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

Marina Minari Chioda

A oxidase alternativa causa alterações de massa corporal e metabolismo de lipídeos em *Drosophila melanogaster*

São José do Rio Preto
2023

Marina Minari Chioda

A oxidase alternativa causa alterações de massa corporal e metabolismo de lipídeos em *Drosophila melanogaster*

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

Financiadora: CAPES

Orientador: Prof. Dr. Marcos Túlio de Oliveira

São José do Rio Preto

2023

C539o

Chioda, Marina Minari

A oxidase alternativa causa alterações de massa corporal e metabolismo de lipídeos em Drosophila melanogaster / Marina Minari Chioda. -- São José do Rio Preto, 2023

206 p. : il., tabs.

Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista (Unesp), Instituto de Biociências Letras e Ciências Exatas, São José do Rio Preto

Orientador: Marcos Túlio de Oliveira

1. Mitocôndria. 2. Drosophila melanogaster. 3. Proteômica. 4. Oxidase Alternativa. 5. Restrição nutricional. I. Título.

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

Essa ficha não pode ser modificada.

Marina Minari Chioda

A oxidase alternativa causa alterações de massa corporal e metabolismo de lipídeos em *Drosophila melanogaster*

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

Financiadora: CAPES

Comissão Examinadora

Prof. Dr. Marcos Túlio de Oliveira
Unesp/Jaboticabal
Orientador

Prof. Dr. Daniel Guariz Pinheiro
Unesp/Jaboticabal

Prof. Dr. Marcos Roberto Chiaratti
Universidade Federal de São Carlos

Profa. Kênia Cardoso Bicego
Unesp/Jaboticabal

Prof. Dr. Alessandro de Mello Varani
Unesp/Jaboticabal

São José do Rio Preto

01 de setembro de 2023

À minha mãe, que sempre lutou e
enfrentou tudo por mim.

AGRADECIMENTOS

Em primeiro e mais alto lugar, ao dono de todas as coisas, ao Senhor da minha vida. Meu motivo de prosseguir e minha fonte inesgotável de força.

Aos meus pais, Ricardo (*in memoriam*) e Eliana, por sempre terem sido o melhor que conseguiram ser. Agradeço por me darem a vida e me ensinarem princípios e valores inegociáveis.

Ao Sérgio, por ser antes de tudo meu melhor amigo. Por me acolher, incentivar e ensinar sobre resistência e resiliência. Por nunca soltar a minha mão, por ser meu abrigo e me trazer a calmaria necessária para cada etapa.

Ao meu orientador, Prof. Dr. Marcos Túlio de Oliveira, pela nossa longa e incrível trajetória juntos. Por todo empenho na minha formação e pelas inúmeras oportunidades que me proporcionou.

Aos queridos André, Ana Paula e Geovana pela verdadeira amizade, suporte e alegria que me proporcionaram todos os dias. Vocês seguraram a minha mão e me deram fortes motivos para não desistir. Não havia a possibilidade de não nos encontrarmos nessa vida!

À Dra. Amanda C. Baldassi, pela amizade, cafés e ombro amigo. Por todo suporte e auxílio na análise dos dados de espectrometria de massas.

A Naiara, Andreia, Maria Clara e Ana Carolina que se tornaram abrigo, acolhimento e apoio. Vocês deixaram a jornada mais leve e possível.

Aos que são ou passaram pelo Laboratório de Biologia Mitocondrial. Cada um tem um lugar especial em meu coração. Agradeço por terem contribuído para o meu crescimento pessoal e profissional e por todos os bons momentos.

Ao Prof. Dr. Tiago Santana Balbuena, pela efetiva contribuição na obtenção dos dados de espectrometria de massas. Por ser sempre tão paciente e gentil.

Ao Depto. de Biotecnologia da FCAV – docentes, alunos e funcionários – por sempre me tratarem com tanto carinho. Pelas conversas, cafés e boas risadas.

Ao Ibilce pela oportunidade de concluir minha formação nesta instituição. Agradeço especialmente aos funcionários da seção de pós-graduação por serem sempre tão eficientes, solícitos e acima de tudo gentis.

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

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001, à qual agradeço.

RESUMO

A oxidase alternativa mitocondrial (AOX) catalisa reações químicas redox análogas àquelas catalisadas pelos complexos III e IV (CIII e CIV) da cadeia respiratória mitocondrial (CR), sem contribuir para a força próton-motriz necessária à síntese de ATP. Essa característica, atrelada à ausência natural dessa enzima em humanos, sugere que a expressão xenotópica da AOX pode ser uma opção terapêutica quando um desses complexos está comprometido, já que o fluxo de elétrons seria mantido, culminando na redução de oxigênio molecular. Quando testada em células humanas em cultura, *Drosophila melanogaster* e em camundongos, a expressão de AOX foi capaz de resgatar problemas relacionados a diversas disfunções mitocondriais. Entretanto, quando moscas expressando AOX se desenvolvem em uma dieta pobre em nutrientes, uma queda de aproximadamente 80% na taxa de emergência dos adultos é observada, indicando possíveis efeitos colaterais graves associados à expressão de AOX que precisam ser investigados. Neste trabalho, utilizamos a proteômica para investigar alterações moleculares associadas ao período logo antes da letalidade, na fase de pupa. Os dados sugerem uma elevação nos níveis das enzimas que participam do ciclo do ácido tricarboxílico, da β-oxidação e da degradação de corpos cetônicos, além de uma elevação em subunidades dos complexos que constituem a CR. Esses fatores indicam um aumento no metabolismo de lipídeos induzido por AOX que pode estar acarretando uma depleção exagerada das reservas lipídicas pupais. A massa corporal e a taxa de hidratação corpórea de larvas e pupas são severamente afetadas em indivíduos AOX cultivados em dieta pobre em nutrientes, mas a quantidade de gordura relativa se mantém constante, sugerindo que a síntese de impermeabilizantes corpóreos a partir dos lipídeos estocados durante a fase de larva não acontece eficientemente. Esse trabalho mostra que a compreensão detalhada dos mecanismos e alterações causadas pela AOX é fundamental para que essa enzima seja implementada de forma segura em futuras terapias gênicas.

Palavras-chave: Oxidase alternativa. Metabolismo de lipídeos. *Drosophila melanogaster.*

ABSTRACT

The alternative oxidase (AOX) is an enzyme that catalyzes redox reactions similarly to those catalyzed by the mitochondrial respiratory chain complexes III and IV, without contributing to the proton-motive force required for ATP synthesis. This characteristic, along with the natural absence of this enzyme in humans, suggests that xenotopic expression of AOX may be a therapeutic option when one of these complexes is compromised, since electron flow and O_2 reduction would still be maintained. When tested in human cells in culture, *Drosophila melanogaster* and mice, AOX expression was able to rescue diverse problems related to various mitochondrial dysfunction. However, when AOX-expressing flies developed in a low-nutrient diet (LN), a decrease of approximately 80% in adult emergence was observed, indicating a negative effect associated with AOX expression that need to be further investigated. Here, we used proteomics to probe the molecular alterations associated with the AOX-induced pupal lethality. The data suggest increased levels of tricarboxylic acid cycle, β-oxidation, and ketone body degradation enzymes, as well as of subunits of respiratory chain complexes. This indicates an increase in fatty acid catabolism and a general change in lipid metabolism when AOX is expressed, which may be causing a depletion in pupal lipid reserves. Larval and pupal body mass and body hydration rate were severely affected in AOX flies cultured on LN, but the relative amount of fat remained constant, suggesting that the conversion of stored lipids into body waterproofing molecules during the pupa stage does not occur efficiently. This study shows that a detailed understanding of the alterations caused by AOX is essential for this enzyme to be safely deployed in possible future gene therapies.

Keywords: Alternative oxidase. Lipid Metabolism. *Drosophila melanogaster.*

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1- O ciclo de vida de *D. melanogaster* 15

Figura 2 - Acoplamento de vias anabólicas e catabólicas 20

Figura 3 - O ciclo do TCA com todos os intermediários, produtos metabólicos e enzimas 24

Figura 4 - As reações anapleróticas e catapleróticas dentro do ciclo do TCA 26

Figura 5 - Representação esquemática da cadeia respiratória mitocondrial 28

Figura 6 - Representação esquemática da cadeia respiratória mitocondrial na presença de vias alternativas 29

Figura 7 - Ilustração das amostras que foram processadas e injetadas no espectrômetro de massas para obtenção dos dados proteômicos 40

Figura 8 - Número de proteínas diferencialmente expressas identificadas para o extrato proteico total (EPT) e o extrato mitocondrial puro (EMP) 41

Figura 9 - Dados proteômicos sugerem uma tendência na diminuição da síntese proteica em pupas cultivadas em condição de restrição nutricional 43

Figura 10 - Expressão de AOX causa uma tendência de aumento nos níveis de proteínas mitocondriais 44

Figura 11 - Proteínas ribossomais estão diminuídas quando AOX é expressa em LN (interação) 45

Figura 12 - Resumo ilustrativo das vias mitocondriais alteradas por AOX em moscas em estágio de pré-farato da fase de pupa 46

Figura 13 - A combinação entre moscas expressando AOX em dieta LN afeta a massa corporal, a quantidade de gordura relativa e a hidratação de pupas 49

Figura 14 - Representação esquemática da cadeia respiratória mitocondrial com vias paralelas para o de fluxo de elétrons na presença de AOX 53

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO 10
2 OBJETIVO GERAL 12
2.1 Objetivo específico 12
3 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA 13
3.1 *Drosophila melanogaster* como modelo biológico 13
3.2 Desenvolvimento de *Drosophila melanogaster* 14
3.3 Ferramentas moleculares para manipulação genética em *D. melanogaster* 16
3.4 Metabolismo energético 18
3.5 Mitocôndrias 20
3.5.1 Dinâmica mitocondrial 21
3.5.2 Ciclo do Ácido Tricarboxílico 23
3.5.3 Cadeia respiratória 26
3.5.4 Enzimas alternativas 28
3.5.5 Doenças mitocondriais 29
3.6 Expressão xenotópica de AOX em modelos biológicos 30
3.7 Metabolismo de lipídeos em *Drosophila melanogaster* 31
4 MATERIAIS E MÉTODOS 34
4.1 Linhagens Utilizadas 34
4.2 Dietas 34
4.3 Obtenção e Processamento dos Extratos Proteicos 34
4.4 Digestão de proteínas *in gel* e análise por espectrometria de massas 36
4.5 Identificação e quantificação da abundância relativa de proteínas 37
4.6 Quantificação da Massa Corporal e Gordura Relativa 38
5 RESULTADOS 39
5.1 Proteômica indica alterações no metabolismo de lipídeos induzidas pela AOX 39
5.2 Expressão da AOX associada à dieta LN leva a diferenças de massa corporal e quantidade relativa de lipídeos durante o desenvolvimento de drosófila 47
6 CONSIDERAÇÕES FINAIS 51
REFERÊNCIAS 57
APÊNDICE A – Tabela suplementar 1 64
APÊNDICE B - Tabela suplementar 2 191

