HUMAN]	6,58
A0A1U9X7L0	DAXX OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [A0A1U9X7L0_HUMAN]	6,58
A0A1U9X7U8	HSD17B8 OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [A0A1U9X7U8_HUMAN]	6,58
Q8TCS8	Polyribonucleotide nucleotidyltransferase 1, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=PNPT1 PE=1 SV=2 - [PNPT1_HUMAN]	6,57
G8JLP4	Meiosis regulator and mRNA stability factor 1 OS=Homo sapiens GN=MARF1 PE=1 SV=1 - [G8JLP4_HUMAN]	6,57
Q9H8Y5	Ankyrin repeat and zinc finger domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=ANKZF1 PE=1 SV=1 - [ANKZF1_HUMAN]	6,57
Q6ZNL3	FLJ00280 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=FLJ00280 PE=2 SV=1 - [Q6ZNL3_HUMAN]	6,57
Q8NDF4	Putative uncharacterized protein DKFZp434D0711 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DKFZp434D0711 PE=2 SV=1 - [Q8NDF4_HUMAN]	6,57
P09017	Homeobox protein Hox-C4 OS=Homo sapiens GN=HOXC4 PE=1 SV=2 - [HXC4_HUMAN]	6,56
B2RAN1	cDNA, FLJ95012, highly similar to Homo sapiens UDP-glucose pyrophosphorylase 2 (UGP2), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2RAN1_HUMAN]	6,56
Q92625	Ankyrin repeat and SAM domain-containing protein 1A OS=Homo sapiens GN=ANKS1A PE=1 SV=4 - [ANS1A_HUMAN]	6,55
A8K977	cDNA FLJ77193, highly similar to Homo sapiens ATP-binding cassette protein of the (ABCA subfamily) (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K977_HUMAN]	6,55
O60566	Mitotic checkpoint serine/threonine-protein kinase BUB1 beta OS=Homo sapiens GN=BUB1B PE=1 SV=3 - [BUB1B_HUMAN]	6,55
Q14689	Disco-interacting protein 2 homolog A OS=Homo sapiens GN=DIP2A PE=1 SV=2 - [DIP2A_HUMAN]	6,55
A0A1W2PRD5	Uncharacterized protein OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [A0A1W2PRD5_HUMAN]	6,55
B7Z3G3	cDNA FLJ50411, highly similar to Transforming acidic coiled-coil-containing protein 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z3G3_HUMAN]	6,55
Q9H861	cDNA FLJ13927, clone Y79AA100627, moderately similar to Homo sapiens zinc finger protein (ZF5128) mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q9H861_HUMAN]	6,54
Q9BQS8	FYVE and coiled-coil domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=FYCO1 PE=1 SV=3 - [FYCO1_HUMAN]	6,54
Q96EY7	Pentatricopeptide repeat domain-containing protein 3, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=PTCD3 PE=1 SV=3 - [PTCD3_HUMAN]	6,54
Q562E5	HMGXB3 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=HMGXB3 PE=2 SV=1 - [Q562E5_HUMAN]	6,54
Q5SGD2	Protein phosphatase 1L OS=Homo sapiens GN=PPM1L PE=1 SV=1 - [PPM1L_HUMAN]	6,54
Q5VWP3	Muscular LMNA-interacting protein OS=Homo sapiens GN=MLIP PE=1 SV=3 - [MLIP_HUMAN]	6,53
H7C2M8	Negative elongation factor A (Fragment) OS=Homo sapiens GN=NELFA PE=1 SV=1 - [H7C2M8_HUMAN]	6,53
B4DU80	ST6 (Alpha-N-acetyl-neuraminyl-2,3-beta-galactosyl-1, 3)-N-acetylgalactosaminide alpha-2,6-sialyltransferase 6, isoform CRA_d OS=Homo sapiens GN=ST6GALNAC6 PE=2 SV=1 - [B4DU80_HUMAN]	6,53
J3KSW1	Phosphoinositide 3-kinase regulatory subunit 5 OS=Homo sapiens GN=PIK3R5 PE=1 SV=1 - [J3KSW1_HUMAN]	6,53
A0A024R4H4	Kinesin family member 1B, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=KIF1B PE=3 SV=1 - [A0A024R4H4_HUMAN]	6,53
B4DXL4	cDNA FLJ59781, highly similar to Nucleolar complex protein 3 homolog OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DXL4_HUMAN]	6,52
Q86VE3	Spermidine/spermine N(1)-acetyltransferase-like protein 1 OS=Homo sapiens GN=SATL1 PE=2 SV=3 - [SATL1_HUMAN]	6,52
P0D097	Coiled-coil domain-containing protein 192 OS=Homo sapiens GN=CCDC192 PE=4 SV=1 - [CC192_HUMAN]	6,51
Q147X3	N-alpha-acetyltransferase 30 OS=Homo sapiens GN=NAA30 PE=1 SV=1 - [NAA30_HUMAN]	6,51
B4DED3	cDNA FLJ59576, highly similar to Sal-like protein 2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DED3_HUMAN]	6,51
B4DMW8	cDNA FLJ60711, moderately similar to Coiled-coil domain-containing protein 8 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DMW8_HUMAN]	6,50

	[B4DMW8_HUMAN]	
A1L306	TNR protein OS=Homo sapiens GN=TNR PE=1 SV=1 - [A1L306_HUMAN]	6,50
Q96BM0	Interferon alpha-inducible protein 27-like protein 1 OS=Homo sapiens GN=IFI27L1 PE=1 SV=1 - [I27L1_HUMAN]	6,50
Q8NB89	cDNA FLJ34068 fis, clone FCBF3001918, highly similar to SERINE/THREONINE PROTEIN PHOSPHATASE 2A, 65 kDa REGULATORY SUBUNIT A, ALPHA ISOFORM OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8NB89_HUMAN]	6,49
B2R6H6	cDNA, FLJ92954, highly similar to Homo sapiens TAF9-like RNA polymerase II, TATA box binding protein (TBP)-associated factor, 31kDa (TAF9L), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2R6H6_HUMAN]	6,49
H3BP11	Transcription factor Maf OS=Homo sapiens GN=MAF PE=1 SV=1 - [H3BP11_HUMAN]	6,49
Q8N0W0	Seven transmembrane helix receptor OS=Homo sapiens PE=3 SV=1 - [Q8N0W0_HUMAN]	6,49
Q6ZQQ1	cDNA FLJ46328 fis, clone TEST14044291 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q6ZQQ1_HUMAN]	6,49
B4DNW1	cDNA FLJ59940, highly similar to Tubulin beta-2C chain OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DNW1_HUMAN]	6,48
B4DDT1	cDNA FLJ50111, highly similar to Hepatic triacylglycerol lipase (EC 3.1.1.3) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DDT1_HUMAN]	6,48
A0A0A0MS79	Nck-associated protein 5 OS=Homo sapiens GN=NCKAP5 PE=1 SV=1 - [A0A0A0MS79_HUMAN]	6,48
A0A087WX60	Myopalladin OS=Homo sapiens GN=MYPN PE=1 SV=1 - [A0A087WX60_HUMAN]	6,48
Q13502	Phosphotyrosine independent ligand p62B for the Lck SH2 domain B-cell isoform (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q13502_HUMAN]	6,47
P28908	Tumor necrosis factor receptor superfamily member 8 OS=Homo sapiens GN=TNFRSF8 PE=1 SV=1 - [TNFR8_HUMAN]	6,46
A0A0A0MT16	ATP-binding cassette sub-family A member 13 OS=Homo sapiens GN=ABCA13 PE=1 SV=1 - [A0A0A0MT16_HUMAN]	6,45
A8K4R4	cDNA FLJ75533, highly similar to Homo sapiens amyotrophic lateral sclerosis 2 (juvenile) (ALS2), mRNA (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K4R4_HUMAN]	6,45
F5GZ90	Denticless protein homolog OS=Homo sapiens GN=DTL PE=1 SV=1 - [F5GZ90_HUMAN]	6,45
U5QBH1	LILRB3 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=LILRB3 PE=2 SV=1 - [U5QBH1_HUMAN]	6,45
Q86YW5	Trem-like transcript 1 protein OS=Homo sapiens GN=TREML1 PE=1 SV=2 - [TRML1_HUMAN]	6,45
Q9H8E3	cDNA FLJ13715 fis, clone PLACE2000404, moderately similar to PROBABLE LEUCYL-TRNA SYNTHETASE (EC 6.1.1.4) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q9H8E3_HUMAN]	6,44
B2R747	cDNA, FLJ93281, highly similar to Homo sapiens calcium/calmodulin-dependent protein kinase IV (CAMK4), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2R747_HUMAN]	6,44
J3KTI4	Zinc finger protein 521 OS=Homo sapiens GN=ZNF521 PE=1 SV=1 - [J3KTI4_HUMAN]	6,44
H0YJC2	Phosphoinositide phospholipase C (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PLCB1 PE=1 SV=1 - [H0YJC2_HUMAN]	6,43
E9PF10	Nuclear pore complex protein Nup155 OS=Homo sapiens GN=NUP155 PE=1 SV=1 - [E9PF10_HUMAN]	6,42
Q5TB80	Centrosomal protein of 162 kDa OS=Homo sapiens GN=CEP162 PE=1 SV=2 - [CE162_HUMAN]	6,42
Q8N8L8	cDNA FLJ39246 fis, clone OCBF2008466 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8N8L8_HUMAN]	6,41
B4DZF9	cDNA FLJ52601 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DZF9_HUMAN]	6,41
B4E242	cDNA FLJ53128 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E242_HUMAN]	6,41
H9KVB1	Runt-related transcription factor OS=Homo sapiens GN=RUNX1 PE=1 SV=1 - [H9KVB1_HUMAN]	6,41
Q8NCX5	Putative uncharacterized protein DKFZp434A035 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DKFZp434A035 PE=2 SV=1 - [Q8NCX5_HUMAN]	6,40
A0A024R3K8	Rho GTPase-activating protein, isoform CRA_c OS=Homo sapiens GN=RICS PE=4 SV=1 - [A0A024R3K8_HUMAN]	6,40
J3QRB6	Mitogen-activated protein kinase kinase kinase 3 OS=Homo sapiens GN=MAP3K3 PE=1 SV=1 - [J3QRB6_HUMAN]	6,39
Q05C87	PGPEP1 protein OS=Homo sapiens GN=PGPEP1 PE=2 SV=1 - [Q05C87_HUMAN]	6,39
Q76I76	Protein phosphatase Slingshot homolog 2 OS=Homo sapiens GN=SSH2 PE=1 SV=1 - [SSH2_HUMAN]	6,39
B2R6U9	Delta-like protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2R6U9_HUMAN]	6,39
H0Y5U7	Msx2-interacting protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SPEN PE=1 SV=1 - [H0Y5U7_HUMAN]	6,38
Q0P6F0	LRRC56 protein OS=Homo sapiens GN=LRRC56 PE=2 SV=1 - [Q0P6F0_HUMAN]	6,38
A8K6L2	cDNA FLJ76882, highly similar to Homo sapiens adult retina protein, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K6L2_HUMAN]	6,38
Q03828	Homeobox even-skipped homolog protein 2 OS=Homo sapiens GN=EVX2 PE=2 SV=2 - [EVX2_HUMAN]	6,38
Q9P0X4	Voltage-dependent T-type calcium channel subunit alpha-1I OS=Homo sapiens GN=CACNA1I PE=1 SV=1 - [CAC1I_HUMAN]	6,38
Q59H46	Integrin beta (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59H46_HUMAN]	6,37
P28566	5-hydroxytryptamine receptor 1E OS=Homo sapiens GN=HTR1E PE=1 SV=1 - [5HT1E_HUMAN]	6,36
Q53RS1	Putative uncharacterized protein ADAM17 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ADAM17 PE=4 SV=1 - [Q53RS1_HUMAN]	6,36
C9JR56	DNA-binding protein SATB OS=Homo sapiens GN=SATB2 PE=1 SV=1 - [C9JR56_HUMAN]	6,35
H7C1H0	Insulin-like growth factor-binding protein 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=IGFBP2 PE=1 SV=1 - [H7C1H0_HUMAN]	6,35
Q96QP1	Alpha-protein kinase 1 OS=Homo sapiens GN=ALPK1 PE=2 SV=3 - [ALPK1_HUMAN]	6,35
Q06HC6	Basonuclin 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=BNC2 PE=2 SV=1 - [Q06HC6_HUMAN]	6,34
Q5T3U5	Multidrug resistance-associated protein 7 OS=Homo sapiens GN=ABCC10 PE=1 SV=1 - [MRP7_HUMAN]	6,34
Q4LDE5	Sushi, von Willebrand factor type A, EGF and pentraxin domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=SVEP1 PE=1 SV=3 - [SVEP1_HUMAN]	6,34
B3KR30	cDNA FLJ33557 fis, clone BRAMY2009489, highly similar to Homo sapiens SPHK1 (sphingosine kinase type 1) interacting protein (SKIP), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KR30_HUMAN]	6,34
Q9HD43	Receptor-type tyrosine-protein phosphatase H OS=Homo sapiens GN=PTPRH PE=1 SV=3 - [PTPRH_HUMAN]	6,33
Q96MC9	Uncharacterized protein C1orf147 OS=Homo sapiens GN=C1orf147 PE=2 SV=2 - [CA147_HUMAN]	6,32
B3KX30	cDNA FLJ44557 fis, clone UTERU3007913, highly similar to FERM domain-containing protein 6 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KX30_HUMAN]	6,32
Q9NYQ8	Protocadherin Fat 2 OS=Homo sapiens GN=FAT2 PE=1 SV=2 - [FAT2_HUMAN]	6,31
L8EA50	Alternative protein CHST7 OS=Homo sapiens GN=CHST7 PE=4 SV=1 - [L8EA50_HUMAN]	6,30
B7Z310	cDNA FLJ51965, highly similar to Ras and Rab interactor 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z310_HUMAN]	6,30
Q9ULH4	Leucine-rich repeat and fibronectin type-III domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=LRFN2 PE=1 SV=2 - [LRFN2_HUMAN]	6,29
H9KV82	EF-hand domain-containing family member B OS=Homo sapiens GN=EFHB PE=1 SV=1 - [H9KV82_HUMAN]	6,29
Q53QS8	Putative uncharacterized protein ERBB4 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ERBB4 PE=4 SV=1 - [Q53QS8_HUMAN]	6,29
Q5T752	Late cornified envelope protein 1D OS=Homo sapiens GN=LCE1D PE=1 SV=1 - [LCE1D_HUMAN]	6,29
Q68D80	alpha-1,2-Mannosidase OS=Homo sapiens GN=DKFZp686C04126 PE=2 SV=1 - [Q68D80_HUMAN]	6,28

Q9Y3Q4	Potassium/sodium hyperpolarization-activated cyclic nucleotide-gated channel 4 OS=Homo sapiens GN=HCN4 PE=1 SV=1 - [HCN4_HUMAN]	6,28
C9JV54	Tetratricopeptide repeat protein 32 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=TTC32 PE=4 SV=1 - [C9JV54_HUMAN]	6,27
B4DYM6	Cell cycle checkpoint control protein RAD9B OS=Homo sapiens GN=RAD9B PE=1 SV=1 - [B4DYM6_HUMAN]	6,27
A8K1A2	cDNA FLJ77265, highly similar to Homo sapiens integrin beta 1 binding protein 1 (ITGB1BP1), transcript variant 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K1A2_HUMAN]	6,26
F5H0Y3	Myeloid leukemia factor 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MLF2 PE=1 SV=8 - [F5H0Y3_HUMAN]	6,25
Q12772	Sterol regulatory element-binding protein 2 OS=Homo sapiens GN=SREBF2 PE=1 SV=2 - [SRBP2_HUMAN]	6,25
Q86UY5	Protein FAM83A OS=Homo sapiens GN=FAM83A PE=1 SV=1 - [FA83A_HUMAN]	6,25
Q9H8Y1	Vertnin OS=Homo sapiens GN=VRTN PE=1 SV=1 - [VRTN_HUMAN]	6,24
Q5T1R4	Transcription factor HIVEP3 OS=Homo sapiens GN=HIVEP3 PE=2 SV=1 - [ZEP3_HUMAN]	6,22
E7EWD3	Disintegrin and metalloproteinase domain-containing protein 23 OS=Homo sapiens GN=ADAM23 PE=1 SV=2 - [E7EWD3_HUMAN]	6,21
B4DYY0	cDNA FLJ58866, highly similar to Very-long-chain specific acyl-CoA dehydrogenase, mitochondrial (EC 1.3.99.-) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DYY0_HUMAN]	6,21
E9PB94	Rap guanine nucleotide exchange factor 4 OS=Homo sapiens GN=RAPGEF4 PE=1 SV=1 - [E9PB94_HUMAN]	6,20
Q7Z3W9	Nuclear cap-binding protein subunit 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DKFZp686G18222 PE=2 SV=1 - [Q7Z3W9_HUMAN]	6,20
Q8IYD1	Eukaryotic peptide chain release factor GTP-binding subunit ERF3B OS=Homo sapiens GN=GSPT2 PE=1 SV=2 - [ERF3B_HUMAN]	6,20
A0A087WYC8	Regulator of nonsense transcripts 3B OS=Homo sapiens GN=UPF3B PE=1 SV=1 - [A0A087WYC8_HUMAN]	6,19
Q53SY7	Putative uncharacterized protein CAD (Fragment) OS=Homo sapiens GN=CAD PE=3 SV=1 - [Q53SY7_HUMAN]	6,19
H7C1N4	Protein shisa-7 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SHISA7 PE=4 SV=1 - [H7C1N4_HUMAN]	6,18
P61129	Zinc finger CCCH domain-containing protein 6 OS=Homo sapiens GN=ZC3H6 PE=1 SV=2 - [ZC3H6_HUMAN]	6,17
A0A087WZF2	Empty spiracles homolog 1 (Drosophila), isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=EMX1 PE=4 SV=1 - [A0A087WZF2_HUMAN]	6,17
Q15911	Zinc finger homeobox protein 3 OS=Homo sapiens GN=ZFHX3 PE=1 SV=2 - [ZFHX3_HUMAN]	6,17
C9JTH1	Interleukin-36 receptor antagonist protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=IL36RN PE=1 SV=1 - [C9JTH1_HUMAN]	6,14
A0A140T9M2	Uncharacterized protein C6orf10 OS=Homo sapiens GN=C6orf10 PE=1 SV=1 - [A0A140T9M2_HUMAN]	6,14
Q6TFL4	Kelch-like protein 24 OS=Homo sapiens GN=KLHL24 PE=1 SV=1 - [KLHL24_HUMAN]	6,13
A0A024R4W0	SAPS domain family, member 2, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=SAPS2 PE=4 SV=1 - [A0A024R4W0_HUMAN]	6,13
D6RC29	Protein FAM193B (Fragment) OS=Homo sapiens GN=FAM193B PE=1 SV=1 - [D6RC29_HUMAN]	6,12
O94898	Leucine-rich repeats and immunoglobulin-like domains protein 2 OS=Homo sapiens GN=LRIG2 PE=2 SV=3 - [LRIG2_HUMAN]	6,09
H0Y829	Adipogenin (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ADIG PE=4 SV=1 - [H0Y829_HUMAN]	6,05
Q1MSJ5	Centrosome and spindle pole-associated protein 1 OS=Homo sapiens GN=CSPP1 PE=1 SV=4 - [CSPP1_HUMAN]	6,05
B1APG3	cAMP-dependent protein kinase catalytic subunit beta OS=Homo sapiens GN=PRKACB PE=1 SV=1 - [B1APG3_HUMAN]	6,03
H7C219	E3 ubiquitin-protein ligase RNF25 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=RNF25 PE=1 SV=1 - [H7C219_HUMAN]	6,00
Q59FF8	CUB and Sushi multiple domains 1 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59FF8_HUMAN]	6,00
E5RFN6	ATP-binding cassette sub-family A member 10 OS=Homo sapiens GN=ABCA10 PE=1 SV=1 - [E5RFN6_HUMAN]	5,98
H7C5W9	Sarcoplasmic/endoplasmic reticulum calcium ATPase 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ATP2A2 PE=1 SV=1 - [H7C5W9_HUMAN]	5,98
L8E8M9	Alternative protein PCDHB16 OS=Homo sapiens GN=PCDHB16 PE=4 SV=1 - [L8E8M9_HUMAN]	5,98
B3KNR7	cDNA FLJ30258 fis, clone BRACE2002468, highly similar to Polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase 9 (EC 2.4.1.41) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KNR7_HUMAN]	5,98
O15084	Serine/threonine-protein phosphatase 6 regulatory ankyrin repeat subunit A OS=Homo sapiens GN=ANKRD28 PE=1 SV=5 - [ANR28_HUMAN]	5,98
B2R5V9	cDNA, FLJ92652, highly similar to Homo sapiens high density lipoprotein binding protein (vigilin)(HDLBP), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2R5V9_HUMAN]	5,96
Q9UHR5	SAP30-binding protein OS=Homo sapiens GN=SAP30BP PE=1 SV=1 - [S30BP_HUMAN]	5,95
P58397	A disintegrin and metalloproteinase with thrombospondin motifs 12 OS=Homo sapiens GN=ADAMTS12 PE=1 SV=2 - [ATS12_HUMAN]	5,93
H0YHU2	Transmembrane protein 106C (Fragment) OS=Homo sapiens GN=TMEM106C PE=4 SV=1 - [H0YHU2_HUMAN]	5,93
F5GZA4	Coiled-coil domain-containing protein 74A OS=Homo sapiens GN=CCDC74A PE=1 SV=2 - [F5GZA4_HUMAN]	5,93
Q9UIB8	SLAM family member 5 OS=Homo sapiens GN=CD84 PE=1 SV=1 - [SLAF5_HUMAN]	5,93
A0A1V0DNR7	PTENbeta OS=Homo sapiens GN=PTEN PE=2 SV=1 - [A0A1V0DNR7_HUMAN]	5,92
Q63ZY3	KN motif and ankyrin repeat domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=KANK2 PE=1 SV=1 - [KANK2_HUMAN]	5,92
Q6XYQ8	Synaptotagmin-10 OS=Homo sapiens GN=SYT10 PE=2 SV=1 - [SYT10_HUMAN]	5,92
A6NKG5	Retrotransposon-like protein 1 OS=Homo sapiens GN=RTL1 PE=3 SV=3 - [RTL1_HUMAN]	5,91
O00268	Transcription initiation factor TFIID subunit 4 OS=Homo sapiens GN=TAF4 PE=1 SV=2 - [TAF4_HUMAN]	5,91
B7Z2R3	cDNA FLJ59510, highly similar to Homo sapiens tight junction protein 2 (TJP2), transcript variant 2, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z2R3_HUMAN]	5,90
B3KRK1	cDNA FLJ34442 fis, clone HLUNG2001507, highly similar to Amphotericin-induced protein 2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KRK1_HUMAN]	5,90
A0A0A0MS69	Phosphodiesterase OS=Homo sapiens GN=PDE1C PE=1 SV=1 - [A0A0A0MS69_HUMAN]	5,89
A0A0G2JNK9	Leukocyte immunoglobulin-like receptor subfamily B member 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=LILRB1 PE=1 SV=1 - [A0A0G2JNK9_HUMAN]	5,89
B3KR17	cDNA FLJ33465 fis, clone BRAMY2001367, highly similar to Mus musculus pecanex-like 2 (Drosophila) (Pcnx12), transcript variant 2, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KR17_HUMAN]	5,88
B4DLY2	cDNA FLJ56600, highly similar to Large proline-rich protein BAT2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DLY2_HUMAN]	5,88
Q9UNH2	MC5L-53L-54L homolog (Fragment) OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [Q9UNH2_HUMAN]	5,87
M0QYI2	Cytochrome P450 2S1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=CYP2S1 PE=4 SV=1 - [M0QYI2_HUMAN]	5,87
Q6PG49	TRDN protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=TRDN PE=2 SV=1 - [Q6PG49_HUMAN]	5,87
B4DEH9	Acetyl-coenzyme A synthetase, cytoplasmic OS=Homo sapiens GN=ACSS2 PE=1 SV=1 - [B4DEH9_HUMAN]	5,87
Q9P0K0	Putative zinc finger protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q9P0K0_HUMAN]	5,86

M0R0B6	Pyroglutamyl-peptidase 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PGPEP1 PE=4 SV=2 - [M0R0B6_HUMAN]	5,84
Q9C0D5	Protein TANC1 OS=Homo sapiens GN=TANC1 PE=1 SV=3 - [TANC1_HUMAN]	5,83
Q8TC59	Piwi-like protein 2 OS=Homo sapiens GN=PIWIL2 PE=1 SV=1 - [PIWIL2_HUMAN]	5,83
B4E216	cDNA FLJ57339, highly similar to Complement C3 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E216_HUMAN]	5,82
H7BZ62	Neurotrimin (Fragment) OS=Homo sapiens GN=NTM PE=1 SV=1 - [H7BZ62_HUMAN]	5,82
B3KUK7	Katanin p60 ATPase-containing subunit A-like 1 OS=Homo sapiens GN=KATNA1 PE=2 SV=1 - [B3KUK7_HUMAN]	5,82
Q96IE3	Similar to plectin 1, intermediate filament binding protein, 500kD (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q96IE3_HUMAN]	5,82
P19320	Vascular cell adhesion protein 1 OS=Homo sapiens GN=VCAM1 PE=1 SV=1 - [VCAM1_HUMAN]	5,81
J3KP02	Leucine-, glutamate- and lysine-rich protein 1 OS=Homo sapiens GN=LEKR1 PE=4 SV=1 - [J3KP02_HUMAN]	5,80
Q9BQI5	SH3-containing GRB2-like protein 3-interacting protein 1 OS=Homo sapiens GN=SGIP1 PE=1 SV=2 - [SGIP1_HUMAN]	5,80
B4E197	cDNA FLJ55374, highly similar to Protein kinase C-binding protein NELL1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E197_HUMAN]	5,78
Q5QGS0	Protein KIAA2022 OS=Homo sapiens GN=KIAA2022 PE=2 SV=1 - [K2022_HUMAN]	5,76
A0MZ66	Shootin-1 OS=Homo sapiens GN=SHTN1 PE=1 SV=4 - [SHOT1_HUMAN]	5,75
B4DRZ9	cDNA FLJ50187 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DRZ9_HUMAN]	5,74
B4E3G3	cDNA FLJ60223, highly similar to Probable ATP-dependent RNA helicase DHX34 (EC 3.6.1.-) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E3G3_HUMAN]	5,74
Q8TF62	Probable phospholipid-transporting ATPase IM OS=Homo sapiens GN=ATP8B4 PE=1 SV=3 - [AT8B4_HUMAN]	5,73
F8WAU7	Vesicle-trafficking protein SEC22a OS=Homo sapiens GN=SEC22A PE=1 SV=1 - [F8WAU7_HUMAN]	5,72
G3V1Y8	60 kDa lysophospholipase OS=Homo sapiens GN=ASPG PE=1 SV=1 - [G3V1Y8_HUMAN]	5,71
B3KPU4	cDNA FLJ32196 fis, clone PLACE6002668, highly similar to Homo sapiens sorbin and SH3 domain containing 2 (SORBS2), transcript variant 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KPU4_HUMAN]	5,70
Q03938	Zinc finger protein 90 OS=Homo sapiens GN=ZNF90 PE=2 SV=3 - [ZNF90_HUMAN]	5,68
B4E1Z4	cDNA FLJ55673, highly similar to Complement factor B (EC 3.4.21.47) OS=Homo sapiens PE=1 SV=1 - [B4E1Z4_HUMAN]	5,68
A0A1B0GTU7	DNA polymerase subunit gamma-1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=POLG PE=1 SV=1 - [A0A1B0GTU7_HUMAN]	5,62
X5DP92	Benzodiazepine receptor peripheral-associated protein 1 isoform G OS=Homo sapiens GN=BZRAP1 PE=2 SV=1 - [X5DP92_HUMAN]	5,52
D3DRN8	Uncharacterized protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=LOC158381 PE=4 SV=1 - [D3DRN8_HUMAN]	5,51
A0A087X1X8	Uncharacterized protein OS=Homo sapiens PE=4 SV=2 - [A0A087X1X8_HUMAN]	5,48
Q9Y6U3	Adseverin OS=Homo sapiens GN=SCIN PE=1 SV=4 - [ADSV_HUMAN]	5,46
A0A1B0GTN5	Uncharacterized protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=LOC101929926 PE=4 SV=1 - [A0A1B0GTN5_HUMAN]	5,45
Q9BZT1	PNAS-101 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q9BZT1_HUMAN]	5,43
A9QQ22	Actin nucleation promoting factor (Fragment) OS=Homo sapiens GN=WASH PE=4 SV=1 - [A9QQ22_HUMAN]	5,38
Q59FZ7	DNA-repair protein complementing XP-G cells variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59FZ7_HUMAN]	5,37
B4DYY6	GPI inositol-deacylase OS=Homo sapiens GN=PGAP1 PE=1 SV=1 - [B4DYY6_HUMAN]	5,28
Q6UVK1	Chondroitin sulfate proteoglycan 4 OS=Homo sapiens GN=CSPG4 PE=1 SV=2 - [CSPG4_HUMAN]	5,20
A6NN50	Obscurin-like protein 1 OS=Homo sapiens GN=OBSL1 PE=1 SV=1 - [A6NN50_HUMAN]	5,13
A0A024R6J2	T-cell leukemia/lymphoma 6, isoform CRA_d OS=Homo sapiens GN=TCL6 PE=4 SV=1 - [A0A024R6J2_HUMAN]	5,12
A8K3I3	cDNA FLJ77068, highly similar to Homo sapiens DNA cross-link repair 1C (PSO2 homolog, S. cerevisiae) (DCLRE1C), transcript variant c, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K3I3_HUMAN]	5,08
Q8IYL3	UPF0688 protein C1orf174 OS=Homo sapiens GN=C1orf174 PE=1 SV=2 - [CA174_HUMAN]	5,08
Q9NSI4	PRED42 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PRED42 PE=4 SV=1 - [Q9NSI4_HUMAN]	5,07
B3KSI5	cDNA FLJ36351 fis, clone THYMU2007146, highly similar to Sororin (Cell division cycle-associated protein 5) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KSI5_HUMAN]	5,06
H0Y8R4	Serine/threonine-protein kinase RIO2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=RIOK2 PE=1 SV=1 - [H0Y8R4_HUMAN]	5,04
Q9P2D1	Chromodomain-helicase-DNA-binding protein 7 OS=Homo sapiens GN=CHD7 PE=1 SV=3 - [CHD7_HUMAN]	5,00
P46952	3-hydroxyanthranilate 3,4-dioxygenase OS=Homo sapiens GN=HAAD PE=1 SV=2 - [3HAO_HUMAN]	4,99
B0I1P5	Kidney ankyrin repeat-containing protein 3 OS=Homo sapiens GN=Kank3 PE=2 SV=1 - [B0I1P5_HUMAN]	4,94
Q9Y4D7	Plexin-D1 OS=Homo sapiens GN=PLXND1 PE=1 SV=3 - [PLXD1_HUMAN]	4,94
A0A075B7B7	GAS2-like protein 2 OS=Homo sapiens GN=GAS2L2 PE=1 SV=1 - [A0A075B7B7_HUMAN]	4,88
Q8TCN5	Zinc finger protein 507 OS=Homo sapiens GN=ZNF507 PE=1 SV=2 - [ZN507_HUMAN]	4,87
Q8TF46	DIS3-like exonuclease 1 OS=Homo sapiens GN=DIS3L PE=1 SV=2 - [DI3L1_HUMAN]	4,85
Q59H82	PR-domain zinc finger protein 2 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59H82_HUMAN]	4,76
Q15059	Bromodomain-containing protein 3 OS=Homo sapiens GN=BRD3 PE=1 SV=1 - [BRD3_HUMAN]	4,76
Q4W5Q4	Putative uncharacterized protein PDZGEF1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PDZGEF1 PE=4 SV=1 - [Q4W5Q4_HUMAN]	4,75
P69849	Nodal modulator 3 OS=Homo sapiens GN=NOMO3 PE=3 SV=2 - [NOMO3_HUMAN]	4,42
F5H638	Voltage-dependent L-type calcium channel subunit alpha OS=Homo sapiens GN=CACNA1C PE=1 SV=1 - [F5H638_HUMAN]	4,39
M0QZ23	Uncharacterized protein C19orf44 OS=Homo sapiens GN=C19orf44 PE=1 SV=1 - [M0QZ23_HUMAN]	4,15
B4DII4	cDNA FLJ53493, highly similar to HEF-like protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DII4_HUMAN]	3,17
A0A087WUT8	Chondroitin sulfate proteoglycan 5 OS=Homo sapiens GN=CSPG5 PE=1 SV=1 - [A0A087WUT8_HUMAN]	3,16

Dados das proteínas salivares identificadas. por LC-ESI-MS / MS para o grupo G4:

Accession	Description	Score
B7ZMD7	Alpha-amylase OS=Homo sapiens GN=AMY1A PE=2 SV=1 - [B7ZMD7_HUMAN]	1285,07
P19961	Alpha-amylase 2B OS=Homo sapiens GN=AMY2B PE=1 SV=1 - [AMY2B_HUMAN]	1076,20
A8K5R2	cDNA FLJ77293, highly similar to Homo sapiens vasohibin 1 (VASH1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 -	590,81

	[A8K5R2_HUMAN]	
A0A0G2JQA9	Mucin-4 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MUC4 PE=1 SV=1 - [A0A0G2JQA9_HUMAN]	367,99
P01833	Polymeric immunoglobulin receptor OS=Homo sapiens GN=PIGR PE=1 SV=4 - [PIGR_HUMAN]	341,95
P02814	Submaxillary gland androgen-regulated protein 3B OS=Homo sapiens GN=SMR3B PE=1 SV=2 - [SMR3B_HUMAN]	306,75
F6KPG5	Albumin (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [F6KPG5_HUMAN]	192,15
C0JYZ2	Titin OS=Homo sapiens GN=TTN PE=4 SV=1 - [C0JYZ2_HUMAN]	187,69
Q6PJF2	IGK@ protein OS=Homo sapiens GN=IGK@ PE=1 SV=1 - [Q6PJF2_HUMAN]	167,95
P01036	Cystatin-S OS=Homo sapiens GN=CST4 PE=1 SV=3 - [CYTS_HUMAN]	163,03
E7ERH1	Tensin-1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=TNS1 PE=1 SV=1 - [E7ERH1_HUMAN]	157,70
A0A0C4DGN4	Zymogen granule protein 16 homolog B OS=Homo sapiens GN=ZG16B PE=1 SV=1 - [A0A0C4DGN4_HUMAN]	146,15
P23280	Carbonic anhydrase 6 OS=Homo sapiens GN=CA6 PE=1 SV=3 - [CAH6_HUMAN]	129,92
Q7Z2U7	Uncharacterized protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q7Z2U7_HUMAN]	127,94
Q8WXI7	Mucin-16 OS=Homo sapiens GN=MUC16 PE=1 SV=3 - [MUC16_HUMAN]	124,47
Q7Z5P9	Mucin-19 OS=Homo sapiens GN=MUC19 PE=1 SV=3 - [MUC19_HUMAN]	111,54
B4DW52	cDNA FLJ55253, highly similar to Actin, cytoplasmic 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DW52_HUMAN]	106,05
P01037	Cystatin-SN OS=Homo sapiens GN=CST1 PE=1 SV=3 - [CYTN_HUMAN]	102,78
Q8WY24	SNC66 protein OS=Homo sapiens PE=1 SV=1 - [Q8WY24_HUMAN]	101,64
A7Y9J9	Mucin 5AC, oligomeric mucus/gel-forming OS=Homo sapiens GN=MUC5AC PE=4 SV=1 - [A7Y9J9_HUMAN]	100,38
P12273	Prolactin-inducible protein OS=Homo sapiens GN=PIP PE=1 SV=1 - [PIP_HUMAN]	92,93
P68133	Actin, alpha skeletal muscle OS=Homo sapiens GN=ACTA1 PE=1 SV=1 - [ACTS_HUMAN]	83,37
Q6ZVX0	cDNA FLJ14981 fis, clone SMINT2011888, highly similar to Protein Tro alpha1 H, myeloma OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q6ZVX0_HUMAN]	79,38
E9PCT1	Serine/arginine repetitive matrix protein 1 OS=Homo sapiens GN=SRRM1 PE=1 SV=3 - [E9PCT1_HUMAN]	76,73
F8W6W8	Regulating synaptic membrane exocytosis protein 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=RIMS2 PE=1 SV=1 - [F8W6W8_HUMAN]	63,26
Q9P041	HSPC109 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q9P041_HUMAN]	58,83
P04080	Cystatin-B OS=Homo sapiens GN=CSTB PE=1 SV=2 - [CYTB_HUMAN]	57,42
Q6N021	Methylcytosine dioxygenase TET2 OS=Homo sapiens GN=TET2 PE=1 SV=3 - [TET2_HUMAN]	56,70
A0A1B0GVP4	Ligand-dependent nuclear receptor corepressor-like protein OS=Homo sapiens GN=LCORL PE=1 SV=1 - [A0A1B0GVP4_HUMAN]	56,21
E9PAV3	Nascent polypeptide-associated complex subunit alpha, muscle-specific form OS=Homo sapiens GN=NACA PE=1 SV=1 - [NACAM_HUMAN]	55,77
P09211	Glutathione S-transferase P OS=Homo sapiens GN=GSTP1 PE=1 SV=2 - [GSTP1_HUMAN]	55,69
Q4G0X9	Coiled-coil domain-containing protein 40 OS=Homo sapiens GN=CCDC40 PE=2 SV=2 - [CCDC40_HUMAN]	54,40
E9PIL3	CKLF-like MARVEL transmembrane domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=CMTM1 PE=1 SV=1 - [E9PIL3_HUMAN]	52,65
G3V1T1	DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily C, member 4, isoform CRA_h OS=Homo sapiens GN=DNAJC4 PE=4 SV=1 - [G3V1T1_HUMAN]	50,98
A0A0U1RR20	Proteoglycan 4 OS=Homo sapiens GN=PRG4 PE=1 SV=1 - [A0A0U1RR20_HUMAN]	50,70
F5GZK2	Collagen alpha-1(XI) chain OS=Homo sapiens GN=COL21A1 PE=1 SV=2 - [F5GZK2_HUMAN]	49,54
Q86UR5	Regulating synaptic membrane exocytosis protein 1 OS=Homo sapiens GN=RIMS1 PE=1 SV=1 - [RIMS1_HUMAN]	49,26
D3U719	Conserved telomere capping protein 1 OS=Homo sapiens GN=CTC1 PE=2 SV=1 - [D3U719_HUMAN]	47,52
Q6MZQ6	Putative uncharacterized protein DKFZp686G11190 OS=Homo sapiens GN=DKFZp686G11190 PE=2 SV=1 - [Q6MZQ6_HUMAN]	42,55
P06733	Alpha-enolase OS=Homo sapiens GN=ENO1 PE=1 SV=2 - [ENOA_HUMAN]	40,86
A6NM62	Leucine-rich repeat-containing protein 53 OS=Homo sapiens GN=LRRC53 PE=4 SV=2 - [LRC53_HUMAN]	39,70
Q12955	Ankyrin-3 OS=Homo sapiens GN=ANK3 PE=1 SV=3 - [ANK3_HUMAN]	39,49
E1A689	Mutant Apo B 100 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [E1A689_HUMAN]	39,01
Q14484	Beta-globin (Fragment) OS=Homo sapiens GN=HBB PE=3 SV=1 - [Q14484_HUMAN]	38,59
A0A024R8E8	Senataxin, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=SETX PE=4 SV=1 - [A0A024R8E8_HUMAN]	38,36
L0R6C4	Alternative protein ANKRD11 OS=Homo sapiens GN=ANKRD11 PE=4 SV=1 - [L0R6C4_HUMAN]	38,22
B3KMA3	cDNA FLJ10592 fis, clone NT2RP2004614, highly similar to Homo sapiens KIAA0922 protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KMA3_HUMAN]	38,16
Q9HCE0	Ectopic P granules protein 5 homolog OS=Homo sapiens GN=EPG5 PE=1 SV=2 - [EPG5_HUMAN]	37,62
B2R4M6	Protein S100 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2R4M6_HUMAN]	36,79
B3KXW2	cDNA FLJ46178 fis, clone TESTI4003944, highly similar to Homo sapiens zinc finger protein 532 (ZNF532), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KXW2_HUMAN]	36,64
T1R7Q9	MUC5AC (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MUC5AC PE=4 SV=1 - [T1R7Q9_HUMAN]	36,14
A2A2V2	RNA-binding protein 34 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=RBM34 PE=1 SV=1 - [A2A2V2_HUMAN]	35,80
P49639	Homeobox protein Hox-A1 OS=Homo sapiens GN=HOXA1 PE=1 SV=2 - [HXA1_HUMAN]	35,65
Q5T4S7	E3 ubiquitin-protein ligase UBR4 OS=Homo sapiens GN=UBR4 PE=1 SV=1 - [UBR4_HUMAN]	34,41
B5MCY1	Tudor domain-containing protein 15 OS=Homo sapiens GN=TDRD15 PE=2 SV=1 - [TDR15_HUMAN]	34,36
Q03164	Histone-lysine N-methyltransferase 2A OS=Homo sapiens GN=KMT2A PE=1 SV=5 - [KMT2A_HUMAN]	34,36
A8K2H9	cDNA FLJ78503, highly similar to Homo sapiens keratin 13 (KRT13), transcript variant 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K2H9_HUMAN]	34,28
Q5SYE7	NHS-like protein 1 OS=Homo sapiens GN=NHSL1 PE=1 SV=2 - [NHSL1_HUMAN]	34,05
Q96HE9	Proline-rich protein 11 OS=Homo sapiens GN=PRR11 PE=1 SV=1 - [PRR11_HUMAN]	33,95
P42858	Huntingtin OS=Homo sapiens GN=HTT PE=1 SV=2 - [HD_HUMAN]	33,94
Q0QET7	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (Fragment) OS=Homo sapiens GN=GAPDH PE=2 SV=1 - [Q0QET7_HUMAN]	33,22
Q96HP0	Dedicator of cytokinesis protein 6 OS=Homo sapiens GN=DOCK6 PE=1 SV=3 - [DOCK6_HUMAN]	32,94
B7Z3E7	cDNA FLJ56510, highly similar to Tumor suppressor p53-binding protein 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z3E7_HUMAN]	32,64
B3KNX8	cDNA FLJ30689 fis, clone FCBBF2000566, highly similar to B-cell lymphoma/leukemia 11A OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KNX8_HUMAN]	32,59
P98088	Mucin-5AC OS=Homo sapiens GN=MUC5AC PE=1 SV=4 - [MUC5A_HUMAN]	31,69
F4MH59	Ubiquitously transcribed tetratricopeptide repeat protein Y-linked transcript variant 8 OS=Homo sapiens GN=UTY PE=2 SV=1 - [F4MH59_HUMAN]	31,68
F5GXF5	Nucleosome-remodeling factor subunit BPTF (Fragment) OS=Homo sapiens GN=BPTF PE=1 SV=2 - [F5GXF5_HUMAN]	31,27