1 INTRODUÇÃO

As mitocôndrias são organelas que desempenham papéis importantes nas células eucarióticas (NUNNARI; SUOMALAINEN, 2012). Os processos realizados nessa organela são de extrema relevância, no entanto, a produção de trifosfato de adenosina (ATP) via fosforilação oxidativa (OXPHOS) possui um papel central. A OXPHOS ocorre na cadeia respiratória mitocondrial (CR) que é composta por cinco complexos (CI-CIV e ATP sintase) proteicos integrais de membrana localizadas na membrana interna da mitocôndria (MIM) (GUO et al., 2018). Disfunções nesses complexos podem levar à deficiência na produção de ATP, além de formação excessiva de espécies reativas de oxigênio (EROs), fatores que estão intimamente relacionados a uma grande quantidade de doenças (MUNNICH; RUSTIN, 2001).

Grande parte dos eucariotos, incluindo os animais, possuem enzimas que fornecem vias alternativas à CR, no entanto, vertebrados e insetos não as têm (MCDONALD; GOSPODARYOV, 2019). Uma dessas vias é constituída pela oxidase alternativa (AOX), cuja utilização aparentemente só ocorre quando há comprometimentos da via clássica, que podem ser causados por diversos fatores, como elevado potencial de membrana, inibição da CR por toxinas ou problemas genéticos associados a alguns dos complexos (DOGAN et al., 2018; KEMPPAINEN et al., 2014). Devido à AOX possuir a função de química redox semelhante aos CIII e CIV, foi postulado que sua expressão xenotópica em células humanas com deficiências nesses complexos, incluindo células de pacientes humanos com doenças mitocondriais, poderia aliviar os efeitos negativos dessas deficiências (DASSA et al., 2009; HAKKAART et al., 2006; RUSTIN; JACOBS, 2009). Com isso, testes foram feitos expressando AOX em mitocôndrias de *Drosophila melanogaster*, camundongos e células humanas em cultura, que naturalmente não possuem essa enzima. Os resultados mostraram que AOX confere resistência à antimicina A e a cianeto, inibidores de CIII e CIV, além de aliviar sintomas associados a problemas neurodegenerativos, de locomoção, entre outros (FERNANDEZ-AYALA et al., 2009). Apesar de AOX se mostrar promissora e apresentar efeitos positivos quando expressa xenotopicamente em modelos biológicos, quando moscas expressando AOX ubiquamente em altos níveis foram submetidas a uma dieta restrita em nutrientes (LN), estas apresentaram queda de cerca de 80% na taxa de emergência dos adultos (SAARI et al., 2019a). Nenhuma suplementação feita em dieta LN com compostos

simples testados isoladamente ou em combinação, tais como açúcares, vitaminas, minerais e uma quantidade extra de extrato de levedura foram capazes de resgatar o fenótipo de letalidade (SAARI et al., 2019b). Entretanto, o melaço de cana, gérmen de trigo, farinha de soja e farinha de milho foram capazes de resgatar este fenótipo quando adicionados à dieta LN. A análise do metaboloma da fração aquosa do melaço identificou uma grande quantidade de intermediários do ciclo do ácido tricarboxílico (TCA), entre outras moléculas (SAARI et al., 2019b). Isso sugere que a atuação da AOX no metabolismo desses indivíduos é complexa e, portanto, uma investigação detalhada a nível molecular é indispensável para a compreensão da resposta metabólica de moscas AOX frente a condições de restrição nutricional. É neste contexto que o trabalho apresentado nesta tese se insere.

2 OBJETIVO GERAL

Neste trabalho, objetivamos entender as mudanças moleculares que ocorrem durante a fase de pupa de moscas AOX cultivadas em dieta LN, visando esclarecer quais as possíveis causas da letalidade.

2.1 Objetivo específico

Avaliar de forma qualitativa e quantitativa as alterações no proteoma de moscas AOX, para levantar hipóteses sobre quais vias metabólicas estão modificadas, resultando no fenótipo de letalidade.

3 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

3.1 *Drosophila melanogaster* como modelo biológico

Drosophila melanogaster são pequenas moscas da ordem Diptera da família Drosophilideae, popularmente conhecidas como mosca-da-fruta. Essas moscas são utilizadas há mais de um século como modelo para estudos genéticos relacionados ao desenvolvimento de tecidos, órgãos e comportamento (HALES et al., 2015). A importância desse modelo biológico é tão sólida que, por seis vezes, o Prêmio Nobel de Fisiologia ou Medicina foi concedido a 11 cientistas por suas descobertas utilizando *D. melanogaster* como organismo modelo. Em ordem cronológica, temos: 1933 - Thomas Hunt Morgan, teoria cromossômica da hereditariedade; 1946 - Hermann Joseph Muller, pela descoberta de mutações produzidas por irradiação de raios-X; 1995 - Edward Bok Lewis, Christiane Nüsslein-Volhard e Eric Francis Wieschaus, pela descoberta do controle genético no início do desenvolvimento embrionário; 2004 – Richard Axel e Linda Brown Buck, pela descoberta dos receptores de odor e a organização do sistema olfativo; 2011, Bruce Alan Beutler e Jules Alphonse Hoffmann, pela descoberta relacionada à ativação da imunidade inata. Mais recentemente, em 2017, Michael Rosbash, Michael Warren Young e Jeffrey Connor Hall ganharam o Prêmio Nobel de Fisiologia ou Medicina pela descoberta do mecanismo molecular de controle do ritmo circadiano (“The Nobel Prize in Physiology or Medicine 2017”, [s.d.]).

O sequenciamento completo do genoma de *D. melanogaster* nos anos 2000 proporcionou a construção de uma base de dados que, juntamente com o aprimoramento das técnicas de transgenia e manipulação genética, permitiram avanços consideráveis nos conhecimentos gerados nas áreas de biologia molecular e celular, bioquímica, genética, fisiologia e evolução (FERNÁNDEZ-MORENO et al., 2007). Estima-se que 60% do conjunto de genes de *D. melanogaster* seja homólogo ao de humanos e que 75% dos genes reconhecidamente responsáveis por doenças humanas possuam homólogos em moscas (MIRZOYAN et al., 2019). Além disso, possui ortólogos de grande parte dos genes de mamíferos que codificam proteínas mitocondriais (FERNÁNDEZ-MORENO et al., 2007). De maneira geral, as drosófilas são utilizadas de três principais maneiras como organismo modelo para estudos de doenças humanas, sendo: 1- Genética reversa, em que mutações são criadas em homólogos de genes humanos a fim de avaliar os fenótipos *in vivo*; 2- Genética direta, em que os fenótipos são previamente avaliados e então os genes responsáveis por

eles são isolados e estudados de diversas maneiras, seja por silenciamento, superexpressão ou diminuição do nível de expressão; 3- Estratégia de diagnóstico, que consiste no sequenciamento do exoma do paciente, e um novo gene candidato a causar doença é definido e então testado nas moscas com a finalidade de definir se esse gene realmente está envolvido na doença em questão (UGUR; CHEN; BELLEN, 2016).

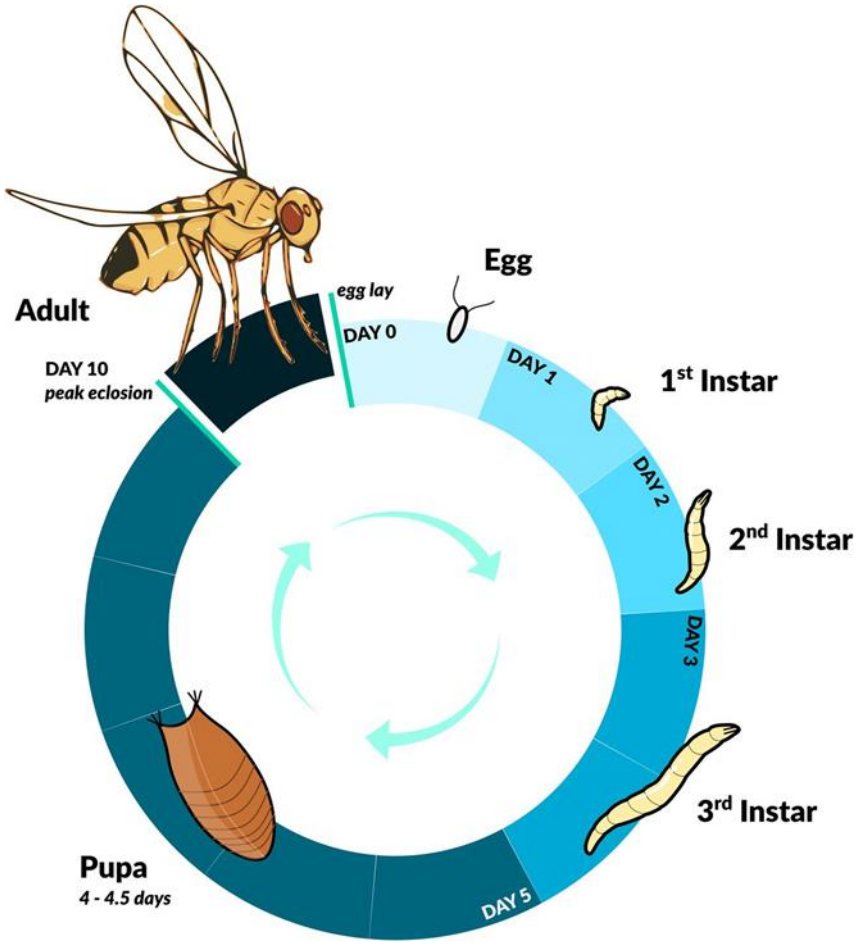
D. melanogaster também é um sistema modelo ideal para explorar os mecanismos de longevidade e envelhecimento. Isso se deve a várias características, como seu grande número de descendentes e ciclo de vida curto. Também é importante ressaltar que os mecanismos epigenéticos e as vias de sinalização são altamente conservados na evolução de *Drosophila*, fornecendo uma base sólida para investigações nesses processos. Com isso, existem diversas ferramentas disponíveis para modular a expressão gênica *in vivo*, ampliando as possibilidades de estudos e descobertas nesse modelo animal (OGIENKO et al., 2022). Além dessa gama de ferramentas, as drosófilas oferecem a vantagem de baixo custo de manutenção e fácil manipulação em laboratório, tornando-as um dos organismos modelo mais viáveis para compreender e desvendar mecanismos envolvidos em doenças humanas (UGUR; CHEN; BELLEN, 2016).