B7ZA13	Calcium-transporting ATPase OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7ZA13_HUMAN]	31,17
E7ETY2	Treacle protein OS=Homo sapiens GN=TCOF1 PE=1 SV=1 - [E7ETY2_HUMAN]	30,24
A4UGR9	Xin actin-binding repeat-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=XIRP2 PE=1 SV=2 - [XIRP2_HUMAN]	29,67
A0A1B0GWB9	SAM and SH3 domain-containing protein 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SASH1 PE=1 SV=1 - [A0A1B0GWB9_HUMAN]	29,52
Q2WEN9	Carcinoembryonic antigen-related cell adhesion molecule 16 OS=Homo sapiens GN=CEACAM16 PE=1 SV=2 - [CEA16_HUMAN]	29,28
Q6UB99	Ankyrin repeat domain-containing protein 11 OS=Homo sapiens GN=ANKRD11 PE=1 SV=3 - [ANR11_HUMAN]	29,26
I0B0K7	Truncated profilaggrin OS=Homo sapiens GN=FLG PE=4 SV=1 - [I0B0K7_HUMAN]	29,06
F8W696	Apolipoprotein A-I OS=Homo sapiens GN=APOA1 PE=1 SV=1 - [F8W696_HUMAN]	28,76
F5H212	Zinc finger protein 40 OS=Homo sapiens GN=HIVEP1 PE=1 SV=2 - [F5H212_HUMAN]	28,63
A0A1B0GUS7	Protein unc-13 homolog B OS=Homo sapiens GN=UNC13B PE=1 SV=1 - [A0A1B0GUS7_HUMAN]	28,60
A2KBC1	Anti-(ED-B) scFv (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=2 - [A2KBC1_HUMAN]	28,27
Q9NR99	Matrix-remodeling-associated protein 5 OS=Homo sapiens GN=MXRA5 PE=2 SV=3 - [MXRA5_HUMAN]	28,22
Q92878	DNA repair protein RAD50 OS=Homo sapiens GN=RAD50 PE=1 SV=1 - [RAD50_HUMAN]	28,21
J3QKX6	SWI/SNF-related matrix-associated actin-dependent regulator of chromatin subfamily E member 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SMARCE1 PE=1 SV=1 - [J3QKX6_HUMAN]	27,81
Q8NBZ3	cDNA FLJ90646 fis, clone PLACE1004279 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8NBZ3_HUMAN]	27,36
Q86XX4	Extracellular matrix protein FRAS1 OS=Homo sapiens GN=FRAS1 PE=1 SV=2 - [FRAS1_HUMAN]	27,34
A0A1U9XBD9	MDC1 OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [A0A1U9XBD9_HUMAN]	26,82
Q59HG6	Rho GTPase activating protein 6 isoform 1 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59HG6_HUMAN]	26,70
A0A024R528	Interleukin 1 receptor antagonist, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=IL1RN PE=3 SV=1 - [A0A024R528_HUMAN]	26,69
Q9UIG0	Tyrosine-protein kinase BAZ1B OS=Homo sapiens GN=BAZ1B PE=1 SV=2 - [BAZ1B_HUMAN]	26,63
Q5VST9	Obscurin OS=Homo sapiens GN=OBSCN PE=1 SV=3 - [OBSCN_HUMAN]	26,50
Q9UKN1	Mucin-12 OS=Homo sapiens GN=MUC12 PE=1 SV=2 - [MUC12_HUMAN]	26,21
Q8WYL5	Protein phosphatase Slingshot homolog 1 OS=Homo sapiens GN=SSH1 PE=1 SV=2 - [SSH1_HUMAN]	26,12
P01009	Alpha-1-antitrypsin OS=Homo sapiens GN=SERPINA1 PE=1 SV=3 - [A1AT_HUMAN]	25,95
Q96S21	Ras-related protein Rab-40C OS=Homo sapiens GN=RAB40C PE=1 SV=1 - [RB40C_HUMAN]	25,65
P01024	Complement C3 OS=Homo sapiens GN=C3 PE=1 SV=2 - [CO3_HUMAN]	25,07
Q8IXT1	DNA damage-induced apoptosis suppressor protein OS=Homo sapiens GN=DDIAS PE=2 SV=2 - [DDIAS_HUMAN]	25,00
E9PBB9	C-Jun-amino-terminal kinase-interacting protein 1 OS=Homo sapiens GN=MAPK8IP1 PE=1 SV=1 - [E9PBB9_HUMAN]	24,43
Q8NFC6	Biorientation of chromosomes in cell division protein 1-like 1 OS=Homo sapiens GN=BOD1L1 PE=1 SV=2 - [BD1L1_HUMAN]	24,24
P09228	Cystatin-SA OS=Homo sapiens GN=GST2 PE=1 SV=1 - [CYTT_HUMAN]	24,21
Q8IZF6	Adhesion G-protein coupled receptor G4 OS=Homo sapiens GN=ADGRG4 PE=2 SV=2 - [AGRG4_HUMAN]	24,14
E9PPJ1	Kinetochore scaffold 1 OS=Homo sapiens GN=KNL1 PE=1 SV=2 - [E9PPJ1_HUMAN]	24,08
A0A1V1G0E9	Tuberin OS=Homo sapiens GN=TSC2 PE=2 SV=1 - [A0A1V1G0E9_HUMAN]	23,76
Q38G99	C-myc intron-binding protein 1 OS=Homo sapiens GN=MIBP1 PE=2 SV=1 - [Q38G99_HUMAN]	23,54
A0A024R1E2	Myosin XVIIIB, isoform CRA_c OS=Homo sapiens GN=MYO18B PE=4 SV=1 - [A0A024R1E2_HUMAN]	23,50
B2R7Z6	cDNA, FLJ93674 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2R7Z6_HUMAN]	23,35
Q9ULU4	Protein kinase C-binding protein 1 OS=Homo sapiens GN=ZMYND8 PE=1 SV=2 - [PKCB1_HUMAN]	22,90
Q9BRQ4	Uncharacterized protein C11orf70 OS=Homo sapiens GN=C11orf70 PE=2 SV=3 - [CKO70_HUMAN]	22,71
F5GYN0	Protein FAM186A OS=Homo sapiens GN=FAM186A PE=1 SV=1 - [F5GYN0_HUMAN]	22,65
A0A0X1KG73	Ryanodine receptor 3 OS=Homo sapiens GN=RYP3 PE=1 SV=1 - [A0A0X1KG73_HUMAN]	22,56
Q2665	28S ribosomal protein S31, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=MRPS31 PE=1 SV=3 - [RT31_HUMAN]	22,53
Q8N7B8	cDNA FLJ25822 fis, clone TST07893 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8N7B8_HUMAN]	22,46
Q9NY30	Protein BTG4 OS=Homo sapiens GN=BTG4 PE=2 SV=1 - [BTG4_HUMAN]	22,44
Q8WXG9	G-protein coupled receptor 98 OS=Homo sapiens GN=GPR98 PE=1 SV=2 - [GPR98_HUMAN]	22,27
B3KW15	cDNA FLJ43124 fis, clone CTONG3004072, highly similar to Protein EMSY OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KW15_HUMAN]	22,05
I6L894	Ankyrin-2 OS=Homo sapiens GN=ANK2 PE=1 SV=1 - [I6L894_HUMAN]	21,97
Q8TE73	Dynein heavy chain 5, axonemal OS=Homo sapiens GN=DNAH5 PE=1 SV=3 - [DYH5_HUMAN]	21,90
Q02413	Desmoglein-1 OS=Homo sapiens GN=DSG1 PE=1 SV=2 - [DSG1_HUMAN]	21,78
B4DZG6	cDNA FLJ53254, highly similar to Nucleoporin NDC1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DZG6_HUMAN]	21,50
Q9Y6X0	SET-binding protein OS=Homo sapiens GN=SETBP1 PE=1 SV=3 - [SETBP_HUMAN]	21,37
I2G9F9	MHC class I antigen OS=Homo sapiens GN=HLA-C PE=2 SV=1 - [I2G9F9_HUMAN]	21,21
C9J7T7	Nuclear receptor corepressor 2 OS=Homo sapiens GN=NCOR2 PE=1 SV=3 - [C9J7T7_HUMAN]	20,85
Q5SSJ5	Heterochromatin protein 1-binding protein 3 OS=Homo sapiens GN=HP1BP3 PE=1 SV=1 - [HP1B3_HUMAN]	20,76
Q8TF01	Arginine/serine-rich protein PNISR OS=Homo sapiens GN=PNISR PE=1 SV=2 - [PNISR_HUMAN]	20,65
E9PHV5	Sperm-specific antigen 2 OS=Homo sapiens GN=SSFA2 PE=1 SV=1 - [E9PHV5_HUMAN]	20,60
Q99665	Interleukin-12 receptor subunit beta-2 OS=Homo sapiens GN=IL12RB2 PE=1 SV=1 - [I12R2_HUMAN]	20,53
B8QTP3	Dentin sialophosphoprotein variant E (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DSPP PE=4 SV=1 - [B8QTP3_HUMAN]	20,43
A0A087WXN4	Integrator complex subunit 12 OS=Homo sapiens GN=INTS12 PE=1 SV=1 - [A0A087WXN4_HUMAN]	20,41
Q15751	Probable E3 ubiquitin-protein ligase HERC1 OS=Homo sapiens GN=HERC1 PE=1 SV=2 - [HERC1_HUMAN]	20,31
J3KNQ2	Fibronectin type III domain-containing protein 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=FNDC1 PE=1 SV=1 - [J3KNQ2_HUMAN]	20,11
HOYAH0	Protocadherin-7 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PCDH7 PE=1 SV=1 - [HOYAH0_HUMAN]	20,04
Q9UPU5	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 24 OS=Homo sapiens GN=USP24 PE=1 SV=3 - [UBP24_HUMAN]	19,91
B4DYQ3	cDNA FLJ60974, highly similar to Mediator of RNA polymerase II transcription subunit 12 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DYQ3_HUMAN]	19,75
A0A0A0MSP7	FERM and PDZ domain-containing protein 3 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=FRMPD3 PE=1 SV=1 - [A0A0A0MSP7_HUMAN]	19,53
B2MV14	Truncated lactoferrin OS=Homo sapiens GN=LTF PE=3 SV=1 - [B2MV14_HUMAN]	19,30
A0A024R9Y3	HECT, UBA and WWE domain containing 1, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=HUWE1 PE=4 SV=1 - [A0A024R9Y3_HUMAN]	19,29
A0A024RBS1	GCN1 general control of amino-acid synthesis 1-like 1 (Yeast), isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=GCN1L1 PE=4 SV=1 - [A0A024RBS1_HUMAN]	19,25
HOYHI8	Protein phosphatase 1 regulatory subunit 12A (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PPP1R12A PE=1 SV=1 - [HOYHI8_HUMAN]	19,17

	[HOYH18_HUMAN]	
Q5CZC0	Fibrous sheath-interacting protein 2 OS=Homo sapiens GN=FSIP2 PE=2 SV=4 - [FSIP2_HUMAN]	18,78
Q9HBD1	Roquin-2 OS=Homo sapiens GN=RC3H2 PE=1 SV=2 - [RC3H2_HUMAN]	18,62
Q14315	Filamin-C OS=Homo sapiens GN=FLNC PE=1 SV=3 - [FLNC_HUMAN]	18,59
Q99698	Lysosomal-trafficking regulator OS=Homo sapiens GN=LYST PE=1 SV=3 - [LYST_HUMAN]	18,50
Q8NDA2	Hemicentin-2 OS=Homo sapiens GN=HMCN2 PE=2 SV=3 - [HMCN2_HUMAN]	18,29
Q4W5Q4	Putative uncharacterized protein PDZGEF1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PDZGEF1 PE=4 SV=1 - [Q4W5Q4_HUMAN]	18,13
O15265	Ataxin-7 OS=Homo sapiens GN=ATXN7 PE=1 SV=1 - [ATX7_HUMAN]	18,07
Q96KR1	Zinc finger RNA-binding protein OS=Homo sapiens GN=ZFR PE=1 SV=2 - [ZFR_HUMAN]	18,07
C9JEV0	Zinc-alpha-2-glycoprotein OS=Homo sapiens GN=AZGP1 PE=1 SV=1 - [C9JEV0_HUMAN]	17,56
P31025	Lipocalin-1 OS=Homo sapiens GN=LCN1 PE=1 SV=1 - [LCN1_HUMAN]	17,35
B4E195	cDNA FLJ51442, highly similar to Homo sapiens 2-aminoacidic 6-semialdehyde dehydrogenase (AASDH), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E195_HUMAN]	17,29
Q9NSI6	Bromodomain and WD repeat-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=BRWD1 PE=1 SV=4 - [BRWD1_HUMAN]	17,24
B4E1Z3	cDNA FLJ50948, highly similar to Synaptotagmin-1 (EC 3.1.3.36) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E1Z3_HUMAN]	17,21
A0A0A0MST8	Anion exchange protein OS=Homo sapiens GN=SLC4A7 PE=1 SV=1 - [A0A0A0MST8_HUMAN]	17,13
Q9BTC0	Death-inducer obliterator 1 OS=Homo sapiens GN=DIDO1 PE=1 SV=5 - [DIDO1_HUMAN]	16,98
A0A024R269	Acetyl-Coenzyme A acyltransferase 2 (Mitochondrial 3-oxoacyl-Coenzyme A thiolase), isoform CRA_d OS=Homo sapiens GN=ACAA2 PE=4 SV=1 - [A0A024R269_HUMAN]	16,77
E7EPM4	Mucin-17 OS=Homo sapiens GN=MUC17 PE=1 SV=1 - [E7EPM4_HUMAN]	16,76
Q1RMC9	ERBB2IP protein OS=Homo sapiens GN=ERBB2IP PE=2 SV=1 - [Q1RMC9_HUMAN]	16,75
Q8WYP5	Protein ELYS OS=Homo sapiens GN=AHCTF1 PE=1 SV=3 - [ELYS_HUMAN]	16,74
Q9Y5S2	Serine/threonine-protein kinase MRCK beta OS=Homo sapiens GN=CDC42BPB PE=1 SV=2 - [MRCKB_HUMAN]	16,72
Q9UPN3	Microtubule-actin cross-linking factor 1, isoforms 1/2/3/5 OS=Homo sapiens GN=MACF1 PE=1 SV=4 - [MACF1_HUMAN]	16,65
B4DSK7	Mediator of RNA polymerase II transcription subunit 1 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DSK7_HUMAN]	16,50
B3KS27	cDNA FLJ35354 fis, clone PUAEN2000080, highly similar to Ankyrin repeat domain-containing protein 13B OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KS27_HUMAN]	16,48
B4DTC8	cDNA FLJ57432, highly similar to Endoglin OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DTC8_HUMAN]	16,45
B7ZA42	cDNA, FLJ79056 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7ZA42_HUMAN]	16,41
A0A0S2Z513	A kinase anchor protein 10 isoform 2 OS=Homo sapiens GN=AKAP10 PE=2 SV=1 - [A0A0S2Z513_HUMAN]	16,33
B5A929	Soluble MET variant 1 OS=Homo sapiens GN=MET PE=2 SV=1 - [B5A929_HUMAN]	16,25
A0A140T9I7	Collagen alpha-2(XI) chain (Fragment) OS=Homo sapiens GN=COL11A2 PE=1 SV=1 - [A0A140T9I7_HUMAN]	16,22
Q86XZ4	Spermatogenesis-associated serine-rich protein 2 OS=Homo sapiens GN=SPATS2 PE=1 SV=1 - [SPATS2_HUMAN]	16,19
Q8TD12	Decay-accelerating factor 3 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8TD12_HUMAN]	16,18
A1L471	ATP-binding cassette, sub-family B (MDR/TAP), member 1 OS=Homo sapiens GN=ABCB1 PE=2 SV=1 - [A1L471_HUMAN]	16,17
Q8IZC6	Collagen alpha-1(XVII) chain OS=Homo sapiens GN=COL27A1 PE=1 SV=1 - [CORA1_HUMAN]	16,11
A0A024QZH6	Serine arginine-rich pre-mRNA splicing factor SR-A1, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=SR-A1 PE=4 SV=1 - [A0A024QZH6_HUMAN]	16,11
Q53SF6	Putative uncharacterized protein PTHR2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PTHR2 PE=3 SV=1 - [Q53SF6_HUMAN]	16,08
O14514	Brain-specific angiogenesis inhibitor 1 OS=Homo sapiens GN=BAI1 PE=1 SV=2 - [BAI1_HUMAN]	16,06
H7C155	RAF proto-oncogene serine/threonine-protein kinase (Fragment) OS=Homo sapiens GN=RAF1 PE=1 SV=1 - [H7C155_HUMAN]	15,99
E0X9P2	Neurogenin 3 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=NEUROG3 PE=2 SV=1 - [E0X9P2_HUMAN]	15,94
Q8N3K9	Cardiomyopathy-associated protein 5 OS=Homo sapiens GN=CMYA5 PE=1 SV=3 - [CMYA5_HUMAN]	15,86
O75030	Microphthalmia-associated transcription factor OS=Homo sapiens GN=MITF PE=1 SV=2 - [MITF_HUMAN]	15,85
B4E1M1	cDNA FLJ60391, highly similar to Lactoperoxidase (EC 1.11.1.7) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E1M1_HUMAN]	15,73
B7Z854	cDNA FLJ61649, highly similar to Homo sapiens estrogen receptor binding protein (ERBP), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z854_HUMAN]	15,71
P46939	Utrrophin OS=Homo sapiens GN=UTRN PE=1 SV=2 - [UTRO_HUMAN]	15,67
E7EMB3	Calmodulin-2 OS=Homo sapiens GN=CALM2 PE=1 SV=1 - [E7EMB3_HUMAN]	15,46
Q5TAX3	Terminal uridylyltransferase 4 OS=Homo sapiens GN=ZCCHC11 PE=1 SV=3 - [TUT4_HUMAN]	15,42
A0A087WVK8	Chromosome 20 open reading frame 129 OS=Homo sapiens GN=FAM83D PE=1 SV=1 - [A0A087WVK8_HUMAN]	15,41
B7Z6K4	cDNA FLJ61406, highly similar to Zinc finger protein 406 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z6K4_HUMAN]	15,35
B2RMV2	CYTSA protein OS=Homo sapiens GN=CYTSA PE=2 SV=1 - [B2RMV2_HUMAN]	15,29
B2RTY4	Unconventional myosin-IXa OS=Homo sapiens GN=MYO9A PE=1 SV=2 - [MYO9A_HUMAN]	15,22
P48764	Sodium/hydrogen exchanger 3 OS=Homo sapiens GN=SLC9A3 PE=1 SV=2 - [SL9A3_HUMAN]	15,16
O94827	Pleckstrin homology domain-containing family G member 5 OS=Homo sapiens GN=PLEKHG5 PE=1 SV=3 - [PKHG5_HUMAN]	15,16
Q9P218	Collagen alpha-1(XX) chain OS=Homo sapiens GN=COL20A1 PE=1 SV=4 - [COKA1_HUMAN]	15,14
Q9NTG1	Polycystic kidney disease and receptor for egg jelly-related protein OS=Homo sapiens GN=PKDREJ PE=2 SV=2 - [PKDRE_HUMAN]	14,98
B9EGR5	MGA protein OS=Homo sapiens GN=MGA PE=2 SV=1 - [B9EGR5_HUMAN]	14,83
H9KV62	Tudor domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=TDRD1 PE=1 SV=1 - [H9KV62_HUMAN]	14,77
P01023	Alpha-2-macroglobulin OS=Homo sapiens GN=A2M PE=1 SV=3 - [A2MG_HUMAN]	14,52
Q9Y2F5	Little elongation complex subunit 1 OS=Homo sapiens GN=ICE1 PE=1 SV=5 - [ICE1_HUMAN]	14,48
Q9Y4D8	Probable E3 ubiquitin-protein ligase HECTD4 OS=Homo sapiens GN=HECTD4 PE=1 SV=5 - [HECTD4_HUMAN]	14,30
K7EPZ4	tRNA (guanine(10)-N2)-methyltransferase homolog OS=Homo sapiens GN=TRMT11 PE=1 SV=1 - [K7EPZ4_HUMAN]	14,16
C9JG08	Uncharacterized protein C2orf16 OS=Homo sapiens GN=C2orf16 PE=1 SV=2 - [C9JG08_HUMAN]	14,15
D3YTG3	Target of Nesh-SH3 OS=Homo sapiens GN=ABI3BP PE=1 SV=1 - [D3YTG3_HUMAN]	14,14
Q9UKK3	Poly [ADP-ribose] polymerase 4 OS=Homo sapiens GN=PARP4 PE=1 SV=3 - [PARP4_HUMAN]	14,10
O15085	Rho guanine nucleotide exchange factor 11 OS=Homo sapiens GN=ARHGEF11 PE=1 SV=1 - [ARHGB_HUMAN]	14,09
Q8IVL0	Neuron navigator 3 OS=Homo sapiens GN=NAV3 PE=1 SV=3 - [NAV3_HUMAN]	13,98

Q8IVF2	Protein AHNK2 OS=Homo sapiens GN=AHNAK2 PE=1 SV=2 - [AHNK2_HUMAN]	13,97
B4DG73	cDNA FLJ56431, highly similar to Conserved oligomeric Golgi complex component 6 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DG73_HUMAN]	13,92
H7C066	Methyl-CpG-binding domain protein 5 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MBD5 PE=1 SV=1 - [H7C066_HUMAN]	13,90
Q17R98	Zinc finger protein 827 OS=Homo sapiens GN=ZNF827 PE=1 SV=1 - [ZN827_HUMAN]	13,84
B7Z8M3	Pro-interleukin-16 OS=Homo sapiens GN=IL16 PE=2 SV=1 - [B7Z8M3_HUMAN]	13,78
A8K942	cDNA FLJ76454, highly similar to Homo sapiens ring finger protein 184 (RNF184), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K942_HUMAN]	13,73
Q17RD7	Synaptotagmin-16 OS=Homo sapiens GN=SYT16 PE=1 SV=2 - [SYT16_HUMAN]	13,55
Q8NDV7	Trinucleotide repeat-containing gene 6A protein OS=Homo sapiens GN=TNRC6A PE=1 SV=2 - [TNRC6A_HUMAN]	13,54
A5PLM6	SEC14L1 protein OS=Homo sapiens GN=SEC14L1 PE=2 SV=1 - [A5PLM6_HUMAN]	13,54
A7MD48	Serine/arginine repetitive matrix protein 4 OS=Homo sapiens GN=SRRM4 PE=1 SV=2 - [SRRM4_HUMAN]	13,53
Q6H8Q1	Actin-binding LIM protein 2 OS=Homo sapiens GN=ABLM2 PE=1 SV=2 - [ABLM2_HUMAN]	13,53
A0A0J9YXN7	Perilipin-4 OS=Homo sapiens GN=PLIN4 PE=1 SV=1 - [A0A0J9YXN7_HUMAN]	13,50
H0YCM0	Serine/threonine-protein kinase PAK 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PAK1 PE=1 SV=1 - [H0YCM0_HUMAN]	13,50
B3KWW3	cDNA FLJ44017 fis, clone TEST14025920, weakly similar to Homo sapiens maestro (MRO), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KWW3_HUMAN]	13,43
Q7Z5L9	Interferon regulatory factor 2-binding protein 2 OS=Homo sapiens GN=IRF2BP2 PE=1 SV=2 - [I2BP2_HUMAN]	13,42
B4E2C3	cDNA FLJ59291, highly similar to Slp homolog lacking C2 domains b (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E2C3_HUMAN]	13,40
Q9H6A9	Pecanex-like protein 3 OS=Homo sapiens GN=PCNX3 PE=1 SV=2 - [PCX3_HUMAN]	13,35
B4DZ48	cDNA FLJ50924, highly similar to Nuclear receptor corepressor 1 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DZ48_HUMAN]	13,31
Q9C0H9	SRC kinase signaling inhibitor 1 OS=Homo sapiens GN=SRCIN1 PE=1 SV=3 - [SRCIN1_HUMAN]	13,30
Q9P246	Stromal interaction molecule 2 OS=Homo sapiens GN=STIM2 PE=1 SV=2 - [STIM2_HUMAN]	13,29
Q96AY4	Tetratricopeptide repeat protein 28 OS=Homo sapiens GN=TTC28 PE=1 SV=4 - [TTC28_HUMAN]	13,28
P25054	Adenomatous polyposis coli protein OS=Homo sapiens GN=APC PE=1 SV=2 - [APC_HUMAN]	13,27
A0A024R952	Plakophilin 1 (Ectodermal dysplasia/skin fragility syndrome), isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=PKP1 PE=4 SV=1 - [A0A024R952_HUMAN]	13,22
H0YB53	Metastasis suppressor protein 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MTSS1 PE=1 SV=1 - [H0YB53_HUMAN]	13,22
H7BXX0	CUB and sushi domain-containing protein 3 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=CSMD3 PE=1 SV=1 - [H7BXX0_HUMAN]	13,18
Q9UF83	Uncharacterized protein DKFZp434B061 OS=Homo sapiens PE=2 SV=2 - [YM012_HUMAN]	13,14
O60673	DNA polymerase zeta catalytic subunit OS=Homo sapiens GN=REV3L PE=1 SV=2 - [REV3L_HUMAN]	13,12
A2BDK6	Microtubule-associated protein 1B OS=Homo sapiens GN=MAP1B PE=2 SV=1 - [A2BDK6_HUMAN]	13,10
Q5U623	Activating transcription factor 7-interacting protein 2 OS=Homo sapiens GN=ATF7IP2 PE=1 SV=2 - [MCAF2_HUMAN]	13,08
Q12844	Breakpoint cluster region protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=BCR PE=4 SV=1 - [Q12844_HUMAN]	13,08
Q5U5Q3	RNA-binding E3 ubiquitin-protein ligase MEX3C OS=Homo sapiens GN=MEX3C PE=1 SV=3 - [MEX3C_HUMAN]	13,02
A0A024RCW4	Chromosome 6 open reading frame 48, isoform CRA_c (Fragment) OS=Homo sapiens GN=C6orf48 PE=4 SV=1 - [A0A024RCW4_HUMAN]	13,02
Q8N7X4	Melanoma-associated antigen B6 OS=Homo sapiens GN=MAGEB6 PE=1 SV=2 - [MAGB6_HUMAN]	12,97
A0A024RC30	Desmoglein 3 (Pemphigus vulgaris antigen), isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=DSG3 PE=4 SV=1 - [A0A024RC30_HUMAN]	12,96
B4E392	cDNA FLJ52602, highly similar to Pinin OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E392_HUMAN]	12,96
Q13224	Glutamate receptor ionotropic, NMDA 2B OS=Homo sapiens GN=GRIN2B PE=1 SV=3 - [NMDE2_HUMAN]	12,87
A4D0S4	Laminin subunit beta-4 OS=Homo sapiens GN=LAMB4 PE=2 SV=1 - [LAMB4_HUMAN]	12,87
O94915	Protein furry homolog-like OS=Homo sapiens GN=FRYL PE=1 SV=2 - [FRYL_HUMAN]	12,83
Q6TGC4	Protein-arginine deiminase type-6 OS=Homo sapiens GN=PADI6 PE=1 SV=3 - [PADI6_HUMAN]	12,80
Q96HA1	Nuclear envelope pore membrane protein POM 121 OS=Homo sapiens GN=POM121 PE=1 SV=2 - [P121A_HUMAN]	12,79
Q5VT97	Rho GTPase-activating protein SYDE2 OS=Homo sapiens GN=SYDE2 PE=1 SV=2 - [SYDE2_HUMAN]	12,77
Q6ZS56	cDNA FLJ45819 fis, clone NT2RP8001363, highly similar to Mus musculus signal peptide, CUB domain, EGF-like 1 (Scube1) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q6ZS56_HUMAN]	12,74
Q5M9N0	Coiled-coil domain-containing protein 158 OS=Homo sapiens GN=CCDC158 PE=2 SV=2 - [CD158_HUMAN]	12,67
Q7Z7M0	Multiple epidermal growth factor-like domains protein 8 OS=Homo sapiens GN=MEGF8 PE=1 SV=2 - [MEGF8_HUMAN]	12,63
A0A024R914	Centrosomal protein 350kDa, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=CEP350 PE=4 SV=1 - [A0A024R914_HUMAN]	12,63
Q8WXE0	Caskin-2 OS=Homo sapiens GN=CASKIN2 PE=1 SV=2 - [CSK12_HUMAN]	12,62
A0A0A0MRJ3	Neuron navigator 1 OS=Homo sapiens GN=NAV1 PE=1 SV=1 - [A0A0A0MRJ3_HUMAN]	12,59
Q9NQUS	Serine/threonine-protein kinase PAK 6 OS=Homo sapiens GN=PAK6 PE=1 SV=1 - [PAK6_HUMAN]	12,58
Q7Z7G8	Vacuolar protein sorting-associated protein 13B OS=Homo sapiens GN=VPS13B PE=1 SV=2 - [VP13B_HUMAN]	12,58
K7EK91	Dynein heavy chain 17, axonemal OS=Homo sapiens GN=DNAH17 PE=1 SV=1 - [K7EK91_HUMAN]	12,44
A5YKK5	KIAA0232 OS=Homo sapiens GN=KIAA0232 PE=2 SV=1 - [A5YKK5_HUMAN]	12,40
Q5KSL6	Diacylglycerol kinase kappa OS=Homo sapiens GN=DGKK PE=1 SV=1 - [DGKK_HUMAN]	12,28
Q8WXG6	MAP kinase-activating death domain protein OS=Homo sapiens GN=MADD PE=1 SV=2 - [MADD_HUMAN]	12,27
A0A087WYJ9	Immunoglobulin heavy constant mu OS=Homo sapiens GN=IGHM PE=1 SV=2 - [A0A087WYJ9_HUMAN]	12,22
Q02952	A-kinase anchor protein 12 OS=Homo sapiens GN=AKAP12 PE=1 SV=4 - [AKA12_HUMAN]	12,20
A0A096LNR9	Cyclin-dependent kinase-like 5 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=CDKL5 PE=1 SV=1 - [A0A096LNR9_HUMAN]	12,14
O75037	Kinesin-like protein KIF21B OS=Homo sapiens GN=KIF21B PE=1 SV=2 - [KI21B_HUMAN]	11,92
O60346	PH domain leucine-rich repeat-containing protein phosphatase 1 OS=Homo sapiens GN=PHLPP1 PE=1 SV=3 - [PHLPP1_HUMAN]	11,91
Q15149	Plectin OS=Homo sapiens GN=PLEC PE=1 SV=3 - [PLEC_HUMAN]	11,86
A0A1S5UZ39	Hemoglobin subunit alpha OS=Homo sapiens GN=HBA2 PE=2 SV=1 - [A0A1S5UZ39_HUMAN]	11,81
Q9P273	Teneurin-3 OS=Homo sapiens GN=TENM3 PE=2 SV=3 - [TEN3_HUMAN]	11,79
Q6AI50	Putative uncharacterized protein DKFZp686P12242 OS=Homo sapiens GN=DKFZp686P12242 PE=2 SV=1 - [Q6AI50_HUMAN]	11,72
A0A087WW81	Rootletin (Fragment) OS=Homo sapiens GN=CROCC PE=1 SV=6 - [A0A087WW81_HUMAN]	11,67
B3KS48	cDNA FLJ35471 fis, clone SMINT2006708, highly similar to Homo sapiens ubiquitin specific peptidase 31 (USP31), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KS48_HUMAN]	11,65

Q2TBE0	CWF19-like protein 2 OS=Homo sapiens GN=CWF19L2 PE=1 SV=4 - [C19L2_HUMAN]	11,56
B7Z8P8	cDNA FLJ51441 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z8P8_HUMAN]	11,43
Q53GG0	Epithelial protein lost in neoplasm beta variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q53GG0_HUMAN]	11,33
Q96L73	Histone-lysine N-methyltransferase, H3 lysine-36 and H4 lysine-20 specific OS=Homo sapiens GN=NSD1 PE=1 SV=1 - [NSD1_HUMAN]	11,30
B7Z8A1	cDNA FLJ61002 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z8A1_HUMAN]	11,27
Q6ZU65	Ubinuclein-2 OS=Homo sapiens GN=UBN2 PE=1 SV=2 - [UBN2_HUMAN]	11,25
P20929	Nebulin OS=Homo sapiens GN=NEB PE=1 SV=5 - [NEBU_HUMAN]	11,24
O15061	Synemin OS=Homo sapiens GN=SYNM PE=1 SV=2 - [SYNEM_HUMAN]	11,14
B4DQV6	cDNA FLJ57564, highly similar to Homo sapiens thrombospondin, type I, domain containing 1 (THSD1), transcript variant 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DQV6_HUMAN]	10,77
Q6NT65	KLHL29 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=KLHL29 PE=2 SV=1 - [Q6NT65_HUMAN]	10,76
J3KSW8	Myosin phosphatase Rho-interacting protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MPRIIP PE=1 SV=1 - [J3KSW8_HUMAN]	10,76
D6RJB7	Putative ankyrin repeat domain-containing protein 31 OS=Homo sapiens GN=ANKRD31 PE=4 SV=2 - [D6RJB7_HUMAN]	10,69
Q96MK2	Protein FAM65C OS=Homo sapiens GN=FAM65C PE=1 SV=4 - [FA65C_HUMAN]	10,67
P27816	Microtubule-associated protein 4 OS=Homo sapiens GN=MAP4 PE=1 SV=3 - [MAP4_HUMAN]	10,67
Q5THJ4	Vacuolar protein sorting-associated protein 13D OS=Homo sapiens GN=VPS13D PE=1 SV=2 - [VP13D_HUMAN]	10,62
Q59F16	Alpha 1 type VII collagen variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59F16_HUMAN]	10,60
H0Y3R4	SET domain-containing protein 5 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SETD5 PE=1 SV=1 - [H0Y3R4_HUMAN]	10,59
P35408	Prostaglandin E2 receptor EP4 subtype OS=Homo sapiens GN=PTGER4 PE=1 SV=1 - [PE2R4_HUMAN]	10,57
O60449	Lymphocyte antigen 75 OS=Homo sapiens GN=LY75 PE=1 SV=3 - [LY75_HUMAN]	10,55
Q86T18	DST protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DST PE=2 SV=1 - [Q86T18_HUMAN]	10,48
B4DN30	cDNA FLJ52699, highly similar to WD repeat protein 21A OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DN30_HUMAN]	10,47
G1UI26	Neuroblastoma-amplified sequence (Fragment) OS=Homo sapiens GN=NBAS PE=2 SV=1 - [G1UI26_HUMAN]	10,47
B4DQ92	cDNA FLJ59379, highly similar to Hematopoietic lineage cell-specific protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DQ92_HUMAN]	10,45
B7Z4U6	cDNA FLJ5803, highly similar to Gelsolin OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z4U6_HUMAN]	10,43
A0A024R8N6	Thymidine kinase OS=Homo sapiens GN=TK1 PE=3 SV=1 - [A0A024R8N6_HUMAN]	10,40
Q01212	Profilaggrin (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PE=4 SV=1 - [Q01212_HUMAN]	10,40
M0QY12	A disintegrin and metalloproteinase with thrombospondin motifs 10 OS=Homo sapiens GN=ADAMTS10 PE=4 SV=1 - [M0QY12_HUMAN]	10,35
Q8WTX5	Similar to calcineurin binding protein 1 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8WTX5_HUMAN]	10,32
Q59FH1	Transformation/transcription domain-associated protein variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59FH1_HUMAN]	10,32
B7Z653	cDNA FLJ61657, highly similar to Band 4.1-like protein 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z653_HUMAN]	10,32
A0A0C4DFX2	Protein furry homolog OS=Homo sapiens GN=FRY PE=1 SV=1 - [A0A0C4DFX2_HUMAN]	10,31
Q6DT37	Serine/threonine-protein kinase MRCK gamma OS=Homo sapiens GN=CDC42BPG PE=1 SV=2 - [MRCKG_HUMAN]	10,30
A0A024QZW7	Nucleoporin 153kDa, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=NUP153 PE=4 SV=1 - [A0A024QZW7_HUMAN]	10,29
B4DIF3	cDNA FLJ59282, highly similar to Glutamate receptor-interacting protein 1 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DIF3_HUMAN]	10,26
Q52M44	ARHGAP8 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ARHGAP8 PE=2 SV=1 - [Q52M44_HUMAN]	10,26
B7WPN9	Cation-transporting ATPase OS=Homo sapiens GN=ATP13A4 PE=1 SV=1 - [B7WPN9_HUMAN]	10,25
B3KY54	cDNA FLJ46886 fis, clone UTERU3016308, highly similar to Smoothenin OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KY54_HUMAN]	10,23
A0A087WXM3	NACHT, LRR and PYD domains-containing protein 5 OS=Homo sapiens GN=NLRP5 PE=1 SV=1 - [A0A087WXM3_HUMAN]	10,22
Q14395	Mucin (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q14395_HUMAN]	10,21
I3L2J0	Protein capicua homolog OS=Homo sapiens GN=CIC PE=1 SV=1 - [I3L2J0_HUMAN]	10,20
Q96JY6	PDZ and LIM domain protein 2 OS=Homo sapiens GN=PDLIM2 PE=1 SV=1 - [PDLI2_HUMAN]	10,20
E9PN54	Band 4.1-like protein 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=EPB41L2 PE=1 SV=1 - [E9PN54_HUMAN]	10,18
K7EMN2	6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PGD PE=1 SV=1 - [K7EMN2_HUMAN]	10,16
A0A0C4DGC5	Prelamin-A/C (Fragment) OS=Homo sapiens GN=LMNA PE=1 SV=1 - [A0A0C4DGC5_HUMAN]	10,14
F6TLX2	Glyoxalase domain-containing protein 4 OS=Homo sapiens GN=GLOD4 PE=1 SV=1 - [F6TLX2_HUMAN]	10,07
B7Z7S7	cDNA FLJ60964, weakly similar to Homo sapiens dentin sialophosphoprotein (DSPP), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z7S7_HUMAN]	10,06
Q9ULH7	MKL/myocardin-like protein 2 OS=Homo sapiens GN=MKL2 PE=1 SV=3 - [MKL2_HUMAN]	10,06
A0A075B6P7	KAT8 regulatory NSL complex subunit 3 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=KANSL3 PE=1 SV=1 - [A0A075B6P7_HUMAN]	10,05
G3XAC1	Solute carrier family 26 member 6 OS=Homo sapiens GN=SLC26A6 PE=1 SV=1 - [G3XAC1_HUMAN]	10,04
E9PK05	Phospholipid transfer protein C2CD2L OS=Homo sapiens GN=C2CD2L PE=1 SV=1 - [E9PK05_HUMAN]	10,03
K7EJ94	Zinc finger protein 500 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ZNF500 PE=4 SV=1 - [K7EJ94_HUMAN]	10,02
A0A087WX12	Centrosomal protein kizuna (Fragment) OS=Homo sapiens GN=KIZ PE=1 SV=1 - [A0A087WX12_HUMAN]	10,00
A0A087WYF6	WASH complex subunit 2A OS=Homo sapiens GN=WASHC2A PE=1 SV=1 - [A0A087WYF6_HUMAN]	10,00
G8JLP4	Meiosis regulator and mRNA stability factor 1 OS=Homo sapiens GN=MARF1 PE=1 SV=1 - [G8JLP4_HUMAN]	10,00
B3KQB0	Zinc finger, AN1-type domain 2B, isoform CRA_c OS=Homo sapiens GN=ZFAND2B PE=2 SV=1 - [B3KQB0_HUMAN]	9,99
Q9C0G0	Zinc finger protein 407 OS=Homo sapiens GN=ZNF407 PE=1 SV=2 - [ZN407_HUMAN]	9,98
B4E197	cDNA FLJ55374, highly similar to Protein kinase C-binding protein NELL1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E197_HUMAN]	9,98
Q13233	Mitogen-activated protein kinase kinase kinase 1 OS=Homo sapiens GN=MAP3K1 PE=1 SV=4 - [M3K1_HUMAN]	9,97
O00444	Serine/threonine-protein kinase PLK4 OS=Homo sapiens GN=PLK4 PE=1 SV=3 - [PLK4_HUMAN]	9,97
Q53FL7	Vascular cell adhesion molecule 1 isoform a variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q53FL7_HUMAN]	9,97
Q8TDU5	Putative vomeronasal receptor-like protein 4 OS=Homo sapiens GN=VN1R17P PE=5 SV=1 - [VNRL4_HUMAN]	9,97
S4R3C2	Nucleolar and coiled-body phosphoprotein 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=NOLC1 PE=1 SV=1 - [S4R3C2_HUMAN]	9,96
Q5T5U3	Rho GTPase-activating protein 21 OS=Homo sapiens GN=ARHGAP21 PE=1 SV=1 - [RHG21_HUMAN]	9,95
Q9C0D2	Centrosomal protein of 295 kDa OS=Homo sapiens GN=CEP295 PE=1 SV=4 - [CE295_HUMAN]	9,94

Q5T754	Late cornified envelope protein 1F OS=Homo sapiens GN=LCE1F PE=1 SV=1 - [LCE1F_HUMAN]	9,93
B3KXR4	cDNA FLJ45913 fis, clone PERIC2003349 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KXR4_HUMAN]	9,92
C9JR56	DNA-binding protein SATB OS=Homo sapiens GN=SATB2 PE=1 SV=1 - [C9JR56_HUMAN]	9,90
J3QS69	Eukaryotic initiation factor 4A-1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=EIF4A1 PE=1 SV=1 - [J3QS69_HUMAN]	9,90
ESRJU9	Protein LYRIC OS=Homo sapiens GN=MTDH PE=1 SV=1 - [ESRJU9_HUMAN]	9,89
A0A1B0GW10	Zinc finger E-box-binding homeobox 2 OS=Homo sapiens GN=ZEB2 PE=1 SV=1 - [A0A1B0GW10_HUMAN]	9,89
K4DI93	Cullin 4B, isoform CRA_e OS=Homo sapiens GN=CUL4B PE=1 SV=1 - [K4DI93_HUMAN]	9,88
Q9H195	Mucin-3B (Fragments) OS=Homo sapiens GN=MUC3B PE=2 SV=2 - [MUC3B_HUMAN]	9,87
Q9Y566	SH3 and multiple ankyrin repeat domains protein 1 OS=Homo sapiens GN=SHANK1 PE=1 SV=2 - [SHAN1_HUMAN]	9,87
Q9NRJ4	Tubby-related protein 4 OS=Homo sapiens GN=TULP4 PE=1 SV=2 - [TULP4_HUMAN]	9,86
A0A087WU38	Glutamate receptor-interacting protein 2 OS=Homo sapiens GN=GRIP2 PE=1 SV=1 - [A0A087WU38_HUMAN]	9,84
Q9H1H9	Kinesin-like protein KIF13A OS=Homo sapiens GN=KIF13A PE=1 SV=2 - [KIF13A_HUMAN]	9,83
G5EA36	Cell division cycle 27, isoform CRA_c OS=Homo sapiens GN=CDC27 PE=1 SV=1 - [G5EA36_HUMAN]	9,82
P78527	DNA-dependent protein kinase catalytic subunit OS=Homo sapiens GN=PRKDC PE=1 SV=3 - [PRKDC_HUMAN]	9,82
P12111	Collagen alpha-3(VI) chain OS=Homo sapiens GN=COL6A3 PE=1 SV=5 - [CO6A3_HUMAN]	9,80
Q5T0B9	Zinc finger protein 362 OS=Homo sapiens GN=ZNF362 PE=1 SV=1 - [ZN362_HUMAN]	9,79
A0A024R3N5	Kin of IRRE like 3 (Drosophila), isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=KIRREL3 PE=4 SV=1 - [A0A024R3N5_HUMAN]	9,78
L8B4J3	Ubiquitin C OS=Homo sapiens GN=Ubc PE=4 SV=1 - [L8B4J3_HUMAN]	9,77
Q9BQI5	SH3-containing GRB2-like protein 3-interacting protein 1 OS=Homo sapiens GN=SGIP1 PE=1 SV=2 - [SGIP1_HUMAN]	9,76
P27987	Inositol-trisphosphate 3-kinase B OS=Homo sapiens GN=ITPKB PE=1 SV=5 - [IP3KB_HUMAN]	9,75
B3KUS4	cDNA FLJ40508 fis, clone TESTI2045850, highly similar to AP-3 complex subunit beta-2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KUS4_HUMAN]	9,73
O43283	Mitogen-activated protein kinase kinase kinase 13 OS=Homo sapiens GN=MAP3K13 PE=1 SV=1 - [M3K13_HUMAN]	9,70
E9PLM5	Sodium- and chloride-dependent glycine transporter 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SLC6A9 PE=4 SV=1 - [E9PLM5_HUMAN]	9,69
Q8ND82	Zinc finger protein 280C OS=Homo sapiens GN=ZNF280C PE=1 SV=1 - [Z280C_HUMAN]	9,62
A0A1W2PKR9	Mitogen-activated protein kinase kinase kinase 21 OS=Homo sapiens GN=MAP3K21 PE=4 SV=1 - [A0A1W2PKR9_HUMAN]	9,62
B3KWJ0	cDNA FLJ43147 fis, clone CTONG3008639, highly similar to Absent in melanoma 1 protein (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KWJ0_HUMAN]	9,61
O60412	Olfactory receptor 7C2 OS=Homo sapiens GN=OR7C2 PE=3 SV=4 - [OR7C2_HUMAN]	9,61
O75170	Serine/threonine-protein phosphatase 6 regulatory subunit 2 OS=Homo sapiens GN=PPP6R2 PE=1 SV=2 - [PP6R2_HUMAN]	9,55
Q9NR16	Scavenger receptor cysteine-rich type 1 protein M160 OS=Homo sapiens GN=CD163L1 PE=1 SV=2 - [C163B_HUMAN]	9,54
O43313	ATM interactor OS=Homo sapiens GN=ATMIN PE=1 SV=2 - [ATMIN_HUMAN]	9,52
Q6IAR4	PIA3 protein OS=Homo sapiens GN=PIA3 PE=2 SV=1 - [Q6IAR4_HUMAN]	9,52
Q81WB9	Testis-expressed protein 2 OS=Homo sapiens GN=TEX2 PE=1 SV=2 - [TEX2_HUMAN]	9,52
Q506M0	Regulator of G-protein signalling 12 OS=Homo sapiens GN=RGS12 PE=2 SV=1 - [Q506M0_HUMAN]	9,51
Q01546	Keratin, type II cytoskeletal 2 oral OS=Homo sapiens GN=KRT76 PE=1 SV=2 - [K220_HUMAN]	9,51
C9JKN6	Thrombospondin type-1 domain-containing protein 7B OS=Homo sapiens GN=THSD7B PE=4 SV=3 - [C9JKN6_HUMAN]	9,51
C9J2A8	Double zinc ribbon and ankyrin repeat-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=DZANK1 PE=1 SV=2 - [C9J2A8_HUMAN]	9,49
K7EIE2	Breast carcinoma-amplified sequence 3 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=BCAS3 PE=1 SV=1 - [K7EIE2_HUMAN]	9,48
Q86WA9	Sodium-independent sulfate anion transporter OS=Homo sapiens GN=SLC26A11 PE=2 SV=2 - [S2611_HUMAN]	9,46
O60503	Adenylate cyclase type 9 OS=Homo sapiens GN=ADCY9 PE=1 SV=4 - [ADCY9_HUMAN]	9,44
Q7Z5Y0	EIF4B protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=EIF4B PE=2 SV=1 - [Q7Z5Y0_HUMAN]	9,43
Q7Z2K8	G protein-regulated inducer of neurite outgrowth 1 OS=Homo sapiens GN=GPRIN1 PE=1 SV=2 - [GRIN1_HUMAN]	9,40
Q8N3X5	Similar to ATPase, Ca++ transporting, cardiac muscle, fast twitch 1 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8N3X5_HUMAN]	9,38
H0YLY2	DNA-binding protein RFX7 OS=Homo sapiens GN=RFX7 PE=1 SV=2 - [H0YLY2_HUMAN]	9,34
Q6ZR19	Receptor-type tyrosine-protein phosphatase beta (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PTPRB PE=1 SV=1 - [Q6ZR19_HUMAN]	9,34
Q95425	Supervillin OS=Homo sapiens GN=SVIL PE=1 SV=2 - [SVIL_HUMAN]	9,31
B3KYA9	cDNA FLJ16682 fis, clone TRACH1000212 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KYA9_HUMAN]	9,31
F5GX58	Cell division cycle-associated protein 3 OS=Homo sapiens GN=CDCA3 PE=1 SV=1 - [F5GX58_HUMAN]	9,31
Q0VF49	Uncharacterized protein KIAA2012 OS=Homo sapiens GN=KIAA2012 PE=2 SV=2 - [K2012_HUMAN]	9,29
B4DUL7	cDNA FLJ58283, highly similar to Mus musculus leiomodion 2 (cardiac) (Lmod2), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DUL7_HUMAN]	9,25
V9GYK6	Sodium bicarbonate transporter-like protein 11 OS=Homo sapiens GN=SLC4A11 PE=1 SV=1 - [V9GYK6_HUMAN]	9,23
A8K322	cDNA FLJ76782, highly similar to Homo sapiens RAD54 homolog B (S. cerevisiae) (RAD54B), transcript variant 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K322_HUMAN]	9,22
Q70EL1	Inactive ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 54 OS=Homo sapiens GN=USP54 PE=1 SV=4 - [UBP54_HUMAN]	9,20
B8ZZY2	Arf-GAP domain and FG repeat-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=AGFG1 PE=1 SV=1 - [B8ZZY2_HUMAN]	9,15
A6NCI8	Uncharacterized protein C2orf78 OS=Homo sapiens GN=C2orf78 PE=2 SV=3 - [CB078_HUMAN]	9,15
B4E063	Kinesin-like protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E063_HUMAN]	9,14
A0A024RD40	Tumor necrosis factor receptor superfamily, member 21, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=TNFRSF21 PE=4 SV=1 - [A0A024RD40_HUMAN]	9,14
B1AJS1	Astrotactin-1 OS=Homo sapiens GN=ASTN1 PE=1 SV=1 - [B1AJS1_HUMAN]	9,13
A0A024R3H2	Sortilin-related receptor, L(DLR class) A repeats-containing, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=SORL1 PE=4 SV=1 - [A0A024R3H2_HUMAN]	9,13
Q9UKJ3	G patch domain-containing protein 8 OS=Homo sapiens GN=GPATCH8 PE=1 SV=2 - [GPTC8_HUMAN]	9,13
A4D1A8	Similar to Piccolo protein (Aczonin) OS=Homo sapiens GN=LOC392742 PE=4 SV=1 - [A4D1A8_HUMAN]	9,12
H0Y488	AT-rich interactive domain-containing protein 1A OS=Homo sapiens GN=ARID1A PE=1 SV=2 - [H0Y488_HUMAN]	9,11

A0A0G2JQV0	Leucine-rich repeat-containing protein 37A OS=Homo sapiens GN=LRR37A PE=4 SV=1 - [A0A0G2JQV0_HUMAN]	9,11
D6W5G0	AP2 associated kinase 1, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=AAK1 PE=4 SV=1 - [D6W5G0_HUMAN]	9,09
A6NKD9	Coiled-coil domain-containing protein 85C OS=Homo sapiens GN=CCDC85C PE=1 SV=1 - [CC85C_HUMAN]	9,09
D3DX93	HCG1745555, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=hCG_1745555 PE=4 SV=1 - [D3DX93_HUMAN]	9,07
Q96L91	E1A-binding protein p400 OS=Homo sapiens GN=EP400 PE=1 SV=4 - [EP400_HUMAN]	9,05
Q9P242	Neuronal tyrosine-phosphorylated phosphoinositide-3-kinase adapter 2 OS=Homo sapiens GN=NYAP2 PE=1 SV=3 - [NYAP2_HUMAN]	9,05
B4DK23	cDNA FLJ161300 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DK23_HUMAN]	9,04
E7EX48	Serine/threonine-protein kinase Nek4 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=NEK4 PE=1 SV=1 - [E7EX48_HUMAN]	9,01
E7ETN3	Uncharacterized protein OS=Homo sapiens PE=1 SV=1 - [E7ETN3_HUMAN]	9,01
E7EP17	Dynein heavy chain 9, axonemal OS=Homo sapiens GN=DNAH9 PE=1 SV=1 - [E7EP17_HUMAN]	9,00
B3KUH3	cDNA FLJ39896 fis, clone SPLEN2016972 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KUH3_HUMAN]	9,00
Q8WXS3	Brain and acute leukemia cytoplasmic protein OS=Homo sapiens GN=BAALC PE=2 SV=3 - [BAALC_HUMAN]	8,98
A1L4H1	Soluble scavenger receptor cysteine-rich domain-containing protein SSC5D OS=Homo sapiens GN=SSC5D PE=1 SV=3 - [SRCRL_HUMAN]	8,97
B3KVG8	cDNA FLJ16534 fis, clone OCBBF2029471, highly similar to Pro-neuregulin-3, membrane-bound isoform OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KVG8_HUMAN]	8,90
Q9NU22	Midasin OS=Homo sapiens GN=MDN1 PE=1 SV=2 - [MDN1_HUMAN]	8,88
Q9UKA4	A-kinase anchor protein 11 OS=Homo sapiens GN=AKAP11 PE=1 SV=1 - [AKA11_HUMAN]	8,82
Q6WG78	Antigen MLAA-14 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q6WG78_HUMAN]	8,82
F8VVR8	Myelin regulatory factor-like protein OS=Homo sapiens GN=MYRFL PE=4 SV=2 - [F8VVR8_HUMAN]	8,81
B3KV58	cDNA FLJ16153 fis, clone BRAMY3000210, highly similar to Nesprin-1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KV58_HUMAN]	8,80
Q9NXG0	Centrin OS=Homo sapiens GN=CNTLN PE=1 SV=5 - [CNTLN_HUMAN]	8,78
Q96QE3	ATPase family AAA domain-containing protein 5 OS=Homo sapiens GN=ATAD5 PE=1 SV=4 - [ATAD5_HUMAN]	8,72
Q92942	RalGDS-like (Fragment) OS=Homo sapiens GN=RGL2 PE=2 SV=1 - [Q92942_HUMAN]	8,72
W0S0D3	Truncated fer (Fps/fes related) tyrosine kinase OS=Homo sapiens GN=Pe1Fe13 PE=2 SV=1 - [W0S0D3_HUMAN]	8,70
A0A1U9X987	PRRC2A OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [A0A1U9X987_HUMAN]	8,70
Q5T321	Neurobeachin OS=Homo sapiens GN=NBEA PE=1 SV=1 - [Q5T321_HUMAN]	8,67
B3KQT8	cDNA PSEC0172 fis, clone PLACE1011835, highly similar to Procollagen C-endopeptidase enhancer 2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KQT8_HUMAN]	8,50
B7Z670	cDNA FLJ61703, highly similar to Neuronal cell adhesion molecule (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z670_HUMAN]	8,48
B4DVQ1	cDNA FLJ59288, highly similar to Roundabout homolog 2 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DVQ1_HUMAN]	8,36
Q9NRY4	Rho GTPase-activating protein 35 OS=Homo sapiens GN=ARHGAP35 PE=1 SV=3 - [RHG35_HUMAN]	8,36
Q6UXX5	Inter-alpha-trypsin inhibitor heavy chain H6 OS=Homo sapiens GN=ITIH6 PE=2 SV=1 - [ITIH6_HUMAN]	8,34
D3DSS6	Dedicator of cytokinesis 5, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=DOCK5 PE=3 SV=1 - [D3DSS6_HUMAN]	8,30
Q8NHU6	Tudor domain-containing protein 7 OS=Homo sapiens GN=TDRD7 PE=1 SV=2 - [TDRD7_HUMAN]	8,27
B4E2M9	cDNA FLJ54777, moderately similar to Mus musculus exonuclease domain containing 1 (Exod1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E2M9_HUMAN]	8,25
A8K9U6	cDNA FLJ76121, highly similar to Homo sapiens zinc finger CCCH-type, antiviral 1 (ZC3HAV1), transcript variant 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K9U6_HUMAN]	8,20
Q8TAK6	Oligodendrocyte transcription factor 1 OS=Homo sapiens GN=OLIG1 PE=1 SV=2 - [OLIG1_HUMAN]	8,13
P07108	Acyl-CoA-binding protein OS=Homo sapiens GN=DBI PE=1 SV=2 - [ACBP_HUMAN]	8,13
P02774	Vitamin D-binding protein OS=Homo sapiens GN=GC PE=1 SV=1 - [VTDB_HUMAN]	8,10
Q5TIG5	Afadin OS=Homo sapiens GN=AFDN PE=1 SV=1 - [Q5TIG5_HUMAN]	8,04
A0A024R3K4	Friend leukemia virus integration 1, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=FLI1 PE=3 SV=1 - [A0A024R3K4_HUMAN]	7,89
A0A0G2JNU3	Transcription factor TFIIB component B'' homolog OS=Homo sapiens GN=BDP1 PE=1 SV=1 - [A0A0G2JNU3_HUMAN]	7,86
P54289	Voltage-dependent calcium channel subunit alpha-2/delta-1 OS=Homo sapiens GN=CACNA2D1 PE=1 SV=3 - [CA2D1_HUMAN]	7,86
Q9UHB7	AF4/FMR2 family member 4 OS=Homo sapiens GN=AFF4 PE=1 SV=1 - [AFF4_HUMAN]	7,84
A0A1W2PQJ7	Retinoic acid-induced protein 1 OS=Homo sapiens GN=RAI1 PE=4 SV=1 - [A0A1W2PQJ7_HUMAN]	7,84
A0A0C4DG95	PX domain-containing protein kinase-like protein OS=Homo sapiens GN=PKX PE=1 SV=1 - [A0A0C4DG95_HUMAN]	7,77
A0A024R8S7	APC11 anaphase promoting complex subunit 11 homolog (Yeast), isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=ANAPC11 PE=4 SV=1 - [A0A024R8S7_HUMAN]	7,71
P18545	Retinal rod rhodopsin-sensitive cGMP 3',5'-cyclic phosphodiesterase subunit gamma OS=Homo sapiens GN=PDE6G PE=1 SV=1 - [CNRG_HUMAN]	7,67
A0A0A0MSA0	Laminin subunit alpha-3 OS=Homo sapiens GN=LAMA3 PE=1 SV=1 - [A0A0A0MSA0_HUMAN]	7,64
B7ZLY6	PIK3C2G protein OS=Homo sapiens GN=PIK3C2G PE=2 SV=1 - [B7ZLY6_HUMAN]	7,59
Q5HYC2	Uncharacterized protein KIAA2026 OS=Homo sapiens GN=KIAA2026 PE=2 SV=2 - [K2026_HUMAN]	7,53
M0R362	Atypical kinase COQ8B, mitochondrial (Fragment) OS=Homo sapiens GN=COQ8B PE=1 SV=1 - [M0R362_HUMAN]	7,50
Q09666	Neuroblast differentiation-associated protein AHNK OS=Homo sapiens GN=AHNAK PE=1 SV=2 - [AHNK_HUMAN]	7,49
Q92611	ER degradation-enhancing alpha-mannosidase-like protein 1 OS=Homo sapiens GN=EDEM1 PE=1 SV=1 - [EDEM1_HUMAN]	7,49
B4DQX5	cDNA FLJ56132, highly similar to Epidermal growth factor receptor substrate 15-like 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DQX5_HUMAN]	7,45
Q9NS67	Probable G-protein coupled receptor 27 OS=Homo sapiens GN=GPR27 PE=2 SV=1 - [GPR27_HUMAN]	7,45
Q6IPW0	FLJ10404 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=FLJ10404 PE=2 SV=1 - [Q6IPW0_HUMAN]	7,45
B3KVV6	cDNA FLJ41607 fis, clone CTONG3001370, highly similar to Homo sapiens alpha-2-macroglobulin-like 1 (A2ML1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KVV6_HUMAN]	7,41
F8VWH5	Amiloride-sensitive sodium channel subunit delta OS=Homo sapiens GN=SCNN1D PE=4 SV=1 - [F8VWH5_HUMAN]	7,37
Q96T58	Msx2-interacting protein OS=Homo sapiens GN=SPEN PE=1 SV=1 - [MINT_HUMAN]	7,33
B9EK48	ZFHx2 protein OS=Homo sapiens GN=ZFHx2 PE=2 SV=1 - [B9EK48_HUMAN]	7,31
ESRGL7	Zinc finger protein 704 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ZNF704 PE=1 SV=1 - [ESRGL7_HUMAN]	7,29
A2N2G6	VL87-2 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=VL87-2 PE=2 SV=1 - [A2N2G6_HUMAN]	7,26

A0A087WXH3	Folate receptor gamma OS=Homo sapiens GN=FOLR3 PE=1 SV=1 - [A0A087WXH3_HUMAN]	7,26
B7Z7Z0	cDNA FLJ51155 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z7Z0_HUMAN]	7,25
Q1XH10	SKI/DACH domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=SKIDA1 PE=2 SV=1 - [SKDA1_HUMAN]	7,25
O75230	H53_GS1 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [O75230_HUMAN]	7,24
A0A0U1RR05	NEDD4-binding protein 2-like 1 OS=Homo sapiens GN=N4BP2L1 PE=1 SV=1 - [A0A0U1RR05_HUMAN]	7,18
P82987	ADAMTS-like protein 3 OS=Homo sapiens GN=ADAMTSL3 PE=1 SV=4 - [ATL3_HUMAN]	7,15
O94887	FERM, RhoGEF and pleckstrin domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=FARP2 PE=1 SV=3 - [FARP2_HUMAN]	7,15
Q9HCM3	UPF0606 protein KIAA1549 OS=Homo sapiens GN=KIAA1549 PE=1 SV=4 - [K1549_HUMAN]	7,12
O60341	Lysine-specific histone demethylase 1A OS=Homo sapiens GN=KDM1A PE=1 SV=2 - [KDM1A_HUMAN]	7,10
A0A0G2JN84	Suppressor of hairy wing homolog 1 (Drosophila) OS=Homo sapiens GN=ZNF280A PE=1 SV=1 - [A0A0G2JN84_HUMAN]	7,09
A0A0J9YW54	Ral GTPase-activating protein subunit beta (Fragment) OS=Homo sapiens GN=RALGAPB PE=1 SV=1 - [A0A0J9YW54_HUMAN]	7,09
Q96QP1	Alpha-protein kinase 1 OS=Homo sapiens GN=ALPK1 PE=2 SV=3 - [ALPK1_HUMAN]	7,08
A0A0A0MSA4	Band 4.1-like protein 3 OS=Homo sapiens GN=EPB41L3 PE=1 SV=1 - [A0A0A0MSA4_HUMAN]	7,08
Q9BQN1	Protein FAM83C OS=Homo sapiens GN=FAM83C PE=1 SV=3 - [FA83C_HUMAN]	7,06
H7C189	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 4 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=USP4 PE=1 SV=1 - [H7C189_HUMAN]	7,06
B5MCH3	CAP-Gly domain-containing linker protein 4 OS=Homo sapiens GN=CLIP4 PE=1 SV=1 - [B5MCH3_HUMAN]	7,06
Q92630	Dual specificity tyrosine-phosphorylation-regulated kinase 2 OS=Homo sapiens GN=DYRK2 PE=1 SV=3 - [DYRK2_HUMAN]	7,05
A7E2F9	SIPA1L2 protein OS=Homo sapiens GN=SIPA1L2 PE=2 SV=1 - [A7E2F9_HUMAN]	7,04
B7ZM61	Phosphoinositide phospholipase C OS=Homo sapiens GN=PLCE1 PE=2 SV=1 - [B7ZM61_HUMAN]	7,01
B8Q188	Glycophorin B MNS blood group OS=Homo sapiens GN=GYPB PE=2 SV=1 - [B8Q188_HUMAN]	6,99
Q8TED9	Actin filament-associated protein 1-like 1 OS=Homo sapiens GN=AFAP1L1 PE=1 SV=2 - [AF1L1_HUMAN]	6,97
Q2LD37	Uncharacterized protein KIAA1109 OS=Homo sapiens GN=KIAA1109 PE=1 SV=2 - [K1109_HUMAN]	6,97
B4DIZ8	cDNA FLJ54084, moderately similar to Spliceosome RNA helicase Bat1 (EC 3.6.1.-) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DIZ8_HUMAN]	6,96
Q8IWU2	Serine/threonine-protein kinase LMTK2 OS=Homo sapiens GN=LMTK2 PE=1 SV=2 - [LMTK2_HUMAN]	6,96
Q8IUP3	Phospholipase A2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PLA2G4F PE=2 SV=1 - [Q8IUP3_HUMAN]	6,95
B3KQZ8	cDNA FLJ33349 fis, clone BRACE2003905 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KQZ8_HUMAN]	6,95
Q63ZY3	KN motif and ankyrin repeat domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=KANK2 PE=1 SV=1 - [KANK2_HUMAN]	6,95
O60312	Probable phospholipid-transporting ATPase VA OS=Homo sapiens GN=ATP10A PE=2 SV=2 - [AT10A_HUMAN]	6,94
Q9UH90	F-box only protein 40 OS=Homo sapiens GN=FBXO40 PE=2 SV=2 - [FBX40_HUMAN]	6,92
HOYLK7	Spatacin (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SPG11 PE=1 SV=1 - [HOYLK7_HUMAN]	6,92
A0A1B0GUT5	Uncharacterized protein C10orf67, mitochondrial (Fragment) OS=Homo sapiens GN=C10orf67 PE=1 SV=1 - [A0A1B0GUT5_HUMAN]	6,92
O75095	Multiple epidermal growth factor-like domains protein 6 OS=Homo sapiens GN=MEGF6 PE=1 SV=4 - [MEGF6_HUMAN]	6,91
O15018	PDZ domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=PDZD2 PE=1 SV=4 - [PDZD2_HUMAN]	6,90
A8MZ84	Leukocyte-associated immunoglobulin-like receptor 1 OS=Homo sapiens GN=LAIR1 PE=1 SV=2 - [A8MZ84_HUMAN]	6,89
G5EA12	HCG2013488, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=SFTA3 PE=4 SV=1 - [G5EA12_HUMAN]	6,89
B4DYG2	cDNA FLJ53397, highly similar to Mitotic checkpoint serine/threonine-protein kinase BUB1 (EC 2.7.11.1) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DYG2_HUMAN]	6,89
A0A087WXZ7	HEAT repeat-containing protein 6 OS=Homo sapiens GN=HEATR6 PE=1 SV=1 - [A0A087WXZ7_HUMAN]	6,89
F5H5I3	Lamin tail domain-containing protein 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=LMNTD1 PE=1 SV=1 - [F5H5I3_HUMAN]	6,88
Q15464	SH2 domain-containing adapter protein B OS=Homo sapiens GN=SHB PE=1 SV=2 - [SHB_HUMAN]	6,88
Q96JS0	Tubby homologue (Fragment) OS=Homo sapiens GN=TUB PE=3 SV=1 - [Q96JS0_HUMAN]	6,86
Q70J99	Protein unc-13 homolog D OS=Homo sapiens GN=UNC13D PE=1 SV=1 - [UN13D_HUMAN]	6,85
Q8NET4	Retrotransposon Gag-like protein 9 OS=Homo sapiens GN=RTL9 PE=1 SV=1 - [RTL9_HUMAN]	6,85
Q3YBA8	14-3-3 tau splice variant OS=Homo sapiens PE=1 SV=1 - [Q3YBA8_HUMAN]	6,84
B3KV39	cDNA FLJ16099 fis, clone TESTI2008278, highly similar to Homo sapiens forkhead box K1 (FOKK1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KV39_HUMAN]	6,84
K7ER53	Nuclear factor of activated T-cells, cytoplasmic 1 OS=Homo sapiens GN=NFATC1 PE=1 SV=1 - [K7ER53_HUMAN]	6,82
Q5VT52	Regulation of nuclear pre-mRNA domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=RPRD2 PE=1 SV=1 - [RPRD2_HUMAN]	6,81
Q8NGL4	Olfactory receptor 5D13 OS=Homo sapiens GN=OR5D13 PE=3 SV=2 - [OR5DD_HUMAN]	6,81
Q9BZV3	Interphotoreceptor matrix proteoglycan 2 OS=Homo sapiens GN=IMPG2 PE=1 SV=3 - [IMPG2_HUMAN]	6,79
Q9Y5H5	Protocadherin alpha-9 OS=Homo sapiens GN=PCDHA9 PE=2 SV=1 - [PCDA9_HUMAN]	6,79
P42166	Lamina-associated polypeptide 2, isoform alpha OS=Homo sapiens GN=TMPO PE=1 SV=2 - [LAP2A_HUMAN]	6,78
Q9UKB5	Adherens junction-associated protein 1 OS=Homo sapiens GN=AJAP1 PE=1 SV=1 - [AJAP1_HUMAN]	6,78
Q7Z4S6	Kinesin-like protein KIF21A OS=Homo sapiens GN=KIF21A PE=1 SV=2 - [KI21A_HUMAN]	6,78
B3KMX4	cDNA FLJ12859 fis, clone NT2RP2003522, highly similar to Zinc finger protein 281 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KMX4_HUMAN]	6,75
A0A0U1RRM6	Protein enabled homolog OS=Homo sapiens GN=ENAH PE=1 SV=1 - [A0A0U1RRM6_HUMAN]	6,75
B3KUA2	cDNA FLJ39460 fis, clone PROST2011482, highly similar to Transducin-like enhancer protein 3 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KUA2_HUMAN]	6,74
H9N1E8	Vascular endothelial growth factor receptor 1 OS=Homo sapiens GN=FLT1 PE=2 SV=1 - [H9N1E8_HUMAN]	6,74
Q9UQ35	Serine/arginine repetitive matrix protein 2 OS=Homo sapiens GN=SRRM2 PE=1 SV=2 - [SRRM2_HUMAN]	6,74
Q14766	Latent-transforming growth factor beta-binding protein 1 OS=Homo sapiens GN=LTBP1 PE=1 SV=4 - [LTBP1_HUMAN]	6,74
B3KQG5	cDNA FLJ90421 fis, clone NT2RP3000304, highly similar to Low-density lipoprotein receptor-related protein 6 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KQG5_HUMAN]	6,74
P49792	E3 SUMO-protein ligase RanBP2 OS=Homo sapiens GN=RANBP2 PE=1 SV=2 - [RBP2_HUMAN]	6,73
Q8IZU8	Dermatan-sulfate epimerase-like protein OS=Homo sapiens GN=DSEL PE=2 SV=2 - [DSEL_HUMAN]	6,73
B4DTM4	cDNA FLJ54501, highly similar to Ran-binding protein 2-like 6 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DTM4_HUMAN]	6,73
E7ERF0	Coiled-coil domain-containing protein 141 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=CCDC141 PE=1 SV=1 - [E7ERF0_HUMAN]	6,73

	[E7ERF0_HUMAN]	
Q8WYP3	Ras and Rab interactor 2 OS=Homo sapiens GN=RIN2 PE=1 SV=1 - [RIN2_HUMAN]	6,72
Q9Y535	DNA-directed RNA polymerase III subunit RPC8 OS=Homo sapiens GN=POLR3H PE=1 SV=1 - [RPC8_HUMAN]	6,72
A0A024R235	Zinc finger, CCHC domain containing 6, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=ZCCHC6 PE=4 SV=1 - [A0A024R235_HUMAN]	6,71
O60285	NUAK family SNF1-like kinase 1 OS=Homo sapiens GN=NUAK1 PE=1 SV=1 - [NUAK1_HUMAN]	6,71
Q9NW35	cDNA FLJ10342 fis, clone NT2RM2000837 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q9NW35_HUMAN]	6,70
B4E244	cDNA FLJ55531, highly similar to Homo sapiens shroom (SHRM), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E244_HUMAN]	6,70
Q5VW22	Arf-GAP with GTPase, ANK repeat and PH domain-containing protein 6 OS=Homo sapiens GN=AGAP6 PE=2 SV=1 - [AGAP6_HUMAN]	6,69
Q59GI1	Serum response factor (C-fos serum response element-binding transcription factor) variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59GI1_HUMAN]	6,69
Q9C0D4	Zinc finger protein 518B OS=Homo sapiens GN=ZNF518B PE=2 SV=2 - [Z518B_HUMAN]	6,68
C9J840	Mitogen-activated protein kinase kinase kinase 4 OS=Homo sapiens GN=MAP4K4 PE=1 SV=3 - [C9J840_HUMAN]	6,68
A8MWY0	UPF0577 protein KIAA1324-like OS=Homo sapiens GN=KIAA1324L PE=1 SV=2 - [K132L_HUMAN]	6,68
Q9HCK8	Chromodomain-helicase-DNA-binding protein 8 OS=Homo sapiens GN=CHD8 PE=1 SV=5 - [CHD8_HUMAN]	6,67
Q96F88	Processing of 1, ribonuclease P/MRP subunit (S. cerevisiae) OS=Homo sapiens GN=POP1 PE=2 SV=1 - [Q96F88_HUMAN]	6,67
B7Z255	Glycogen [starch] synthase OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z255_HUMAN]	6,67
A0A1W2PQX1	Gamma-aminobutyric acid receptor subunit gamma-2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=GABRG2 PE=4 SV=1 - [A0A1W2PQX1_HUMAN]	6,67
A0A126GVL4	OR56B4 OS=Homo sapiens GN=OR56B4 PE=3 SV=1 - [A0A126GVL4_HUMAN]	6,66
B7Z1R8	cDNA FLJ53553 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z1R8_HUMAN]	6,66
C9JVC3	Zinc finger protein 717 OS=Homo sapiens GN=ZNF717 PE=4 SV=1 - [C9JVC3_HUMAN]	6,66
Q96MK8	cDNA FLJ32212 fis, clone PLACE6003399, weakly similar to SPIDROIN 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q96MK8_HUMAN]	6,66
P51610	Host cell factor 1 OS=Homo sapiens GN=HCFC1 PE=1 SV=2 - [HCFC1_HUMAN]	6,66
B4DYT5	cDNA FLJ53590, highly similar to Nuclear receptor coactivator 3 (EC 2.3.1.48) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DYT5_HUMAN]	6,65
E7EX20	Tubulin polyglutamylase TTL4 OS=Homo sapiens GN=TTL4 PE=1 SV=1 - [E7EX20_HUMAN]	6,63
Q6UXP6	LKHP9428 OS=Homo sapiens GN=UNQ9428 PE=2 SV=1 - [Q6UXP6_HUMAN]	6,62
A0A1W2PNX8	Protein unc-45 homolog A OS=Homo sapiens GN=UNC45A PE=4 SV=1 - [A0A1W2PNX8_HUMAN]	6,62
Q8NAX6	cDNA FLJ34594 fis, clone KIDNE2009109 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8NAX6_HUMAN]	6,62
O94822	E3 ubiquitin-protein ligase listerin OS=Homo sapiens GN=LTN1 PE=1 SV=6 - [LTN1_HUMAN]	6,62
A0A024QYV8	CP110 protein, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=CP110 PE=4 SV=1 - [A0A024QYV8_HUMAN]	6,62
Q8NB66	Protein unc-13 homolog C OS=Homo sapiens GN=UNC13C PE=2 SV=3 - [UN13C_HUMAN]	6,61
B2RWN8	Histone acetyltransferase OS=Homo sapiens GN=MYST4 PE=2 SV=1 - [B2RWN8_HUMAN]	6,61
A4D236	Similar to polycystic kidney disease 1-like 3 OS=Homo sapiens GN=LOC392159 PE=4 SV=1 - [A4D236_HUMAN]	6,60
Q58EX2	Protein sidekick-2 OS=Homo sapiens GN=SDK2 PE=1 SV=3 - [SDK2_HUMAN]	6,60
E9PQ73	Protocadherin Fat 3 OS=Homo sapiens GN=FAT3 PE=1 SV=1 - [E9PQ73_HUMAN]	6,60
Q01538	Myelin transcription factor 1 OS=Homo sapiens GN=MYT1 PE=1 SV=2 - [MYT1_HUMAN]	6,60
Q684P5	Rap1 GTPase-activating protein 2 OS=Homo sapiens GN=RAP1GAP2 PE=1 SV=2 - [RPGP2_HUMAN]	6,60
E7EUN2	Arf-GAP with GTPase, ANK repeat and PH domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=AGAP1 PE=1 SV=1 - [E7EUN2_HUMAN]	6,59
O75808	Calpain-15 OS=Homo sapiens GN=CAPN15 PE=1 SV=1 - [CAN15_HUMAN]	6,59
B7Z706	cDNA FLJ61715, highly similar to Homo sapiens Fc receptor-like 3 (FCRL3), transcript variant 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z706_HUMAN]	6,59
Q9UMD0	14 kDa protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q9UMD0_HUMAN]	6,58
B3KXZ7	cDNA FLJ46461 fis, clone THYMU3021586, highly similar to Sterol regulatory element-binding protein 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KXZ7_HUMAN]	6,58
A1L3A9	TBC1 domain family, member 9B (With GRAM domain) OS=Homo sapiens GN=TBC1D9B PE=2 SV=1 - [A1L3A9_HUMAN]	6,58
Q59EZ3	Insulin-like growth factor 2 receptor variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59EZ3_HUMAN]	6,57
H3BQU6	Fanconi anemia group A protein OS=Homo sapiens GN=FANCA PE=1 SV=1 - [H3BQU6_HUMAN]	6,57
Q7Z2E5	Putative uncharacterized protein DKFZp686G1540 OS=Homo sapiens GN=DKFZp686G1540 PE=2 SV=1 - [Q7Z2E5_HUMAN]	6,57
K7EIU2	Serine/threonine-protein kinase ULK2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ULK2 PE=1 SV=8 - [K7EIU2_HUMAN]	6,56
Q5H943	Kita-kyushu lung cancer antigen 1 OS=Homo sapiens GN=CT83 PE=1 SV=1 - [KKLC1_HUMAN]	6,56
A0A024R8G4	ADAM metalloproteinase with thrombospondin type 1 motif, 13, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=ADAMTS13 PE=4 SV=1 - [A0A024R8G4_HUMAN]	6,56
U3KPY4	Membralin OS=Homo sapiens GN=TMEM259 PE=1 SV=3 - [U3KPY4_HUMAN]	6,55
Q14790	HMG box containing protein 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q14790_HUMAN]	6,55
E7EPJ2	Intersectin-2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ITSN2 PE=1 SV=1 - [E7EPJ2_HUMAN]	6,55
Q8IY92	Structure-specific endonuclease subunit SLX4 OS=Homo sapiens GN=SLX4 PE=1 SV=3 - [SLX4_HUMAN]	6,55
E9PDN5	Dystrophin OS=Homo sapiens GN=DMD PE=1 SV=1 - [E9PDN5_HUMAN]	6,55
B2RBH3	cDNA, FLJ95509, highly similar to Homo sapiens schwannomin interacting protein 1 (SCHIP1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2RBH3_HUMAN]	6,55
Q96F05	Uncharacterized protein C11orf24 OS=Homo sapiens GN=C11orf24 PE=1 SV=2 - [CK024_HUMAN]	6,54
P25391	Laminin subunit alpha-1 OS=Homo sapiens GN=LAMA1 PE=1 SV=2 - [LAMA1_HUMAN]	6,54
B5MCN7	Nuclear receptor coactivator 1 OS=Homo sapiens GN=NCOA1 PE=1 SV=1 - [B5MCN7_HUMAN]	6,54
A8K5A5	cDNA FLJ75393, highly similar to Homo sapiens PHD finger protein 16 (PHF16), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K5A5_HUMAN]	6,53
A0A0D9SF58	Chromosome transmission fidelity protein 18 homolog OS=Homo sapiens GN=CHTF18 PE=1 SV=1 - [A0A0D9SF58_HUMAN]	6,53
Q9Y3R5	Protein dopey-2 OS=Homo sapiens GN=DOPEY2 PE=1 SV=5 - [DOP2_HUMAN]	6,52
Q53QW1	Testis-expressed protein 44 OS=Homo sapiens GN=TEX44 PE=1 SV=1 - [TEX44_HUMAN]	6,52
X6R6V8	Nuclear pore membrane glycoprotein 210-like OS=Homo sapiens GN=NUP210L PE=1 SV=1 - [X6R6V8_HUMAN]	6,52
B2R769	Aminopeptidase OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2R769_HUMAN]	6,52