3.2 Desenvolvimento de *Drosophila melanogaster*

Trabalhar com drosófilas é relativamente fácil e não requer infraestrutura sofisticada ou técnicas especiais. As moscas são mantidas em frascos com dietas compostas basicamente por açúcares e levedura, mantidas em uma sala ou incubadora com temperatura regulada geralmente a 25ºC. Não apenas a facilidade na manutenção dos indivíduos, mas seu curto tempo de desenvolvimento é importante para estudos de gerações, mais difícil de ser realizado com humanos, por exemplo. Por tratar-se de um inseto holometábolo, as fases do desenvolvimento são divididas em ovo, larva, pupa e adulto (Figura 1). De ovo fertilizado até o indivíduo adulto, o tempo de desenvolvimento dura em torno de 10 dias quando cultivados a 25ºC. No entanto, a temperatura pode influenciar muito a velocidade desse processo, uma vez que quando cultivadas a 18°C o desenvolvimento de ovo fertilizado a adulto leva na faixa de 19 dias (HALES et al., 2015). O tempo máximo de vida pode variar de 60 a

80 dias dependendo da dieta, sendo um pouco maior para as fêmeas quando comparadas aos machos (FERNÁNDEZ-MORENO et al., 2007).

Figura 1 – O ciclo de vida de *D. melanogaster*. A 25°, o ciclo de desenvolvimento, desde o ovo fertilizado até a mosca adulta, passa por três estágios de larva e um estágio de pupa, e leva cerca de 10 dias. Crédito da Figura: Chloé Schmidt (Universidade de Manitoba)



Fonte: Reproduzido de FLATT, 2020 – Com permissão

Considerando o desenvolvimento em temperatura constante de 25ºC, após a fertilização, a embriogênese é concluída em um período de 24 horas, seguida por três estágios larvais conhecidos como primeiro, segundo e terceiro instar. Em cada transição de estágio, ocorre uma muda. Os dois primeiros instares têm uma duração média de 1 dia cada, enquanto o terceiro instar normalmente requer 2 dias. Desse modo, aproximadamente 5 dias após a fertilização, o desenvolvimento larval é concluído (HALES et al., 2015). Os animais passam por uma metamorfose dentro da

pupa, constituída de quitina, que se forma a partir da cutícula larval externa. Durante a metamorfose, o hormônio esteróide ecdisona e o hormônio juvenil desempenham papéis fundamentais. O primeiro, controlando as mudanças na expressão gênica que ocorrem, direcionando a transição de larva para mosca adulta; o segundo, atua no desenvolvimento e na reprodução, exercendo influência em múltiplos processos fisiológicos e regulando a expressão gênica em diversos tecidos. (FLATT, 2020; YAMANAKA; REWITZ; O'CONNOR, 2013). O animal permanece na pupa por um período de 4 a 5 dias, durante o qual a maioria dos tecidos larvais se decompõe, enquanto várias estruturas adultas se desenvolvem a partir de 19 discos imaginais presentes nas larvas. Os discos imaginais consistem em células progenitoras específicas do tecido que se formam durante os estágios embrionário e larval. Essas células desempenham um papel crucial, pois são responsáveis pelo desenvolvimento da maioria das estruturas adultas, como olhos, pernas e asas, durante os estágios de pupa. Durante a transição das larvas para os adultos, os indivíduos passam por uma reprogramação metabólica na direção oposta ao "efeito Warburg" observado em células cancerígenas. Inicialmente, elas possuem um metabolismo essencialmente glicolítico, o qual possui alta capacidade para gerar energia e intermediários orgânicos que sustentam o rápido crescimento e desenvolvimento da larva. Após a fase não alimentar do desenvolvimento, as moscas assumem um metabolismo eficiente em termos de energia, impulsionado pelo ciclo do ácido cítrico e pela OXPHOS (CHATTERJEE; PERRIMON, 2021). Moscas machos e fêmeas adultas, emergem da pupa e tornam-se sexualmente maduras em 8 a 12 horas, permitindo que o ciclo de vida se repita após a cópula (HALES et al., 2015).

3.3 Ferramentas moleculares para manipulação genética em *D. melanogaster*

Desde a descoberta dos elementos P na década de 1970, *D. melanogaster* tornou-se um sistema de destaque para compreender processos biológicos complexos a nível molecular, celular e sistêmico. Essa descoberta tornou possível a realização de transgenias, indução de deleções e estímulo de recombinação (BEUMER; CARROLL, 2014). Uma vez que se trata de uma transposição mediada pelo elemento P, a utilização desse método resulta em inserções aleatórias. No entanto, em certos contextos, essas inserções podem não ser relevantes. Por exemplo, quando é necessário estudar mutações, deleções ou reduções em genes

específicos, esse método pode não atender aos requisitos desejados. Com isso, estratégias mais recentes se basearam em promover quebras direcionadas em fita dupla (*double strand break* - DSB) para acionar a maquinaria de reparação do DNA e promover uma modificação precisa nas sequências genômicas de interesse. As DSBs direcionadas foram inicialmente geradas por nucleases programáveis, como *zinc finger nucleases* (ZFNs) ou *transcription activator-like effector nucleases* (TALENs) que atuam direcionando uma nuclease para um local designado ao passo que os mecanismos celulares entram em ação reparando a quebra e gerando uma mudança na sequência de DNA (BEUMER; CARROLL, 2014). Já a recombinação sítio-específica representa uma técnica avançada de engenharia genética que viabiliza a inserção precisa de um gene específico em um ponto designado do genoma de um organismo. Esse processo ocorre por meio da interação entre sequências de DNA denominadas attB e attP, as quais são reconhecidas pelas enzimas recombinases. Essas enzimas atuam como catalisadoras da troca de segmentos de DNA entre os sítios attB e attP, possibilitando a incorporação direcionada do gene desejado no genoma do organismo alvo, confererindo a capacidade de controlar a localização precisa da inserção (GROTH; CALOS, 2004).

Outra ferramenta é o sistema CRISPR-Cas9. Essa técnica permite direcionar uma enzima chamada Cas9 para um local específico do genoma por meio de um guia de RNA (gRNA). A Cas9 age como "tesoura molecular", cortando o DNA no local alvo, que pode ser reparado e introduzir mutações, resultando em modificações no gene. Embora não seja uma técnica de edição direta do DNA, o RNAi (RNA de interferência) se estabelece como uma ferramenta altamente relevante para modular a expressão gênica de maneira transitória e altamente específica. Essencialmente, essa ferramenta engloba pequenas moléculas de RNA, como os pequenos RNAs de interferência (siRNAs) ou microRNAs (miRNAs), que desempenham o papel crucial de silenciar a expressão de genes específicos. Através desse mecanismo, é possível não apenas investigar a função de genes individuais, mas também explorar as redes de regulação gênica e entender melhor os mecanismos subjacentes aos processos celulares e às vias metabólicas (BIER et al., 2018).

Não apenas mutações e deleções podem ser facilmente feitas em *Drosophila*. Nos anos 1990, houve a introdução dos sistemas de levedura FLP (flippase recombinase) - FRT (Flippase Recognition Target) e UAS/GAL4 que tornaram a

geração de clones mutantes e de perda de função simples e fácil. O sistema FLP-FRT faz com que os genes sejam modificados de forma controlada em tecidos específicos do organismo (GOLIC et al., 1997). Já o sistema UAS/GAL4 permite controlar a expressão de genes de forma precisa e temporária em tecidos específicos (BRAND; DORMAND, 1995). O sistema FLP-FRT é baseado em uma enzima recombinase (FLP) que reconhece sequências específicas de DNA chamadas FRT. O FLP é responsável por promover a recombinação entre duas sequências FRT (que contém sítios de reconhecimento para a enzima FLP), levando à excisão ou inversão de um segmento de DNA entre elas (GOLIC et al., 1997). O sistema UAS/GAL4 é baseado na combinação de uma sequência de DNA específica (*Upstream Activating Sequence*) que contém locais de ligação que são reconhecidos e ativados pela proteína GAL4. Esta é uma proteína de transcrição que atua como um ativador transcricional e é controlada por um promotor específico e, quando expressa em tecidos-alvo, se liga à sequência UAS e ativa a transcrição do gene adjacente, permitindo a expressão do gene de interesse (BRAND; DORMAND, 1995).