B4DKA9	cDNA FLJ61306, weakly similar to Serine/threonine-protein phosphatase 4 regulatory subunit 3 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DKA9_HUMAN]	6,52
Q9H1Y3	Opsin-3 OS=Homo sapiens GN=OPN3 PE=1 SV=1 - [OPN3_HUMAN]	6,51
A0A1U9X919	MUC22 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [A0A1U9X919_HUMAN]	6,51
H0YF33	Nuclear autoantigenic sperm protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=NASP PE=1 SV=1 - [H0YF33_HUMAN]	6,51
M0QY27	Putative zinc finger protein 66 OS=Homo sapiens GN=ZNF66 PE=4 SV=1 - [M0QY27_HUMAN]	6,51
B3KSD3	cDNA FLJ36024 fis, clone TESTI2016667, highly similar to Homo sapiens zinc finger CCCH-type containing 12A (ZC3H12A), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KSD3_HUMAN]	6,50
Q59H82	PR-domain zinc finger protein 2 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59H82_HUMAN]	6,50
H7C1H0	Insulin-like growth factor-binding protein 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=IGFBP2 PE=1 SV=1 - [H7C1H0_HUMAN]	6,49
B4DTA6	cDNA FLJ57794, moderately similar to Ras-related protein Rab-35 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DTA6_HUMAN]	6,49
P50443	Sulfate transporter OS=Homo sapiens GN=SLC26A2 PE=1 SV=2 - [S26A2_HUMAN]	6,49
E9PJP2	Protein SOGA3 OS=Homo sapiens GN=SOGA3 PE=1 SV=1 - [E9PJP2_HUMAN]	6,49
B7Z3G5	cDNA FLJ61285, highly similar to Trafficking kinesin-binding protein 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z3G5_HUMAN]	6,49
P41970	ETS domain-containing protein Elk-3 OS=Homo sapiens GN=ELK3 PE=1 SV=2 - [ELK3_HUMAN]	6,48
B7ZLE5	FN1 protein OS=Homo sapiens GN=FN1 PE=2 SV=1 - [B7ZLE5_HUMAN]	6,48
Q6ZP60	cDNA FLJ26465 fis, clone KDN04238 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q6ZP60_HUMAN]	6,47
Q15206	Profilaggrin (Fragment) OS=Homo sapiens GN=FLG PE=4 SV=1 - [Q15206_HUMAN]	6,47
G8XWS8	PRUNE2 OS=Homo sapiens GN=PRUNE2 PE=2 SV=1 - [G8XWS8_HUMAN]	6,46
H0Y966	Centrosomal protein of 192 kDa (Fragment) OS=Homo sapiens GN=CEP192 PE=1 SV=1 - [H0Y966_HUMAN]	6,44
Q9H209	Olfactory receptor 10A4 OS=Homo sapiens GN=OR10A4 PE=2 SV=2 - [O10A4_HUMAN]	6,44
B4E033	Oxysterol-binding protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E033_HUMAN]	6,44
Q96RE2	Sorbin polypeptide OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q96RE2_HUMAN]	6,44
Q8N822	cDNA FLJ40118 fis, clone TESTI2009412 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8N822_HUMAN]	6,44
Q9NV86	cDNA FLJ10873 fis, clone NT2RP4001730, weakly similar to UDP-GLUCOSE:GLYCOPROTEIN GLUCOSYLTRANSFERASE (EC 2.4.1.-) (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q9NV86_HUMAN]	6,43
E5RHJ2	Aspartyl/asparaginyl beta-hydroxylase OS=Homo sapiens GN=ASPH PE=1 SV=1 - [E5RHJ2_HUMAN]	6,43
B4DSL6	cDNA FLJ57190, highly similar to Actin-binding protein anillin OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DSL6_HUMAN]	6,43
B5MDV5	KIAA1244 OS=Homo sapiens GN=KIAA1244 PE=2 SV=1 - [B5MDV5_HUMAN]	6,42
A1A4C0	GOLGA8A protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=GOLGA8A PE=2 SV=1 - [A1A4C0_HUMAN]	6,42
Q8IZQ8	Myocardin OS=Homo sapiens GN=MYOCD PE=1 SV=1 - [MYCD_HUMAN]	6,41
B1AN48	Small proline-rich protein 3 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SPRR3 PE=1 SV=8 - [B1AN48_HUMAN]	6,41
G1UI35	Uncharacterized protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=KIAA0100 PE=2 SV=1 - [G1UI35_HUMAN]	6,41
Q68DQ2	Very large A-kinase anchor protein OS=Homo sapiens GN=CRYBG3 PE=1 SV=3 - [CRYBG3_HUMAN]	6,40
B4DX74	cDNA FLJ51596, highly similar to BRCA1-associated RING domain protein 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DX74_HUMAN]	6,39
A0A024R643	KIAA1008, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=KIAA1008 PE=4 SV=1 - [A0A024R643_HUMAN]	6,39
Q86US8	Telomerase-binding protein EST1A OS=Homo sapiens GN=SMG6 PE=1 SV=2 - [EST1A_HUMAN]	6,38
B7Z7Q8	cDNA FLJ53242, highly similar to CLIP-associating protein 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z7Q8_HUMAN]	6,38
A0A0G2JLR4	Killer cell immunoglobulin-like receptor 3DS1 OS=Homo sapiens GN=KIR3DS1 PE=4 SV=1 - [A0A0G2JLR4_HUMAN]	6,37
Q7Z3H2	Putative uncharacterized protein DKFZp686M1483 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DKFZp686M1483 PE=2 SV=1 - [Q7Z3H2_HUMAN]	6,37
P98164	Low-density lipoprotein receptor-related protein 2 OS=Homo sapiens GN=LRP2 PE=1 SV=3 - [LRP2_HUMAN]	6,37
Q7RTY3	Serine protease 45 OS=Homo sapiens GN=PRSS45 PE=2 SV=1 - [PRSS45_HUMAN]	6,37
B3KU02	cDNA FLJ39019 fis, clone NT2RP7002738, highly similar to Homo sapiens sorting nexin 26 (SNX26), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KU02_HUMAN]	6,37
A0A087WXI2	IgGfC-binding protein OS=Homo sapiens GN=FCGBP PE=1 SV=1 - [A0A087WXI2_HUMAN]	6,36
B2RDI7	cDNA, FLJ96629, highly similar to Homo sapiens ring finger protein 10 (RNF10), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2RDI7_HUMAN]	6,36
A6NLU0	Ret finger protein-like 4A OS=Homo sapiens GN=RFPL4A PE=1 SV=3 - [RFPL4A_HUMAN]	6,35
A0A0A0MRJ1	Serine/threonine-protein kinase MRCK alpha OS=Homo sapiens GN=CDC42BPA PE=1 SV=1 - [A0A0A0MRJ1_HUMAN]	6,35
Q6IBT3	CCT7 protein OS=Homo sapiens GN=CCT7 PE=2 SV=1 - [Q6IBT3_HUMAN]	6,35
Q5QP82	DDB1- and CUL4-associated factor 10 OS=Homo sapiens GN=DCAF10 PE=1 SV=1 - [DCAF10_HUMAN]	6,35
A0JLT9	SF3B1 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SF3B1 PE=2 SV=1 - [A0JLT9_HUMAN]	6,34
A6H8W6	SIPA1L1 protein OS=Homo sapiens GN=SIPA1L1 PE=2 SV=1 - [A6H8W6_HUMAN]	6,33
Q8TEM4	FLJ00169 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=FLJ00169 PE=2 SV=1 - [Q8TEM4_HUMAN]	6,33
X6RAE7	DENN domain-containing protein 4C (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DENND4C PE=1 SV=1 - [X6RAE7_HUMAN]	6,33
H7C275	Guanine nucleotide exchange factor DBS (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MCF2L PE=1 SV=1 - [H7C275_HUMAN]	6,32
A1L4F5	Receptor tyrosine kinase-like orphan receptor 2 OS=Homo sapiens GN=ROR2 PE=1 SV=1 - [A1L4F5_HUMAN]	6,32
A0A1B0GWI4	Propionyl-CoA carboxylase alpha chain, mitochondrial (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PCCA PE=1 SV=1 - [A0A1B0GWI4_HUMAN]	6,32
U5XMM4	SRV-box 9 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SOX9 PE=4 SV=1 - [U5XMM4_HUMAN]	6,32
Q4LE61	SYMPK variant protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SYMPK variant protein PE=2 SV=1 - [Q4LE61_HUMAN]	6,32
Q9P2N4	A disintegrin and metalloproteinase with thrombospondin motifs 9 OS=Homo sapiens GN=ADAMTS9 PE=1 SV=4 - [ATS9_HUMAN]	6,31
Q6P4Q7	Metal transporter CNNM4 OS=Homo sapiens GN=CNNM4 PE=1 SV=3 - [CNNM4_HUMAN]	6,30
F8W9C3	CUB and sushi domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=CSMD1 PE=1 SV=1 - [F8W9C3_HUMAN]	6,30
Q96PU5	E3 ubiquitin-protein ligase NEDD4-like OS=Homo sapiens GN=NEDD4L PE=1 SV=2 - [NED4L_HUMAN]	6,28
A0A087WW91	Synapsin-2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SYN2 PE=1 SV=1 - [A0A087WW91_HUMAN]	6,27
A0FGR9	Extended synaptotagmin-3 OS=Homo sapiens GN=ESYT3 PE=1 SV=1 - [ESYT3_HUMAN]	6,27
Q0VFW7	C14orf102 protein OS=Homo sapiens GN=C14orf102 PE=2 SV=1 - [Q0VFW7_HUMAN]	6,27
A0A0A0MT16	ATP-binding cassette sub-family A member 13 OS=Homo sapiens GN=ABCA13 PE=1 SV=1 - [A0A0A0MT16_HUMAN]	6,26

C4P0B0	Disrupted in schizophrenia 1 isoform 23 OS=Homo sapiens GN=DISC1 PE=1 SV=1 - [C4P0B0_HUMAN]	6,26
H0UI05	Solute carrier family 17 (Anion/sugar transporter), member 5, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=SLC17A5 PE=4 SV=1 - [H0UI05_HUMAN]	6,26
A0A0G2JP14	Leukocyte-associated immunoglobulin-like receptor 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=LAIR1 PE=4 SV=1 - [A0A0G2JP14_HUMAN]	6,25
Q5T752	Late cornified envelope protein 1D OS=Homo sapiens GN=LCE1D PE=1 SV=1 - [LCE1D_HUMAN]	6,25
L8E853	von Willebrand factor OS=Homo sapiens GN=VWF PE=4 SV=1 - [L8E853_HUMAN]	6,24
Q6R327	Rapamycin-insensitive companion of mTOR OS=Homo sapiens GN=RICTOR PE=1 SV=1 - [RICTR_HUMAN]	6,23
A0A1B0GU24	Trinucleotide repeat-containing gene 6C protein OS=Homo sapiens GN=TNRC6C PE=1 SV=1 - [A0A1B0GU24_HUMAN]	6,22
B3KPW6	cDNA FLJ32365 fis, clone PUAEN1000161, highly similar to Homo sapiens CCR4-NOT transcription complex, subunit 1 (CNOT1), transcript variant 2, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KPW6_HUMAN]	6,22
B9EG57	IQ motif containing G OS=Homo sapiens GN=IQCG PE=2 SV=1 - [B9EG57_HUMAN]	6,22
Q8NEG5	E3 ubiquitin-protein ligase ZSWIM2 OS=Homo sapiens GN=ZSWIM2 PE=1 SV=2 - [ZSWIM2_HUMAN]	6,21
B3KY33	cDNA FLJ46735 fis, clone TRACH3020605, highly similar to Dynamin-binding protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KY33_HUMAN]	6,19
Q8NH34	Seven transmembrane helix receptor OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [Q8NH34_HUMAN]	6,19
H7BXE3	SAFB-like transcription modulator (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SLTM PE=1 SV=1 - [H7BXE3_HUMAN]	6,17
M0R2B3	Uncharacterized protein C19orf44 OS=Homo sapiens GN=C19orf44 PE=1 SV=1 - [M0R2B3_HUMAN]	6,13
A0A0A0MSC0	Potassium voltage-gated channel subfamily KQT member 5 OS=Homo sapiens GN=KCNQ5 PE=1 SV=1 - [A0A0A0MSC0_HUMAN]	6,13
B3KUB3	cDNA FLJ39524 fis, clone PUAEN2002568 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KUB3_HUMAN]	6,12
Q68CP0	Putative uncharacterized protein DKFZp686B2325 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DKFZp686B2325 PE=2 SV=1 - [Q68CP0_HUMAN]	6,11
J3KNM6	Arf-GAP with GTPase, ANK repeat and PH domain-containing protein 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=AGAP2 PE=1 SV=1 - [J3KNM6_HUMAN]	6,10
Q9HC10	Otoferrin OS=Homo sapiens GN=OTOF PE=1 SV=3 - [OTOF_HUMAN]	6,09
B4DI70	cDNA FLJ53509, highly similar to Galectin-3-binding protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DI70_HUMAN]	6,08
A0A1W2PRV7	GPI transamidase component PIG-T OS=Homo sapiens GN=PIGT PE=4 SV=1 - [A0A1W2PRV7_HUMAN]	6,08
A0A1W2PRS6	Paired box protein Pax-6 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PAX6 PE=4 SV=1 - [A0A1W2PRS6_HUMAN]	6,06
B1AM48	ELAV-like protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ELAVL2 PE=1 SV=1 - [B1AM48_HUMAN]	6,06
B7Z7Y5	cDNA FLJ59641, highly similar to Liprin-alpha-2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z7Y5_HUMAN]	6,05
R4GN17	Endoribonuclease ZC3H12A (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ZC3H12A PE=1 SV=1 - [R4GN17_HUMAN]	6,04
B3KWG8	cDNA FLJ43069 fis, clone BRTHA3009037, highly similar to Regulator of G-protein signaling 3 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KWG8_HUMAN]	6,04
B3KTH8	POU domain protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KTH8_HUMAN]	6,03
F6RU00	Golgi SNAP receptor complex member 1 OS=Homo sapiens GN=GOSR1 PE=1 SV=1 - [F6RU00_HUMAN]	6,03
Q9UHF7	Zinc finger transcription factor Trps1 OS=Homo sapiens GN=TRPS1 PE=1 SV=2 - [TRPS1_HUMAN]	6,03
D6R9V1	CXXC-type zinc finger protein 5 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=CXXC5 PE=1 SV=1 - [D6R9V1_HUMAN]	6,02
H0Y704	Zinc finger protein 185 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ZNF185 PE=1 SV=2 - [H0Y704_HUMAN]	5,99
B2RXH4	BTB/POZ domain-containing protein 18 OS=Homo sapiens GN=BTBD18 PE=2 SV=1 - [BTBD1_HUMAN]	5,97
J3KQ57	Macrophage-stimulating protein receptor OS=Homo sapiens GN=MST1R PE=1 SV=1 - [J3KQ57_HUMAN]	5,97
A0A024R1W0	Breast cancer 1, early onset, isoform CRA_j OS=Homo sapiens GN=BRCA1 PE=4 SV=1 - [A0A024R1W0_HUMAN]	5,96
A0A0A7E6D4	Aminopeptidase (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ERAP1 PE=2 SV=1 - [A0A0A7E6D4_HUMAN]	5,96
H0Y8R4	Serine/threonine-protein kinase RIO2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=RIOK2 PE=1 SV=1 - [H0Y8R4_HUMAN]	5,95
Q8N2C7	Protein unc-80 homolog OS=Homo sapiens GN=UNC80 PE=1 SV=2 - [UNC80_HUMAN]	5,95
O76070	Gamma-synuclein OS=Homo sapiens GN=SNCG PE=1 SV=2 - [SYUG_HUMAN]	5,95
Q86YV3	FLJ00308 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=FLJ00308 PE=2 SV=1 - [Q86YV3_HUMAN]	5,94
Q6ZQV0	cDNA FLJ46873 fis, clone UTERU3013302, highly similar to Homo sapiens NP220 nuclear protein (NP220) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q6ZQV0_HUMAN]	5,93
Q6J333	Intersectin 1 isoform 11 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ITSN1 PE=2 SV=1 - [Q6J333_HUMAN]	5,92
J3KP02	Leucine-, glutamate- and lysine-rich protein 1 OS=Homo sapiens GN=LEKR1 PE=4 SV=1 - [J3KP02_HUMAN]	5,91
O43474	Krueppel-like factor 4 OS=Homo sapiens GN=KLF4 PE=1 SV=3 - [KLF4_HUMAN]	5,88
Q5MJ70	Speedy protein A OS=Homo sapiens GN=SPDYA PE=1 SV=2 - [SPDYA_HUMAN]	5,86
V9GZ20	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 43 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=USP43 PE=1 SV=1 - [V9GZ20_HUMAN]	5,86
Q2M2I5	Keratin, type I cytoskeletal 24 OS=Homo sapiens GN=KRT24 PE=1 SV=1 - [K1C24_HUMAN]	5,85
A0A0D9SEW3	Nucleolar protein of 40 kDa OS=Homo sapiens GN=ZCCHC17 PE=1 SV=1 - [A0A0D9SEW3_HUMAN]	5,84
Q71RC7	PP12585 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q71RC7_HUMAN]	5,84
E7EN95	Filamin-B OS=Homo sapiens GN=FLNB PE=1 SV=1 - [E7EN95_HUMAN]	5,84
P35556	Fibrillin-2 OS=Homo sapiens GN=FBN2 PE=1 SV=3 - [FBN2_HUMAN]	5,81
Q8IY82	Dynein regulatory complex subunit 7 OS=Homo sapiens GN=DRC7 PE=1 SV=3 - [DRC7_HUMAN]	5,80
O15079	Syntaphilin OS=Homo sapiens GN=SNPH PE=1 SV=2 - [SNPH_HUMAN]	5,79
Q8IWP4	Enamelin OS=Homo sapiens GN=ENAM PE=4 SV=1 - [Q8IWP4_HUMAN]	5,77
Q5T7N2	LINE-1 type transposase domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=L1TD1 PE=1 SV=1 - [L1TD1_HUMAN]	5,76
A6NKL6	Transmembrane protein 200C OS=Homo sapiens GN=TMEM200C PE=2 SV=2 - [T200C_HUMAN]	5,76
Q3ZTS6	Sarcomeric muscle protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SARCOSIN PE=2 SV=1 - [Q3ZTS6_HUMAN]	5,76
Q8NAJ5	cDNA FLJ35258 fis, clone PROST2004146 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8NAJ5_HUMAN]	5,74
Q8NH13	Seven transmembrane helix receptor OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [Q8NH13_HUMAN]	5,74
L8E8M9	Alternative protein PCDHB16 OS=Homo sapiens GN=PCDHB16 PE=4 SV=1 - [L8E8M9_HUMAN]	5,73
O00110	Putative transcription factor ovo-like protein 3 OS=Homo sapiens GN=OVOL3 PE=3 SV=3 - [OVOL3_HUMAN]	5,72
H0YBH4	Ankyrin repeat domain-containing protein 6 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ANKRD6 PE=1 SV=1 - [H0YBH4_HUMAN]	5,72
Q9UQC2	GRB2-associated-binding protein 2 OS=Homo sapiens GN=GAB2 PE=1 SV=1 - [GAB2_HUMAN]	5,69
Q07912	Activated CDC42 kinase 1 OS=Homo sapiens GN=TNK2 PE=1 SV=3 - [ACK1_HUMAN]	5,69
Q9H8K7	Uncharacterized protein C10orf88 OS=Homo sapiens GN=C10orf88 PE=1 SV=2 - [CJ088_HUMAN]	5,68
Q9BVH8	VWA5B2 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=VWA5B2 PE=2 SV=1 - [Q9BVH8_HUMAN]	5,68
H0YN99	Pseudopodium-enriched atypical kinase 1 OS=Homo sapiens GN=PEAK1 PE=1 SV=1 - [H0YN99_HUMAN]	5,64
A7XYQ1	Sine oculis-binding protein homolog OS=Homo sapiens GN=SOBP PE=1 SV=2 - [SOBP_HUMAN]	5,57

P35568	Insulin receptor substrate 1 OS=Homo sapiens GN=IRS1 PE=1 SV=1 - [IRS1_HUMAN]	5,51
P00451	Coagulation factor VIII OS=Homo sapiens GN=F8 PE=1 SV=1 - [FA8_HUMAN]	5,49
Q9NQ38	Serine protease inhibitor Kazal-type 5 OS=Homo sapiens GN=SPINK5 PE=1 SV=2 - [ISK5_HUMAN]	5,34
E9PS33	UPF0686 protein C11orf1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=C11orf1 PE=1 SV=1 - [E9PS33_HUMAN]	5,32
B4DJZ7	cDNA FLJ54009, highly similar to Bardet-Biedl syndrome 1 protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DJZ7_HUMAN]	5,30
Q12873	Chromodomain-helicase-DNA-binding protein 3 OS=Homo sapiens GN=CHD3 PE=1 SV=3 - [CHD3_HUMAN]	5,30
D6RGF0	Protein Largen (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PRR16 PE=4 SV=1 - [D6RGF0_HUMAN]	5,27
B4DYZ1	RNA helicase OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DYZ1_HUMAN]	5,26
A0A140TA42	Gamma-aminobutyric acid type B receptor subunit 1 OS=Homo sapiens GN=GABBR1 PE=1 SV=1 - [A0A140TA42_HUMAN]	5,23
E7ESC6	Exportin-7 OS=Homo sapiens GN=XPO7 PE=1 SV=1 - [E7ESC6_HUMAN]	5,22
A0A0A0MSY9	Histone-lysine N-methyltransferase EZH1 OS=Homo sapiens GN=EZH1 PE=1 SV=1 - [A0A0A0MSY9_HUMAN]	5,20
Q14066	(clone E05) gene from CpG-enriched DNA (Fragment) OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [Q14066_HUMAN]	5,19
B4DW07	cDNA FLJ50032, highly similar to Homo sapiens spectrin domain with coiled-coils 1 (SPECC1), transcript variant, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DW07_HUMAN]	5,15
Q5VVM6	Coiled-coil domain-containing protein 30 OS=Homo sapiens GN=CCDC30 PE=2 SV=1 - [CCDC30_HUMAN]	5,07
U3KQK8	Asparagine synthetase domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=ASNSD1 PE=1 SV=1 - [U3KQK8_HUMAN]	5,02
B7Z6C1	cDNA FLJ56880 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z6C1_HUMAN]	4,95
A0A024R363	Chromosome 3 open reading frame 63, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=C3orf63 PE=4 SV=1 - [A0A024R363_HUMAN]	4,91
Q5T0N1	Cilia- and flagella-associated protein 70 OS=Homo sapiens GN=CFAP70 PE=2 SV=3 - [CFA70_HUMAN]	4,83
B7Z339	Phosphatase and actin regulator OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z339_HUMAN]	4,79
K7EMR9	Dynamin-2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DNM2 PE=1 SV=1 - [K7EMR9_HUMAN]	4,78
H0YE21	Chromosome 11 open reading frame 80 OS=Homo sapiens GN=C11orf80 PE=4 SV=2 - [H0YE21_HUMAN]	4,77
J3QSD7	Cyclin-dependent kinase 12 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=CDK12 PE=1 SV=1 - [J3QSD7_HUMAN]	4,74
P78363	Retinal-specific ATP-binding cassette transporter OS=Homo sapiens GN=ABCA4 PE=1 SV=3 - [ABCA4_HUMAN]	4,72
A0A1W2PQW0	FERM and PDZ domain-containing protein 4 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=FRMPD4 PE=4 SV=1 - [A0A1W2PQW0_HUMAN]	4,64
O75165	DnaJ homolog subfamily C member 13 OS=Homo sapiens GN=DNAJC13 PE=1 SV=5 - [DJC13_HUMAN]	4,62
A4FVC0	eIF2C2 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=EIF2C2 PE=2 SV=1 - [A4FVC0_HUMAN]	4,60
H7C4H2	Signal recognition particle receptor subunit beta (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SRPRB PE=1 SV=1 - [H7C4H2_HUMAN]	4,32
A6NC05	Glutaredoxin-like protein C5orf63 OS=Homo sapiens GN=C5orf63 PE=2 SV=3 - [YD286_HUMAN]	4,25
A0A140VJN1	Testicular tissue protein Li 107 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A0A140VJN1_HUMAN]	4,20
Q86XH1	IQ and AAA domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=IQCA1 PE=2 SV=1 - [IQCA1_HUMAN]	4,15
Q9C093	Sperm flagellar protein 2 OS=Homo sapiens GN=SPEF2 PE=2 SV=2 - [SPEF2_HUMAN]	4,14

Dados das proteínas salivares identificadas. por LC-ESI-MS / MS para o grupo G5:

Accession	Description	Score
B7ZMD7	Alpha-amylase OS=Homo sapiens GN=AMY1A PE=2 SV=1 - [B7ZMD7_HUMAN]	690,97
A0A0G2JQA9	Mucin-4 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MUC4 PE=1 SV=1 - [A0A0G2JQA9_HUMAN]	571,38
P02814	Submaxillary gland androgen-regulated protein 3B OS=Homo sapiens GN=SMR3B PE=1 SV=2 - [SMR3B_HUMAN]	387,06
P01833	Polymeric immunoglobulin receptor OS=Homo sapiens GN=PIGR PE=1 SV=4 - [PIGR_HUMAN]	136,92
Q8WXI7	Mucin-16 OS=Homo sapiens GN=MUC16 PE=1 SV=3 - [MUC16_HUMAN]	130,91
A0A0C4DGN4	Zymogen granule protein 16 homolog B OS=Homo sapiens GN=ZG16B PE=1 SV=1 - [A0A0C4DGN4_HUMAN]	119,16
P01036	Cystatin-S OS=Homo sapiens GN=CST4 PE=1 SV=3 - [CYTS_HUMAN]	119,01
F6KPG5	Albumin (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [F6KPG5_HUMAN]	116,80
Q0KKI6	Immunoglobulin light chain (Fragment) OS=Homo sapiens PE=1 SV=1 - [Q0KKI6_HUMAN]	107,79
Q8WZ42	Titin OS=Homo sapiens GN=TTN PE=1 SV=4 - [TITIN_HUMAN]	91,21
S6BGD6	IgG L chain OS=Homo sapiens PE=1 SV=1 - [S6BGD6_HUMAN]	86,23
Q8WY24	SNC66 protein OS=Homo sapiens PE=1 SV=1 - [Q8WY24_HUMAN]	67,86
P12273	Prolactin-inducible protein OS=Homo sapiens GN=PIP PE=1 SV=1 - [PIP_HUMAN]	64,80
Q9HC84	Mucin-5B OS=Homo sapiens GN=MUC5B PE=1 SV=3 - [MUC5B_HUMAN]	60,62
P23280	Carbonic anhydrase 6 OS=Homo sapiens GN=CA6 PE=1 SV=3 - [CAH6_HUMAN]	56,92
Q9H7U1	Serine-rich coiled-coil domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=CCSER2 PE=1 SV=2 - [CCSE2_HUMAN]	54,64
B4DYQ3	cDNA FLJ60974, highly similar to Mediator of RNA polymerase II transcription subunit 12 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DYQ3_HUMAN]	53,01
Q13707	ACTA2 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ACTA2 PE=3 SV=1 - [Q13707_HUMAN]	49,72
E9PIL3	CKLF-like MARVEL transmembrane domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=CMTM1 PE=1 SV=1 - [E9PIL3_HUMAN]	49,25
Q7Z5P9	Mucin-19 OS=Homo sapiens GN=MUC19 PE=1 SV=3 - [MUC19_HUMAN]	47,98
B7ZA42	cDNA, FLJ79056 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7ZA42_HUMAN]	46,91
L0R6C4	Alternative protein ANKRD11 OS=Homo sapiens GN=ANKRD11 PE=4 SV=1 - [L0R6C4_HUMAN]	46,45
P04080	Cystatin-B OS=Homo sapiens GN=CSTB PE=1 SV=2 - [CYTB_HUMAN]	45,72
B2R7Z6	cDNA, FLJ93674 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2R7Z6_HUMAN]	45,17
B4DW52	cDNA FLJ55253, highly similar to Actin, cytoplasmic 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DW52_HUMAN]	45,06
B6ETL5	Pannexin OS=Homo sapiens GN=PANX1 PE=2 SV=1 - [B6ETL5_HUMAN]	41,76
S4R460	Immunoglobulin heavy variable 3/OR16-9 (non-functional) OS=Homo sapiens GN=IGHV3OR16-9 PE=1 SV=2 - [S4R460_HUMAN]	40,82
A8K2H9	cDNA FLJ78503, highly similar to Homo sapiens keratin 13 (KRT13), transcript variant 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K2H9_HUMAN]	37,64
Q8NAH9	cDNA FLJ35331 fis, clone PROST2014659 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8NAH9_HUMAN]	36,31
E9PAV3	Nascent polypeptide-associated complex subunit alpha, muscle-specific form OS=Homo sapiens GN=NACA PE=1 SV=1 - [NACAM_HUMAN]	35,48
P98088	Mucin-5AC OS=Homo sapiens GN=MUC5AC PE=1 SV=4 - [MUC5A_HUMAN]	33,59
Q50KN5	Taste receptor type 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=Hosa(Biaka)-T2R16 PE=3 SV=1 - [Q50KN5_HUMAN]	33,35
Q59FG1	Voltage-dependent R-type calcium channel subunit alpha (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59FG1_HUMAN]	33,22
Q96Q06	Perilipin-4 OS=Homo sapiens GN=PLIN4 PE=1 SV=2 - [PLIN4_HUMAN]	32,84
Q86UR5	Regulating synaptic membrane exocytosis protein 1 OS=Homo sapiens GN=RIMS1 PE=1 SV=1 - [RIMS1_HUMAN]	32,83
B7ZAX4	cDNA, FLJ79338, highly similar to Krueppel-like factor 11 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7ZAX4_HUMAN]	31,83
H0Y2M0	Transmembrane protein 131-like (Fragment) OS=Homo sapiens GN=KIAA0922 PE=1 SV=1 - [H0Y2M0_HUMAN]	31,25
Q92833	Protein Jumonji OS=Homo sapiens GN=JARID2 PE=1 SV=2 - [JARD2_HUMAN]	30,32
Q4AC94	C2 domain-containing protein 3 OS=Homo sapiens GN=C2CD3 PE=1 SV=4 - [C2CD3_HUMAN]	30,20
Q6UB99	Ankyrin repeat domain-containing protein 11 OS=Homo sapiens GN=ANKRD11 PE=1 SV=3 - [ANR11_HUMAN]	28,98
Q9Y6V0	Protein piccolo OS=Homo sapiens GN=PCLO PE=1 SV=4 - [PCLO_HUMAN]	28,23
P0DOX5	Immunoglobulin gamma-1 heavy chain OS=Homo sapiens PE=1 SV=1 - [IGG1_HUMAN]	27,96
Q53SF6	Putative uncharacterized protein PTHR2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PTHR2 PE=3 SV=1 - [Q53SF6_HUMAN]	27,94
A0A1B0GUS7	Protein unc-13 homolog B OS=Homo sapiens GN=UNC13B PE=1 SV=1 - [A0A1B0GUS7_HUMAN]	27,58
Q5T4S7	E3 ubiquitin-protein ligase UBR4 OS=Homo sapiens GN=UBR4 PE=1 SV=1 - [UBR4_HUMAN]	27,04
A0A0U1RR20	Proteoglycan 4 OS=Homo sapiens GN=PRG4 PE=1 SV=1 - [A0A0U1RR20_HUMAN]	25,74
F8W6W8	Regulating synaptic membrane exocytosis protein 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=RIMS2 PE=1 SV=1 - [F8W6W8_HUMAN]	25,39
Q5CZC0	Fibrous sheath-interacting protein 2 OS=Homo sapiens GN=FSIP2 PE=2 SV=4 - [FSIP2_HUMAN]	24,39
E9PMC9	BRCA2-interacting transcriptional repressor EMSY OS=Homo sapiens GN=EMSY PE=1 SV=1 - [E9PMC9_HUMAN]	24,28
B4DK23	cDNA FLJ61300 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DK23_HUMAN]	24,08
Q6ZVL6	UPF0606 protein KIAA1549L OS=Homo sapiens GN=KIAA1549L PE=2 SV=2 - [K154L_HUMAN]	24,03
Q6EKJ0	General transcription factor II-I repeat domain-containing protein 2B OS=Homo sapiens GN=GTF2IRD2B PE=1 SV=1 - [GTD2B_HUMAN]	23,56
Q8TD13	Decay-accelerating factor 1 ab (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8TD13_HUMAN]	23,20
P06702	Protein S100-A9 OS=Homo sapiens GN=S100A9 PE=1 SV=1 - [S10A9_HUMAN]	23,12
F5H212	Zinc finger protein 40 OS=Homo sapiens GN=HIVEP1 PE=1 SV=2 - [F5H212_HUMAN]	23,12
A6H8W6	SIPA1L1 protein OS=Homo sapiens GN=SIPA1L1 PE=2 SV=1 - [A6H8W6_HUMAN]	23,01
Q96S21	Ras-related protein Rab-40C OS=Homo sapiens GN=RAB40C PE=1 SV=1 - [RB40C_HUMAN]	22,96

F5GYNO	Protein FAM186A OS=Homo sapiens GN=FAM186A PE=1 SV=1 - [F5GYNO_HUMAN]	22,91
P20929	Nebulin OS=Homo sapiens GN=NEB PE=1 SV=5 - [NEBU_HUMAN]	22,46
Q15772	Striated muscle preferentially expressed protein kinase OS=Homo sapiens GN=SPEG PE=1 SV=4 - [SPEG_HUMAN]	22,12
AA0A0X1KG73	Ryanodine receptor 3 OS=Homo sapiens GN=RYP3 PE=1 SV=1 - [AA0A0X1KG73_HUMAN]	22,04
Q9H7S9	Zinc finger protein 703 OS=Homo sapiens GN=ZNF703 PE=1 SV=1 - [ZNF703_HUMAN]	21,58
J3KNQ2	Fibronectin type III domain-containing protein 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=FNDC1 PE=1 SV=1 - [J3KNQ2_HUMAN]	21,32
A4UGR9	Xin actin-binding repeat-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=XIRP2 PE=1 SV=2 - [XIRP2_HUMAN]	21,24
Q8TE73	Dynein heavy chain 5, axonemal OS=Homo sapiens GN=DNAH5 PE=1 SV=3 - [DYH5_HUMAN]	20,98
Q8WXH0	Nesprin-2 OS=Homo sapiens GN=SYNE2 PE=1 SV=3 - [SYNE2_HUMAN]	20,82
F5GZK2	Collagen alpha-1(XI) chain OS=Homo sapiens GN=COL21A1 PE=1 SV=2 - [F5GZK2_HUMAN]	20,73
Q8N771	cDNA FLJ25974 fis, clone TST06804 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8N771_HUMAN]	20,42
B1AN48	Small proline-rich protein 3 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SPRR3 PE=1 SV=8 - [B1AN48_HUMAN]	20,40
AA0A1U9XBC0	MDC1 OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [AA0A1U9XBC0_HUMAN]	20,24
E2DRY6	C-myc promoter-binding protein 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [E2DRY6_HUMAN]	20,24
AA0A1W2PQT4	KAT8 regulatory NSL complex subunit 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=KANSL1 PE=4 SV=1 - [AA0A1W2PQT4_HUMAN]	20,06
Q9UGM3	Deleted in malignant brain tumors 1 protein OS=Homo sapiens GN=DMBT1 PE=1 SV=2 - [DMBT1_HUMAN]	20,00
Q8N7U2	cDNA FLJ40342 fis, clone TEST12032768 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8N7U2_HUMAN]	19,85
AA0A087WUZ6	InaD-like protein OS=Homo sapiens GN=PATJ PE=1 SV=1 - [AA0A087WUZ6_HUMAN]	19,83
I0B0K8	Truncated profilaggrin OS=Homo sapiens GN=FLG PE=4 SV=1 - [I0B0K8_HUMAN]	19,51
Q9NR99	Matrix-remodeling-associated protein 5 OS=Homo sapiens GN=MXRA5 PE=2 SV=3 - [MXRA5_HUMAN]	19,26
Q9UF83	Uncharacterized protein DKFZp434B061 OS=Homo sapiens PE=2 SV=2 - [YM012_HUMAN]	19,18
AA0A0C4DGR2	Prostate tumor overexpressed gene 1, isoform CRA_d OS=Homo sapiens GN=PTOV1 PE=1 SV=1 - [AA0A0C4DGR2_HUMAN]	19,08
P49790	Nuclear pore complex protein Nup153 OS=Homo sapiens GN=NUP153 PE=1 SV=2 - [NU153_HUMAN]	19,08
B5BU38	Annexin OS=Homo sapiens GN=ANXA1 PE=2 SV=1 - [B5BU38_HUMAN]	19,00
P49639	Homeobox protein Hox-A1 OS=Homo sapiens GN=HOXA1 PE=1 SV=2 - [HXA1_HUMAN]	18,71
B7Z526	cDNA FLJ59292, highly similar to Homo sapiens neuron navigator 2 (NAV2), transcript variant 2, mRNA (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z526_HUMAN]	18,16
C9JR56	DNA-binding protein SATB OS=Homo sapiens GN=SATB2 PE=1 SV=1 - [C9JR56_HUMAN]	17,55
Q9UPS6	Histone-lysine N-methyltransferase SETD1B OS=Homo sapiens GN=SETD1B PE=1 SV=3 - [SET1B_HUMAN]	17,55
Q9Y2F5	Little elongation complex subunit 1 OS=Homo sapiens GN=ICE1 PE=1 SV=5 - [ICE1_HUMAN]	17,44
B4DKZ7	cDNA FLJ55704, highly similar to Transcriptional repressor p66 alpha OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DKZ7_HUMAN]	17,30
Q68DE3	Basic helix-loop-helix domain-containing protein USF3 OS=Homo sapiens GN=USF3 PE=1 SV=3 - [USF3_HUMAN]	17,21
AA0A0C4DFX2	Protein furry homolog OS=Homo sapiens GN=FRY PE=1 SV=1 - [AA0A0C4DFX2_HUMAN]	17,03
F5GXF5	Nucleosome-remodeling factor subunit BPTF (Fragment) OS=Homo sapiens GN=BPTF PE=1 SV=2 - [F5GXF5_HUMAN]	16,96
B4DH81	cDNA FLJ61250, highly similar to Homo sapiens GTPase activating Rap/RanGAP domain-like 3 (GARNL3), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DH81_HUMAN]	16,85
Q86VH5	Leucine-rich repeat transmembrane neuronal protein 3 OS=Homo sapiens GN=LRRTM3 PE=2 SV=2 - [LRRT3_HUMAN]	16,70
H3BLS7	Vacuolar protein sorting-associated protein 13D (Fragment) OS=Homo sapiens GN=VPS13D PE=1 SV=1 - [H3BLS7_HUMAN]	16,52
P55197	Protein AF-10 OS=Homo sapiens GN=MLLT10 PE=1 SV=2 - [AF10_HUMAN]	16,48
B4DYJ6	cDNA FLJ52804, highly similar to Thyroid receptor-interacting protein 12 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DYJ6_HUMAN]	16,42
Q14484	Beta-globin (Fragment) OS=Homo sapiens GN=HBB PE=3 SV=1 - [Q14484_HUMAN]	16,38
H3BTR6	RNA-binding protein with serine-rich domain 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=RNPS1 PE=1 SV=1 - [H3BTR6_HUMAN]	16,37
B7Z3E7	cDNA FLJ56510, highly similar to Tumor suppressor p53-binding protein 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z3E7_HUMAN]	16,08
Q95425	Supervillin OS=Homo sapiens GN=SVIL PE=1 SV=2 - [SVIL_HUMAN]	15,99
Q9C0F0	Putative Polycomb group protein ASXL3 OS=Homo sapiens GN=ASXL3 PE=2 SV=3 - [ASXL3_HUMAN]	15,98
O60245	Protocadherin-7 OS=Homo sapiens GN=PCDH7 PE=1 SV=2 - [PCDH7_HUMAN]	15,94
M0QX43	Deoxyhypusine synthase OS=Homo sapiens GN=DHPS PE=1 SV=1 - [M0QX43_HUMAN]	15,87
Q99666	RANBP2-like and GRIP domain-containing protein 5/6 OS=Homo sapiens GN=RGPD5 PE=1 SV=3 - [RGPD5_HUMAN]	15,83
Q9H0B3	Uncharacterized protein KIAA1683 OS=Homo sapiens GN=KIAA1683 PE=1 SV=1 - [K1683_HUMAN]	15,78
C9JEV0	Zinc-alpha-2-glycoprotein OS=Homo sapiens GN=AZGP1 PE=1 SV=1 - [C9JEV0_HUMAN]	15,60
C7DJS1	Glutathione S-transferase pi (Fragment) OS=Homo sapiens GN=GSTP1 PE=2 SV=1 - [C7DJS1_HUMAN]	15,52
Q8IVL0	Neuron navigator 3 OS=Homo sapiens GN=NAV3 PE=1 SV=3 - [NAV3_HUMAN]	15,51
E1A689	Mutant Apo B 100 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [E1A689_HUMAN]	15,30
M0R3A2	Angiopoietin-related protein 4 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ANGPTL4 PE=1 SV=8 - [M0R3A2_HUMAN]	15,09
Q92878	DNA repair protein RAD50 OS=Homo sapiens GN=RAD50 PE=1 SV=1 - [RAD50_HUMAN]	14,96
P27482	Calmodulin-like protein 3 OS=Homo sapiens GN=CALML3 PE=1 SV=2 - [CALL3_HUMAN]	14,83
E9PIP6	Piwi-like protein 3 OS=Homo sapiens GN=PIWIL3 PE=1 SV=1 - [E9PIP6_HUMAN]	14,82
B4DRV0	cDNA FLJ58570, highly similar to Mus musculus leiomodion 2 (cardiac) (Lmod2), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DRV0_HUMAN]	14,57
AA0A140VJG7	Component of oligomeric golgi complex 6, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=COG6 PE=2 SV=1 - [AA0A140VJG7_HUMAN]	14,30
Q6WRI0	Immunoglobulin superfamily member 10 OS=Homo sapiens GN=IGSF10 PE=1 SV=1 - [IGS10_HUMAN]	14,22
Q4LE79	DSP variant protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DSP variant protein PE=2 SV=1 - [Q4LE79_HUMAN]	14,22
O95407	Tumor necrosis factor receptor superfamily member 6B OS=Homo sapiens GN=TNFRSF6B PE=1 SV=1 - [TNF6B_HUMAN]	14,20
Q7Z408	CUB and sushi domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=CSMD2 PE=1 SV=2 - [CSMD2_HUMAN]	14,13
Q9C0D2	Centrosomal protein of 295 kDa OS=Homo sapiens GN=CEP295 PE=1 SV=4 - [CE295_HUMAN]	14,13
Q14517	Protocadherin Fat 1 OS=Homo sapiens GN=FAT1 PE=1 SV=2 - [FAT1_HUMAN]	14,06
P31025	Lipocalin-1 OS=Homo sapiens GN=LCN1 PE=1 SV=1 - [LCN1_HUMAN]	13,98