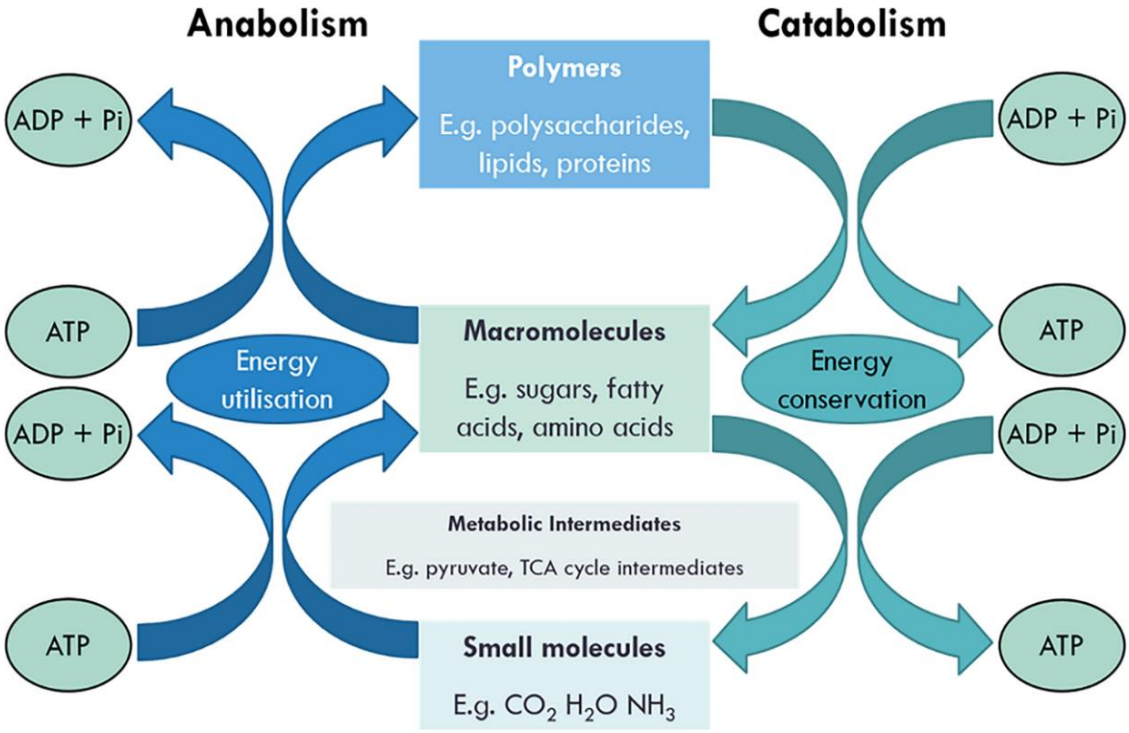
3.4 Metabolismo energético

As vias do metabolismo energético são reações químicas que ocorrem intracelularmente com a finalidade de fornecerem energia para o funcionamento celular que, na maioria das vezes, acontece a partir da ingestão de proteínas, carboidratos e lipídeos. No organismo, esses compostos orgânicos passam por processos de degradação assumindo a forma de aminoácidos, monossacarídeos e ácidos graxos, respectivamente. Desse modo, as vias metabólicas que ocorrem tanto no citosol quanto nas mitocôndrias, são organizadas de modo a otimizar a captação e o uso de energia (JUDGE; DODD, 2020).

De um modo geral, as vias metabólicas podem ser classificadas em anabólicas, que sintetizam moléculas complexas, e catabólicas, que degradam essas moléculas (JUDGE; DODD, 2020) (Figura 2). As vias anabólicas incluem a síntese de proteínas, essencial para o crescimento, desenvolvimento e reparo dos tecidos no organismo; a glicogênese, que armazena glicose como glicogênio; e a gliconeogênese, na qual precursores como lactato, piruvato, glicerol e alguns aminoácidos são convertidos em glicose, especialmente quando os níveis sanguíneos de glicose estão baixos. Além disso, outra via anabólica importante é a lipogênese, responsável por sintetizar lipídios

que funcionam como reserva de energia (JUDGE; DODD, 2020; LEHNINGER; NELSON; COX, 2013). No contexto do metabolismo energético, destacam-se as vias catabólicas, como a glicólise, a β-oxidação de ácidos graxos e as vias de oxidação de aminoácidos. Essas vias convergem na mitocôndria por meio da acetil-Coenzima A (acetil-CoA) que é gerada, dando início ao ciclo do ácido tricarboxílico (TCA), onde carreadores reduzidos serão produzidos levando à síntese de ATP (JUDGE; DODD, 2020; LEHNINGER; NELSON; COX, 2013). O equilíbrio refinado entre as vias anabólicas e catabólicas é essencial ao metabolismo celular para manter a homeostase e garantir o correto funcionamento das células e do organismo como um todo.

Figura 2 - Acoplamento de vias anabólicas e catabólicas



Fonte: Reproduzido de JUDGE; DODD, 2020

3.5 Mitocôndrias

As mitocôndrias são organelas citoplasmáticas multifuncionais ubíquas, com uma estrutura de dupla membrana, presentes no citoplasma de quase todas as células eucarióticas (CHEN; ZHOU; MIN, 2018). De acordo com a teoria da endossimbiose, as mitocôndrias resultam da relação de simbiose entre um ancestral procariótico de vida livre e uma célula hospedeira eucariótica, no início da evolução dos eucariotos (MCINERNEY; O'CONNELL; PISANI, 2014; MISHRA; CHAN, 2014). Por consequência, as mitocôndrias possuem algumas características de seu suposto ancestral, como seu próprio DNA. O DNA mitocondrial (DNAmt), que pode existir em uma ou mais moléculas por organela, codifica 13 proteínas: sete delas são subunidades do Complexo I, uma do Complexo III, três do Complexo IV e duas da ATP-sintase, além de RNAs ribossômicos e de transferência, necessários para a tradução de proteínas dentro da organela (MISHRA; CHAN, 2014). No entanto, as mitocôndrias estão sob o controle de dois genomas, uma vez que as maquinarias de replicação e transcrição que elas utilizam, as proteínas constituintes do ribossomo

mitocondrial, as outras ~90 subunidades da CR e as enzimas envolvidas em processos catabólicos e anabólicos são codificadas pelo DNA nuclear (DNAn) (GREAVES; TAYLOR, 2006). As duas membranas mitocondriais possuem funções, composições e permeabilidades distintas. A membrana externa é composta por 50% de lipídeos e 50% de proteínas, apresentando um grande número de porinas, o que a torna permeável a pequenas moléculas e íons (EL-HATTAB et al., 2018). Por outro lado, a membrana interna consiste em 80% de proteínas e apenas 20% de lipídeos, exibindo permeabilidade seletiva. As cristas mitocondriais são encontradas na membrana interna e surgem de invaginações na membrana, aumentando a superfície de contato. É na membrana interna que os complexos da CR estão situados, sendo o local onde ocorre a fosforilação oxidativa, processo responsável pela produção de ATP mitocondrial. Além disso, delimitado pela membrana interna está a matriz mitocondrial. É na matriz que ocorre o ciclo do ácido tricarboxílico, a geração de ATP e a síntese de componentes importantes para a célula.

3.5.1 Dinâmica mitocondrial

Embora as mitocôndrias sejam frequentemente consideradas como estruturas estáticas, elas são organelas surpreendentemente dinâmicas. Em muitas células, as mitocôndrias são altamente móveis e se movem pelo citosol através do transporte ao longo do citoesqueleto (CHAN, 2020). Quando mitocôndrias neuronais foram marcadas com fluorescência, foi possível observá-las se movendo a partir do corpo neuronal, ao longo do citoesqueleto do axônio e chegando à sinapse, onde a demanda de energia é elevada (JUDGE; DODD, 2020). Mitocôndrias individuais podem apresentar uma variedade de morfologias, como pequenas esferas, tubos curtos ou longos, ou tubos interconectados. Essas morfologias são controladas pelos processos de fusão e fissão. Por exemplo, tubos curtos podem se fundir para formar tubos longos, e os tubos podem se dividir por fissão em pequenas esferas, tudo isso dependendo da demanda energética e da saúde mitocondrial. Acredita-se que as mitocôndrias possam passar por constantes processos de fissão e fusão para reparar componentes danificados, permitindo a segregação de mitocôndrias danificadas por meio da fissão e a troca de materiais entre mitocôndrias saudáveis por meio da fusão (CHAN, 2020; JUDGE; DODD, 2020; NI; WILLIAMS; DING, 2015). Ao passo que os processos de fusão e fissão controlam a morfologia mitocondrial e promovem a troca de material entre mitocôndrias saudáveis e danificadas, a biogênese mitocondrial

aumenta coordenadamente a produção de proteínas mitocondriais, de DNA mitocondrial (mtDNA), entre outros componentes. Esse processo é estimulado por fatores como exercícios físicos, dieta, hormônios e estresse, e sua regulação envolve diversos elementos, incluindo PGC-1α, AMPK, mTOR, sirtuínas, NRF1, NRF2, NFE2L2 e receptores de estrogênio. Já a degradação mitocondrial pode ocorrer em várias escalas, incluindo a remoção de moléculas danificadas por proteases, lipases e maquinário de degradação de DNA.

A mitofagia é um processo que requer fissão mitocondrial, permitindo assim a remoção seletiva de mitocôndrias danificadas. Esse processo é mediado em parte pela quinase PINK1 e pela ubiquitina ligase Parkin, e pode ser induzido por estímulos como privação de nutrientes ou calorias e perda de potencial de membrana (MEYER; LEUTHNER; LUZ, 2017). Outro aspecto dinâmico dessa organela é a remoção seletiva das mitocôndrias disfuncionais, onde mitocôndrias danificadas podem formar esferoides mitocondriais e adquirir marcadores lisossomais, possivelmente atuando como uma via alternativa para a remoção de mitocôndrias danificadas, garantindo uma população mitocondrial saudável. Além disso, mitocôndrias danificadas podem ser envolvidas por autofagossomos para desencadear sua degradação no lisossomo através da mitofagia (CHAN, 2020; NI; WILLIAMS; DING, 2015). As mitocôndrias também possuem seu próprio sistema proteolítico, pelo qual proteínas mal dobradas que, potencialmente, podem perturbar a função mitocondrial são degradadas (NI; WILLIAMS; DING, 2015). Outro mecanismo de degradação ocorre em condições de estresse oxidativo. Uma porção das mitocôndrias pode se desprender formando as chamadas vesículas derivadas de mitocôndrias (MDV), que posteriormente se fundem aos lisossomos para degradar proteínas mitocondriais oxidadas dentro das MDVs (NI; WILLIAMS; DING, 2015).

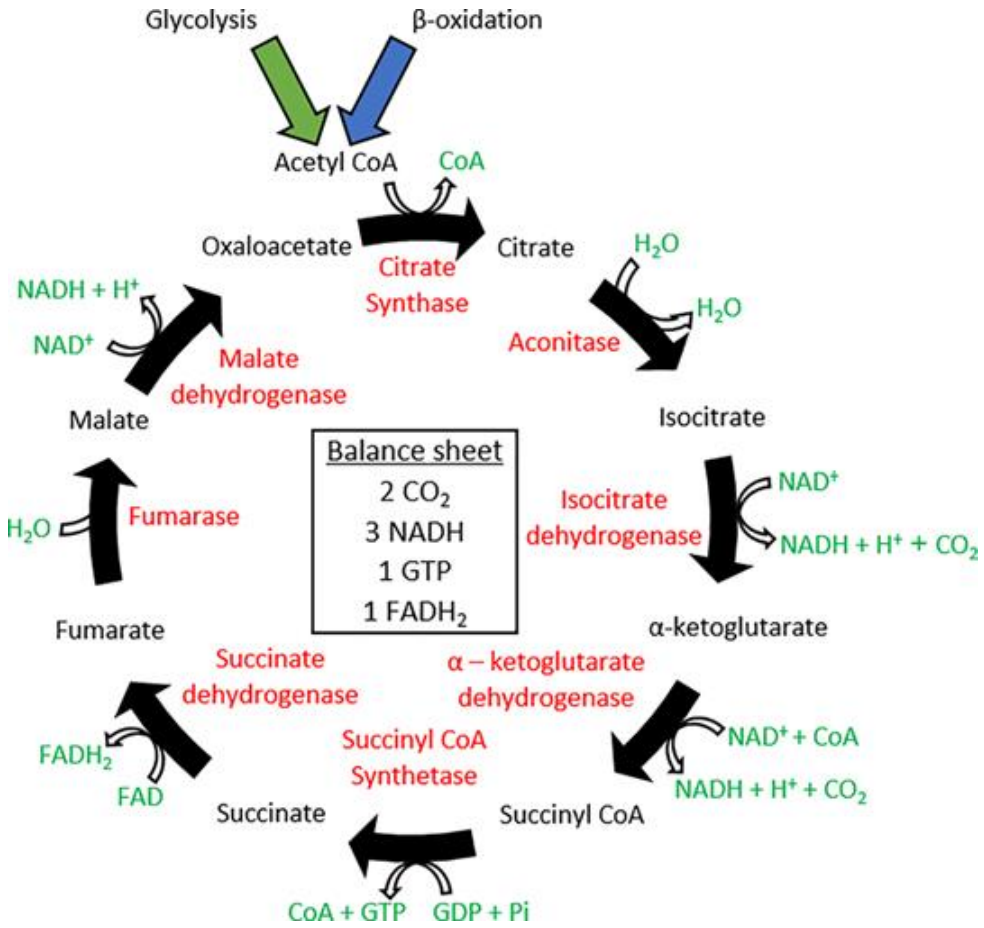
Além disso, a importância das mitocôndrias pode ser destacada por sua ampla interação com outras organelas dentro da célula. Uma das principais interações ocorre com o Retículo Endoplasmático (RE), permitindo a troca de cálcio entre as duas organelas, que é essencial para a regulação de várias vias metabólicas. Além disso, facilitam a síntese e o transporte de lipídios, sendo cruciais para a integridade e dinâmica de ambas as organelas (PFANNER; WARSCHEID; WIEDEMANN, 2019). A interação das mitocôndrias com o Complexo de Golgi é fundamental para garantir o fornecimento adequado de componentes celulares essenciais para a produção de

energia e outras atividades metabólicas, uma vez que possibilita o transporte de proteínas, lipídios e outras moléculas (FENTON; JONGENS; HOLZBAUR, 2021). Outra organela que interage com a mitocôndria são os peroxissomos. Essa interação é essencial para a coordenação dos processos metabólicos, como a beta-oxidação de ácidos graxos (FRANSEN; LISMONT; WALTON, 2017). Além dessas interações organelares específicas, a mitocôndria também se conecta ao núcleo celular. Apesar de ter seu próprio genoma circular, a maioria das proteínas mitocondriais é codificada pelo DNA nuclear. Para responder às mudanças na fisiologia celular, as mitocôndrias devem enviar sinais ao núcleo, que pode, por sua vez, regular a expressão gênica, alterando o metabolismo ou iniciando uma resposta ao estresse (WALKER; MORAES, 2022). Essas interações dinâmicas entre a mitocôndria e outras organelas são fundamentais para garantir a produção adequada de energia e a manutenção da homeostase celular.

3.5.2 Ciclo do Ácido Tricarboxílico

Também conhecido como ciclo de Krebs, o ciclo do ácido tricarboxílico (TCA) começa quando o acetil-CoA se combina com o oxalacetato para formar o citrato, reação catalisada pela enzima citrato sintase. Em seguida, o citrato é convertido em isocitrato pela enzima aconitase, que é seguida por uma reação de descarboxilação oxidativa. O isocitrato é transformado em α-cetoglutarato pela enzima isocitrato desidrogenase, liberando dióxido de carbono e gerando Dinucleotídeo de Adenina e Nicotinamida (NADH) como produto. O α-cetoglutarato é mais uma vez oxidado e descarboxilado para formar succinil-CoA pela enzima α-cetoglutarato desidrogenase. Essa reação também gera dióxido de carbono e NADH. Na sequência, o succinil-CoA é convertido em succinato, resultando na formação de GTP (que pode ser convertido em ATP) pela enzima succinil-CoA sintetase. O succinato é, então, oxidado se transformando em fumarato pela enzima succinato desidrogenase, gerando Dinucleotídeo de Adenina e Flavina ($FADH_2$) como produto. O fumarato é hidratado para formar malato pela enzima fumarase, e o malato é subsequentemente oxidado para regenerar o oxalacetato pela enzima malato desidrogenase, gerando mais NADH. Esse oxalacetato pode então combinar-se a outro acetil-CoA para reiniciar o ciclo e continuar produzindo NADH e $FADH_2$, que são essenciais para a OXPHOS, processo pelo qual grande parte do ATP é gerado (Figura 3) (JUDGE; DODD, 2020).

Figura 3 - O ciclo do TCA com todos os intermediários (em preto), produtos metabólicos (em verde) e enzimas (em vermelho). O ciclo do TCA forma moléculas de dióxido de carbono (CO_2), NADH, GTP e $FADH_2$.

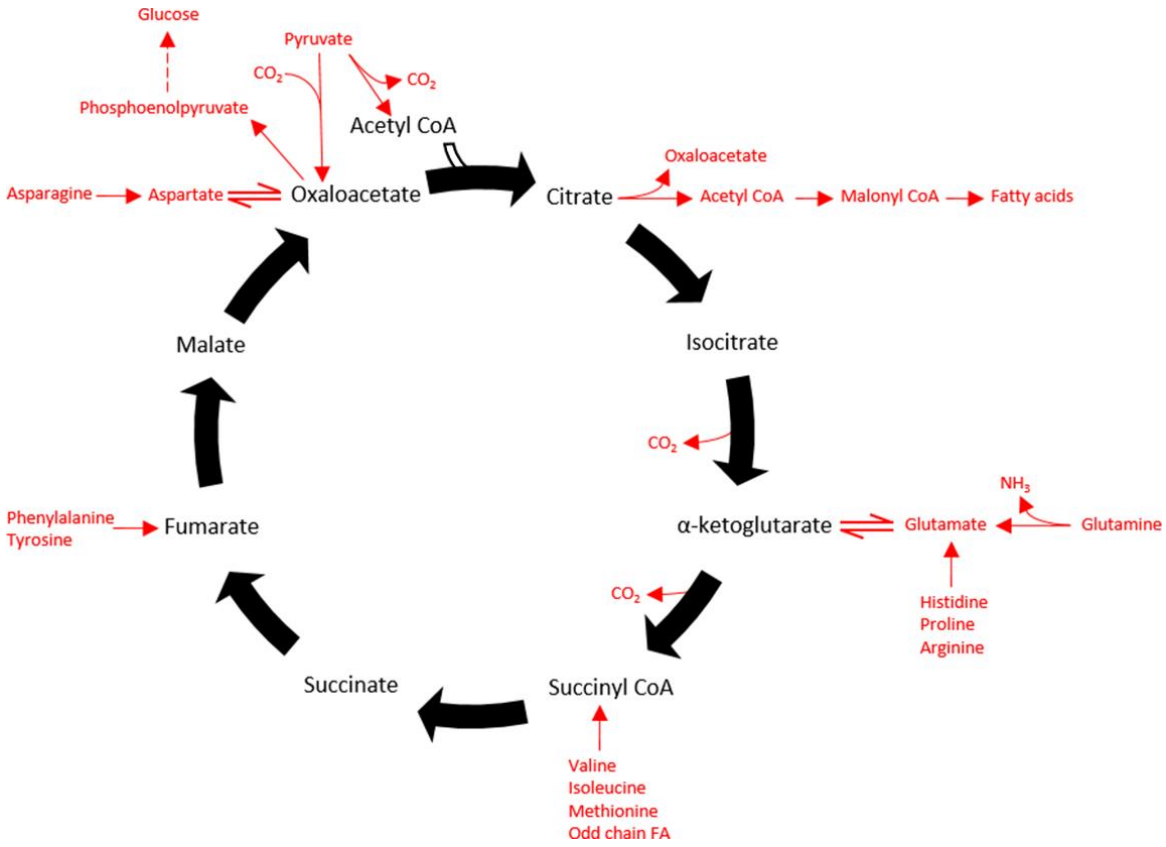


Fonte: Reproduzido de JUDGE; DODD, 2020

Em algumas situações fisiológicas, como em processos biossintéticos, intermediários do ciclo do TCA são desviados para a síntese de moléculas essenciais para o crescimento e a manutenção celular (Figura 4). Tal fator pode alterar o fluxo metabólico no ciclo, levando a uma diminuição dos intermediários e um possível comprometimento na eficiência da geração de energia. Devido a isso, reações anapleróticas são necessárias para manter os intermediários metabólicos no ciclo do TCA, garantindo que ele continue funcionando de forma contínua e eficiente. As reações anapleróticas mais importantes no ciclo de Krebs incluem a carboxilação do piruvato para formar oxalacetato, catalisada pela enzima piruvato carboxilase, e a

conversão de malato em oxalacetato pela malato desidrogenase (OWEN; KALHAN; HANSON, 2002). As reações cataplerótica tem um papel complementar as anapleróticas, pois ambas mantém o equilíbrio e a continuidade desse importante processo metabólico (Figura 4). Enzimas como a fosfoenolpiruvato carboxiquinase (PEPCK), aspartato aminotransferase e a glutamato desidrogenase tem como substrato um ânion do ciclo do TCA que é convertido em oxaloacetato que remove efetivamente os intermediários do ciclo. Em mamíferos, o papel da PEPCK na cataplerose é especialmente importante no fígado e nos rins para a gliconeogênese, uma vez que piruvato pode entrar no ciclo do TCA após ser carboxilado para oxalacetato via piruvato carboxilase (anaplerose) (OWEN; KALHAN; HANSON, 2002).