B7WPD9	Kinesin-like protein KIF26B OS=Homo sapiens GN=KIF26B PE=1 SV=1 - [B7WPD9_HUMAN]	13,56
B4DSZ7	cDNA FLJ56501, highly similar to Forkhead box protein P3 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DSZ7_HUMAN]	13,52
E9PPJ1	Kinetochore scaffold 1 OS=Homo sapiens GN=KNL1 PE=1 SV=2 - [E9PPJ1_HUMAN]	13,52
A0A1L1ZCD7	NADH-ubiquinone oxidoreductase chain 5 OS=Homo sapiens GN=ND5 PE=3 SV=1 - [A0A1L1ZCD7_HUMAN]	13,51
F8WEL4	Nucleoporin NUP53 OS=Homo sapiens GN=NUP35 PE=1 SV=1 - [F8WEL4_HUMAN]	13,35
B4DTC8	cDNA FLJ57432, highly similar to Endoglin OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DTC8_HUMAN]	13,34
E7EMW7	E3 ubiquitin-protein ligase UBR5 OS=Homo sapiens GN=UBR5 PE=1 SV=1 - [E7EMW7_HUMAN]	13,30
Q8NEN9	PDZ domain-containing protein 8 OS=Homo sapiens GN=PDZD8 PE=1 SV=1 - [PDZD8_HUMAN]	13,22
Q8N9C0	Immunoglobulin superfamily member 22 OS=Homo sapiens GN=IGSF22 PE=2 SV=2 - [IGSF22_HUMAN]	13,22
B4DZ48	cDNA FLJ50924, highly similar to Nuclear receptor corepressor 1 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DZ48_HUMAN]	13,18
Q9NR48	Histone-lysine N-methyltransferase ASH1L OS=Homo sapiens GN=ASH1L PE=1 SV=2 - [ASH1L_HUMAN]	13,17
C9J7T7	Nuclear receptor corepressor 2 OS=Homo sapiens GN=NCOR2 PE=1 SV=3 - [C9J7T7_HUMAN]	13,16
D3YTG3	Target of Nesh-SH3 OS=Homo sapiens GN=ABI3BP PE=1 SV=1 - [D3YTG3_HUMAN]	13,16
Q9Y5S2	Serine/threonine-protein kinase MRCK beta OS=Homo sapiens GN=CDC42BPB PE=1 SV=2 - [MRCKB_HUMAN]	13,15
A0A087X0K8	Probable G-protein-coupled receptor 179 OS=Homo sapiens GN=GPR179 PE=4 SV=1 - [A0A087X0K8_HUMAN]	13,14
P35568	Insulin receptor substrate 1 OS=Homo sapiens GN=IRS1 PE=1 SV=1 - [IRS1_HUMAN]	13,13
Q8WXE0	Caskin-2 OS=Homo sapiens GN=CASKIN2 PE=1 SV=2 - [CASKI2_HUMAN]	13,06
A0A024RBS1	GCN1 general control of amino-acid synthesis 1-like 1 (Yeast), isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=GCN1L1 PE=4 SV=1 - [A0A024RBS1_HUMAN]	12,99
Q8N3C0	Activating signal cointegrator 1 complex subunit 3 OS=Homo sapiens GN=ASCC3 PE=1 SV=3 - [ASCC3_HUMAN]	12,98
A0A024QZH6	Serine arginine-rich pre-mRNA splicing factor SR-A1, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=SR-A1 PE=4 SV=1 - [A0A024QZH6_HUMAN]	12,97
Q86V42	Protein FAM124A OS=Homo sapiens GN=FAM124A PE=1 SV=1 - [F124A_HUMAN]	12,95
O15061	Synemin OS=Homo sapiens GN=SYNM PE=1 SV=2 - [SYNM_HUMAN]	12,84
Q9Y446	Plakophilin-3 OS=Homo sapiens GN=PKP3 PE=1 SV=1 - [PKP3_HUMAN]	12,78
A0A024R2V0	Microtubule-associated protein OS=Homo sapiens GN=MAP4 PE=4 SV=1 - [A0A024R2V0_HUMAN]	12,69
Q8IWX3	Ankyrin repeat and KH domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=ANKHD1 PE=1 SV=1 - [ANKH1_HUMAN]	12,68
Q6ZP01	RNA-binding protein 44 OS=Homo sapiens GN=RBM44 PE=2 SV=2 - [RBM44_HUMAN]	12,53
A0A087WUT6	Eukaryotic translation initiation factor 5B OS=Homo sapiens GN=EIF5B PE=1 SV=1 - [A0A087WUT6_HUMAN]	12,45
A0A087WVZ6	Protein kinase C-binding protein 1 OS=Homo sapiens GN=ZMYND8 PE=1 SV=2 - [A0A087WVZ6_HUMAN]	12,45
H0YXL2	DNA-binding protein RFX7 OS=Homo sapiens GN=RFX7 PE=1 SV=2 - [H0YXL2_HUMAN]	12,42
B3KNS2	cDNA FLJ30291 fis, clone BRACE2002896, highly similar to Calcium-dependent secretion activator 2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KNS2_HUMAN]	12,41
Q9UKJ3	G patch domain-containing protein 8 OS=Homo sapiens GN=GPATCH8 PE=1 SV=2 - [GPTC8_HUMAN]	12,36
Q03164	Histone-lysine N-methyltransferase 2A OS=Homo sapiens GN=KMT2A PE=1 SV=5 - [KMT2A_HUMAN]	12,32
Q5THK1	Protein PRR14L OS=Homo sapiens GN=PRR14L PE=1 SV=1 - [PR14L_HUMAN]	12,30
Q9C0G6	Dynein heavy chain 6, axonemal OS=Homo sapiens GN=DNAH6 PE=2 SV=3 - [DYH6_HUMAN]	12,20
B3KR92	cDNA FLJ33882 fis, clone CTONG2007175, highly similar to Homo sapiens pleckstrin homology domain containing, family G (with RhoGef domain) member 5, transcript variant 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KR92_HUMAN]	12,17
A8MT82	Arf-GAP with GTPase, ANK repeat and PH domain-containing protein 14 OS=Homo sapiens GN=AGAP14 PE=3 SV=3 - [AGP14_HUMAN]	12,12
B4DRW1	cDNA FLJ55805, highly similar to Keratin, type II cytoskeletal 4 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DRW1_HUMAN]	11,75
Q86XX4	Extracellular matrix protein FRAS1 OS=Homo sapiens GN=FRAS1 PE=1 SV=2 - [FRAS1_HUMAN]	11,69
O15265	Ataxin-7 OS=Homo sapiens GN=ATXN7 PE=1 SV=1 - [ATX7_HUMAN]	11,66
Q5VST9	Obscurin OS=Homo sapiens GN=OBSCN PE=1 SV=3 - [OBSCN_HUMAN]	11,63
D3DWL0	Plectin 1, intermediate filament binding protein 500kDa, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=PLEC1 PE=4 SV=1 - [D3DWL0_HUMAN]	11,56
B2R853	cDNA, FLJ93744, highly similar to Homo sapiens keratin 6E (KRT6E), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2R853_HUMAN]	11,40
Q5IBP5	AKAP9-BRAF fusion protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q5IBP5_HUMAN]	11,22
Q9UPN3	Microtubule-actin cross-linking factor 1, isoforms 1/2/3/5 OS=Homo sapiens GN=MACF1 PE=1 SV=4 - [MACF1_HUMAN]	11,21
A0A1W2PNY5	Elongator complex protein 4 OS=Homo sapiens GN=ELP4 PE=4 SV=1 - [A0A1W2PNY5_HUMAN]	11,08
A0A0U1RR93	SH3 and multiple ankyrin repeat domains protein 3 OS=Homo sapiens GN=SHANK3 PE=1 SV=1 - [A0A0U1RR93_HUMAN]	11,07
K7EMR9	Dynamin-2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DNM2 PE=1 SV=1 - [K7EMR9_HUMAN]	11,05
Q53F65	Ets transcription factor TEL-2b variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q53F65_HUMAN]	10,98
G1UI35	Uncharacterized protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=KIAA0100 PE=2 SV=1 - [G1UI35_HUMAN]	10,79
B4DQY7	cDNA FLJ51280, highly similar to TATA element modulatory factor (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DQY7_HUMAN]	10,78
Q9H694	Protein bicaudal C homolog 1 OS=Homo sapiens GN=BICC1 PE=1 SV=2 - [BICC1_HUMAN]	10,76
B3KSD3	cDNA FLJ36024 fis, clone TESTI2016667, highly similar to Homo sapiens zinc finger CCCH-type containing 12A (ZC3H12A), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KSD3_HUMAN]	10,69
C9JG08	Uncharacterized protein C2orf16 OS=Homo sapiens GN=C2orf16 PE=1 SV=2 - [C9JG08_HUMAN]	10,58
Q5T1R4	Transcription factor HIVEP3 OS=Homo sapiens GN=HIVEP3 PE=2 SV=1 - [ZEP3_HUMAN]	10,55
A7E243	CACNA2D4 protein OS=Homo sapiens GN=CACNA2D4 PE=2 SV=1 - [A7E243_HUMAN]	10,54
Q9NTN9	Semaphorin-4G OS=Homo sapiens GN=SEMA4G PE=1 SV=1 - [SEM4G_HUMAN]	10,52
A0A0K1P7S2	Usher syndrome 2A OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [A0A0K1P7S2_HUMAN]	10,51
L8E767	Alternative protein RNF222 OS=Homo sapiens GN=RNF222 PE=4 SV=1 - [L8E767_HUMAN]	10,51
A0A087WWM5	Roundabout homolog 2 OS=Homo sapiens GN=ROBO2 PE=1 SV=1 - [A0A087WWM5_HUMAN]	10,50
B4DDN6	cDNA FLJ54422, highly similar to Teashirt homolog 3 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DDN6_HUMAN]	10,48
Q5W9H1	KIAA0142 splice variant 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=KIAA0142 PE=2 SV=1 - [Q5W9H1_HUMAN]	10,48
B4DQA3	cDNA FLJ58603, highly similar to Actin-binding LIM protein 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DQA3_HUMAN]	10,37
Q9UKN1	Mucin-12 OS=Homo sapiens GN=MUC12 PE=1 SV=2 - [MUC12_HUMAN]	10,36
Q96RW7	Hemicentin-1 OS=Homo sapiens GN=HMCN1 PE=1 SV=2 - [HMCN1_HUMAN]	10,36
E7EN95	Filamin-B OS=Homo sapiens GN=FLNB PE=1 SV=1 - [E7EN95_HUMAN]	10,35

Q9C0C2	182 kDa tankyrase-1-binding protein OS=Homo sapiens GN=TNKS1BP1 PE=1 SV=4 - [TB182_HUMAN]	10,32
Q9C0I3	Serine-rich coiled-coil domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=CCSER1 PE=2 SV=2 - [CCSE1_HUMAN]	10,26
D3DQQ7	Low density lipoprotein receptor-related protein 4, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=LRP4 PE=4 SV=1 - [D3DQQ7_HUMAN]	10,25
H0Y720	Trinucleotide repeat-containing gene 6B protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=TNRC6B PE=1 SV=1 - [H0Y720_HUMAN]	10,22
K7EQL6	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 32 OS=Homo sapiens GN=USP32 PE=1 SV=1 - [K7EQL6_HUMAN]	10,19
Q92538	Golgi-specific brefeldin A-resistance guanine nucleotide exchange factor 1 OS=Homo sapiens GN=GBF1 PE=1 SV=2 - [GBF1_HUMAN]	10,17
E5RHG1	RNA-binding protein 12B (Fragment) OS=Homo sapiens GN=RBM12B PE=1 SV=2 - [E5RHG1_HUMAN]	10,16
L8E8M9	Alternative protein PCDHB16 OS=Homo sapiens GN=PCDHB16 PE=4 SV=1 - [L8E8M9_HUMAN]	10,12
Q7Z6E9	E3 ubiquitin-protein ligase RBBP6 OS=Homo sapiens GN=RBBP6 PE=1 SV=1 - [RBBP6_HUMAN]	10,12
Q6L8H1	Keratin-associated protein 5-4 OS=Homo sapiens GN=KRTAP5-4 PE=1 SV=1 - [KRA54_HUMAN]	10,11
A0A024RCR8	Ral guanine nucleotide dissociation stimulator-like 2, isoform CRA_d OS=Homo sapiens GN=RGL2 PE=4 SV=1 - [A0A024RCR8_HUMAN]	10,09
Q9UK17	Potassium voltage-gated channel subfamily D member 3 OS=Homo sapiens GN=KCND3 PE=1 SV=3 - [KCND3_HUMAN]	10,09
Q53FL7	Vascular cell adhesion molecule 1 isoform a variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q53FL7_HUMAN]	10,08
B9EIK1	Olfactory receptor OS=Homo sapiens GN=OR1Q1 PE=2 SV=1 - [B9EIK1_HUMAN]	10,06
E2QRD4	Protein MMS22-like OS=Homo sapiens GN=MMS22L PE=1 SV=1 - [E2QRD4_HUMAN]	10,05
Q9ULJ1	Outer dense fiber protein 2-like OS=Homo sapiens GN=ODF2L PE=2 SV=2 - [ODF2L_HUMAN]	10,05
B4DTN6	cDNA FLJ60152, highly similar to Zinc finger protein 295 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DTN6_HUMAN]	10,04
Q02505	Mucin-3A OS=Homo sapiens GN=MUC3A PE=1 SV=3 - [MUC3A_HUMAN]	10,02
F5GYR0	Actin-binding LIM protein 2 OS=Homo sapiens GN=ABLIM2 PE=1 SV=2 - [F5GYR0_HUMAN]	10,01
Q9BW04	Specifically androgen-regulated gene protein OS=Homo sapiens GN=SARG PE=1 SV=2 - [SARG_HUMAN]	10,00
B2R6U9	Delta-like protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2R6U9_HUMAN]	9,99
A0A075B7G5	Zinc finger protein 718 OS=Homo sapiens GN=ZNF718 PE=4 SV=1 - [A0A075B7G5_HUMAN]	9,96
Q86Y23	Hornerin OS=Homo sapiens GN=HRNR PE=1 SV=2 - [HORN_HUMAN]	9,96
B2RAG9	Mediator of RNA polymerase II transcription subunit 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2RAG9_HUMAN]	9,95
Q9BYI3	Hyccin OS=Homo sapiens GN=FAM126A PE=1 SV=2 - [HYCCI_HUMAN]	9,95
H3BLZ3	Protein KIBRA (Fragment) OS=Homo sapiens GN=WWC1 PE=1 SV=1 - [H3BLZ3_HUMAN]	9,95
Q14005	Pro-interleukin-16 OS=Homo sapiens GN=IL16 PE=1 SV=4 - [IL16_HUMAN]	9,94
H0Y6D1	Z-DNA-binding protein 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ZBP1 PE=4 SV=1 - [H0Y6D1_HUMAN]	9,88
A0A1B0GTW2	Voltage-dependent P/Q-type calcium channel subunit alpha OS=Homo sapiens GN=CACNA1A PE=1 SV=1 - [A0A1B0GTW2_HUMAN]	9,86
Q7Z7M0	Multiple epidermal growth factor-like domains protein 8 OS=Homo sapiens GN=MEGF8 PE=1 SV=2 - [MEGF8_HUMAN]	9,85
Q76L82	Additional sex combs like 1 (Drosophila), isoform CRA_d OS=Homo sapiens GN=ASXH1 PE=1 SV=1 - [Q76L82_HUMAN]	9,84
A0A024R914	Centrosomal protein 350kDa, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=CEP350 PE=4 SV=1 - [A0A024R914_HUMAN]	9,82
O43497	Voltage-dependent T-type calcium channel subunit alpha-1G OS=Homo sapiens GN=CACNA1G PE=1 SV=3 - [CAC1G_HUMAN]	9,79
A7KAX9	Rho GTPase-activating protein 32 OS=Homo sapiens GN=ARHGAP32 PE=1 SV=1 - [RHG32_HUMAN]	9,78
H9A532	BCL6 corepressor-cyclin B3 fusion protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [H9A532_HUMAN]	9,76
I3L4X2	Multidrug resistance-associated protein 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ABCC1 PE=1 SV=1 - [I3L4X2_HUMAN]	9,76
G3V1R1	Basic salivary proline-rich protein 1 OS=Homo sapiens GN=PRB1 PE=1 SV=1 - [G3V1R1_HUMAN]	9,76
Q96JG9	Zinc finger protein 469 OS=Homo sapiens GN=ZNF469 PE=2 SV=3 - [ZN469_HUMAN]	9,74
Q59EZ3	Insulin-like growth factor 2 receptor variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59EZ3_HUMAN]	9,74
B4DU80	ST6 (Alpha-N-acetyl-neuraminyl-2,3-beta-galactosyl-1, 3)-N-acetylglactosaminide alpha-2,6-sialyltransferase 6, isoform CRA_d OS=Homo sapiens GN=ST6GALNAC6 PE=2 SV=1 - [B4DU80_HUMAN]	9,73
Q9Y4F4	TOG array regulator of axonemal microtubules protein 1 OS=Homo sapiens GN=TOGARAM1 PE=1 SV=4 - [TGRM1_HUMAN]	9,70
B2RMV2	CYTSA protein OS=Homo sapiens GN=CYTSA PE=2 SV=1 - [B2RMV2_HUMAN]	9,69
P51610	Host cell factor 1 OS=Homo sapiens GN=HCFC1 PE=1 SV=2 - [HCFC1_HUMAN]	9,69
H3BN21	StAR-related lipid transfer protein 9 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=STARD9 PE=4 SV=1 - [H3BN21_HUMAN]	9,68
Q86YV5	Tyrosine-protein kinase PRAG1 OS=Homo sapiens GN=PRAG1 PE=1 SV=4 - [PRAG1_HUMAN]	9,68
Q96AY4	Tetratricopeptide repeat protein 28 OS=Homo sapiens GN=TTC28 PE=1 SV=4 - [TTC28_HUMAN]	9,66
B4DL23	cDNA FLJ53512, highly similar to Homo sapiens centrosomal protein 170 kDa (CEP170), transcript variant alpha, mRNA (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DL23_HUMAN]	9,64
Q8N126	Cell adhesion molecule 3 OS=Homo sapiens GN=CADM3 PE=1 SV=1 - [CADM3_HUMAN]	9,63
A0A0A0MRC1	Kin of IRRE-like protein 2 OS=Homo sapiens GN=KIRREL2 PE=4 SV=1 - [A0A0A0MRC1_HUMAN]	9,63
Q9Y4D8	Probable E3 ubiquitin-protein ligase HECTD4 OS=Homo sapiens GN=HECTD4 PE=1 SV=5 - [HECD4_HUMAN]	9,59
Q9BX88	Magphinin delta OS=Homo sapiens GN=TRO PE=2 SV=1 - [Q9BX88_HUMAN]	9,58
B7Z7Y5	cDNA FLJ59641, highly similar to Liprin-alpha-2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z7Y5_HUMAN]	9,56
Q9H1K6	Mesoderm development candidate 1 OS=Homo sapiens GN=MESDC1 PE=1 SV=1 - [MESD1_HUMAN]	9,56
Q86W11	Fibrocystin-L OS=Homo sapiens GN=PKHD1L1 PE=2 SV=2 - [PKHL1_HUMAN]	9,55
Q7Z2K8	G protein-regulated inducer of neurite outgrowth 1 OS=Homo sapiens GN=GPRIN1 PE=1 SV=2 - [GRIN1_HUMAN]	9,55
B4DMM0	cDNA FLJ61319, highly similar to Kinesin-like protein KIF1A OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DMM0_HUMAN]	9,50
H0Y8P3	LIM and calponin homology domains-containing protein 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=LIMCH1 PE=1 SV=1 - [H0Y8P3_HUMAN]	9,44
Q8IXW5	Putative RNA polymerase II subunit B1 CTD phosphatase RPAP2 OS=Homo sapiens GN=RPAP2 PE=1 SV=1 - [RPAP2_HUMAN]	9,43
B4E1M1	cDNA FLJ60391, highly similar to Lactoperoxidase (EC 1.11.1.7) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E1M1_HUMAN]	9,41
R4GMV4	Dipeptidyl peptidase 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DPP7 PE=1 SV=1 - [R4GMV4_HUMAN]	9,39
Q13613	Myotubularin-related protein 1 OS=Homo sapiens GN=MTMR1 PE=1 SV=4 - [MTMR1_HUMAN]	9,34
H0Y5T1	CLIP-associating protein 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=CLASP1 PE=1 SV=2 - [H0Y5T1_HUMAN]	9,34
Q15751	Probable E3 ubiquitin-protein ligase HERC1 OS=Homo sapiens GN=HERC1 PE=1 SV=2 - [HERC1_HUMAN]	9,29
H0YEF9	Liprin-alpha-1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PPFIA1 PE=1 SV=1 - [H0YEF9_HUMAN]	9,21
B4DYG2	cDNA FLJ53397, highly similar to Mitotic checkpoint serine/threonine-protein kinase BUB1 (EC 2.7.11.1) OS=Homo	9,21

	sapiens PE=2 SV=1 - [B4DYG2_HUMAN]	
B4E240	cDNA FLJ58827, highly similar to UBX domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E240_HUMAN]	9,18
A0A0A0MS79	Nck-associated protein 5 OS=Homo sapiens GN=NCKAP5 PE=1 SV=1 - [A0A0A0MS79_HUMAN]	9,18
D3DN94	Poly (ADP-ribose) polymerase family, member 14, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=PARP14 PE=4 SV=1 - [D3DN94_HUMAN]	9,17
Q6DN14	Multiple C2 and transmembrane domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=MCTP1 PE=2 SV=2 - [MCTP1_HUMAN]	9,17
Q5CZB5	Putative uncharacterized protein DKFZp686M0430 OS=Homo sapiens GN=DKFZp686M0430 PE=2 SV=1 - [Q5CZB5_HUMAN]	9,16
H7BY37	Histone-lysine N-methyltransferase 2C (Fragment) OS=Homo sapiens GN=KMT2C PE=1 SV=1 - [H7BY37_HUMAN]	9,14
Q9ULT8	E3 ubiquitin-protein ligase HECTD1 OS=Homo sapiens GN=HECTD1 PE=1 SV=3 - [HECTD1_HUMAN]	9,13
B4DMH1	cDNA FLJ55932, highly similar to Homo sapiens WW domain containing adaptor with coiled-coil (WAC), transcript variant 2, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DMH1_HUMAN]	9,13
O60382	KIAA0324 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=KIAA0324 PE=4 SV=1 - [O60382_HUMAN]	9,10
O60293	Zinc finger C3H1 domain-containing protein OS=Homo sapiens GN=ZFC3H1 PE=1 SV=3 - [ZC3H1_HUMAN]	9,09
Q9UL68	Myelin transcription factor 1-like protein OS=Homo sapiens GN=MYT1L PE=2 SV=3 - [MYT1L_HUMAN]	9,08
B4DL87	cDNA FLJ52243, highly similar to Heat-shock protein beta-1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DL87_HUMAN]	9,02
H3BT57	Protein PML OS=Homo sapiens GN=PML PE=1 SV=1 - [H3BT57_HUMAN]	9,00
Q59H02	Suppression of tumorigenicity variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59H02_HUMAN]	9,00
B3KVV3	cDNA FLJ41584 fis, clone CTONG2020445, highly similar to ATP-binding cassette sub-family A member 12 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KVV3_HUMAN]	8,97
A0A024R8E9	KIAA0649, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=KIAA0649 PE=4 SV=1 - [A0A024R8E9_HUMAN]	8,91
Q9BXF3	Cat eye syndrome critical region protein 2 OS=Homo sapiens GN=CECR2 PE=1 SV=2 - [CECR2_HUMAN]	8,90
B9EIK3	DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) box polypeptide 26B OS=Homo sapiens GN=DDX26B PE=2 SV=1 - [B9EIK3_HUMAN]	8,82
Q4KWH8	1-phosphatidylinositol 4,5-bisphosphate phosphodiesterase eta-1 OS=Homo sapiens GN=PLCH1 PE=1 SV=1 - [PLCH1_HUMAN]	8,80
A0A0G2JPI4	E3 ubiquitin-protein ligase TRIM69 OS=Homo sapiens GN=TRIM69 PE=1 SV=1 - [A0A0G2JPI4_HUMAN]	8,71
B7ZMNO	LINGO2 protein OS=Homo sapiens GN=LINGO2 PE=2 SV=1 - [B7ZMNO_HUMAN]	8,66
A0A1W2PR14	Voltage-dependent T-type calcium channel subunit alpha-1H OS=Homo sapiens GN=CACNA1H PE=4 SV=1 - [A0A1W2PR14_HUMAN]	8,65
H7C2M8	Negative elongation factor A (Fragment) OS=Homo sapiens GN=NELFA PE=1 SV=1 - [H7C2M8_HUMAN]	8,48
S4R3X4	PDZ domain-containing protein 7 OS=Homo sapiens GN=PDZD7 PE=4 SV=1 - [S4R3X4_HUMAN]	8,44
H7C5W9	Sarcoplasmic/endoplasmic reticulum calcium ATPase 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ATP2A2 PE=1 SV=1 - [H7C5W9_HUMAN]	8,42
Q9HCM1	Uncharacterized protein KIAA1551 OS=Homo sapiens GN=KIAA1551 PE=1 SV=3 - [K1551_HUMAN]	8,40
B5B2S2	Nuclear factor of activated T-cells c3 isoform IB-IX OS=Homo sapiens GN=NFATC3 PE=2 SV=1 - [B5B2S2_HUMAN]	8,39
A0A140GPP8	POU domain protein OS=Homo sapiens GN=POU6F2 PE=3 SV=1 - [A0A140GPP8_HUMAN]	8,39
P51805	Plexin-A3 OS=Homo sapiens GN=PLXNA3 PE=1 SV=2 - [PLXNA3_HUMAN]	8,37
Q96QE3	ATPase family AAA domain-containing protein 5 OS=Homo sapiens GN=ATAD5 PE=1 SV=4 - [ATAD5_HUMAN]	8,35
Q9UMS6	Synaptopodin-2 OS=Homo sapiens GN=SYNPO2 PE=1 SV=2 - [SYNP2_HUMAN]	8,31
A0A087WWW8	Calcineurin-binding protein cabin-1 OS=Homo sapiens GN=CABIN1 PE=1 SV=1 - [A0A087WWW8_HUMAN]	8,26
A2A2V2	RNA-binding protein 34 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=RBM34 PE=1 SV=1 - [A2A2V2_HUMAN]	8,07
Q03828	Homeobox even-skipped homolog protein 2 OS=Homo sapiens GN=EVX2 PE=2 SV=2 - [EVX2_HUMAN]	7,94
B4E223	cDNA FLJ52075, moderately similar to Mus musculus SPT2, Suppressor of Ty, domain containing 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E223_HUMAN]	7,93
E9PKY2	Terminal uridylyltransferase 4 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ZCCHC11 PE=1 SV=1 - [E9PKY2_HUMAN]	7,78
A0A087WV20	Alstrom syndrome protein 1 OS=Homo sapiens GN=ALMS1 PE=1 SV=1 - [A0A087WV20_HUMAN]	7,78
A6NNC1	Putative POM121-like protein 1-like OS=Homo sapiens PE=5 SV=3 - [P12LL_HUMAN]	7,68
Q81X90	Spindle and kinetochore-associated protein 3 OS=Homo sapiens GN=SKA3 PE=1 SV=2 - [SKA3_HUMAN]	7,62
A0A023HHK9	TET1 splice variant VP_DE456 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A0A023HHK9_HUMAN]	7,54
Q4LE81	Phosphodiesterase (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PDE7B variant protein PE=2 SV=1 - [Q4LE81_HUMAN]	7,53
Q8TAD4	Zinc transporter 5 OS=Homo sapiens GN=SLC30A5 PE=1 SV=1 - [ZNT5_HUMAN]	7,42
B4DUY8	cDNA FLJ1324, highly similar to CUB and zona pellucida-like domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DUY8_HUMAN]	7,42
A8K4Z6	cDNA FLJ76180 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K4Z6_HUMAN]	7,39
B3KXJ6	cDNA FLJ45553 fis, clone BRTHA2038345, highly similar to Ankyrin repeat domain-containing protein 38 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KXJ6_HUMAN]	7,30
B4DWI2	cDNA FLJ60925, highly similar to ATP-binding cassette transporter sub-family Cmember 11 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DWI2_HUMAN]	7,25
B4DY76	Protoporphyrinogen oxidase OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DY76_HUMAN]	7,20
Q9GZP8	Immortalization up-regulated protein OS=Homo sapiens GN=IMUP PE=1 SV=1 - [IMUP_HUMAN]	7,20
D3DVK8	Calcium/calmodulin-dependent protein kinase (CaM kinase) II beta, isoform CRA_d OS=Homo sapiens GN=CAMK2B PE=4 SV=1 - [D3DVK8_HUMAN]	7,20
Q53HC0	Coiled-coil domain-containing protein 92 OS=Homo sapiens GN=CCDC92 PE=1 SV=2 - [CCD92_HUMAN]	7,16
Q12882	Dihydropyrimidine dehydrogenase [NADP(+)] OS=Homo sapiens GN=DPYD PE=1 SV=2 - [DPYD_HUMAN]	7,10
B3KRV8	cDNA FLJ34970 fis, clone NTONG2005363, highly similar to Castor homolog 1 zinc finger protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KRV8_HUMAN]	7,08
M0R0K5	Adhesion G protein-coupled receptor E2 OS=Homo sapiens GN=ADGRE2 PE=1 SV=1 - [M0R0K5_HUMAN]	7,08
Q59FP8	Neogenin (Fragment) OS=Homo sapiens GN=NEO1 PE=1 SV=1 - [Q59FP8_HUMAN]	7,05
M0R1N9	NAD-dependent protein deacetylase sirtuin-6 OS=Homo sapiens GN=SIRT6 PE=1 SV=1 - [M0R1N9_HUMAN]	7,04
A6NKB5	Pecanex-like protein 2 OS=Homo sapiens GN=PCNX2 PE=2 SV=3 - [PCX2_HUMAN]	7,03
A6NEL2	Ankyrin repeat domain-containing protein SOWAHB OS=Homo sapiens GN=SOWAHB PE=1 SV=1 - [SOWAHB_HUMAN]	7,03
A0A087WVTO	Anthrax toxin receptor-like OS=Homo sapiens GN=ANTXRL PE=1 SV=1 - [A0A087WVTO_HUMAN]	7,00
B4DUZ3	cDNA FLJ51105, highly similar to Arfaptin-2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DUZ3_HUMAN]	7,00
Q86VQ1	Glucocorticoid-induced transcript 1 protein OS=Homo sapiens GN=GLCCI1 PE=1 SV=1 - [GLCI1_HUMAN]	6,98
Q86WI3	Protein NLRC5 OS=Homo sapiens GN=NLRC5 PE=1 SV=3 - [NLRC5_HUMAN]	6,98

Q0QET7	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (Fragment) OS=Homo sapiens GN=GAPDH PE=2 SV=1 - [Q0QET7_HUMAN]	6,97
Q63ZY3	KN motif and ankyrin repeat domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=KANK2 PE=1 SV=1 - [KANK2_HUMAN]	6,97
P0CJ78	Zinc finger protein 865 OS=Homo sapiens GN=ZNF865 PE=3 SV=1 - [ZNF865_HUMAN]	6,97
B4DSA7	cDNA FLJ60847, highly similar to Homo sapiens denticleless homolog (DTL), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DSA7_HUMAN]	6,97
C9JFF0	Kinesin-like protein KIF26A OS=Homo sapiens GN=KIF26A PE=1 SV=1 - [C9JFF0_HUMAN]	6,92
Q70CQ4	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 31 OS=Homo sapiens GN=USP31 PE=2 SV=2 - [UBP31_HUMAN]	6,91
G5E9X3	Fibronectin type III domain containing 3A, isoform CRA_f OS=Homo sapiens GN=FNDC3A PE=1 SV=1 - [G5E9X3_HUMAN]	6,91
A0A126GVG8	OR52M1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=OR52M1 PE=3 SV=1 - [A0A126GVG8_HUMAN]	6,91
B5MD58	Sterol regulatory element-binding protein 1 OS=Homo sapiens GN=SREBF1 PE=1 SV=1 - [B5MD58_HUMAN]	6,90
A0A096LNR9	Cyclin-dependent kinase-like 5 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=CDKL5 PE=1 SV=1 - [A0A096LNR9_HUMAN]	6,89
B3KQY3	cDNA FLJ33292 fis, clone BNGH42000130, weakly similar to Homo sapiens beta glucuronidase isoform OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KQY3_HUMAN]	6,88
H0YAA7	Endomucin (Fragment) OS=Homo sapiens GN=EMCN PE=4 SV=1 - [H0YAA7_HUMAN]	6,87
H7C1R2	Oxysterol-binding protein 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=OSBP2 PE=1 SV=8 - [H7C1R2_HUMAN]	6,86
X6RJS7	Lys-63-specific deubiquitinase BRCC36 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=BRCC3 PE=1 SV=1 - [X6RJS7_HUMAN]	6,86
Q59FR9	Fibroblast growth factor 11 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59FR9_HUMAN]	6,86
D5G3K3	SEC14L1 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SEC14L1 PE=2 SV=1 - [D5G3K3_HUMAN]	6,84
B7Z8R4	cDNA FLJ51444, highly similar to ETS-related transcription factor Elf-2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z8R4_HUMAN]	6,84
Q9Y2P0	Zinc finger protein 835 OS=Homo sapiens GN=ZNF835 PE=2 SV=2 - [ZNF835_HUMAN]	6,83
B3KVV6	cDNA FLJ41607 fis, clone CTONG3001370, highly similar to Homo sapiens alpha-2-macroglobulin-like 1 (A2ML1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KVV6_HUMAN]	6,83
A0PJH0	GPR110 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=GPR110 PE=2 SV=1 - [A0PJH0_HUMAN]	6,83
M0QZQ2	Mediator of RNA polymerase II transcription subunit 25 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MED25 PE=4 SV=1 - [M0QZQ2_HUMAN]	6,82
B4DX23	cDNA FLJ50052, highly similar to Homo sapiens laminin, beta 4 (LAMB4), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DX23_HUMAN]	6,82
D6RGZ6	Versican core protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=VCAN PE=1 SV=1 - [D6RGZ6_HUMAN]	6,82
Q9UKJ0	Paired immunoglobulin-like type 2 receptor beta OS=Homo sapiens GN=PILRB PE=1 SV=1 - [PILRB_HUMAN]	6,82
B3KXX3	Solute carrier family 12 member 6 OS=Homo sapiens GN=SLC12A6 PE=1 SV=1 - [B3KXX3_HUMAN]	6,81
Q9Y490	Talin-1 OS=Homo sapiens GN=TLN1 PE=1 SV=3 - [TLN1_HUMAN]	6,80
J3QSD2	Nuclear distribution protein nudE-like 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=NDEL1 PE=1 SV=8 - [J3QSD2_HUMAN]	6,79
Q6MZK7	Putative uncharacterized protein DKFZp686H10114 OS=Homo sapiens GN=DKFZp686H10114 PE=2 SV=1 - [Q6MZK7_HUMAN]	6,79
A8K557	cDNA FLJ78195, highly similar to Homo sapiens transcription factor AP-2 beta (activating enhancer binding protein 2 beta), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K557_HUMAN]	6,78
O75808	Calpain-15 OS=Homo sapiens GN=CAPN15 PE=1 SV=1 - [CAN15_HUMAN]	6,77
Q9BZG5	Androgen receptor (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q9BZG5_HUMAN]	6,77
B4E0G3	cDNA FLJ51428, highly similar to T-cell surface antigen CD2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E0G3_HUMAN]	6,75
A7MD53	Crm, cramped-like (Drosophila) OS=Homo sapiens GN=CRAMP1L PE=2 SV=1 - [A7MD53_HUMAN]	6,75
A0A087X0C1	Uncharacterized protein KIAA1755 OS=Homo sapiens GN=KIAA1755 PE=1 SV=1 - [A0A087X0C1_HUMAN]	6,75
A0A0G2JMZ9	Keratin-associated protein 5-5 OS=Homo sapiens GN=KRTAP5-5 PE=4 SV=1 - [A0A0G2JMZ9_HUMAN]	6,74
Q6P4R8	Nuclear factor related to kappa-B-binding protein OS=Homo sapiens GN=NFRKB PE=1 SV=2 - [NFRKB_HUMAN]	6,74
A0A024R9Y3	HECT, UBA and WWE domain containing 1, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=HUWE1 PE=4 SV=1 - [A0A024R9Y3_HUMAN]	6,74
J3KP02	Leucine-, glutamate- and lysine-rich protein 1 OS=Homo sapiens GN=LEKR1 PE=4 SV=1 - [J3KP02_HUMAN]	6,74
I0EZ60	Mucin 20 cell surface-associated protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MUC20 PE=4 SV=1 - [I0EZ60_HUMAN]	6,74
A0A0A0MRJ3	Neuron navigator 1 OS=Homo sapiens GN=NAV1 PE=1 SV=1 - [A0A0A0MRJ3_HUMAN]	6,73
F5H6D8	N6-adenosine-methyltransferase 70 kDa subunit OS=Homo sapiens GN=METTL3 PE=1 SV=1 - [F5H6D8_HUMAN]	6,72
Q9P212	1-phosphatidylinositol 4,5-bisphosphate phosphodiesterase epsilon-1 OS=Homo sapiens GN=PLCE1 PE=1 SV=3 - [PLCE1_HUMAN]	6,72
U3KPY4	Membralin OS=Homo sapiens GN=TMEM259 PE=1 SV=3 - [U3KPY4_HUMAN]	6,72
Q64LD2	WD repeat-containing protein 25 OS=Homo sapiens GN=WDR25 PE=1 SV=3 - [WDR25_HUMAN]	6,69
A0A0C4DG95	PX domain-containing protein kinase-like protein OS=Homo sapiens GN=PXK PE=1 SV=1 - [A0A0C4DG95_HUMAN]	6,67
B9EG70	Nuclear protein, ataxia-telangiectasia locus OS=Homo sapiens GN=NPAT PE=2 SV=1 - [B9EG70_HUMAN]	6,67
A8K8M7	cDNA FLJ76439, highly similar to Homo sapiens BTB (POZ) domain containing 10 (BTBD10), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K8M7_HUMAN]	6,67
B8ZZZ7	DNA polymerase-transactivated protein 6, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=SPATS2L PE=1 SV=1 - [B8ZZZ7_HUMAN]	6,66
P10244	Myb-related protein B OS=Homo sapiens GN=MYBL2 PE=1 SV=1 - [MYBB_HUMAN]	6,66
C9JDL1	Ketohexokinase (Fragment) OS=Homo sapiens GN=KHK PE=1 SV=1 - [C9JDL1_HUMAN]	6,64
P51814	Zinc finger protein 41 OS=Homo sapiens GN=ZNF41 PE=1 SV=2 - [ZNF41_HUMAN]	6,63
Q9H195	Mucin-3B (Fragments) OS=Homo sapiens GN=MUC3B PE=2 SV=2 - [MUC3B_HUMAN]	6,63
P14616	Insulin receptor-related protein OS=Homo sapiens GN=INSRR PE=1 SV=2 - [INSRR_HUMAN]	6,61
Q12809	Potassium voltage-gated channel subfamily H member 2 OS=Homo sapiens GN=KCNH2 PE=1 SV=1 - [KCNH2_HUMAN]	6,61
H7C027	SH3 and multiple ankyrin repeat domains protein 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SHANK2 PE=4 SV=1 - [H7C027_HUMAN]	6,60
B4DID4	cDNA FLJ50158, highly similar to Spermatogenesis-associated protein 2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DID4_HUMAN]	6,60
Q6S8J7	POTE ankyrin domain family member A OS=Homo sapiens GN=POTEA PE=2 SV=1 - [POTEA_HUMAN]	6,60
H7C3N3	Histone-lysine N-methyltransferase, H3 lysine-79-specific (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DOT1L PE=4 SV=1 - [H7C3N3_HUMAN]	6,60
A4IF53	PCDHGA3 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PCDHGA3 PE=2 SV=1 - [A4IF53_HUMAN]	6,59
B7Z7S7	cDNA FLJ60964, weakly similar to Homo sapiens dentin sialophosphoprotein (DSPP), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z7S7_HUMAN]	6,58

P01040	Cystatin-A OS=Homo sapiens GN=CSTA PE=1 SV=1 - [CYTA_HUMAN]	6,58
B728H4	Inactive rhomboid protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B728H4_HUMAN]	6,58
Q9C026	E3 ubiquitin-protein ligase TRIM9 OS=Homo sapiens GN=TRIM9 PE=1 SV=1 - [TRIM9_HUMAN]	6,58
G3V2A4	Telomerase protein component 1 OS=Homo sapiens GN=TEP1 PE=1 SV=1 - [G3V2A4_HUMAN]	6,57
B726K4	cDNA FLJ61406, highly similar to Zinc finger protein 406 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B726K4_HUMAN]	6,56
Q6ZT85	cDNA FLJ44876 fis, clone BRAMY2031516 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q6ZT85_HUMAN]	6,56
H3BPC9	Activating transcription factor 7-interacting protein 2 OS=Homo sapiens GN=ATF7IP2 PE=1 SV=1 - [H3BPC9_HUMAN]	6,55
Q9UHV7	Mediator of RNA polymerase II transcription subunit 13 OS=Homo sapiens GN=MED13 PE=1 SV=3 - [MED13_HUMAN]	6,54
A8K9U6	cDNA FLJ76121, highly similar to Homo sapiens zinc finger CCCH-type, antiviral 1 (ZC3HAV1), transcript variant 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K9U6_HUMAN]	6,53
X6REY2	Protein Simiate (Fragment) OS=Homo sapiens GN=FAM206A PE=1 SV=1 - [X6REY2_HUMAN]	6,53
P27987	Inositol-trisphosphate 3-kinase B OS=Homo sapiens GN=ITPKB PE=1 SV=5 - [IP3KB_HUMAN]	6,53
E9PII5	MAP kinase-interacting serine/threonine-protein kinase 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MKNK1 PE=1 SV=2 - [E9PII5_HUMAN]	6,49
B4DP97	cDNA FLJ52934, highly similar to Tyrosine-protein phosphatase non-receptortype substrate 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DP97_HUMAN]	6,48
Q5JRX3	Presequence protease, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=PITRM1 PE=1 SV=3 - [PREP_HUMAN]	6,48
H3BM45	Ankyrin repeat and fibronectin type-III domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=ANKFN1 PE=4 SV=2 - [H3BM45_HUMAN]	6,48
P08519	Apolipoprotein(a) OS=Homo sapiens GN=LPA PE=1 SV=1 - [APOA_HUMAN]	6,47
Q96DF8	Protein DGCR14 OS=Homo sapiens GN=DGCR14 PE=1 SV=1 - [DGC14_HUMAN]	6,47
Q86X17	ADARB2 protein OS=Homo sapiens GN=ADARB2 PE=2 SV=1 - [Q86X17_HUMAN]	6,47
Q5KU19	G-protein coupled receptor OS=Homo sapiens GN=KPG_009 PE=2 SV=1 - [Q5KU19_HUMAN]	6,46
B3KV39	cDNA FLJ16099 fis, clone TESTI2008278, highly similar to Homo sapiens forkhead box K1 (FO XK1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KV39_HUMAN]	6,46
A0A1W2PR79	E3 ubiquitin-protein ligase Itchy homolog (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ITCH PE=4 SV=1 - [A0A1W2PR79_HUMAN]	6,46
Q9Y473	Zinc finger protein 175 OS=Homo sapiens GN=ZNF175 PE=1 SV=1 - [ZN175_HUMAN]	6,45
Q9NX53	Exonuclease mut-7 homolog, isoform 5 OS=Homo sapiens GN=EXD3 PE=1 SV=2 - [MUT7B_HUMAN]	6,45
Q92576	PHD finger protein 3 OS=Homo sapiens GN=PHF3 PE=1 SV=3 - [PHF3_HUMAN]	6,45
Q59FH1	Transformation/transcription domain-associated protein variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59FH1_HUMAN]	6,45
Q9H2L7	DC33 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q9H2L7_HUMAN]	6,45
B7Z383	cDNA FLJ56783 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z383_HUMAN]	6,44
Q6V1P8	Protocadherin protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PCDHJ PE=2 SV=1 - [Q6V1P8_HUMAN]	6,43
A0A0A0MT46	POU domain protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=POU2F1 PE=1 SV=1 - [A0A0A0MT46_HUMAN]	6,43
Q86Z22	Epididymis secretory protein Li 297 OS=Homo sapiens GN=HEL-S-297 PE=2 SV=1 - [Q86Z22_HUMAN]	6,43
Q9NYV4	Cyclin-dependent kinase 12 OS=Homo sapiens GN=CDK12 PE=1 SV=2 - [CDK12_HUMAN]	6,42
A8K6P5	cDNA FLJ76887, highly similar to Homo sapiens myotubularin 1 (MTM1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K6P5_HUMAN]	6,41
A0A126LB29	U84 OS=Homo sapiens GN=U84 PE=4 SV=1 - [A0A126LB29_HUMAN]	6,41
G3V3V3	Probable RNA-binding protein 23 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=RBM23 PE=1 SV=1 - [G3V3V3_HUMAN]	6,40
Q9Y4B5	Microtubule cross-linking factor 1 OS=Homo sapiens GN=MTCL1 PE=1 SV=5 - [MTCL1_HUMAN]	6,40
Q7Z497	SF3B1 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SF3B1 PE=2 SV=1 - [Q7Z497_HUMAN]	6,39
A8K2P6	cDNA FLJ76083, highly similar to Homo sapiens zinc finger protein 503 (ZNF503), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K2P6_HUMAN]	6,39
A0PJ49	FGFRL1 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=FGFRL1 PE=2 SV=1 - [A0PJ49_HUMAN]	6,39
A0A087WU78	Nance-Horan syndrome protein OS=Homo sapiens GN=NHS PE=1 SV=1 - [A0A087WU78_HUMAN]	6,38
Q9H1B7	Interferon regulatory factor 2-binding protein-like OS=Homo sapiens GN=IRF2BPL PE=1 SV=1 - [I2BPL_HUMAN]	6,38
Q86UH7	Envelope glycoprotein OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [Q86UH7_HUMAN]	6,38
A0A1B0GV45	Unconventional myosin-XVIIIa (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MYO18A PE=1 SV=1 - [A0A1B0GV45_HUMAN]	6,37
I15583	Homeobox protein TGIF1 OS=Homo sapiens GN=TGIF1 PE=1 SV=3 - [TGIF1_HUMAN]	6,37
O75132	Zinc finger BED domain-containing protein 4 OS=Homo sapiens GN=ZBED4 PE=1 SV=2 - [ZBED4_HUMAN]	6,36
P23471	Receptor-type tyrosine-protein phosphatase zeta OS=Homo sapiens GN=PTPRZ1 PE=1 SV=4 - [PTPRZ_HUMAN]	6,36
B7ZKM7	UACA protein OS=Homo sapiens GN=UACA PE=2 SV=1 - [B7ZKM7_HUMAN]	6,36
E9PB58	Transmembrane protein 108 OS=Homo sapiens GN=TMEM108 PE=1 SV=1 - [E9PB58_HUMAN]	6,35
H7BXZ5	Kalirin (Fragment) OS=Homo sapiens GN=KALRN PE=1 SV=1 - [H7BXZ5_HUMAN]	6,35
Q8IY67	Ribonucleoprotein PTB-binding 1 OS=Homo sapiens GN=RAVR1 PE=1 SV=1 - [RAVR1_HUMAN]	6,34
G3V2U4	Protein unc-79 homolog OS=Homo sapiens GN=UNC79 PE=4 SV=1 - [G3V2U4_HUMAN]	6,34
K7EPK6	CBP80/20-dependent translation initiation factor (Fragment) OS=Homo sapiens GN=CTIF PE=1 SV=1 - [K7EPK6_HUMAN]	6,34
Q6P3S6	F-box only protein 42 OS=Homo sapiens GN=FBXO42 PE=1 SV=1 - [FBX42_HUMAN]	6,34
Q6UW61	POM121-like OS=Homo sapiens GN=UNQ2565 PE=2 SV=1 - [Q6UW61_HUMAN]	6,33
Q4TT76	OTTHUMP00000041238 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=LA04NC01-25A3.2-001 PE=4 SV=1 - [Q4TT76_HUMAN]	6,33
Q92630	Dual specificity tyrosine-phosphorylation-regulated kinase 2 OS=Homo sapiens GN=DYRK2 PE=1 SV=3 - [DYRK2_HUMAN]	6,33
O60927	Protein phosphatase 1 regulatory subunit 11 OS=Homo sapiens GN=PPP1R11 PE=1 SV=1 - [PP1RB_HUMAN]	6,33
A4D1G5	40S ribosomal protein S27 OS=Homo sapiens GN=LOC392748 PE=3 SV=1 - [A4D1G5_HUMAN]	6,32
B1APF7	cAMP-dependent protein kinase catalytic subunit beta (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PRKACB PE=1 SV=1 - [B1APF7_HUMAN]	6,31
B4DG55	cDNA FLJ53905, highly similar to Phosphatidylinositol-4-phosphate 3-kinase C2domain-containing alpha polypeptide (EC 2.7.1.154) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DG55_HUMAN]	6,30
A0A087WXN9	MTSS1-like protein OS=Homo sapiens GN=MTSS1L PE=1 SV=1 - [A0A087WXN9_HUMAN]	6,30
B4DQZ7	cDNA FLJ50838, highly similar to Apoptotic chromatin condensation inducer in thenucleus (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DQZ7_HUMAN]	6,30
A0A024RB13	NifU-like N-terminal domain containing, isoform CRA_c OS=Homo sapiens GN=NIFUN PE=3 SV=1 - [A0A024RB13_HUMAN]	6,30

Q8N8K9	Uncharacterized protein KIAA1958 OS=Homo sapiens GN=KIAA1958 PE=1 SV=1 - [K1958_HUMAN]	6,29
H0Y9T5	m7GpppN-mRNA hydrolase (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DCP2 PE=1 SV=2 - [H0Y9T5_HUMAN]	6,29
Q07065	Cytoskeleton-associated protein 4 OS=Homo sapiens GN=CKAP4 PE=1 SV=2 - [CKAP4_HUMAN]	6,28
Q723G6	Prickle-like protein 2 OS=Homo sapiens GN=PRICKLE2 PE=1 SV=2 - [PRICK2_HUMAN]	6,28
H0Y7N0	Protein DENND6B (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DENND6B PE=4 SV=2 - [H0Y7N0_HUMAN]	6,28
Q14879	Mucin (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MUC5B PE=2 SV=1 - [Q14879_HUMAN]	6,27
B4DSS1	cDNA FLJ54337, highly similar to DEP domain-containing protein 5 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DSS1_HUMAN]	6,26
F8WDW2	Zona pellucida-binding protein 1 OS=Homo sapiens GN=ZPBP PE=4 SV=1 - [F8WDW2_HUMAN]	6,26
B4DDR0	cDNA FLJ55674, highly similar to DNA-directed RNA polymerases III 80 kDa polypeptide (EC 2.7.7.6) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DDR0_HUMAN]	6,25
H3BP32	Fatty acid 2-hydroxylase OS=Homo sapiens GN=FA2H PE=1 SV=1 - [H3BP32_HUMAN]	6,23
B7Z5N6	cDNA FLJ56549, highly similar to Homo sapiens DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 59 (DDX59), transcript variant 2, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z5N6_HUMAN]	6,19
A0A087WVY1	Protein AF-17 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MLLT6 PE=1 SV=1 - [A0A087WVY1_HUMAN]	6,15
Q6ZRT9	cDNA FLJ46112 fis, clone TESTI2035962 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q6ZRT9_HUMAN]	6,13
L8E990	Alternative protein LPAR2 OS=Homo sapiens GN=LPAR2 PE=4 SV=1 - [L8E990_HUMAN]	6,12
B2RU27	Testis expressed 15 OS=Homo sapiens GN=TEX15 PE=2 SV=1 - [B2RU27_HUMAN]	6,12
G3V4H9	39S ribosomal protein L52, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=MRPL52 PE=4 SV=1 - [G3V4H9_HUMAN]	6,09
C9J2Q2	ATP synthase mitochondrial F1 complex assembly factor 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ATPAF2 PE=1 SV=1 - [C9J2Q2_HUMAN]	6,08
Q5TI72	E-selectin OS=Homo sapiens GN=SELE PE=1 SV=1 - [Q5TI72_HUMAN]	6,06
X5D7J4	Non-specific serine/threonine protein kinase (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MARK1 PE=2 SV=1 - [X5D7J4_HUMAN]	6,05
Q63HJ5	Putative uncharacterized protein DKFP686L2367 OS=Homo sapiens GN=DKFP686L2367 PE=2 SV=1 - [Q63HJ5_HUMAN]	6,05
H6UKR8	TOX2 variant 5 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [H6UKR8_HUMAN]	6,03
A2IXV5	MIR-10 OS=Homo sapiens GN=MIR cl-10 PE=2 SV=1 - [A2IXV5_HUMAN]	6,01
B2RCB8	cDNA, FLJ95971, highly similar to Homo sapiens protocadherin 12 (PCDH12), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2RCB8_HUMAN]	5,96
Q0P670	Uncharacterized protein C17orf74 OS=Homo sapiens GN=C17orf74 PE=2 SV=2 - [CQ074_HUMAN]	5,96
K7EMR8	GTP-binding protein Rit2 OS=Homo sapiens GN=RIT2 PE=1 SV=1 - [K7EMR8_HUMAN]	5,95
Q68CZ6	HAUS augmin-like complex subunit 3 OS=Homo sapiens GN=HAUS3 PE=1 SV=1 - [HAUS3_HUMAN]	5,94
M0R2B3	Uncharacterized protein C19orf44 OS=Homo sapiens GN=C19orf44 PE=1 SV=1 - [M0R2B3_HUMAN]	5,92
Q9NV72	Zinc finger protein 701 OS=Homo sapiens GN=ZNF701 PE=2 SV=3 - [ZN701_HUMAN]	5,90
P78367	Homeobox protein Nkx-3.2 OS=Homo sapiens GN=NKX3-2 PE=2 SV=2 - [NKX32_HUMAN]	5,90
Q05CP0	ANKS1A protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ANKS1A PE=2 SV=1 - [Q05CP0_HUMAN]	5,90
Q5U5R9	Probable E3 ubiquitin-protein ligase HECTD2 OS=Homo sapiens GN=HECTD2 PE=2 SV=2 - [HECTD2_HUMAN]	5,89
H3BP33	Arginine/serine-rich protein 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=RSRP1 PE=1 SV=1 - [H3BP33_HUMAN]	5,88
Q9NT68	Teneurin-2 OS=Homo sapiens GN=TENM2 PE=1 SV=3 - [TEN2_HUMAN]	5,88
Q92729	Receptor-type tyrosine phosphatase U OS=Homo sapiens GN=PTPRU PE=1 SV=2 - [PTPRU_HUMAN]	5,86
B8ZZB0	Coiled-coil domain-containing protein 74B OS=Homo sapiens GN=CCDC74B PE=4 SV=1 - [B8ZZB0_HUMAN]	5,86
A0A024R9E2	Poly(A) binding protein, cytoplasmic 1, isoform CRA_c OS=Homo sapiens GN=PABPC1 PE=4 SV=1 - [A0A024R9E2_HUMAN]	5,85
E9PRS6	Suppression of tumorigenicity 5 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ST5 PE=1 SV=1 - [E9PRS6_HUMAN]	5,85
D3DS96	Bromodomain adjacent to zinc finger domain, 1A, isoform CRA_c OS=Homo sapiens GN=BAZ1A PE=4 SV=1 - [D3DS96_HUMAN]	5,84
A0A024R2Y4	Bassoon (Presynaptic cytomatrix protein), isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=BSN PE=4 SV=1 - [A0A024R2Y4_HUMAN]	5,83
H7C5N4	Spindle and centriole-associated protein 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SPICE1 PE=1 SV=1 - [H7C5N4_HUMAN]	5,81
A0A1W2PQJ4	Contactin-2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=CNTN2 PE=4 SV=1 - [A0A1W2PQJ4_HUMAN]	5,79
A8K126	cDNA FLJ76647, highly similar to Homo sapiens zinc finger protein 198 (ZNF198), mRNA (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K126_HUMAN]	5,77
A0A087WW76	Rho GTPase-activating protein 21 OS=Homo sapiens GN=ARHGAP21 PE=1 SV=1 - [A0A087WW76_HUMAN]	5,77
A0A0U1RRJ0	Neurexin-3-beta OS=Homo sapiens GN=NRXN3 PE=1 SV=1 - [A0A0U1RRJ0_HUMAN]	5,75
Q02779	Mitogen-activated protein kinase kinase 10 OS=Homo sapiens GN=MAP3K10 PE=1 SV=3 - [M3K10_HUMAN]	5,75
Q6AWA9	Putative uncharacterized protein DKFP686A03134 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DKFP686A03134 PE=2 SV=1 - [Q6AWA9_HUMAN]	5,75
H0YIT6	GAS2-like protein 3 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=GAS2L3 PE=1 SV=1 - [H0YIT6_HUMAN]	5,74
Q9C0A1	Zinc finger homeobox protein 2 OS=Homo sapiens GN=ZFX2 PE=2 SV=3 - [ZFX2_HUMAN]	5,74
Q9NR09	Baculoviral IAP repeat-containing protein 6 OS=Homo sapiens GN=BIRC6 PE=1 SV=2 - [BIRC6_HUMAN]	5,72
Q59EF4	CDC14 homolog A isoform 1 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59EF4_HUMAN]	5,71
B5MDV5	KIAA1244 OS=Homo sapiens GN=KIAA1244 PE=2 SV=1 - [B5MDV5_HUMAN]	5,69
Q9BVH8	VWA5B2 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=VWA5B2 PE=2 SV=1 - [Q9BVH8_HUMAN]	5,68
Q495F8	Ubiquitin specific peptidase 26 OS=Homo sapiens GN=USP26 PE=2 SV=1 - [Q495F8_HUMAN]	5,67
Q8IWU2	Serine/threonine-protein kinase LMTK2 OS=Homo sapiens GN=LMTK2 PE=1 SV=2 - [LMTK2_HUMAN]	5,66
A8K8N5	cDNA FLJ76940, highly similar to Homo sapiens ubiquitin specific peptidase 8 (USP8), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K8N5_HUMAN]	5,65
Q9UF51	Putative uncharacterized protein DKFP434P0917 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DKFP434P0917 PE=2 SV=1 - [Q9UF51_HUMAN]	5,64
Q8N7G9	cDNA FLJ25604 fis, clone JTH14207 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8N7G9_HUMAN]	5,28
A8K4U6	cDNA FLJ77255, highly similar to Homo sapiens period homolog 1 (Drosophila) (PER1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K4U6_HUMAN]	5,24
Q9ULB1	Neurexin-1 OS=Homo sapiens GN=NRXN1 PE=2 SV=1 - [NRX1A_HUMAN]	5,21
Q59F32	Myosin VIIA variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59F32_HUMAN]	5,16
A0A096WW63	NADH-ubiquinone oxidoreductase chain 4 OS=Homo sapiens GN=ND4 PE=3 SV=1 - [A0A096WW63_HUMAN]	5,15
Q9YF3	Protocadherin beta-1 OS=Homo sapiens GN=PCDHB1 PE=2 SV=2 - [PCDHB1_HUMAN]	5,10
B3KM97	cDNA FLJ10554 fis, clone NT2RP2002385, highly similar to Synaptic glycoprotein SC2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KM97_HUMAN]	5,09

A0A087WYG4	Maestro heat-like repeat family member 5 OS=Homo sapiens GN=MROH5 PE=4 SV=1 - [A0A087WYG4_HUMAN]	4,70
Q5TBI2	Uncharacterized protein C1orf131 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=C1orf131 PE=1 SV=1 - [Q5TBI2_HUMAN]	4,55

Dados das proteínas salivares identificadas. por LC-ESI-MS / MS para o grupo G6:

Accession	Description	Score
B7ZMD7	Alpha-amylase OS=Homo sapiens GN=AMY1A PE=2 SV=1 - [B7ZMD7_HUMAN]	858,96
A0A0G2JSB4	Mucin-4 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MUC4 PE=1 SV=1 - [A0A0G2JSB4_HUMAN]	618,13
P02814	Submaxillary gland androgen-regulated protein 3B OS=Homo sapiens GN=SMR3B PE=1 SV=2 - [SMR3B_HUMAN]	363,13
A0A0S4XRJ3	MHC Class I Antigen OS=Homo sapiens GN=HLA-A PE=3 SV=1 - [A0A0S4XRJ3_HUMAN]	178,04
P01833	Polymeric immunoglobulin receptor OS=Homo sapiens GN=PIGR PE=1 SV=4 - [PIGR_HUMAN]	151,76
P01036	Cystatin-5 OS=Homo sapiens GN=CST4 PE=1 SV=3 - [CYTS_HUMAN]	150,63
B7ZA42	cDNA, FLJ79056 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7ZA42_HUMAN]	141,44
Q6PJF2	IGK@ protein OS=Homo sapiens GN=IGK@ PE=1 SV=1 - [Q6PJF2_HUMAN]	140,93
Q8WXI7	Mucin-16 OS=Homo sapiens GN=MUC16 PE=1 SV=3 - [MUC16_HUMAN]	140,25
A0A0C4DGN4	Zymogen granule protein 16 homolog B OS=Homo sapiens GN=ZG16B PE=1 SV=1 - [A0A0C4DGN4_HUMAN]	134,49
F6KPG5	Albumin (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [F6KPG5_HUMAN]	117,27
Q8WZ42	Titin OS=Homo sapiens GN=TTN PE=1 SV=4 - [TITIN_HUMAN]	114,13
P01037	Cystatin-SN OS=Homo sapiens GN=CST1 PE=1 SV=3 - [CYTN_HUMAN]	95,48
A2NUT2	Lambda-chain (AA -20 to 215) OS=Homo sapiens PE=1 SV=1 - [A2NUT2_HUMAN]	78,85
P23280	Carbonic anhydrase 6 OS=Homo sapiens GN=CA6 PE=1 SV=3 - [CAH6_HUMAN]	78,58
P12273	Prolactin-inducible protein OS=Homo sapiens GN=PIP PE=1 SV=1 - [PIP_HUMAN]	77,59
D2DTW2	Pyrrin/marenostrin variant 2delta9ext OS=Homo sapiens GN=MEFV PE=2 SV=1 - [D2DTW2_HUMAN]	75,03
Q9H7U1	Serine-rich coiled-coil domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=CCSER2 PE=1 SV=2 - [CCSE2_HUMAN]	70,73
B4DW52	cDNA FLJ52523, highly similar to Actin, cytoplasmic 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DW52_HUMAN]	66,85
A6NES4	Maestro heat-like repeat-containing protein family member 2A OS=Homo sapiens GN=MROH2A PE=4 SV=4 - [MRO2A_HUMAN]	63,89
Q7Z5P9	Mucin-19 OS=Homo sapiens GN=MUC19 PE=1 SV=3 - [MUC19_HUMAN]	63,50
Q8GUR5	Regulating synaptic membrane exocytosis protein 1 OS=Homo sapiens GN=RIMS1 PE=1 SV=1 - [RIMS1_HUMAN]	55,74
Q96K68	cDNA FLJ14473 fis, clone MAMMA1001080, highly similar to Homo sapiens SNC73 protein (SNC73) mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q96K68_HUMAN]	54,98
Q9HC84	Mucin-5B OS=Homo sapiens GN=MUC5B PE=1 SV=3 - [MUC5B_HUMAN]	53,97
P15515	Histatin-1 OS=Homo sapiens GN=HTN1 PE=1 SV=2 - [HIS1_HUMAN]	53,69
Q9C0F0	Putative Polycomb group protein ASXL3 OS=Homo sapiens GN=ASXL3 PE=2 SV=3 - [ASXL3_HUMAN]	53,02
Q13707	ACTA2 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ACTA2 PE=3 SV=1 - [Q13707_HUMAN]	51,05
P06733	Alpha-enolase OS=Homo sapiens GN=ENO1 PE=1 SV=2 - [ENOA_HUMAN]	48,17
P09211	Glutathione S-transferase P OS=Homo sapiens GN=GSTP1 PE=1 SV=2 - [GSTP1_HUMAN]	47,53
F8W9Z1	Voltage-dependent R-type calcium channel subunit alpha OS=Homo sapiens GN=CACNA1E PE=1 SV=1 - [F8W9Z1_HUMAN]	45,30
F4MHI3	Ubiquitously transcribed tetratricopeptide repeat protein Y-linked transcript variant 200 OS=Homo sapiens GN=UTY PE=2 SV=2 - [F4MHI3_HUMAN]	45,19
Q59F49	Minichromosome maintenance deficient protein 5 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59F49_HUMAN]	45,09
F8W9J4	Dystonin OS=Homo sapiens GN=DST PE=1 SV=1 - [F8W9J4_HUMAN]	41,74
E9PAV3	Nascent polypeptide-associated complex subunit alpha, muscle-specific form OS=Homo sapiens GN=NACA PE=1 SV=1 - [NACAM_HUMAN]	40,59
P30556	Type-1 angiotensin II receptor OS=Homo sapiens GN=AGTR1 PE=1 SV=1 - [AGTR1_HUMAN]	38,79
Q96HP0	Dedicator of cytokinesis protein 6 OS=Homo sapiens GN=DOCK6 PE=1 SV=3 - [DOCK6_HUMAN]	38,22
F8W6W8	Regulating synaptic membrane exocytosis protein 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=RIMS2 PE=1 SV=1 - [F8W6W8_HUMAN]	37,95
Q562R1	Beta-actin-like protein 2 OS=Homo sapiens GN=ACTBL2 PE=1 SV=2 - [ACTBL_HUMAN]	37,45
Q03164	Histone-lysine N-methyltransferase 2A OS=Homo sapiens GN=KMT2A PE=1 SV=5 - [KMT2A_HUMAN]	37,30
A0A087WUZ6	InaD-like protein OS=Homo sapiens GN=PATJ PE=1 SV=1 - [A0A087WUZ6_HUMAN]	37,14
F4MHA0	Ubiquitously transcribed tetratricopeptide repeat protein Y-linked transcript variant 243 OS=Homo sapiens GN=UTY PE=2 SV=1 - [F4MHA0_HUMAN]	36,00
Q8NAH9	cDNA FLJ35331 fis, clone PROST2014659 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8NAH9_HUMAN]	35,07
P04080	Cystatin-B OS=Homo sapiens GN=CSTB PE=1 SV=2 - [CYTB_HUMAN]	35,01
A0A0U1RR20	Proteoglycan 4 OS=Homo sapiens GN=PRG4 PE=1 SV=1 - [A0A0U1RR20_HUMAN]	34,15
P98088	Mucin-5AC OS=Homo sapiens GN=MUC5AC PE=1 SV=4 - [MUC5A_HUMAN]	32,97
B4DSK7	Mediator of RNA polymerase II transcription subunit 1 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DSK7_HUMAN]	32,92
Q9Y6V0	Protein piccolo OS=Homo sapiens GN=PCLO PE=1 SV=4 - [PCLO_HUMAN]	32,10
P98164	Low-density lipoprotein receptor-related protein 2 OS=Homo sapiens GN=LRP2 PE=1 SV=3 - [LRP2_HUMAN]	31,90
A8K6L7	cDNA FLJ78668, highly similar to Homo sapiens deleted in liver cancer 1 (DLC1), transcript variant 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K6L7_HUMAN]	31,28
P09228	Cystatin-SA OS=Homo sapiens GN=CST2 PE=1 SV=1 - [CYTT_HUMAN]	30,88
F5GZK2	Collagen alpha-1(XI) chain OS=Homo sapiens GN=COL21A1 PE=1 SV=2 - [F5GZK2_HUMAN]	30,58
P49790	Nuclear pore complex protein Nup153 OS=Homo sapiens GN=NUP153 PE=1 SV=2 - [NU153_HUMAN]	30,29
Q6N021	Methylcytosine dioxygenase TET2 OS=Homo sapiens GN=TET2 PE=1 SV=3 - [TET2_HUMAN]	30,21
B4DZG6	cDNA FLJ53254, highly similar to Nucleoporin NDC1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DZG6_HUMAN]	29,58
A0A0B4J1Z0	COBL-like 1, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=COBLL1 PE=1 SV=1 - [A0A0B4J1Z0_HUMAN]	29,30
A0A1B0GUS7	Protein unc-13 homolog B OS=Homo sapiens GN=UNC13B PE=1 SV=1 - [A0A1B0GUS7_HUMAN]	28,64
I0B0K8	Truncated profilaggrin OS=Homo sapiens GN=FLG PE=4 SV=1 - [I0B0K8_HUMAN]	28,62
A0A1L1Z843	Transient receptor melastatin 8 variant 10 OS=Homo sapiens GN=TRPM8 PE=2 SV=1 - [A0A1L1Z843_HUMAN]	27,46
E1A689	Mutant Apo B 100 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [E1A689_HUMAN]	27,16
A1A4E9	Keratin 13 OS=Homo sapiens GN=KRT13 PE=2 SV=1 - [A1A4E9_HUMAN]	26,92

B4DUF2	cDNA FLJ50227, moderately similar to Complement decay-accelerating factor OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DUF2_HUMAN]	26,88
B3KW15	cDNA FLJ43124 fis, clone CTONG3004072, highly similar to Protein EMSY OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KW15_HUMAN]	26,83
B7Z3E7	cDNA FLJ56510, highly similar to Tumor suppressor p53-binding protein 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z3E7_HUMAN]	26,78
B4DHC2	cDNA FLJ56434, highly similar to p130Cas-associated protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DHC2_HUMAN]	26,61
B4DK23	cDNA FLJ61300 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DK23_HUMAN]	26,38
Q8NBZ3	cDNA FLJ90646 fis, clone PLACE1004279 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8NBZ3_HUMAN]	26,02
G3V1T1	DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily C, member 4, isoform CRA_h OS=Homo sapiens GN=DNAJC4 PE=4 SV=1 - [G3V1T1_HUMAN]	26,01
F8W703	Roundabout homolog 2 OS=Homo sapiens GN=ROBO2 PE=1 SV=1 - [F8W703_HUMAN]	25,98
E9PCT1	Serine/arginine repetitive matrix protein 1 OS=Homo sapiens GN=SRRM1 PE=1 SV=3 - [E9PCT1_HUMAN]	25,86
E7ENN3	Nesprin-1 OS=Homo sapiens GN=SYNE1 PE=1 SV=2 - [E7ENN3_HUMAN]	25,00
B4DW50	Mannose-6-phosphate isomerase OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DW50_HUMAN]	24,13
Q9UQ35	Serine/arginine repetitive matrix protein 2 OS=Homo sapiens GN=SRRM2 PE=1 SV=2 - [SRRM2_HUMAN]	24,12
F8VWT9	Probable E3 ubiquitin-protein ligase HECTD4 OS=Homo sapiens GN=HECTD4 PE=1 SV=2 - [F8VWT9_HUMAN]	23,68
B1AN48	Small proline-rich protein 3 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SPRR3 PE=1 SV=8 - [B1AN48_HUMAN]	23,59
Q5THJ4	Vacuolar protein sorting-associated protein 13D OS=Homo sapiens GN=VPS13D PE=1 SV=2 - [VP13D_HUMAN]	23,59
H7C120	Rho GTPase-activating protein 4 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ARHGAP4 PE=1 SV=1 - [H7C120_HUMAN]	23,41
Q6MZQ6	Putative uncharacterized protein DKFZp686G11190 OS=Homo sapiens GN=DKFZp686G11190 PE=2 SV=1 - [Q6MZQ6_HUMAN]	23,21
Q9H7N4	Splicing factor, arginine/serine-rich 19 OS=Homo sapiens GN=SCAF1 PE=1 SV=3 - [SFR19_HUMAN]	23,18
AOA1U9XBC3	MDC1 OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [AOA1U9XBC3_HUMAN]	23,15
Q5M9Q1	NKAP-like protein OS=Homo sapiens GN=NKAPL PE=2 SV=3 - [NKAPL_HUMAN]	22,97
Q9H792	Pseudopodium-enriched atypical kinase 1 OS=Homo sapiens GN=PEAK1 PE=1 SV=4 - [PEAK1_HUMAN]	22,93
AOA087X0K8	Probable G-protein-coupled receptor 179 OS=Homo sapiens GN=GPR179 PE=4 SV=1 - [AOA087X0K8_HUMAN]	22,79
Q96Q06	Perilipin-4 OS=Homo sapiens GN=PLIN4 PE=1 SV=2 - [PLIN4_HUMAN]	22,44
Q9C0I3	Serine-rich coiled-coil domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=CCSER1 PE=2 SV=2 - [CCSE1_HUMAN]	22,06
O15265	Ataxin-7 OS=Homo sapiens GN=ATXN7 PE=1 SV=1 - [ATX7_HUMAN]	21,77
AOA140VJG7	Component of oligomeric golgi complex 6, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=COG6 PE=2 SV=1 - [AOA140VJG7_HUMAN]	21,39
Q8WXXG9	G-protein coupled receptor 98 OS=Homo sapiens GN=GPR98 PE=1 SV=2 - [GPR98_HUMAN]	21,24
B2MV14	Truncated lactoferrin OS=Homo sapiens GN=LTF PE=3 SV=1 - [B2MV14_HUMAN]	21,12
Q14669	E3 ubiquitin-protein ligase TRIP12 OS=Homo sapiens GN=TRIP12 PE=1 SV=1 - [TRIPC_HUMAN]	21,09
Q8WXH0	Nesprin-2 OS=Homo sapiens GN=SYNE2 PE=1 SV=3 - [SYNE2_HUMAN]	20,96
AOA0A0MST8	Anion exchange protein OS=Homo sapiens GN=SLC4A7 PE=1 SV=1 - [AOA0A0MST8_HUMAN]	20,58
Q96JG9	Zinc finger protein 469 OS=Homo sapiens GN=ZNF469 PE=2 SV=3 - [ZN469_HUMAN]	20,56
Q9NR99	Matrix-remodeling-associated protein 5 OS=Homo sapiens GN=MXRA5 PE=2 SV=3 - [MXRA5_HUMAN]	20,40
Q59H85	Proprotein convertase subtilisin/kexin type 1 preproprotein variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59H85_HUMAN]	20,36
Q8IVL0	Neuron navigator 3 OS=Homo sapiens GN=NAV3 PE=1 SV=3 - [NAV3_HUMAN]	20,30
H0YQC7	Glutamine and serine-rich protein 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=QSER1 PE=1 SV=1 - [H0YQC7_HUMAN]	19,89
Q5T2K3	Tripartite motif-containing protein 45 OS=Homo sapiens GN=TRIM45 PE=1 SV=1 - [Q5T2K3_HUMAN]	19,84
E7EPM4	Mucin-17 OS=Homo sapiens GN=MUC17 PE=1 SV=1 - [E7EPM4_HUMAN]	19,80
Q68DE3	Basic helix-loop-helix domain-containing protein USF3 OS=Homo sapiens GN=USF3 PE=1 SV=3 - [USF3_HUMAN]	19,48
Q9NQ36	Signal peptide, CUB and EGF-like domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=SCUBE2 PE=2 SV=2 - [SCUB2_HUMAN]	19,47
Q9NQUS5	Serine/threonine-protein kinase PAK 6 OS=Homo sapiens GN=PAK6 PE=1 SV=1 - [PAK6_HUMAN]	19,42
Q6UB99	Ankyrin repeat domain-containing protein 11 OS=Homo sapiens GN=ANKRD11 PE=1 SV=3 - [ANR11_HUMAN]	19,40
B4E1W4	cDNA FLJ55383 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E1W4_HUMAN]	19,15
Q9H7S9	Zinc finger protein 703 OS=Homo sapiens GN=ZNF703 PE=1 SV=1 - [ZN703_HUMAN]	18,88
F5GYN0	Protein FAM186A OS=Homo sapiens GN=FAM186A PE=1 SV=1 - [F5GYN0_HUMAN]	18,68
O59996	Adenomatous polyposis coli protein 2 OS=Homo sapiens GN=APC2 PE=1 SV=1 - [APCL_HUMAN]	18,62
Q02505	Mucin-3A OS=Homo sapiens GN=MUC3A PE=1 SV=3 - [MUC3A_HUMAN]	18,58
Q0QET7	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (Fragment) OS=Homo sapiens GN=GAPDH PE=2 SV=1 - [Q0QET7_HUMAN]	18,51
AOA087WYX8	FERM and PDZ domain-containing protein 4 OS=Homo sapiens GN=FRMPD4 PE=1 SV=1 - [AOA087WYX8_HUMAN]	18,11
Q8WWQ8	Stabilin-2 OS=Homo sapiens GN=STAB2 PE=1 SV=3 - [STAB2_HUMAN]	18,10
J3KNQ2	Fibronectin type III domain-containing protein 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=FNDC1 PE=1 SV=1 - [J3KNQ2_HUMAN]	17,74
H0Y958	T-complex protein 1 subunit epsilon (Fragment) OS=Homo sapiens GN=CCT5 PE=4 SV=1 - [H0Y958_HUMAN]	17,64
E9PK91	Bcl-2-associated transcription factor 1 OS=Homo sapiens GN=BCLAF1 PE=1 SV=1 - [E9PK91_HUMAN]	17,61
Q92766	Ras-responsive element-binding protein 1 OS=Homo sapiens GN=RREB1 PE=1 SV=3 - [RREB1_HUMAN]	17,49
Q0PNF2	FEX1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q0PNF2_HUMAN]	17,34
B2R7Z6	cDNA, FLJ93674 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2R7Z6_HUMAN]	17,27
AOA1W2PQJ4	Contactin-2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=CNTN2 PE=4 SV=1 - [AOA1W2PQJ4_HUMAN]	17,15
K7EM30	DENN domain-containing protein 1C OS=Homo sapiens GN=DENND1C PE=4 SV=1 - [K7EM30_HUMAN]	17,09
Q15149	Plectin OS=Homo sapiens GN=PLEC PE=1 SV=3 - [PLEC_HUMAN]	17,00
Q59EG0	Basement membrane-specific heparan sulfate proteoglycan core protein variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59EG0_HUMAN]	16,93
Q9UF83	Uncharacterized protein DKFZp434B061 OS=Homo sapiens PE=2 SV=2 - [YM012_HUMAN]	16,88
AOA023Q8L4	NADH-ubiquinone oxidoreductase chain 5 OS=Homo sapiens GN=ND5 PE=3 SV=1 - [AOA023Q8L4_HUMAN]	16,83
Q8NDV7	Trinucleotide repeat-containing gene 6A protein OS=Homo sapiens GN=TNRC6A PE=1 SV=2 - [TNR6A_HUMAN]	16,81
B4DIZ8	cDNA FLJ54084, moderately similar to Spliceosome RNA helicase Bat1 (EC 3.6.1.-) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DIZ8_HUMAN]	16,66
Q8IZF6	Adhesion G-protein coupled receptor G4 OS=Homo sapiens GN=ADGRG4 PE=2 SV=2 - [AGRG4_HUMAN]	16,64
Q8WYL5	Protein phosphatase Slingshot homolog 1 OS=Homo sapiens GN=SSH1 PE=1 SV=2 - [SSH1_HUMAN]	16,63
Q14484	Beta-globin (Fragment) OS=Homo sapiens GN=HBB PE=3 SV=1 - [Q14484_HUMAN]	16,56
K7EP24	FH1/FH2 domain-containing protein 3 OS=Homo sapiens GN=FHOD3 PE=1 SV=1 - [K7EP24_HUMAN]	16,50