Figura 4 - As reações anapleróticas e catapleróticas dentro do ciclo do TCA. As principais reações são ilustradas aqui, incluindo a entrada de aminoácidos, formação e quebra de oxaloacetato e a ligação com a gliconeogênese.



Fonte: Reproduzido de JUDGE; DODD, 2020

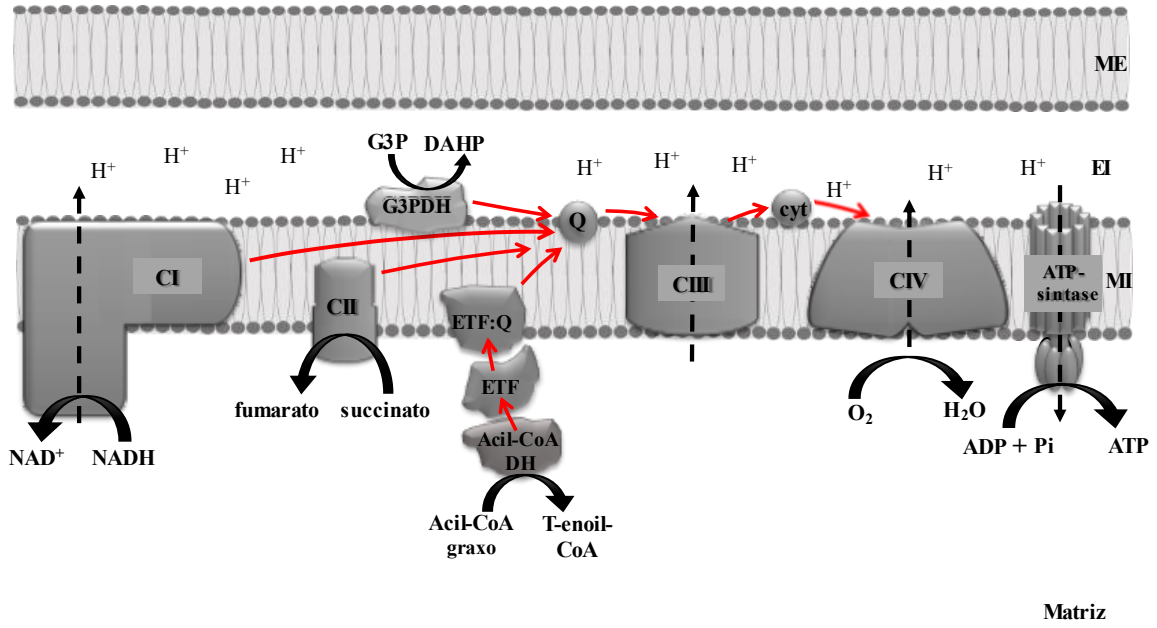
3.5.3 Cadeia respiratória

Além de sintetizarem ATP, fornecendo energia, as mitocôndrias desempenham papéis fundamentais nos organismos, tais como a manutenção da homeostase de cálcio, a síntese de esteroides, a regulação da termogênese, do ciclo celular, bem como uma participação ativa na apoptose e na resposta imune inata (CHEN; ZHOU; MIN, 2018; EL-KHOURY et al., 2014). A maior parte do ATP é gerado por meio do processo de Fosforilação Oxidativa (OXPHOS) e é direcionado ao suprimento energético do citoplasma e de outros compartimentos celulares. Esse ATP é transportado para fora das mitocôndrias pela ação da adenina nucleotídeo translocase (ANT), simultaneamente com a importação de ADP para o interior das mitocôndrias. É de suma importância destacar que o processo de produção de ATP dentro das

mitocôndrias está intrinsecamente vinculado à Cadeia Respiratória (CR), a qual é constituída por: Complexo I ou NADH desidrogenase (CI); Complexo II ou succinato desidrogenase (CII); Complexo III ou ubiquinol:citocromo c oxidoredutase (CIII); Complexo IV ou citocromo c oxidase (CIV); ATP-sintase (CV) além de várias desidrogenases (Dihidroorotato desidrogenase, Flavoproteína de transferência de elétrons:ubiquinona oxidoredutase, Glicerol 3-fosfato desidrogenase, Colina desidrogenase, Prolina desidrogenase, Sulfeto:quinona oxidoredutase) (KADENBACH, 2021; VERCELLINO; SAZANOV, 2022) (Figura 5). No entanto, foi observado que os componentes individuais da CR se organizam em supercomplexos (SC) com diversas proporções. Esses supercomplexos consistem em arranjos organizados de proteínas da CR e da ATP-sintase, otimizando a eficiência da geração de ATP (VERCELLINO; SAZANOV, 2022; ZHANG et al., 1999).

Para que a OXPHOS aconteça é necessário que os complexos trabalhem de maneira coordenada. Os elétrons que podem ser provenientes do ciclo do TCA ou de metabólitos em suas formas reduzidas chegam pelos carreadores NADH no CI e FADH no CII. Posteriormente, os elétrons são convergidos para moléculas de coenzima Q (CoQ) passando sequencialmente por CIII, citocromo c e CIV culminando na redução de O_2 em H_2O. Esses elétrons também serão substratos de desidrogenases que, até o que se sabe, não compõem a formação de SC. Um exemplo é a flavoproteína de transferência de elétrons: ubiquinona oxidoredutase (ETF:QO) que recebe elétrons provenientes principalmente da oxidação da ácidos graxos e reduz a CoQ, formando então a chamada via curta de transferência de elétrons (WATMOUGH; FRERMAN, 2010). À medida que os elétrons são transferidos através da CR, os prótons que estão na matriz mitocondrial são bombeados para o espaço intermembranas (EIM) via CI, CIII e CIV, formando assim o potencial eletroquímico que é dissipado à medida que os prótons retornam para a matriz pela ATP sintase, gerando uma força próton-motriz para a fosforilação do ADP em ATP (FRIGO et al., 2023; VISCOMI et al., 2023). Embora o CII e outras desidrogenases não bombeiem prótons, eles contribuirão para a redução da ubiquinona, que por sua vez reduzirá o CIII.

Figura 5 – Representação esquemática da cadeia respiratória mitocondrial. Setas vermelhas indicam a direção da transferência de elétrons. Setas pontilhadas indicam bombeamento de prótons para EI. CI-CIV, complexos I-IV; Q, coenzima Q; cyt, citocromo c; MI, membrana interna; EI, espaço intermembranar, ME, membrana externa.



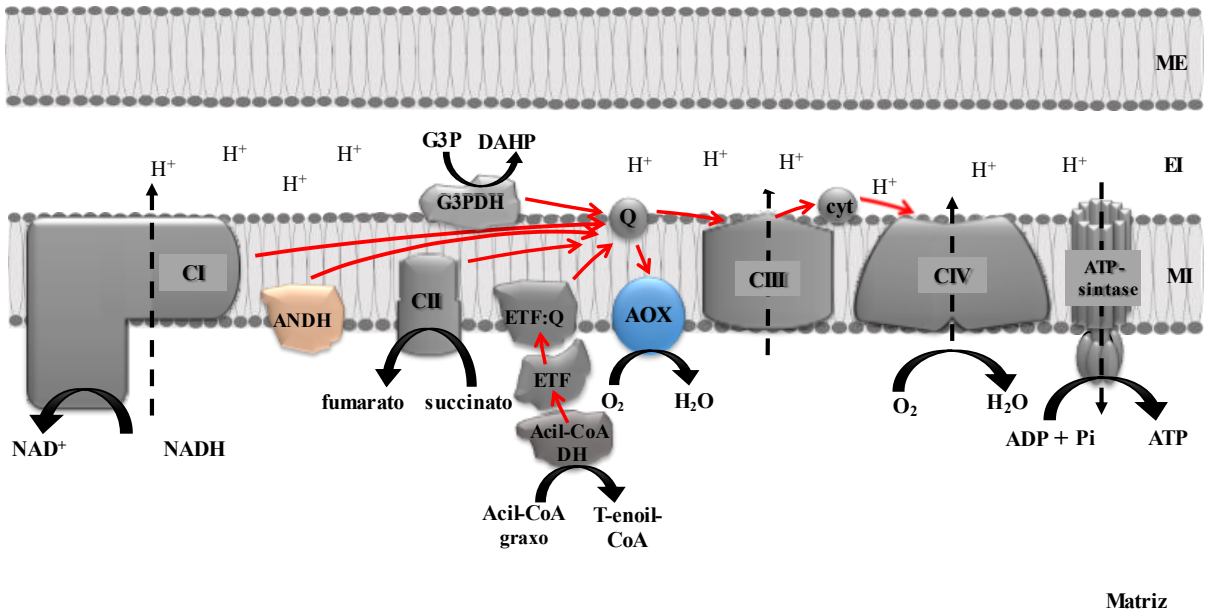
Fonte: Adaptado de CAMARGO et al., 2021

3.5.4 Enzimas alternativas

Enzimas alternativas da CR, como a oxidase alternativa (AOX) e a NADH desidrogenase alternativa (ANDH), são amplamente distribuídas entre diversos grupos de eucariotos, incluindo animais (MCDONALD; GOSPODARYOV, 2019). A AOX permite que elétrons da coenzima Q reduzida (CoQH) sejam transferidos diretamente para o O_2, fornecendo uma via alternativa para a redução do oxigênio (O_2) em água (H_2O). Essa enzima é resistente à antimicina A e cianeto, inibidores dos CIII e CIV, respectivamente. Já a ANDH recebe elétrons diretamente do NADH, transferindo-os para a ubiquinona, contornando então o CI (MCDONALD; GOSPODARYOV, 2019) (Figura 6). Ao que tudo indica, vias alternativas só são funcionais quando existem problemas na via clássica da CR. Esses problemas podem estar associados a um elevado potencial de membrana, problemas genéticos associados a alguns dos complexos ou até mesmo inibição da CR (DOGAN et al., 2018; KEMPPAINEN et al., 2014). A AOX, por exemplo, tem menor afinidade pela CoQH e supostamente só funciona em situações em que os CIII e/ou IV estejam comprometidos. Embora sejam amplamente distribuídas, as enzimas alternativas não

estão presentes em insetos e vertebrados, sugerindo que esses organismos perderam os genes codificantes de tais enzimas ao longo da evolução (KERSCHER, 2000; PENNISI et al., 2016).