A0A1B0GU24	Trinucleotide repeat-containing gene 6C protein OS=Homo sapiens GN=TNRC6C PE=1 SV=1 - [A0A1B0GU24_HUMAN]	16,47
Q59FL8	Receptor protein-tyrosine kinase (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59FL8_HUMAN]	16,45
Q5VT52	Regulation of nuclear pre-mRNA domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=RPRD2 PE=1 SV=1 - [RPRD2_HUMAN]	16,44
Q96RG4	Insulin receptor substrate 2 insertion mutant (Fragment) OS=Homo sapiens GN=IRS2 PE=4 SV=1 - [Q96RG4_HUMAN]	16,39
Q56UN5	Mitogen-activated protein kinase kinase kinase 19 OS=Homo sapiens GN=MAP3K19 PE=2 SV=1 - [M3K19_HUMAN]	16,37
Q5T1R4	Transcription factor HIVEP3 OS=Homo sapiens GN=HIVEP3 PE=2 SV=1 - [ZEP3_HUMAN]	16,32
P46013	Proliferation marker protein Ki-67 OS=Homo sapiens GN=MKI67 PE=1 SV=2 - [KI67_HUMAN]	16,30
Q14517	Protocadherin Fat 1 OS=Homo sapiens GN=FAT1 PE=1 SV=2 - [FAT1_HUMAN]	16,18
P35568	Insulin receptor substrate 1 OS=Homo sapiens GN=IRS1 PE=1 SV=1 - [IRS1_HUMAN]	16,16
C4AM88	Cytosolic 5'-nucleotidase 1B OS=Homo sapiens GN=NT5C1B PE=4 SV=2 - [C4AM88_HUMAN]	16,14
Q8WXE0	Caskin-2 OS=Homo sapiens GN=CASKIN2 PE=1 SV=2 - [CSK12_HUMAN]	16,12
Q9UPN3	Microtubule-actin cross-linking factor 1, isoforms 1/2/3/5 OS=Homo sapiens GN=MACF1 PE=1 SV=4 - [MACF1_HUMAN]	16,07
Q7Z333	Probable helicase senataxin OS=Homo sapiens GN=SETX PE=1 SV=4 - [SETX_HUMAN]	16,05
Q8NFC6	Biorientation of chromosomes in cell division protein 1-like 1 OS=Homo sapiens GN=BOD1L1 PE=1 SV=2 - [BD1L1_HUMAN]	16,04
F5GXF5	Nucleosome-remodeling factor subunit BPTF (Fragment) OS=Homo sapiens GN=BPTF PE=1 SV=2 - [F5GXF5_HUMAN]	16,00
A8K930	cDNA FLJ75500, highly similar to Homo sapiens EH domain binding protein 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K930_HUMAN]	15,87
Q8N3K9	Cardiomyopathy-associated protein 5 OS=Homo sapiens GN=CMYA5 PE=1 SV=3 - [CMYA5_HUMAN]	15,61
Q12955	Ankyrin-3 OS=Homo sapiens GN=ANK3 PE=1 SV=3 - [ANK3_HUMAN]	15,48
Q8NDH2	Coiled-coil domain-containing protein 168 OS=Homo sapiens GN=CCDC168 PE=2 SV=2 - [CC168_HUMAN]	15,38
F1T0K4	Dmx-like protein 1 OS=Homo sapiens GN=DMXL1 PE=2 SV=1 - [F1T0K4_HUMAN]	15,26
Q12882	Dihydropyrimidine dehydrogenase [NADP(+)] OS=Homo sapiens GN=DPYD PE=1 SV=2 - [DPYD_HUMAN]	15,23
Q81YR0	Cilia- and flagella-associated protein 206 OS=Homo sapiens GN=CFAP206 PE=1 SV=2 - [CF206_HUMAN]	15,22
E7EWM1	Nuclear receptor coactivator 2 OS=Homo sapiens GN=NCOA2 PE=1 SV=2 - [E7EWM1_HUMAN]	15,21
A0A0J9YYJ7	Unconventional myosin-XVB OS=Homo sapiens GN=MYO15B PE=4 SV=1 - [A0A0J9YYJ7_HUMAN]	15,16
Q14161	ARF GTPase-activating protein GIT2 OS=Homo sapiens GN=GIT2 PE=1 SV=2 - [GIT2_HUMAN]	15,14
P01040	Cystatin-A OS=Homo sapiens GN=CSTA PE=1 SV=1 - [CYTA_HUMAN]	15,14
Q5CZA6	Putative uncharacterized protein DKFZp686M0150 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DKFZp686M0150 PE=2 SV=1 - [Q5CZA6_HUMAN]	14,91
Q6TGC4	Protein-arginine deiminase type-6 OS=Homo sapiens GN=PADI6 PE=1 SV=3 - [PADI6_HUMAN]	14,75
B2R4M6	Protein S100 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2R4M6_HUMAN]	14,74
Q6UX82	Ly6/PLAUR domain-containing protein 8 OS=Homo sapiens GN=LYPD8 PE=1 SV=2 - [LYPD8_HUMAN]	14,70
Q8WY19	Down syndrome cell adhesion molecule (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DSCAM PE=1 SV=1 - [Q8WY19_HUMAN]	14,54
H0YAH0	Protocadherin-7 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PCDH7 PE=1 SV=1 - [H0YAH0_HUMAN]	14,48
Q9NR48	Histone-lysine N-methyltransferase ASH1L OS=Homo sapiens GN=ASH1L PE=1 SV=2 - [ASH1L_HUMAN]	14,07
M0QZD8	Uncharacterized protein OS=Homo sapiens GN=LOC400499 PE=4 SV=2 - [M0QZD8_HUMAN]	14,05
A2A2V2	RNA-binding protein 34 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=RBM34 PE=1 SV=1 - [A2A2V2_HUMAN]	14,00
Q19VH1	Actin-binding LIM protein 2 splice variant 1 OS=Homo sapiens GN=ABLIM2 PE=2 SV=1 - [Q19VH1_HUMAN]	13,86
Q7Z3Z4	Piwi-like protein 4 OS=Homo sapiens GN=PIWIL4 PE=2 SV=2 - [PIWIL4_HUMAN]	13,82
L8E853	von Willebrand factor OS=Homo sapiens GN=VWF PE=4 SV=1 - [L8E853_HUMAN]	13,82
Q9UKN1	Mucin-12 OS=Homo sapiens GN=MUC12 PE=1 SV=2 - [MUC12_HUMAN]	13,75
F8VZN8	Protein phosphatase 1 regulatory subunit 12A (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PPP1R12A PE=1 SV=1 - [F8VZN8_HUMAN]	13,75
Q86XX4	Extracellular matrix protein FRAS1 OS=Homo sapiens GN=FRAS1 PE=1 SV=2 - [FRAS1_HUMAN]	13,75
Q6ZU65	Ubiquitin-2 OS=Homo sapiens GN=UBN2 PE=1 SV=2 - [UBN2_HUMAN]	13,70
Q12802	A-kinase anchor protein 13 OS=Homo sapiens GN=AKAP13 PE=1 SV=2 - [AKP13_HUMAN]	13,70
Q8WWV6	High affinity immunoglobulin alpha and immunoglobulin mu Fc receptor OS=Homo sapiens GN=FCAMR PE=1 SV=1 - [FCAMR_HUMAN]	13,66
A0A087WXN4	Integrator complex subunit 12 OS=Homo sapiens GN=INTS12 PE=1 SV=1 - [A0A087WXN4_HUMAN]	13,66
O75179	Ankyrin repeat domain-containing protein 17 OS=Homo sapiens GN=ANKRD17 PE=1 SV=3 - [ANR17_HUMAN]	13,57
Q2LD37	Uncharacterized protein KIAA1109 OS=Homo sapiens GN=KIAA1109 PE=1 SV=2 - [K1109_HUMAN]	13,52
A0A0C4DGR2	Prostate tumor overexpressed gene 1, isoform CRA_d OS=Homo sapiens GN=PTOV1 PE=1 SV=1 - [A0A0C4DGR2_HUMAN]	13,51
Q59F18	Smoothelin isoform b variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59F18_HUMAN]	13,50
Q9UBT2	SUMO-activating enzyme subunit 2 OS=Homo sapiens GN=UBA2 PE=1 SV=2 - [SAE2_HUMAN]	13,45
H3BTR6	RNA-binding protein with serine-rich domain 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=RNPS1 PE=1 SV=1 - [H3BTR6_HUMAN]	13,42
C9JEB9	D-beta-hydroxybutyrate dehydrogenase, mitochondrial (Fragment) OS=Homo sapiens GN=BDH1 PE=1 SV=1 - [C9JEB9_HUMAN]	13,40
Q8IVF2	Protein AHNAK2 OS=Homo sapiens GN=AHNAK2 PE=1 SV=2 - [AHNK2_HUMAN]	13,34
E9PNW5	Uncharacterized protein C4orf50 OS=Homo sapiens GN=C4orf50 PE=4 SV=2 - [E9PNW5_HUMAN]	13,33
B3KXZ9	cDNA FLJ46477 fis, clone THYMU3025118, highly similar to Cell surface glycoprotein MUC18 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KXZ9_HUMAN]	13,26
H0Y488	AT-rich interactive domain-containing protein 1A OS=Homo sapiens GN=ARID1A PE=1 SV=2 - [H0Y488_HUMAN]	13,26
P29374	AT-rich interactive domain-containing protein 4A OS=Homo sapiens GN=ARID4A PE=1 SV=3 - [ARI4A_HUMAN]	13,25
Q70CQ2	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 34 OS=Homo sapiens GN=USP34 PE=1 SV=2 - [UBP34_HUMAN]	13,23
A0A0A0MRJ3	Neuron navigator 1 OS=Homo sapiens GN=NAV1 PE=1 SV=1 - [A0A0A0MRJ3_HUMAN]	13,22
A0A126LAX4	U29 OS=Homo sapiens GN=U29 PE=3 SV=1 - [A0A126LAX4_HUMAN]	13,20
A8K169	cDNA FLJ77252, highly similar to Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, receptor type, O (PTPRO), transcript variant 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K169_HUMAN]	13,10
A0A1W2PR28	IQ motif and SEC7 domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=IQSEC2 PE=4 SV=1 - [A0A1W2PR28_HUMAN]	13,09
Q9C0C2	182 kDa tankyrase-1-binding protein OS=Homo sapiens GN=TNKS1BP1 PE=1 SV=4 - [TB182_HUMAN]	13,09
A0A1U9X7N1	DPCR1 OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [A0A1U9X7N1_HUMAN]	13,08

P56715	Oxygen-regulated protein 1 OS=Homo sapiens GN=RP1 PE=1 SV=1 - [RP1_HUMAN]	13,08
A0A087X0Q6	Sp8 transcription factor, isoform CRA_d OS=Homo sapiens GN=SP8 PE=1 SV=1 - [A0A087X0Q6_HUMAN]	13,05
A0A087WW39	Protein AF-17 OS=Homo sapiens GN=MLLT6 PE=1 SV=1 - [A0A087WW39_HUMAN]	13,04
Q5VZL5	Zinc finger MYM-type protein 4 OS=Homo sapiens GN=ZMYM4 PE=1 SV=1 - [ZMYM4_HUMAN]	13,02
A0A024R223	Vacuolar protein sorting 13A (Yeast), isoform CRA_c OS=Homo sapiens GN=VPS13A PE=4 SV=1 - [A0A024R223_HUMAN]	13,01
O95243	Methyl-CpG-binding domain protein 4 OS=Homo sapiens GN=MBD4 PE=1 SV=1 - [MBD4_HUMAN]	12,98
Q14C71	GLRA1 protein OS=Homo sapiens GN=GLRA1 PE=2 SV=1 - [Q14C71_HUMAN]	12,96
Q5D862	Filaggrin-2 OS=Homo sapiens GN=FLG2 PE=1 SV=1 - [FILA2_HUMAN]	12,89
A0A087WV65	Zinc finger and BTB domain-containing protein 44 OS=Homo sapiens GN=ZBTB44 PE=1 SV=1 - [A0A087WV65_HUMAN]	12,88
Q86VQ1	Glucocorticoid-induced transcript 1 protein OS=Homo sapiens GN=GLCCI1 PE=1 SV=1 - [GLCI1_HUMAN]	12,87
A0A0S4XRQ7	MHC class I antigen OS=Homo sapiens GN=HLA-A PE=3 SV=1 - [A0A0S4XRQ7_HUMAN]	12,86
B3KU63	cDNA FLJ39250 fis, clone OCBBF2008691, highly similar to Transcription factor SOX-5 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KU63_HUMAN]	12,86
F5H212	Zinc finger protein 40 OS=Homo sapiens GN=HIVEP1 PE=1 SV=2 - [F5H212_HUMAN]	12,83
Q7Z5L9	Interferon regulatory factor 2-binding protein 2 OS=Homo sapiens GN=IRF2BP2 PE=1 SV=2 - [I2BP2_HUMAN]	12,81
Q7Z2Z1	Treslin OS=Homo sapiens GN=TICRR PE=1 SV=2 - [TICRR_HUMAN]	12,79
A0A1B0GTX7	Uncharacterized protein KIAA1107 OS=Homo sapiens GN=KIAA1107 PE=4 SV=1 - [A0A1B0GTX7_HUMAN]	12,79
Q6A163	Keratin, type I cytoskeletal 39 OS=Homo sapiens GN=KRT39 PE=1 SV=2 - [K1C39_HUMAN]	12,77
H3BPC9	Activating transcription factor 7-interacting protein 2 OS=Homo sapiens GN=ATF7IP2 PE=1 SV=1 - [H3BPC9_HUMAN]	12,76
Q6ZQZ4	cDNA FLJ46776 fis, clone TRACH3026650, highly similar to Actin cross-linking family protein 7 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q6ZQZ4_HUMAN]	12,70
Q5SYB0	FERM and PDZ domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=FRMPD1 PE=1 SV=1 - [FRPD1_HUMAN]	12,64
Q9UPU5	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 24 OS=Homo sapiens GN=USP24 PE=1 SV=3 - [UBP24_HUMAN]	12,58
Q8IZC6	Collagen alpha-1(XVII) chain OS=Homo sapiens GN=COL27A1 PE=1 SV=1 - [COR1A1_HUMAN]	12,52
Q7Z460	CLIP-associating protein 1 OS=Homo sapiens GN=CLASP1 PE=1 SV=1 - [CLAP1_HUMAN]	12,46
H0Y2V6	Centrosomal protein of 170 kDa (Fragment) OS=Homo sapiens GN=CEP170 PE=1 SV=1 - [H0Y2V6_HUMAN]	12,38
Q5T0W9	Protein FAM83B OS=Homo sapiens GN=FAM83B PE=1 SV=1 - [FAM83B_HUMAN]	12,36
P25054	Adenomatous polyposis coli protein OS=Homo sapiens GN=APC PE=1 SV=2 - [APC_HUMAN]	12,35
P11137	Microtubule-associated protein 2 OS=Homo sapiens GN=MAP2 PE=1 SV=4 - [MTAP2_HUMAN]	12,30
A0A024R0V9	Kinesin family member 21A, isoform CRA_c OS=Homo sapiens GN=KIF21A PE=3 SV=1 - [A0A024R0V9_HUMAN]	12,30
D3DTQ7	HCG2036579, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=hCG_2036579 PE=4 SV=1 - [D3DTQ7_HUMAN]	12,27
Q9Y3E8	CGI-150 protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q9Y3E8_HUMAN]	12,25
Q8NDA2	Hemicentin-2 OS=Homo sapiens GN=HMCN2 PE=2 SV=3 - [HMCN2_HUMAN]	12,22
F2Z2U4	Transformation/transcription domain-associated protein OS=Homo sapiens GN=TRRAP PE=1 SV=3 - [F2Z2U4_HUMAN]	12,20
Q6N014	Putative uncharacterized protein DKFZp686N24126 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DKFZp686N24126 PE=2 SV=1 - [Q6N014_HUMAN]	12,16
Q2F831	Tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan 5-monooxygenase activation protein zeta (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q2F831_HUMAN]	12,16
Q7Z7G8	Vacuolar protein sorting-associated protein 13B OS=Homo sapiens GN=VPS13B PE=1 SV=2 - [VP13B_HUMAN]	12,15
I6L894	Ankyrin-2 OS=Homo sapiens GN=ANK2 PE=1 SV=1 - [I6L894_HUMAN]	11,97
Q96D60	PHLDB1 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PHLDB1 PE=2 SV=2 - [Q96D60_HUMAN]	11,86
A0A1W2PR14	Voltage-dependent T-type calcium channel subunit alpha-1H OS=Homo sapiens GN=CACNA1H PE=4 SV=1 - [A0A1W2PR14_HUMAN]	11,86
A0A087WU80	Tumor necrosis factor alpha-induced protein 3 OS=Homo sapiens GN=TNFAIP3 PE=1 SV=1 - [A0A087WU80_HUMAN]	11,78
A8K8W7	cDNA FLJ75224, highly similar to Homo sapiens lipase, hormone-sensitive (LIPE), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K8W7_HUMAN]	11,72
A5YKK5	KIAA0232 OS=Homo sapiens GN=KIAA0232 PE=2 SV=1 - [A5YKK5_HUMAN]	11,71
H3BUQ6	Poly [ADP-ribose] polymerase 6 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PARP6 PE=4 SV=1 - [H3BUQ6_HUMAN]	11,66
B3KND7	cDNA FLJ14378 fis, clone HEMBA1001804, highly similar to Zinc finger protein 281 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KND7_HUMAN]	11,52
Q6UB98	Ankyrin repeat domain-containing protein 12 OS=Homo sapiens GN=ANKRD12 PE=1 SV=3 - [ANR12_HUMAN]	11,43
Q9H6B1	Zinc finger protein 385D OS=Homo sapiens GN=ZNF385D PE=2 SV=1 - [Z385D_HUMAN]	11,40
Q5SYE7	NHS-like protein 1 OS=Homo sapiens GN=NHSL1 PE=1 SV=2 - [NHSL1_HUMAN]	11,36
A0A0U1RQQ1	F-actin-uncapping protein LRRC16A (Fragment) OS=Homo sapiens GN=CARMIL1 PE=1 SV=1 - [A0A0U1RQQ1_HUMAN]	11,36
B7ZAF7	cDNA, FLJ79171, highly similar to BTB/POZ domain-containing protein KCTD3 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7ZAF7_HUMAN]	11,33
C9JEV0	Zinc-alpha-2-glycoprotein OS=Homo sapiens GN=AZGP1 PE=1 SV=1 - [C9JEV0_HUMAN]	11,28
A0A1B0GW24	Calcium-binding protein 2 OS=Homo sapiens GN=CABP2 PE=4 SV=1 - [A0A1B0GW24_HUMAN]	11,11
Q02413	Desmoglein-1 OS=Homo sapiens GN=DSG1 PE=1 SV=2 - [DSG1_HUMAN]	11,01
A0A024R528	Interleukin 1 receptor antagonist, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=IL1RN PE=3 SV=1 - [A0A024R528_HUMAN]	10,95
Q92665	28S ribosomal protein S31, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=MRPS31 PE=1 SV=3 - [RT31_HUMAN]	10,93
F5H3X8	Poly [ADP-ribose] polymerase OS=Homo sapiens GN=PARP8 PE=1 SV=1 - [F5H3X8_HUMAN]	10,91
A8K5I6	cDNA FLJ78643, highly similar to Homo sapiens cornulin (CRNN), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K5I6_HUMAN]	10,82
A2VDI4	EFR3A protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=EFR3A PE=2 SV=1 - [A2VDI4_HUMAN]	10,76
Q9HAP2	MLX-interacting protein OS=Homo sapiens GN=MLXIP PE=1 SV=2 - [MLXIP_HUMAN]	10,76
H7C3V4	Potassium voltage-gated channel subfamily D member 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=KCND1 PE=4 SV=1 - [H7C3V4_HUMAN]	10,74
A0A0K1P7S2	Usher syndrome 2A OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [A0A0K1P7S2_HUMAN]	10,72
Q96QF0	Rab-3A-interacting protein OS=Homo sapiens GN=RAB3IP PE=1 SV=1 - [RAB3I_HUMAN]	10,65
A6NGQ3	Obscurin OS=Homo sapiens GN=OBSCN PE=1 SV=5 - [A6NGQ3_HUMAN]	10,62
B4E1M1	cDNA FLJ60391, highly similar to Lactoperoxidase (EC 1.11.1.7) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E1M1_HUMAN]	10,62
A8K8Z3	cDNA FLJ77613, highly similar to Homo sapiens tousled-like kinase 1 (TLK1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K8Z3_HUMAN]	10,61

H0YA93	NEDD4-binding protein 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=N4BP2 PE=1 SV=1 - [H0YA93_HUMAN]	10,60
Q14DG7	Transmembrane protein 132B OS=Homo sapiens GN=TMEM132B PE=2 SV=2 - [T132B_HUMAN]	10,53
Q96BD0	Solute carrier organic anion transporter family member 4A1 OS=Homo sapiens GN=SLCO4A1 PE=1 SV=2 - [SO4A1_HUMAN]	10,52
U5XMM4	SRY-box 9 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SOX9 PE=4 SV=1 - [U5XMM4_HUMAN]	10,48
A0A1B0GUW6	Uncharacterized protein OS=Homo sapiens GN=LOC107983988 PE=1 SV=1 - [A0A1B0GUW6_HUMAN]	10,48
A0A023HHK9	TET1 splice variant VP_DE456 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A0A023HHK9_HUMAN]	10,43
A0A0G2JMG8	NACHT, LRR and PYD domains-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=NLRP2 PE=1 SV=1 - [A0A0G2JMG8_HUMAN]	10,39
P49792	E3 SUMO-protein ligase RanBP2 OS=Homo sapiens GN=RANBP2 PE=1 SV=2 - [RBP2_HUMAN]	10,31
Q9P278	Folliculin-interacting protein 2 OS=Homo sapiens GN=FNIP2 PE=1 SV=2 - [FNIP2_HUMAN]	10,30
F8VWZ8	Rho GTPase-activating protein 29 OS=Homo sapiens GN=ARHGAP29 PE=1 SV=1 - [F8VWZ8_HUMAN]	10,24
B7Z3B0	cDNA FLJ56087, highly similar to Homo sapiens SH3 multiple domains 1 (SH3MD1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z3B0_HUMAN]	10,24
Q8WUM9	Sodium-dependent phosphate transporter 1 OS=Homo sapiens GN=SLC20A1 PE=1 SV=1 - [S20A1_HUMAN]	10,23
O43149	Zinc finger ZZ-type and EF-hand domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=ZZEF1 PE=1 SV=6 - [ZZEF1_HUMAN]	10,21
Q9C0B2	Cilia- and flagella-associated protein 74 OS=Homo sapiens GN=CFAP74 PE=2 SV=3 - [CFA74_HUMAN]	10,20
O75132	Zinc finger BED domain-containing protein 4 OS=Homo sapiens GN=ZBED4 PE=1 SV=2 - [ZBED4_HUMAN]	10,19
Q8WWI3	AP-2 repressor OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8WWI3_HUMAN]	10,18
A0A126LAY0	Glycoprotein O OS=Homo sapiens GN=U47 PE=4 SV=1 - [A0A126LAY0_HUMAN]	10,17
Q68DN1	Uncharacterized protein C2orf16 OS=Homo sapiens GN=C2orf16 PE=2 SV=3 - [CB016_HUMAN]	10,17
B7Z9C7	cDNA FLJ55885, highly similar to Homo sapiens zinc finger protein 423 (ZNF423), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z9C7_HUMAN]	10,14
Q9C0D2	Centrosomal protein of 295 kDa OS=Homo sapiens GN=CEP295 PE=1 SV=4 - [CE295_HUMAN]	10,13
A7E2F9	SIPA1L2 protein OS=Homo sapiens GN=SIPA1L2 PE=2 SV=1 - [A7E2F9_HUMAN]	10,11
E9PFQ4	Pleckstrin homology-like domain family B member 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PHLDB2 PE=1 SV=1 - [E9PFQ4_HUMAN]	10,10
B4E2E1	cDNA FLJ54322, highly similar to Protein transport protein Sec24B OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E2E1_HUMAN]	10,08
Q8IZD2	Histone-lysine N-methyltransferase 2E OS=Homo sapiens GN=KMT2E PE=1 SV=1 - [KMT2E_HUMAN]	10,07
Q6NVU7	ZP1 protein OS=Homo sapiens GN=ZP1 PE=2 SV=1 - [Q6NVU7_HUMAN]	10,04
P51610	Host cell factor 1 OS=Homo sapiens GN=HCFC1 PE=1 SV=2 - [HCFC1_HUMAN]	10,02
B2R6W9	cDNA, FLJ93157, highly similar to Homo sapiens SH3KBP1 binding protein 1 (SHKBP1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2R6W9_HUMAN]	10,01
B3KR30	cDNA FLJ33557 fis, clone BRAMY2009489, highly similar to Homo sapiens SPHK1 (sphingosine kinase type 1) interacting protein (SKIP), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KR30_HUMAN]	10,00
A0A1U9X912	MUC22 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [A0A1U9X912_HUMAN]	10,00
B4E3W1	cDNA FLJ57204, highly similar to Homo sapiens ancient ubiquitous protein 1 (AUP1), transcript variant 2, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E3W1_HUMAN]	9,98
G3V2U9	F-box only protein 34 OS=Homo sapiens GN=FBXO34 PE=4 SV=1 - [G3V2U9_HUMAN]	9,97
B3KPZ8	cDNA FLJ32530 fis, clone SMINT2000185, highly similar to TRANSKETOLASE (EC 2.2.1.1) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KPZ8_HUMAN]	9,96
Q9Y2D8	Afadin- and alpha-actinin-binding protein OS=Homo sapiens GN=SSX2IP PE=1 SV=3 - [ADIP_HUMAN]	9,95
P31025	Lipocalin-1 OS=Homo sapiens GN=LCN1 PE=1 SV=1 - [LCN1_HUMAN]	9,95
Q9BZI1	Iroquois-class homeodomain protein IRX-2 OS=Homo sapiens GN=IRX2 PE=1 SV=2 - [IRX2_HUMAN]	9,94
Q5VVD7	Pleckstrin homology domain-containing family M member 2 OS=Homo sapiens GN=PLEKHM2 PE=1 SV=1 - [Q5VVD7_HUMAN]	9,93
B2RWN8	Histone acetyltransferase OS=Homo sapiens GN=MYST4 PE=2 SV=1 - [B2RWN8_HUMAN]	9,92
P51826	AF4/FMR2 family member 3 OS=Homo sapiens GN=AFF3 PE=1 SV=2 - [AFF3_HUMAN]	9,92
A6NK89	Ras association domain-containing protein 10 OS=Homo sapiens GN=RASSF10 PE=2 SV=3 - [RASFA_HUMAN]	9,92
Q9UIF8	Bromodomain adjacent to zinc finger domain protein 2B OS=Homo sapiens GN=BAZ2B PE=1 SV=3 - [BAZ2B_HUMAN]	9,90
P25391	Laminin subunit alpha-1 OS=Homo sapiens GN=LAMA1 PE=1 SV=2 - [LAMA1_HUMAN]	9,90
B4E186	cDNA FLJ56834 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E186_HUMAN]	9,90
B4E2K8	cDNA FLJ61075, highly similar to Mineralocorticoid receptor OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E2K8_HUMAN]	9,90
Q5JPC9	ABI gene family, member 3 (NESH) binding protein, isoform CRA_d OS=Homo sapiens GN=DKFZp667H216 PE=1 SV=1 - [Q5JPC9_HUMAN]	9,89
A5PLM6	SEC14L1 protein OS=Homo sapiens GN=SEC14L1 PE=2 SV=1 - [A5PLM6_HUMAN]	9,87
C9JI46	Ligand-dependent nuclear receptor corepressor-like protein OS=Homo sapiens GN=LCORL PE=1 SV=1 - [C9JI46_HUMAN]	9,87
H0YFV6	N6-adenosine-methyltransferase 70 kDa subunit (Fragment) OS=Homo sapiens GN=METTL3 PE=1 SV=2 - [H0YFV6_HUMAN]	9,87
H7BXG6	Zinc finger protein 541 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ZNF541 PE=4 SV=1 - [H7BXG6_HUMAN]	9,85
Q1K9C9	Oncogene OS=Homo sapiens GN=tre PE=2 SV=1 - [Q1K9C9_HUMAN]	9,85
Q5T754	Late cornified envelope protein 1F OS=Homo sapiens GN=LCE1F PE=1 SV=1 - [LCE1F_HUMAN]	9,84
H7C164	Dynein heavy chain 14, axonemal (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DNAH14 PE=1 SV=8 - [H7C164_HUMAN]	9,84
A0A0A0MTP3	M-phase phosphoprotein 9 OS=Homo sapiens GN=MPHOSPH9 PE=1 SV=1 - [A0A0A0MTP3_HUMAN]	9,84
Q9Y4F4	TOG array regulator of axonemal microtubules protein 1 OS=Homo sapiens GN=TOGARAM1 PE=1 SV=4 - [TGRM1_HUMAN]	9,83
A7MD48	Serine/arginine repetitive matrix protein 4 OS=Homo sapiens GN=SRRM4 PE=1 SV=2 - [SRRM4_HUMAN]	9,81
D3DS91	A kinase (PRKA) anchor protein 6, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=AKAP6 PE=4 SV=1 - [D3DS91_HUMAN]	9,76
J3KRA9	Serine/threonine-protein kinase SMG1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SMG1 PE=1 SV=1 - [J3KRA9_HUMAN]	9,75
B2RWPO	Signal-induced proliferation-associated 1 like 3 OS=Homo sapiens GN=SIPA1L3 PE=2 SV=1 - [B2RWPO_HUMAN]	9,75
A0A0G2JR66	Kinesin-like protein KIF26B (Fragment) OS=Homo sapiens GN=KIF26B PE=1 SV=1 - [A0A0G2JR66_HUMAN]	9,73
H0UI11	Dopey family member 1, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=DOPEY1 PE=4 SV=1 - [H0UI11_HUMAN]	9,73
B3KU38	cDNA FLJ39160 fis, clone OCBBF2002290, highly similar to Homo sapiens schwannomin interacting protein 1 (SCHIP1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KU38_HUMAN]	9,73
A0A087WUB0	E3 ubiquitin-protein ligase TRAF7 OS=Homo sapiens GN=TRAF7 PE=1 SV=1 - [A0A087WUB0_HUMAN]	9,71
Q6GQQ9	OTU domain-containing protein 7B OS=Homo sapiens GN=OTUD7B PE=1 SV=1 - [OTU7B_HUMAN]	9,71
Q9Y2I7	1-phosphatidylinositol 3-phosphate 5-kinase OS=Homo sapiens GN=PIKFYVE PE=1 SV=3 - [FYV1_HUMAN]	9,69

B4DYG5	cDNA FLJ06960, highly similar to Phosphatidylinositol 4-kinase alpha (EC 2.7.1.67) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DYG5_HUMAN]	9,69
O75095	Multiple epidermal growth factor-like domains protein 6 OS=Homo sapiens GN=MEGF6 PE=1 SV=4 - [MEGF6_HUMAN]	9,69
Q6WIG6	MHC class II antigen (Fragment) OS=Homo sapiens GN=HLA-DRB1 PE=4 SV=1 - [Q6WIG6_HUMAN]	9,65
Q5THK1	Protein PRR14L OS=Homo sapiens GN=PRR14L PE=1 SV=1 - [PR14L_HUMAN]	9,65
A2VEC9	SCO-spondin OS=Homo sapiens GN=SSPO PE=2 SV=1 - [SSPO_HUMAN]	9,63
H0YJP0	E3 ubiquitin-protein ligase HECTD1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=HECTD1 PE=1 SV=2 - [H0YJP0_HUMAN]	9,63
Q8N4C8	Misshapen-like kinase 1 OS=Homo sapiens GN=MINK1 PE=1 SV=2 - [MINK1_HUMAN]	9,57
Q9H6A9	Pecanex-like protein 3 OS=Homo sapiens GN=PCNX3 PE=1 SV=2 - [PCX3_HUMAN]	9,56
B1ALU3	Adhesion G protein-coupled receptor L2 OS=Homo sapiens GN=ADGRL2 PE=1 SV=1 - [B1ALU3_HUMAN]	9,52
Q9HBD1	Roquin-2 OS=Homo sapiens GN=RC3H2 PE=1 SV=2 - [RC3H2_HUMAN]	9,50
Q96RW7	Hemicentin-1 OS=Homo sapiens GN=HMCN1 PE=1 SV=2 - [HMCN1_HUMAN]	9,49
AOA0A0MQR4	Protein capicua homolog OS=Homo sapiens GN=CIC PE=1 SV=1 - [AOA0A0MQR4_HUMAN]	9,48
B3KVS6	cDNA FLJ41326 fis, clone BRAMY2046984, highly similar to PDZ domain-containing protein 6 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KVS6_HUMAN]	9,47
Q59FR9	Fibroblast growth factor 11 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59FR9_HUMAN]	9,45
AOA087WXN9	MTSS1-like protein OS=Homo sapiens GN=MTSS1L PE=1 SV=1 - [AOA087WXN9_HUMAN]	9,44
AOA087WXB2	Kielin/chordin-like protein OS=Homo sapiens GN=KCP PE=1 SV=1 - [AOA087WXB2_HUMAN]	9,43
Q9UKA4	A-kinase anchor protein 11 OS=Homo sapiens GN=AKAP11 PE=1 SV=1 - [AKA11_HUMAN]	9,42
Q5T3J3	Ligand-dependent nuclear receptor-interacting factor 1 OS=Homo sapiens GN=LRIF1 PE=1 SV=1 - [LRIF1_HUMAN]	9,41
Q13201	Multimerin-1 OS=Homo sapiens GN=MMRN1 PE=1 SV=3 - [MMRN1_HUMAN]	9,38
G3V1B5	Down syndrome cell adhesion molecule like 1, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=DSCAML1 PE=1 SV=1 - [G3V1B5_HUMAN]	9,38
Q5T5P2	Sickle tail protein homolog OS=Homo sapiens GN=KIAA1217 PE=1 SV=2 - [SKT_HUMAN]	9,36
Q13495	Mastermind-like domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=MAMLD1 PE=1 SV=2 - [MAMD1_HUMAN]	9,33
B4DKN1	cDNA FLJ58507, highly similar to MAP/microtubule affinity-regulating kinase 3 (EC 2.7.11.1) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DKN1_HUMAN]	9,32
B3KPQ9	DNA-binding protein SATB OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KPQ9_HUMAN]	9,28
A5D8Z7	SIGLEC1 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SIGLEC1 PE=2 SV=1 - [A5D8Z7_HUMAN]	9,27
Q8IXW0	Lamin tail domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=LMNTD2 PE=2 SV=2 - [LMNTD2_HUMAN]	9,24
H0YJL4	Poly(A) polymerase alpha (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PAPOLA PE=1 SV=1 - [H0YJL4_HUMAN]	9,19
B4DMX2	cDNA FLJ51250, highly similar to Plasma kallikrein (EC 3.4.21.34) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DMX2_HUMAN]	9,16
Q8N7U2	cDNA FLJ40342 fis, clone TESTI2032768 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8N7U2_HUMAN]	9,06
AOA0A0MTR7	E3 ubiquitin-protein ligase RNF213 OS=Homo sapiens GN=RNF213 PE=1 SV=1 - [AOA0A0MTR7_HUMAN]	9,05
Q5TIG5	Afadin OS=Homo sapiens GN=AFDN PE=1 SV=1 - [Q5TIG5_HUMAN]	9,04
Q70EL1	Inactive ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 54 OS=Homo sapiens GN=USP54 PE=1 SV=4 - [UBP54_HUMAN]	9,04
E7EMW7	E3 ubiquitin-protein ligase UBR5 OS=Homo sapiens GN=UBR5 PE=1 SV=1 - [E7EMW7_HUMAN]	9,04
Q5VYM1	Uncharacterized protein C9orf131 OS=Homo sapiens GN=C9orf131 PE=2 SV=3 - [C1131_HUMAN]	9,02
B7Z6N1	cDNA FLJ54385, highly similar to ETS domain-containing transcription factor ERF OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z6N1_HUMAN]	9,01
Q92626	Peroxidasin homolog OS=Homo sapiens GN=PXDN PE=1 SV=2 - [PXDN_HUMAN]	9,01
Q16513	Serine/threonine-protein kinase N2 OS=Homo sapiens GN=PKN2 PE=1 SV=1 - [PKN2_HUMAN]	8,97
AOA024RC30	Desmoglein 3 (Pemphigus vulgaris antigen), isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=DSG3 PE=4 SV=1 - [AOA024RC30_HUMAN]	8,96
P41180	Extracellular calcium-sensing receptor OS=Homo sapiens GN=CASR PE=1 SV=3 - [CASR_HUMAN]	8,93
Q6WGW8	Antigen MLAA-14 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q6WGW8_HUMAN]	8,93
Q6PJ05	ATPase, H+ transporting, lysosomal 34kDa, V1 subunit D OS=Homo sapiens GN=ATP6V1D PE=1 SV=1 - [Q6PJ05_HUMAN]	8,82
K7N7B3	Synaptonemal complex protein 2-like OS=Homo sapiens GN=SYCP2L PE=4 SV=1 - [K7N7B3_HUMAN]	8,80
Q92777	Synapsin-2 OS=Homo sapiens GN=SYN2 PE=2 SV=3 - [SYN2_HUMAN]	8,70
A8K601	cDNA FLJ75186 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K601_HUMAN]	8,53
P78524	Suppression of tumorigenicity 5 protein OS=Homo sapiens GN=ST5 PE=1 SV=3 - [ST5_HUMAN]	8,51
P51816	AF4/FMR2 family member 2 OS=Homo sapiens GN=AFF2 PE=1 SV=4 - [AFF2_HUMAN]	8,46
B3KUZ1	cDNA FLJ40943 fis, clone UTERU2008561 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KUZ1_HUMAN]	8,44
Q5VWQ8	Disabled homolog 2-interacting protein OS=Homo sapiens GN=DAB2IP PE=1 SV=2 - [DAB2P_HUMAN]	8,43
Q3KPI9	PTPRD protein OS=Homo sapiens GN=PTPRD PE=1 SV=1 - [Q3KPI9_HUMAN]	8,38
AOA087WTB2	Cyclic nucleotide-binding domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=CNBD1 PE=4 SV=1 - [AOA087WTB2_HUMAN]	8,36
F6Q6H0	DNA endonuclease RBBP8 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=RBBP8 PE=1 SV=1 - [F6Q6H0_HUMAN]	8,32
B2RAL6	cDNA, FLJ94991, highly similar to Homo sapiens integrin, alpha L (antigen CD11A (p180), lymphocyte function-associated antigen 1; alpha polypeptide) (ITGAL), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2RAL6_HUMAN]	8,19
Q9Y4E6	WD repeat-containing protein 7 OS=Homo sapiens GN=WDR7 PE=1 SV=2 - [WDR7_HUMAN]	8,17
B7WPN9	Cation-transporting ATPase OS=Homo sapiens GN=ATP13A4 PE=1 SV=1 - [B7WPN9_HUMAN]	8,15
F1T0E5	Calcium-dependent secretion activator 1 OS=Homo sapiens GN=CADPS PE=1 SV=1 - [F1T0E5_HUMAN]	8,08
A6PVD3	Transcription factor SOX-10 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SOX10 PE=1 SV=1 - [A6PVD3_HUMAN]	8,07
H0Y3R4	SET domain-containing protein 5 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SETD5 PE=1 SV=1 - [H0Y3R4_HUMAN]	8,00
H7C2Q8	EBNA1 binding protein 2, isoform CRA_d OS=Homo sapiens GN=EBNA1BP2 PE=1 SV=1 - [H7C2Q8_HUMAN]	7,87
Q6AWC2	Protein WWC2 OS=Homo sapiens GN=WWC2 PE=1 SV=2 - [WWC2_HUMAN]	7,82
Q9Y2U5	Mitogen-activated protein kinase kinase 2 OS=Homo sapiens GN=MAP3K2 PE=1 SV=2 - [M3K2_HUMAN]	7,79
O55592	E3 ubiquitin-protein ligase MYCBP2 OS=Homo sapiens GN=MYCBP2 PE=1 SV=3 - [MYCB2_HUMAN]	7,74
B3KQN4	cDNA FLJ90771 fis, clone THYRO1000956, highly similar to Apelin receptor OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KQN4_HUMAN]	7,71
Q9NYV4	Cyclin-dependent kinase 12 OS=Homo sapiens GN=CDK12 PE=1 SV=2 - [CDK12_HUMAN]	7,63
Q8N4F0	BPI fold-containing family B member 2 OS=Homo sapiens GN=BPIFB2 PE=1 SV=2 - [BPIB2_HUMAN]	7,57
B7Z809	cDNA FLJ56016, highly similar to C-1-tetrahydrofolate synthase, cytoplasmic OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z809_HUMAN]	7,56
Q8NEP4	Uncharacterized protein C17orf47 OS=Homo sapiens GN=C17orf47 PE=2 SV=3 - [CQ047_HUMAN]	7,54
B4DRB1	cDNA FLJ50735, highly similar to Calsyntenin-3 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DRB1_HUMAN]	7,52
D3DS96	Bromodomain adjacent to zinc finger domain, 1A, isoform CRA_c OS=Homo sapiens GN=BAZ1A PE=4 SV=1 -	7,52