Figura 6 – Representação esquemática da cadeia respiratória mitocondrial na presença de vias alternativas. Setas vermelhas indicam a direção da transferência de elétrons. Setas pontilhadas indicam bombeamento de prótons para EI. CI-CIV, complexos I-IV; ANDH, NADH desidrogenase alternativa; Q, coenzima Q; AOX, oxidase alternativa; cyt, citocromo c; MI, membrana interna; EI, espaço intermembranar, ME, membrana externa.



Fonte: Adaptado de CAMARGO et al., 2021

3.5.5 Doenças mitocondriais

As mitocôndrias, como abordado anteriormente, são peças-chave para o funcionamento adequado do metabolismo aeróbico e para o fornecimento de energia aos organismos eucarióticos. No entanto, deficiências mitocondriais podem causar danos graves a células, órgãos e indivíduos (MCFARLAND; TAYLOR; TURNBULL, 2007). Tal fator torna-se evidente em diversas síndromes humanas já bem caracterizadas, como a Síndrome de Leigh, MELAS (miopatia mitocondrial, encefalopatia, acidose láctica e episódios semelhantes a acidentes vasculares cerebrais), LHON (Neuropatia Óptica Hereditária de Leber), MERRF (Epilepsia Mioclônica com Fibras Vermelhas Irregulares), miopatias, fraqueza muscular, surdez, diabetes, entre outras (GREAVES; TAYLOR, 2006). Tais doenças são frequentemente

associadas a mutações nos genomas mitocondrial e/ou nuclear, pois os complexos da cadeia respiratória são formados por produtos de ambos os genomas. Assim, mutações relacionadas à cadeia respiratória podem resultar não só na baixa produção de ATP, mas também no aumento da geração de EROs, prejudicando principalmente tecidos altamente dependentes do metabolismo aeróbico, como os músculos e o sistema nervoso. Esse estresse oxidativo é observado em pacientes com doenças neurodegenerativas mais complexas, como a doença de Parkinson e o Alzheimer, que estão intimamente relacionadas ao mau funcionamento mitocondrial. Além das síndromes mitocondriais clássicas, as mitocôndrias têm sido amplamente investigadas no que diz respeito ao seu papel no desenvolvimento do câncer (MCFARLAND; TAYLOR; TURNBULL, 2007). Estudos indicam que tecidos cancerosos acumulam mutações no DNA mitocondrial, possivelmente relacionadas à transição dessas células para um metabolismo mais anaeróbico durante a perda da regulação do ciclo celular (CRUZ-BERMÚDEZ et al., 2017; KOPINSKI et al., 2021; MCFARLAND; TAYLOR; TURNBULL, 2007).

O estudo das mitocôndrias e sua relação com doenças e processos fisiológicos tem proporcionado avanços significativos no campo da biologia e da medicina. A compreensão desses mecanismos é fundamental para desenvolver abordagens terapêuticas mais eficazes, visando corrigir as deficiências mitocondriais e, assim, oferecer novas perspectivas de tratamento para uma variedade de doenças humanas.

3.6 Expressão xenotópica de AOX em modelos biológicos

Devido a capacidade de contornar os complexos CIII e CV, mantendo o fluxo de elétrons na CR, foi hipotetizado que a expressão da AOX em células humanas com deficiências nesses complexos, incluindo células de pacientes humanos com doenças mitocondriais, poderia aliviar os efeitos negativos dessas deficiências (DASSA et al., 2009; HAKKAART et al., 2006; RUSTIN; JACOBS, 2009). Testes foram conduzidos expressando AOX em mitocôndrias de *D. melanogaster*, camundongos e células humanas em cultura, que naturalmente não apresentam essa enzima. Os resultados demonstraram que a presença de AOX confere resistência aos inibidores de CIII e CIV, antimicina A e cianeto, respectivamente (FERNANDEZ-AYALA et al., 2009). Em camundongos, a AOX foi capaz de atenuar a perda de função pulmonar causada por exposição à fumaça de cigarro e, além disso, preservou a viabilidade de fibroblastos

embrionários e limitou a apoptose (GIORDANO et al., 2019). A AOX também reverteu fenótipos de indivíduos com deficiência no CIII, tais como a morte prematura e a atrofia tubular renal (RAJENDRAN et al., 2019). Em *D. melanogaster*, a expressão de AOX resgatou fenótipos deletérios comuns a linhagens com disfunções neurológicas e mitocondriais (DASSA et al., 2009; HUMPHREY et al., 2012; KEMPPAINEN et al., 2014; VARTIAINEN et al., 2014). Além disso, a AOX acelerou a recuperação da paralisia induzida pelo frio em adultos de *D. melanogaster* (SAARI et al., 2019a). Ainda em *D. melanogaster,* a AOX foi capaz de resgatar parcialmente fenótipos relacionados a um modelo de doença mitocondrial que possui uma mutação pontual no gene que codifica a isoforma da ANT (*sesB*) (VARTIAINEN et al., 2014). Todos esses fatores indicam fortemente o potencial que a AOX tem para uso terapêutico.

Apesar dos efeitos benéficos e promissores que a expressão da AOX proporcionou aos modelos citados, algumas limitações importantes têm sido apontadas. Em camundongos com miopatia grave causada por *knockout* da subunidade COX15 do CIV, quando a AOX foi expressa houve uma inesperada diminuição da longevidade e um agravamento significativo da doença (DOGAN et al., 2018). Em *D. melanogaster*, a AOX foi incapaz de resgatar defeitos causados por mutações na maquinaria de manutenção do DNA mitocondrial (mtDNA) (RODRIGUES et al., 2018). Ainda, quando machos expressando a AOX foram submetidos a testes de competição de esperma, AOX causou uma desvantagem substancial associada à diminuição da produção de espermatozoides maduros (SAARI et al., 2017). Em um outro estudo, moscas expressando AOX foram submetidas a uma dieta restrita em nutrientes (LN), resultando em uma queda de cerca de 80% na taxa de emergência de adultos (SAARI et al., 2019a). A dieta LN contém apenas 3,5% de extrato de levedura como fonte de nutrientes, ao passo que a dieta padrão (SD) possui uma composição mais complexa, incluindo 1,5% de sacarose, 3% de glicose, 1,5% de farinha de milho, 1% de germe de trigo, 1% de farinha de soja, 3% de melaço de cana e 3,5% de extrato de levedura.

3.7 Metabolismo de lipídeos em *Drosophila melanogaster*

Os lipídios possuem uma variedade de funções que vão desde o armazenamento de energia até a composição estrutural de membranas celulares. O metabolismo lipídico desempenha um papel crucial no desenvolvimento dos

organismos, uma vez que o armazenamento e a degradação de lipídeos estão intimamente envolvidos na produção de energia. Para manter um equilíbrio energético durante estágios de desenvolvimento em que não há alimentação ou em situações de estresse metabólico, plantas e animais evoluíram com a habilidade de armazenar um excesso de calorias, criando reservas de energia flexíveis que podem ser utilizadas conforme a necessidade (HEIER; KÜHNLEIN, 2018).

Os níveis de lipídios, mais especificamente triacilgliceróis (TAG), passam por mudanças dinâmicas em todas as fases do desenvolvimento de *Drosophila*. O acúmulo e o catabolismo das reservas de TAG desempenham papéis essenciais no sucesso da oogênese e da embriogênese, uma vez que as reservas maternas de TAG herdadas pelo embrião tendem a ser esgotadas durante essa fase. Durante o crescimento larval os animais passam por um acúmulo massivo das reservas de TAG. Desta forma, durante a fase de desenvolvimento larval, *D. melanogaster* armazena uma grande quantidade de TAG, que são estocados em um órgão chamado corpo gorduroso, que é equivalente ao tecido adiposo de mamíferos e desempenha algumas funções semelhantes às do fígado (KÜHNLEIN, 2012). Embora o corpo gorduroso tenha uma capacidade única de sintetizar e armazenar TAG, a maquinaria proteica para a síntese e armazenamento de TAG também é encontrada em muitos outros tecidos. Assim, o armazenamento de TAG foi observado no intestino médio, cérebro, oenócitos, discos imaginais, ovários e glândulas salivares. Este armazenamento ocorre por meio da deposição de ésteres lipídicos em estruturas globulares chamadas de gotículas lipídicas (*lipid droplets* - LDs). A organização das LDs, conservada ao longo da evolução, é caracterizada por um núcleo hidrofóbico de ésteres lipídicos de armazenamento (principalmente TAG e ésteres de esterol), envolto por uma camada única de fosfolipídios à qual as proteínas estão ancoradas (HEIER; KÜHNLEIN, 2018). Esse armazenamento é interrompido nas fases de metamorfose da pupa (HEIER; KÜHNLEIN, 2018). Nesse estágio não alimentar do desenvolvimento, os insetos mobilizam suas reservas de energia, e, para isso, lipases fazem hidrólise das ligações éster nos TAGs do corpo gorduroso gerando diacilglicerol (DAG) que é exportado para a hemolinfa e outros tecidos. Para além da função de estocagem de energia, durante o processo de autofagia, o corpo gorduroso é convertido em ácidos graxos de cadeia muito longa e hidrocarbonetos. Essas transformações não apenas contribuem para a reserva energética, mas também desempenham um papel crucial na sobrevivência do

organismo. Os ácidos graxos e hidrocarbonetos atuam como uma espécie de revestimento impermeável, conferindo ao animal uma barreira protetora que preserva a hidratação e sustenta a homeostase dos fluidos corporais. Adicionalmente, essa transformação metabólica estratégica garante a disponibilidade adequada de nutrientes, assegurando uma mobilização eficaz de recursos essenciais para a sobrevivência (STORELLI et al., 2019).