	[D3DS96_HUMAN]	
P31629	Transcription factor HIVEP2 OS=Homo sapiens GN=HIVEP2 PE=1 SV=2 - [ZEP2_HUMAN]	7,51
A0A140T8W4	Ras/Rap GTPase-activating protein SynGAP (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SYNGAP1 PE=1 SV=1 - [A0A140T8W4_HUMAN]	7,50
B7Z5B7	cDNA FLJ53081, highly similar to Tumor necrosis factor receptor superfamily member 10C OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z5B7_HUMAN]	7,35
Q2VPK5	Cytoplasmic tRNA 2-thiolation protein 2 OS=Homo sapiens GN=CTU2 PE=1 SV=1 - [CTU2_HUMAN]	7,34
D6RA70	Probable ATP-dependent RNA helicase YTHDC2 OS=Homo sapiens GN=YTHDC2 PE=1 SV=1 - [D6RA70_HUMAN]	7,30
A3KC71	Nuclear envelope protein okuribin OS=Homo sapiens GN=okuribin PE=2 SV=1 - [A3KC71_HUMAN]	7,28
A0A0A0MR64	Leucine-rich repeat, immunoglobulin-like domain and transmembrane domain-containing protein 3 OS=Homo sapiens GN=LRIT3 PE=4 SV=1 - [A0A0A0MR64_HUMAN]	7,26
Q9NSN1	Putative uncharacterized protein DKFZp761H087 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DKFZp761H087 PE=2 SV=1 - [Q9NSN1_HUMAN]	7,26
S4R418	Bridging integrator 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=BIN2 PE=1 SV=2 - [S4R418_HUMAN]	7,23
Q96N48	cDNA FLJ31413 fis, clone NT2NE2000259, moderately similar to OOCYTE ZINC FINGER PROTEIN XLCOF6.1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q96N48_HUMAN]	7,21
C9J029	Inosine-5'-monophosphate dehydrogenase 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=IMPDH1 PE=1 SV=1 - [C9J029_HUMAN]	7,16
A9UEZ6	BCR/ABL fusion protein isoform X3 OS=Homo sapiens GN=BCR/ABL fusion PE=2 SV=1 - [A9UEZ6_HUMAN]	7,16
Q8WXV2	SPPR-1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8WXV2_HUMAN]	7,14
B4DYI8	cDNA FLJ57670, highly similar to Endoglin OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DYI8_HUMAN]	7,14
B3KXI1	cDNA FLJ45428 fis, clone BRHIP3038735, highly similar to Homo sapiens papilin, proteoglycan-like sulfated glycoprotein (PAPLN), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KXI1_HUMAN]	7,11
Q96JY6	PDZ and LIM domain protein 2 OS=Homo sapiens GN=PDLIM2 PE=1 SV=1 - [PDLI2_HUMAN]	7,11
B3KT73	cDNA FLJ37784 fis, clone BRHIP2028303, highly similar to Homo sapiens dachshous 2 (Drosophila) (DCHS2), transcript variant 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KT73_HUMAN]	7,09
Q05BS8	SFRS21P protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SFRS21P PE=2 SV=1 - [Q05BS8_HUMAN]	7,09
Q53F30	Aryl hydrocarbon receptor nuclear translocator isoform 2 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q53F30_HUMAN]	7,08
B2R6H6	cDNA, FLJ92954, highly similar to Homo sapiens TAF9-like RNA polymerase II, TATA box binding protein (TBP)-associated factor, 31kDa (TAF9L), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2R6H6_HUMAN]	7,07
Q9ULD8	Potassium voltage-gated channel subfamily H member 3 OS=Homo sapiens GN=KCNH3 PE=1 SV=2 - [KCNH3_HUMAN]	7,07
Q8TBR7	Protein FAM57A OS=Homo sapiens GN=FAM57A PE=1 SV=2 - [FA57A_HUMAN]	7,04
B3KSH8	cDNA FLJ36241 fis, clone THYMU2001622, highly similar to Inositol polyphosphate 1-phosphatase (EC 3.1.3.57) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KSH8_HUMAN]	7,03
E9PK50	ATP-binding cassette sub-family C member 8 OS=Homo sapiens GN=ABCC8 PE=1 SV=1 - [E9PK50_HUMAN]	7,03
A0A0S2Z4F2	TEA domain family member 4 isoform 2 OS=Homo sapiens GN=TEAD4 PE=2 SV=1 - [A0A0S2Z4F2_HUMAN]	7,02
H7BYY2	BCL-6 corepressor (Fragment) OS=Homo sapiens GN=BCOR PE=1 SV=1 - [H7BYY2_HUMAN]	7,01
B1AKN5	Nuclear factor 1 OS=Homo sapiens GN=NFIA PE=1 SV=1 - [B1AKN5_HUMAN]	6,98
A0A024R853	IQ motif containing E, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=IQCE PE=4 SV=1 - [A0A024R853_HUMAN]	6,98
A0A1W2PQ71	Potassium voltage-gated channel subfamily KQT member 3 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=KCNQ3 PE=4 SV=1 - [A0A1W2PQ71_HUMAN]	6,98
A0A024RCX2	Proline-rich transmembrane protein 1, isoform CRA_a (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PRRT1 PE=4 SV=1 - [A0A024RCX2_HUMAN]	6,97
A6NP16	Angiomotin OS=Homo sapiens GN=AMOT PE=1 SV=1 - [A6NP16_HUMAN]	6,97
B011T2	Unconventional myosin-Ig OS=Homo sapiens GN=MYO1G PE=1 SV=2 - [MYO1G_HUMAN]	6,96
Q9NVY3	cDNA FLJ10438 fis, clone NT2RP1000630, weakly similar to NECDIN OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q9NVY3_HUMAN]	6,96
Q4G0K7	GPR116 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=GPR116 PE=2 SV=1 - [Q4G0K7_HUMAN]	6,96
Q9NZB8	Molybdenum cofactor biosynthesis protein 1 OS=Homo sapiens GN=MOCS1 PE=1 SV=3 - [MOCS1_HUMAN]	6,96
A3KME5	Olfactory receptor (Fragment) OS=Homo sapiens GN=OR1J4 PE=2 SV=1 - [A3KME5_HUMAN]	6,96
F5H6C6	Inactive serine protease 54 OS=Homo sapiens GN=PRSS54 PE=1 SV=1 - [F5H6C6_HUMAN]	6,96
O60423	Phospholipid-transporting ATPase 1K OS=Homo sapiens GN=ATP8B3 PE=2 SV=4 - [AT8B3_HUMAN]	6,95
H3BUF6	Ataxin-2-like protein OS=Homo sapiens GN=ATXN2L PE=1 SV=1 - [H3BUF6_HUMAN]	6,93
Q06945	Transcription factor SOX-4 OS=Homo sapiens GN=SOX4 PE=1 SV=1 - [SOX4_HUMAN]	6,92
E7EVA0	Microtubule-associated protein OS=Homo sapiens GN=MAP4 PE=1 SV=1 - [E7EVA0_HUMAN]	6,90
Q96MK2	Protein FAM65C OS=Homo sapiens GN=FAM65C PE=1 SV=4 - [FA65C_HUMAN]	6,90
Q9HCJ2	Leucine-rich repeat-containing protein 4C OS=Homo sapiens GN=LRRC4C PE=1 SV=1 - [LRC4C_HUMAN]	6,90
Q53TD0	Putative uncharacterized protein SP100 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SP100 PE=4 SV=1 - [Q53TD0_HUMAN]	6,90
B4DYK9	cDNA FLJ60370, weakly similar to Homo sapiens retinitis pigmentosa GTPase regulator (RPGR), transcript variant C, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DYK9_HUMAN]	6,89
Q9BXX0	EMILIN-2 OS=Homo sapiens GN=EMILIN2 PE=1 SV=3 - [EMIL2_HUMAN]	6,89
B8Q188	Glycophorin B MNS blood group OS=Homo sapiens GN=GYPB PE=2 SV=1 - [B8Q188_HUMAN]	6,88
Q5QPB1	AN1-type zinc finger protein 5 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ZFAND5 PE=1 SV=1 - [Q5QPB1_HUMAN]	6,87
E9PPJ1	Kinetochore scaffold 1 OS=Homo sapiens GN=KNL1 PE=1 SV=2 - [E9PPJ1_HUMAN]	6,86
Q6ZN54	Differentially expressed in FDCP 8 homolog OS=Homo sapiens GN=DEF8 PE=1 SV=2 - [DEFI8_HUMAN]	6,84
F8W8G7	Poly [ADP-ribose] polymerase 10 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PARP10 PE=1 SV=1 - [F8W8G7_HUMAN]	6,83
Q8NHU6	Tudor domain-containing protein 7 OS=Homo sapiens GN=TDRD7 PE=1 SV=2 - [TDRD7_HUMAN]	6,81
A0A0A0MRT5	NF-kappa-B inhibitor-like protein 1 OS=Homo sapiens GN=NFKBIL1 PE=1 SV=1 - [A0A0A0MRT5_HUMAN]	6,81
HOY5U7	Mxs2-interacting protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SPEN PE=1 SV=1 - [HOY5U7_HUMAN]	6,81
O60673	DNA polymerase zeta catalytic subunit OS=Homo sapiens GN=REV3L PE=1 SV=2 - [REV3L_HUMAN]	6,79
B4DPK9	cDNA FLJ55935, highly similar to Protein FAM21C (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DPK9_HUMAN]	6,79
Q9BX26	Synaptonemal complex protein 2 OS=Homo sapiens GN=SYCP2 PE=2 SV=2 - [SYCP2_HUMAN]	6,78
B4DLZ7	cDNA FLJ56378, highly similar to Homo sapiens zinc finger protein 135 (ZNF135), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DLZ7_HUMAN]	6,78
P01567	Interferon alpha-7 OS=Homo sapiens GN=IFNA7 PE=1 SV=1 - [IFNA7_HUMAN]	6,78
Q5JYT7	Uncharacterized protein KIAA1755 OS=Homo sapiens GN=KIAA1755 PE=2 SV=2 - [K1755_HUMAN]	6,77
Q4G0A6	Probable ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase MINDY-4 OS=Homo sapiens GN=MINDY4 PE=1 SV=2 - [MINDY4_HUMAN]	6,76

A6NC97	Putative protein FAM172B OS=Homo sapiens GN=FAM172BP PE=5 SV=3 - [F172B_HUMAN]	6,76
Q6NSD3	CFHR3 protein OS=Homo sapiens GN=CFHR3 PE=1 SV=1 - [Q6NSD3_HUMAN]	6,76
Q99795	Cell surface A33 antigen OS=Homo sapiens GN=GPA33 PE=1 SV=1 - [GPA33_HUMAN]	6,75
B3KNU3	cDNA FLJ30480 fis, clone BRAWH1000174, moderately similar to Rho-GTPase-activating protein 8 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KNU3_HUMAN]	6,75
B5MCN7	Nuclear receptor coactivator 1 OS=Homo sapiens GN=NCOA1 PE=1 SV=1 - [B5MCN7_HUMAN]	6,75
Q96S09	Putative uncharacterized protein gs58 OS=Homo sapiens GN=gs58 PE=4 SV=1 - [Q96S09_HUMAN]	6,74
D3DQW3	Dickkopf homolog 3 (Xenopus laevis), isoform CRA_a (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DKK3 PE=4 SV=1 - [D3DQW3_HUMAN]	6,73
B4DT20	MICOS complex subunit MIC60 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DT20_HUMAN]	6,73
A4FUT8	JMJD1B protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=JMJD1B PE=2 SV=1 - [A4FUT8_HUMAN]	6,73
B3KP49	RAN binding protein 10, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=RANBP10 PE=2 SV=1 - [B3KP49_HUMAN]	6,71
Q9H4H8	Protein FAM83D OS=Homo sapiens GN=FAM83D PE=1 SV=3 - [FA83D_HUMAN]	6,70
A0A0A0MSU2	ELM2 and SANT domain-containing protein 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ELMSAN1 PE=1 SV=6 - [A0A0A0MSU2_HUMAN]	6,69
B4E231	cDNA FLJ50360, highly similar to Mus musculus trinucleotide repeat containing 6b (Tnrc6b), transcript variant 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E231_HUMAN]	6,68
M0QY12	A disintegrin and metalloproteinase with thrombospondin motifs 10 OS=Homo sapiens GN=ADAMTS10 PE=4 SV=1 - [M0QY12_HUMAN]	6,68
H0YEJ5	7-dehydrocholesterol reductase (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DHCR7 PE=1 SV=1 - [H0YEJ5_HUMAN]	6,68
E9PQ73	Protocadherin Fat 3 OS=Homo sapiens GN=FAT3 PE=1 SV=1 - [E9PQ73_HUMAN]	6,68
H0YAZ2	Exonuclease 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=EXO1 PE=1 SV=1 - [H0YAZ2_HUMAN]	6,67
Q7Z5Q5	DNA polymerase nu OS=Homo sapiens GN=POLN PE=1 SV=2 - [DPOLN_HUMAN]	6,67
M0R0V2	Deoxyhypusine synthase (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DHPS PE=1 SV=1 - [M0R0V2_HUMAN]	6,66
F8VZ81	TBC1 domain family member 30 OS=Homo sapiens GN=TBC1D30 PE=1 SV=1 - [F8VZ81_HUMAN]	6,66
A0A126LB39	DR1 OS=Homo sapiens GN=DR1 PE=4 SV=1 - [A0A126LB39_HUMAN]	6,66
B3KSB3	cDNA FLJ35912 fis, clone TESTI2010180, highly similar to TBC1 domain family member 10A OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KSB3_HUMAN]	6,65
B4DYD1	cDNA FLJ57231, moderately similar to Homo sapiens polyhomeotic like 3 (PHC3), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DYD1_HUMAN]	6,65
Q8TCH5	cDNA FLJ23893 fis, clone LNG14589 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8TCH5_HUMAN]	6,64
W6I206	Lysyl oxidase-like 2 delta e13 OS=Homo sapiens GN=LOXL2 PE=2 SV=1 - [W6I206_HUMAN]	6,63
A8K8Z0	cDNA FLJ78763 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K8Z0_HUMAN]	6,63
K7EQ21	CXXC finger 1 (PHD domain), isoform CRA_c OS=Homo sapiens GN=CXXC1 PE=1 SV=1 - [K7EQ21_HUMAN]	6,63
D3DTX7	Collagen, type I, alpha 1, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=COL1A1 PE=4 SV=1 - [D3DTX7_HUMAN]	6,62
Q86YY2	NCOR isoform d OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q86YY2_HUMAN]	6,62
Q86XZ4	Spermatogenesis-associated serine-rich protein 2 OS=Homo sapiens GN=SPATS2 PE=1 SV=1 - [SPAS2_HUMAN]	6,62
A0A1W2PPU9	Myosin phosphatase Rho-interacting protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MPRIIP PE=4 SV=1 - [A0A1W2PPU9_HUMAN]	6,62
Q0D2I5	Intermediate filament family orphan 1 OS=Homo sapiens GN=IFFO1 PE=2 SV=2 - [IFFO1_HUMAN]	6,61
A7MCY6	TANK-binding kinase 1-binding protein 1 OS=Homo sapiens GN=TBKBP1 PE=1 SV=1 - [TBKB1_HUMAN]	6,61
Q96EH3	Mitochondrial assembly of ribosomal large subunit protein 1 OS=Homo sapiens GN=MALSU1 PE=1 SV=1 - [MASU1_HUMAN]	6,61
B4DL51	cDNA FLJ60657, highly similar to Homo sapiens Smith-Magenis syndrome chromosome region, candidate 8 (SMCR8), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DL51_HUMAN]	6,60
Q8TD16	Protein bicaudal D homolog 2 OS=Homo sapiens GN=BICD2 PE=1 SV=1 - [BICD2_HUMAN]	6,60
Q86VR7	V-set and immunoglobulin domain-containing protein 10-like OS=Homo sapiens GN=VSIG10L PE=2 SV=2 - [VS10L_HUMAN]	6,59
B3KNZ5	cDNA FLJ30812 fis, clone FEBRA2001492, highly similar to Mus musculus pecanex-like 2 (Drosophila) (Pcnx12), transcript variant 2, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KNZ5_HUMAN]	6,59
X2J4X7	Kallikrein 7 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=KLK7 PE=2 SV=1 - [X2J4X7_HUMAN]	6,58
A0A087X143	XK-related protein OS=Homo sapiens GN=XKR5 PE=3 SV=1 - [A0A087X143_HUMAN]	6,58
Q53FX1	Vascular endothelial growth factor D preproprotein variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q53FX1_HUMAN]	6,58
Q53F69	MUF1 protein variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q53F69_HUMAN]	6,58
B4DXS0	G kinase-anchoring protein 1 OS=Homo sapiens GN=GKAP1 PE=1 SV=1 - [B4DXS0_HUMAN]	6,57
Q4LDE5	Sushi, von Willebrand factor type A, EGF and pentraxin domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=SVEP1 PE=1 SV=3 - [SVEP1_HUMAN]	6,57
B4DEF2	cDNA FLJ59851, highly similar to DNA methyltransferase 1-associated protein 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DEF2_HUMAN]	6,57
Q5SRE5	Nucleoporin NUP188 homolog OS=Homo sapiens GN=NUP188 PE=1 SV=1 - [NU188_HUMAN]	6,56
D3DQ09	GC-rich promoter binding protein 1-like 1, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=GPBP1L1 PE=4 SV=1 - [D3DQ09_HUMAN]	6,56
Q9C0B6	BMP/retinoic acid-inducible neural-specific protein 2 OS=Homo sapiens GN=BRINP2 PE=2 SV=2 - [BRNP2_HUMAN]	6,56
B4E253	cDNA FLJ54410, highly similar to Ubiquitously transcribed X chromosometetratricopeptide repeat protein (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E253_HUMAN]	6,55
X5D2B6	Benzodiazepine receptor peripheral-associated protein 1 isoform J (Fragment) OS=Homo sapiens GN=BZRAP1 PE=2 SV=1 - [X5D2B6_HUMAN]	6,54
A8K9S3	Coronin OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K9S3_HUMAN]	6,54
B7Z2Q3	cDNA FLJ56020, highly similar to Homo sapiens coiled-coil domain containing 14 (CCDC14), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z2Q3_HUMAN]	6,54
O75333	T-box transcription factor TBX10 OS=Homo sapiens GN=TBX10 PE=2 SV=2 - [TBX10_HUMAN]	6,53
J3KRL7	Period circadian protein homolog 1 OS=Homo sapiens GN=PER1 PE=1 SV=1 - [J3KRL7_HUMAN]	6,53
Q2KHM5	CENPJ protein OS=Homo sapiens GN=CENPJ PE=2 SV=1 - [Q2KHM5_HUMAN]	6,52
S4R3B4	Sterol regulatory element-binding protein 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SREBF1 PE=1 SV=1 - [S4R3B4_HUMAN]	6,52
A0A0G2JN42	Mucin-6 OS=Homo sapiens GN=MUC6 PE=1 SV=1 - [A0A0G2JN42_HUMAN]	6,52
B3KTM1	Malate dehydrogenase OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KTM1_HUMAN]	6,51
A6NM28	Zinc finger protein 92 homolog OS=Homo sapiens GN=ZFP92 PE=2 SV=3 - [ZFP92_HUMAN]	6,51
Q59GQ8	Promyelocytic leukemia protein isoform 8 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59GQ8_HUMAN]	6,51

Q14868	Effector cell protease receptor 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=EPR-1 PE=1 SV=1 - [Q14868_HUMAN]	6,50
H7BZ93	Histone-lysine N-methyltransferase SETD2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SETD2 PE=1 SV=1 - [H7BZ93_HUMAN]	6,50
A0A0F7NGI8	Leucine rich repeat (In FLII) interacting protein 1, isoform CRA_c OS=Homo sapiens GN=LRRFIP1 PE=2 SV=1 - [A0A0F7NGI8_HUMAN]	6,49
B4DUQ4	cDNA FLJ50231, weakly similar to N-acetylglucosamine-6-phosphatedeacetylase (EC 3.5.1.25) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DUQ4_HUMAN]	6,49
B5MDV5	KIAA1244 OS=Homo sapiens GN=KIAA1244 PE=2 SV=1 - [B5MDV5_HUMAN]	6,49
C9JPF8	MAP6 domain containing 1, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=MAP6D1 PE=1 SV=1 - [C9JPF8_HUMAN]	6,49
Q2KHR2	DNA-binding protein RFX7 OS=Homo sapiens GN=RFX7 PE=1 SV=1 - [RFX7_HUMAN]	6,49
E7EMD6	A-kinase anchor protein 10, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=AKAP10 PE=1 SV=3 - [E7EMD6_HUMAN]	6,49
B4DEQ8	cDNA FLJ60443, moderately similar to Protocadherin-8 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DEQ8_HUMAN]	6,48
Q6P3S6	F-box only protein 42 OS=Homo sapiens GN=FBXO42 PE=1 SV=1 - [FBX42_HUMAN]	6,48
Q8N8K9	Uncharacterized protein KIAA1958 OS=Homo sapiens GN=KIAA1958 PE=1 SV=1 - [K1958_HUMAN]	6,48
Q5T011	KICSTOR complex protein SZT2 OS=Homo sapiens GN=SZT2 PE=1 SV=3 - [SZT2_HUMAN]	6,47
B7Z7U2	cDNA FLJ50916, highly similar to Rho guanine nucleotide exchange factor 11 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z7U2_HUMAN]	6,47
Q9NX31	Oxidative stress-responsive serine-rich protein 1 OS=Homo sapiens GN=OSER1 PE=1 SV=2 - [OSER1_HUMAN]	6,46
B4DMC3	cDNA FLJ60302, highly similar to Neurocan core protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DMC3_HUMAN]	6,46
Q14421	Glycophorin Mz II-V (Fragment) OS=Homo sapiens GN=HGPMz PE=2 SV=1 - [Q14421_HUMAN]	6,45
H0Y7V8	Serine/threonine-protein kinase MRCK alpha (Fragment) OS=Homo sapiens GN=CDC42BPA PE=1 SV=1 - [H0Y7V8_HUMAN]	6,45
Q59EI7	Cytoplasmic nuclear factor of activated T-cells 3 isoform 4 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q59EI7_HUMAN]	6,44
F5GZB8	Synaptotagmin-10 OS=Homo sapiens GN=SYT10 PE=1 SV=1 - [F5GZB8_HUMAN]	6,43
Q0VDD8	Dynein heavy chain 14, axonemal OS=Homo sapiens GN=DNAH14 PE=2 SV=3 - [DYH14_HUMAN]	6,42
A0A087WTU9	Alstrom syndrome protein 1 OS=Homo sapiens GN=ALMS1 PE=1 SV=1 - [A0A087WTU9_HUMAN]	6,42
Q05CW4	WHSC1 protein OS=Homo sapiens GN=WHSC1 PE=2 SV=1 - [Q05CW4_HUMAN]	6,41
Q5VU65	Nuclear pore membrane glycoprotein 210-like OS=Homo sapiens GN=NUP210L PE=2 SV=1 - [P210L_HUMAN]	6,40
A0A0J9YW54	Ral GTPase-activating protein subunit beta (Fragment) OS=Homo sapiens GN=RALGAPB PE=1 SV=1 - [A0A0J9YW54_HUMAN]	6,40
C9JN15	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PPIG PE=1 SV=1 - [C9JN15_HUMAN]	6,40
O94986	Centrosomal protein of 152 kDa OS=Homo sapiens GN=CEP152 PE=1 SV=4 - [CE152_HUMAN]	6,39
Q86TL0	Cysteine protease ATG4D OS=Homo sapiens GN=ATG4D PE=1 SV=1 - [ATG4D_HUMAN]	6,39
H3BLW0	Homeodomain-interacting protein kinase 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=HIPK1 PE=1 SV=1 - [H3BLW0_HUMAN]	6,37
Q7LC53	Intrinsic factor-vitamin B12 receptor (Fragment) OS=Homo sapiens GN=CUBN PE=4 SV=1 - [Q7LC53_HUMAN]	6,37
B4E2H5	cDNA FLJ58741, highly similar to JmjC domain-containing histone demethylation protein 2A (EC 1.14.11.-) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E2H5_HUMAN]	6,37
A8MUU9	Putative uncharacterized protein ENSP00000383309 OS=Homo sapiens PE=5 SV=3 - [YV023_HUMAN]	6,37
B3KW40	cDNA FLJ42090, clone TESOP2001605, highly similar to Protein ZNF403 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KW40_HUMAN]	6,37
O60885	Bromodomain-containing protein 4 OS=Homo sapiens GN=BRD4 PE=1 SV=2 - [BRD4_HUMAN]	6,37
A0A075B784	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 36 OS=Homo sapiens GN=USP36 PE=1 SV=1 - [A0A075B784_HUMAN]	6,37
Q9C0B5	Palmitoyltransferase ZDHHC5 OS=Homo sapiens GN=ZDHHC5 PE=1 SV=2 - [ZDHHC5_HUMAN]	6,37
P28356	Homeobox protein Hox-D9 OS=Homo sapiens GN=HOXD9 PE=1 SV=5 - [HXD9_HUMAN]	6,37
A8K6L5	cDNA FLJ75063 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K6L5_HUMAN]	6,36
B3KVR9	HCG2004980, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=hCG_2004980 PE=2 SV=1 - [B3KVR9_HUMAN]	6,35
B2RAF9	Suppressor of tumorigenicity 14 protein homolog OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2RAF9_HUMAN]	6,35
A0A087WTP8	Arf-GAP with GTPase, ANK repeat and PH domain-containing protein 4 OS=Homo sapiens GN=AGAP4 PE=4 SV=1 - [A0A087WTP8_HUMAN]	6,35
Q9Y2H9	Microtubule-associated serine/threonine-protein kinase 1 OS=Homo sapiens GN=MAST1 PE=1 SV=2 - [MAST1_HUMAN]	6,34
P21941	Cartilage matrix protein OS=Homo sapiens GN=MATN1 PE=1 SV=1 - [MATN1_HUMAN]	6,34
F8VWH5	Amiloride-sensitive sodium channel subunit delta OS=Homo sapiens GN=SCNN1D PE=4 SV=1 - [F8VWH5_HUMAN]	6,34
P28908	Tumor necrosis factor receptor superfamily member 8 OS=Homo sapiens GN=TNFRSF8 PE=1 SV=1 - [TNR8_HUMAN]	6,34
K7EL96	Perilipin-3 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PLIN3 PE=1 SV=8 - [K7EL96_HUMAN]	6,34
Q9BYV9	Transcription regulator protein BACH2 OS=Homo sapiens GN=BACH2 PE=1 SV=1 - [BACH2_HUMAN]	6,33
P15863	Paired box protein Pax-1 OS=Homo sapiens GN=PAX1 PE=1 SV=4 - [PAX1_HUMAN]	6,33
B7Z6V3	cDNA FLJ51331, highly similar to WD repeat protein 81 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z6V3_HUMAN]	6,33
A7E2D9	PCDH9 protein OS=Homo sapiens GN=PCDH9 PE=2 SV=1 - [A7E2D9_HUMAN]	6,33
Q6ZRV0	cDNA FLJ46074, clone TESTI2001915, highly similar to Homo sapiens actin filament associated protein (AFAP) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q6ZRV0_HUMAN]	6,33
Q05CY8	OXR1 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=OXR1 PE=2 SV=1 - [Q05CY8_HUMAN]	6,32
Q5T6X5	G-protein coupled receptor family C group 6 member A OS=Homo sapiens GN=GPRC6A PE=1 SV=1 - [GPC6A_HUMAN]	6,32
Q8N6G6	ADAMTS-like protein 1 OS=Homo sapiens GN=ADAMTSL1 PE=1 SV=4 - [ATL1_HUMAN]	6,32
Q8N7U0	cDNA FLJ40345, clone TESTI2033031 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q8N7U0_HUMAN]	6,32
B2R7X3	cDNA, FLJ93645, highly similar to Homo sapiens chromatin assembly factor 1, subunit B (p60) (CHAF1B), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2R7X3_HUMAN]	6,31
Q8TDW0	Volume-regulated anion channel subunit LRRC8C OS=Homo sapiens GN=LRRC8C PE=1 SV=2 - [LRC8C_HUMAN]	6,31
Q8N1G1	RNA exonuclease 1 homolog OS=Homo sapiens GN=REXO1 PE=1 SV=3 - [REXO1_HUMAN]	6,31
A0A087WXA3	Serine/arginine repetitive matrix protein 3 OS=Homo sapiens GN=SRRM3 PE=4 SV=1 - [A0A087WXA3_HUMAN]	6,30
A0A0A0MSP7	FERM and PDZ domain-containing protein 3 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=FRMPD3 PE=1 SV=1 - [A0A0A0MSP7_HUMAN]	6,30
Q12756	Kinesin-like protein KIF1A OS=Homo sapiens GN=KIF1A PE=1 SV=2 - [KIF1A_HUMAN]	6,30
B4E223	cDNA FLJ52075, moderately similar to Mus musculus SPT2, Suppressor of Ty, domain containing 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E223_HUMAN]	6,30
Q6PG49	TRDN protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=TRDN PE=2 SV=1 - [Q6PG49_HUMAN]	6,29

B3KPL5	cDNA FLJ31917 fis, clone NT2RP7004925, highly similar to Sprouty-related, EVH1 domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KPL5_HUMAN]	6,28
E9PIP6	Piwi-like protein 3 OS=Homo sapiens GN=PIWIL3 PE=1 SV=1 - [E9PIP6_HUMAN]	6,28
H0YBJ4	Matrilin-2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MATN2 PE=1 SV=1 - [H0YBJ4_HUMAN]	6,27
I3L0M2	N-sulphoglucosamine sulphohydrolase OS=Homo sapiens GN=SGSH PE=4 SV=1 - [I3L0M2_HUMAN]	6,27
Q9H659	cDNA: FLJ22584 fis, clone HSI02661 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q9H659_HUMAN]	6,27
Q15746	Myosin light chain kinase, smooth muscle OS=Homo sapiens GN=MYLK PE=1 SV=4 - [MYLK_HUMAN]	6,27
Q9NR09	Baculoviral IAP repeat-containing protein 6 OS=Homo sapiens GN=BIRC6 PE=1 SV=2 - [BIRC6_HUMAN]	6,26
A0A0A7C827	MHC class I antigen (Fragment) OS=Homo sapiens GN=HLA-C PE=3 SV=1 - [A0A0A7C827_HUMAN]	6,26
F5GWN9	Nucleolar protein 8 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=NOL8 PE=1 SV=1 - [F5GWN9_HUMAN]	6,26
Q9H6N8	cDNA: FLJ22032 fis, clone HEP08743 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q9H6N8_HUMAN]	6,24
O15079	Syntaphilin OS=Homo sapiens GN=SNPH PE=1 SV=2 - [SNPH_HUMAN]	6,24
A0A1B0GWE0	Dedicator of cytokinesis protein 7 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DOCK7 PE=1 SV=1 - [A0A1B0GWE0_HUMAN]	6,23
O15389	Sialic acid-binding Ig-like lectin 5 OS=Homo sapiens GN=SIGLEC5 PE=1 SV=1 - [SIGL5_HUMAN]	6,23
Q15262	Receptor-type tyrosine-protein phosphatase kappa OS=Homo sapiens GN=PTPRK PE=1 SV=2 - [PTPRK_HUMAN]	6,23
C9J5X1	Tyrosine-protein kinase receptor OS=Homo sapiens GN=IGF1R PE=1 SV=1 - [C9J5X1_HUMAN]	6,22
B4DS26	cDNA FLJ50636, highly similar to Transcription factor 8 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DS26_HUMAN]	6,20
A8K3L6	cDNA FLJ76119 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K3L6_HUMAN]	6,19
Q86VM9	Zinc finger CCH domain-containing protein 18 OS=Homo sapiens GN=ZC3H18 PE=1 SV=2 - [ZCH18_HUMAN]	6,17
H7C5H5	Metofusin-1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MFN1 PE=1 SV=1 - [H7C5H5_HUMAN]	6,13
Q96JH7	Deubiquitinating protein VCIPI35 OS=Homo sapiens GN=VCIPI1 PE=1 SV=2 - [VCIPI1_HUMAN]	6,13
P59510	A disintegrin and metalloproteinase with thrombospondin motifs 20 OS=Homo sapiens GN=ADAMTS20 PE=2 SV=2 - [ATS20_HUMAN]	6,12
B7Z5X9	cDNA FLJ55043, highly similar to PDZ domain-containing RING finger protein 3 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B7Z5X9_HUMAN]	6,12
F5H483	Sodium/potassium/calcium exchanger 1 OS=Homo sapiens GN=SLC24A1 PE=1 SV=1 - [F5H483_HUMAN]	6,12
B4DR97	cDNA FLJ61343, highly similar to SECIS-binding protein 2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DR97_HUMAN]	6,11
P09016	Homeobox protein Hox-D4 OS=Homo sapiens GN=HOXD4 PE=2 SV=3 - [HDX4_HUMAN]	6,11
A0A1B0GVM0	Brain-enriched guanylate kinase-associated protein OS=Homo sapiens GN=BEGAIN PE=1 SV=1 - [A0A1B0GVM0_HUMAN]	6,11
H7BZX1	Sorbin and SH3 domain-containing protein 2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SORBS2 PE=1 SV=1 - [H7BZX1_HUMAN]	6,11
B3KS48	cDNA FLJ35471 fis, clone SMINT2006708, highly similar to Homo sapiens ubiquitin specific peptidase 31 (USP31), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KS48_HUMAN]	6,10
Q6UXR5	PSVL6168 OS=Homo sapiens GN=UNQ6168 PE=2 SV=1 - [Q6UXR5_HUMAN]	6,08
H0Y8R4	Serine/threonine-protein kinase RIO2 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=RIOK2 PE=1 SV=1 - [H0Y8R4_HUMAN]	6,06
A0A087WTT8	Contactin-5 OS=Homo sapiens GN=CNTN5 PE=1 SV=1 - [A0A087WTT8_HUMAN]	6,06
Q8N6B4	Myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia/clathrin assembly protein fusion protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MLL/CALM fusion PE=2 SV=1 - [Q8N6B4_HUMAN]	6,01
Q9UKJ3	G patch domain-containing protein 8 OS=Homo sapiens GN=GPATCH8 PE=1 SV=2 - [GPTC8_HUMAN]	6,00
O95156	Neurexophilin-2 OS=Homo sapiens GN=NXPH2 PE=2 SV=2 - [NXPH2_HUMAN]	5,97
A8K2T2	cDNA FLJ75519 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K2T2_HUMAN]	5,96
Q6ZT90	cDNA FLJ44861 fis, clone BRALZ2008930 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q6ZT90_HUMAN]	5,95
Q96C74	Ropporin-1-like protein OS=Homo sapiens GN=ROPN1L PE=1 SV=2 - [ROP1L_HUMAN]	5,95
B4E3M8	cDNA FLJ52077, weakly similar to X-linked retinitis pigmentosa GTPase regulator-interacting protein 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E3M8_HUMAN]	5,95
Q7KZ41	Putative uncharacterized protein (Fragment) OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [Q7KZ41_HUMAN]	5,94
H0YNE5	Regulator of microtubule dynamics protein 3 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=RMDN3 PE=1 SV=1 - [H0YNE5_HUMAN]	5,92
Q9HBU2	Lim-homeobox transcription factor LHX3 OS=Homo sapiens GN=LHX3 PE=4 SV=1 - [Q9HBU2_HUMAN]	5,92
F5GX59	Zonadhesin OS=Homo sapiens GN=ZAN PE=4 SV=2 - [F5GX59_HUMAN]	5,92
Q6TCJ2	ATBT (Fragment) OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [Q6TCJ2_HUMAN]	5,91
G8JLP4	Meiosis regulator and mRNA stability factor 1 OS=Homo sapiens GN=MARF1 PE=1 SV=1 - [G8JLP4_HUMAN]	5,91
HCGRH05	HCG20001, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=KIAA1257 PE=1 SV=1 - [D6RH05_HUMAN]	5,90
Q7RTP6	[F-actin]-methionine sulfoxide oxidase MICAL3 OS=Homo sapiens GN=MICAL3 PE=1 SV=2 - [MICA3_HUMAN]	5,88
Q9P2P6	STAR-related lipid transfer protein 9 OS=Homo sapiens GN=STARD9 PE=1 SV=3 - [STAR9_HUMAN]	5,88
A0A024RAL3	Zinc finger, FYVE domain containing 16, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=ZFYVE16 PE=4 SV=1 - [A0A024RAL3_HUMAN]	5,87
A0A087WZ45	Mas-related G-protein-coupled receptor member X4 OS=Homo sapiens GN=MRGPRX4 PE=3 SV=1 - [A0A087WZ45_HUMAN]	5,87
Q8IX21	SMC5-SMC6 complex localization factor protein 2 OS=Homo sapiens GN=SLF2 PE=1 SV=2 - [SLF2_HUMAN]	5,87
A0M266	Shootin-1 OS=Homo sapiens GN=SHTN1 PE=1 SV=4 - [SHOT1_HUMAN]	5,86
B3KQT8	cDNA PSEC0172 fis, clone PLACE1011835, highly similar to Procollagen C-endopeptidase enhancer 2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KQT8_HUMAN]	5,85
Q9ULM3	YEATS domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=YEATS2 PE=1 SV=2 - [YETS2_HUMAN]	5,85
Q0ZCH4	Immunoglobulin heavy chain variable region (Fragment) OS=Homo sapiens PE=4 SV=1 - [Q0ZCH4_HUMAN]	5,82
Q9BZG5	Androgen receptor (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [Q9BZG5_HUMAN]	5,80
A0A125U0V1	MS-F1 heavy chain variable region (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A0A125U0V1_HUMAN]	5,80
A0A024R3H2	Sortilin-related receptor, L(DLR class) A repeats-containing, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=SORL1 PE=4 SV=1 - [A0A024R3H2_HUMAN]	5,79
Q9Y2C3	Beta-1,3-galactosyltransferase 5 OS=Homo sapiens GN=B3GALT5 PE=2 SV=1 - [B3GT5_HUMAN]	5,79
Q96N46	Tetratricopeptide repeat protein 14 OS=Homo sapiens GN=TTC14 PE=1 SV=1 - [TTC14_HUMAN]	5,79
D6R945	Tetratricopeptide repeat protein 29 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=TTC29 PE=1 SV=1 - [D6R945_HUMAN]	5,79
Q86TE2	Putative uncharacterized protein DKFZp451G231 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DKFZp451G231 PE=2 SV=2 - [Q86TE2_HUMAN]	5,79
Q5JV90	Putative uncharacterized protein DKFZp564P1772 OS=Homo sapiens GN=DKFZp564P1772 PE=2 SV=1 - [Q5JV90_HUMAN]	5,74
A0A087WXI2	IgGfC-binding protein OS=Homo sapiens GN=FCGBP PE=1 SV=1 - [A0A087WXI2_HUMAN]	5,74
D1KF47	Paired box protein 6 isoform c OS=Homo sapiens GN=PAX6 PE=2 SV=1 - [D1KF47_HUMAN]	5,73
Q4G0P3	Hydrocephalus-inducing protein homolog OS=Homo sapiens GN=HYDIN PE=1 SV=3 - [HYDIN_HUMAN]	5,72

B4DY29	cDNA FLJ53462, highly similar to Transcription intermediary factor 1-alpha OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DY29_HUMAN]	5,72
A0A0A0MSQ6	SH3 and multiple ankyrin repeat domains protein 2 OS=Homo sapiens GN=SHANK2 PE=1 SV=1 - [A0A0A0MSQ6_HUMAN]	5,71
P20929	Nebulin OS=Homo sapiens GN=NEB PE=1 SV=5 - [NEBU_HUMAN]	5,69
H7BXX9	Homeodomain-interacting protein kinase 2 OS=Homo sapiens GN=HIPK2 PE=1 SV=2 - [H7BXX9_HUMAN]	5,64
B3KM42	cDNA FLJ10219 fis, clone HEMBA1007018, highly similar to Cytoplasmic dynein 1 light intermediate chain 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B3KM42_HUMAN]	5,63
Q9NVS2	39S ribosomal protein S18a, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=MRPS18A PE=1 SV=1 - [RT18A_HUMAN]	5,61
Q460N5	Poly [ADP-ribose] polymerase 14 OS=Homo sapiens GN=PARP14 PE=1 SV=3 - [PAR14_HUMAN]	5,51
B4DNP0	Signal transducer and activator of transcription OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DNP0_HUMAN]	5,46
B4E1B2	cDNA FLJ53691, highly similar to Serotransferrin OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4E1B2_HUMAN]	5,40
Q9P2D1	Chromodomain-helicase-DNA-binding protein 7 OS=Homo sapiens GN=CHD7 PE=1 SV=3 - [CHD7_HUMAN]	5,38
Q727K6	Centromere protein V OS=Homo sapiens GN=CENPV PE=1 SV=1 - [CENPV_HUMAN]	5,26
Q14865	AT-rich interactive domain-containing protein 5B OS=Homo sapiens GN=ARID5B PE=1 SV=3 - [ARI5B_HUMAN]	5,25
Q96PE2	Rho guanine nucleotide exchange factor 17 OS=Homo sapiens GN=ARHGEF17 PE=1 SV=1 - [ARHGH_HUMAN]	5,17
A0A0A0MRP0	MAP7 domain-containing protein 3 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MAP7D3 PE=1 SV=1 - [A0A0A0MRP0_HUMAN]	5,16
H0Y6I6	F-box/LRR-repeat protein 18 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=FBXL18 PE=1 SV=1 - [H0Y6I6_HUMAN]	5,14
A8K8M7	cDNA FLJ76439, highly similar to Homo sapiens BTB (POZ) domain containing 10 (BTBD10), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [A8K8M7_HUMAN]	5,12
Q96PX1	RING finger protein 157 OS=Homo sapiens GN=RNF157 PE=1 SV=3 - [RN157_HUMAN]	5,10
B2R538	cDNA, FLJ92328 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2R538_HUMAN]	5,04
A0A087WYC8	Regulator of nonsense transcripts 3B OS=Homo sapiens GN=UPF3B PE=1 SV=1 - [A0A087WYC8_HUMAN]	5,03
P47985	Cytochrome b-c1 complex subunit Rieske, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=UQCRCF1 PE=1 SV=2 - [UCRI_HUMAN]	4,96
B4DG57	cDNA FLJ61230, highly similar to PHD finger protein 14 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DG57_HUMAN]	4,96
Q4LDX3	Tyrosine-protein kinase OS=Homo sapiens GN=JAK1 PE=2 SV=1 - [Q4LDX3_HUMAN]	4,74
B2RDB1	cDNA, FLJ96533, highly similar to Homo sapiens golgi coiled-coil 1 (GCC1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B2RDB1_HUMAN]	4,70
A0A075B7B7	GAS2-like protein 2 OS=Homo sapiens GN=GAS2L2 PE=1 SV=1 - [A0A075B7B7_HUMAN]	4,33
B4DI19	cDNA FLJ59524, highly similar to Cysteinyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.16) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1 - [B4DI19_HUMAN]	4,31
P0C1S8	Wee1-like protein kinase 2 OS=Homo sapiens GN=WEE2 PE=2 SV=2 - [WEE2_HUMAN]	4,30

Fonte: SEQUEST no Proteome Discoverer software 1.3 (Thermo Scientific, San Jose, CA, EUA) e MASCOT (Matrix Sciences)