4 MATERIAIS E MÉTODOS

4.1 Linhagens Utilizadas

Para a obtenção de moscas expressando AOX de maneira ubíqua, fêmeas virgens transgênicas da linhagem *UAS-AOX^{F6}* (FERNANDEZ-AYALA et al., 2009), que possui o promotor *UAS* fundido ao gene codificador da AOX de *C. intestinalis*, foram cruzadas com machos da linhagem *daGAL4*. A linhagem *daGAL4* possui o ativador transcricional GAL4 de *Saccharomyces cerevisiae* que promove a transcrição ubíqua dos genes controlados pelo promotor *UAS*, constituindo assim o chamado sistema induzível *UAS/GAL4*. Para a obtenção de moscas controle, fêmeas virgens transgênicas da linhagem *UAS-AOX^{F6}* foram cruzadas com machos da linhagem *w^{1118}*, resultando em moscas que carregam o gene AOX, porém sem expressá-lo. Os cruzamentos foram montados com 20 fêmeas e 10 machos por tubo. Os tubos foram monitorados até que as fêmeas ovipositassem uma quantidade aproximada de 60 ovos. Os tubos foram mantidos à temperatura constante de 25ºC e fotoperíodo controlado (12/12h) durante todo período.

4.2 Dietas

A dieta SD foi composta por 1,5% de sacarose (p/v), 3% de glicose, 3,5% de extrato de levedura, 1,5% de farinha de milho, 1% de germe de trigo, 1% de farinha de soja, 3% de melaço, 1,0% de ágar bacteriológico, 0,1% de nipagin e 0,5% de ácido propiônico (v/v) (FERNANDEZ-AYALA et al., 2009). A dieta LN foi composta apenas por 3,5% de extrato de levedura (p/v), 1,0% de ágar bacteriológico, 0,1% de nipagin e 0,5% de ácido propiônico (v/v) (SAARI et al., 2019b).

4.3 Obtenção e Processamento dos Extratos Proteicos

Indivíduos no terceiro dia da fase de pupa foram coletados dos tubos de cultivo, lavados brevemente com água destilada e transferidos para um homogeneizador mecânico mantido no gelo. A homogeneização dos tecidos foi realizada com 1 ml de tampão de isolamento composto por 250 mM de sacarose, 5 mM de Tris-HCl, 2 mM EGTA e 2 mM DTT (pH ajustado a 7,4), seguido de centrifugação a 200 g_{max} por 1min a 4ºC. O sobrenadante foi transferido para um tubo novo no gelo e reservado. Foi então adicionado mais 1 ml de tampão de isolamento para ressuspensão do *pellet*

contendo exoesqueletos, células intactas e restos teciduais, seguido novamente por homogeneização e centrifugação. O sobrenadante obtido foi transferido para o mesmo tubo contendo o sobrenadante resultante da primeira centrifugação (Extrato Proteico Total, EPT) e o *pellet* foi descartado. Aproximadamente 20 µl do EPT foi guardado para análises posteriores e o restante foi centrifugado a 200 g_{max} por 3min. O sobrenadante (Extrato Pós-Núcleos, EPN) foi transferido para um novo tubo no gelo e o pellet contendo células intactas, núcleos e restos membranares foi descartado. O EPN foi centrifugado a 9000 g_{max} por 10min a 4ºC, seguido de descarte do sobrenadante contendo a fração solúvel do citoplasma. O *pellet* obtido foi ressuspendido em 1 ml de tampão de isolamento e centrifugado novamente a 9000 g_{max} por 10min a 4ºC. O sobrenadante foi descartado e o *pellet* contendo o Extrato Mitocondrial Cru (EMC) foi ressuspendido em 500 µl de tampão de isolamento, de onde uma alíquota de 10 µl foi retirada e guardada para análises posteriores. O EMC foi então colocado gentilmente em cima da solução menos concentrada de um gradiente de sacarose, sem se misturar. Esse gradiente foi formado de maneira que a solução mais concentrada de sacarose (1,5 M em 20 mM de HEPES-KOH, pH 7,5) fosse primeiramente colocada no fundo de tubos Polyallomer, seguido da solução menos concentrada de 1 M de sacarose (em 20 mM de HEPES-KOH, pH 7,5), sem que estas duas se misturassem. Os tubos foram centrifugados em uma ultracentrífuga BECKMAN® Optima LE-80K, usando rotor SW41Ti, a 180.000 g_{max} por 1h30min. Após a centrifugação, o Extrato Mitocondrial Puro (EMP) foi recuperado na interface das duas soluções de sacarose, lavado com tampão de isolamento e acondicionado em freezer -80ºC. Três diferentes extrações foram feitas para as moscas AOX e controle, cultivadas nas duas diferentes condições dietéticas. Os extratos foram quantificados pelo método de Bradford através do kit “Bio-Rad Protein Assay” (Bio Rad Laboratories), de acordo com as instruções do fabricante e utilizando a proteína BSA (Bovine Serum Albumin) como padrão.

Cinquenta µg de EMP e de EPT foram submetidos a separação por eletroforese em gel de poliacrilamida desnaturante (SDS-PAGE), composta por um gel de empilhamento na concentração a 4% e gel de separação a 10%. As amostras foram previamente desnaturadas com tampão de carregamento Laemmli 2X (65,8 mM Tris-HCl, pH 6,8; 2,1% SDS; 26,3% glicerol, 0,01% azul de bromofenol), seguido de aquecimento por 5min a 99°C. O gel foi submetido a uma corrente constante de 20

mA durante aproximadamente 37min e depois imerso em solução de coloração (0,08% Coomassie Colodial, 20% etanol, 1,6% ácido fosfórico, 8% sulfato de amônio) por 10min, seguido de lavagem com água para visualização das bandas proteicas.

4.4 Digestão de proteínas *in gel* e análise por espectrometria de massas

A digestão *in gel* das proteínas de EPT e EMP foi realizada segundo o protocolo de SHEVCHENKO et al. (2006) com algumas modificações. Após as proteínas terem sido separadas por eletroforese, os géis foram cortados e fragmentados com auxílio de um bisturi, e os fragmentos foram incubados à temperatura ambiente com 400 µl de solução de lavagem (100% Acetonitrila: 100mM Bicarbonato de amônio (AmBic) - 1:1, v/v) sob agitação suave. Após 1h, a solução foi removida e o procedimento foi repetido por mais três vezes, com a última incubação ocorrendo *overnight*. Os fragmentos dos géis foram então desidratados com duas lavagens consecutivas de 300 µl de acetonitrila por 1min. A reidratação dos fragmentos foi realizada com 300 µl de solução de redução (10 mM DTT em 100 mM AmBic) por 30min à 56ºC. Os fragmentos foram novamente desidratados com acetonitrila e reidratados com 300 µl de solução de alquilação (50 mM iodoacetamida em 100 mM AmBic) no escuro por 30min à temperatura ambiente. Os géis foram novamente desidratados e então reidratados em solução de digestão (10mM AmBic, 10% acetonitrila) seguido de incubação na geladeira por 1h. A digestão ocorreu *overnight* a 37°C com 5 µg da enzima tripsina (Trypsin Gold, Promega). Após esse período, 300 µl de solução de extração (5% ácido fórmico: 100% acetonitrila – 1:2, v/v) foram adicionados e os tubos contendo os fragmentos de gel foram agitados por 1h a temperatura ambiente. O sobrenadante foi transferido para um novo tubo e outros 300 µl de solução de extração foram adicionados aos géis. Após nova agitação por 1h, o sobrenadante foi retirado e misturado ao anterior no novo tubo. Os peptídeos foram completamente secos em centrifugação a vácuo (SpeedVac - Thermo Fischer Scientific), ressuspendidos em 200 µl de 0,1% ácido fórmico e filtrados em membrana de acetato de celulose Spin-X (Corning® Star®) a 4500 g_{max} por 7min. Os peptídeos foram então novamente secos e armazenados a -80ºC para análises posteriores.

Os peptídeos armazenados foram ressuspendidos em solução de 0,1% de ácido fórmico, filtrados em membrana Spin-X como descrito anteriormente e separados em sistema cromatográfico de alta performance (EASY-nLC1000 - Thermo

Fischer Scientific) por 125min utilizando uma coluna analítica de fase reversa C18 (Acclaim™PepMap™100, C18, 3 µm, 100 Å, 75 µm id × 15 cm) em gradiente crescente de acetonitrila (7 a 70%) a um fluxo de 400 nl/min. A ionização dos peptídeos ocorreu por electrospray (ESI), utilizando-se 3,5 kV de potencial aplicado diretamente na agulha de injeção do espectrômetro de massas (Q-Exactive, Thermo Fischer Scientific). O equipamento adquiriu os dados no modo dependente de dados (DDA) em um top 20, no qual os vinte íons peptídicos mais abundantes de cada varredura Full MS foram selecionados para fragmentação e aquisição de espectros do tipo MS/MS. A fragmentação dos peptídeos ocorreu por “high collision energy” (HCD) com tempo de exclusão dinâmica de 5s para os íons mais abundantes. Os espectros do tipo Full MS e MS/MS foram adquiridos com resolução de 70.000 e 17.500 “full width at half maximum”, respectivamente.

4.5 Identificação e quantificação da abundância relativa de proteínas

A identificação das proteínas foi realizada utilizando o programa PatternLab for Proteomics (CARVALHO et al., 2012) baseando-se nas sequências de proteínas de *D. melanogaster*, depositadas na plataforma Uniprot (https://www.uniprot.org/). A este banco de dados, foi adicionada manualmente a sequência predita da proteína AOX de *C. intestinalis*. Buscas contra o banco de dados foram realizadas pela ferramenta Comet (ENG; JAHAN; HOOPMANN, 2013) utilizando 20 ppm de tolerância para os íons precursores. Carbamidometilação da cisteína e oxidação da metionina foram consideradas como modificações estática e dinâmica, respectivamente. Os resultados obtidos (*peptide spectrum matches* - PSMs) foram filtrados utilizando a plataforma SePro (CARVALHO et al., 2012, 2016; TYANOVA et al., 2016) e ajustados a uma taxa de falsas descobertas (FDR) de 1% para proteínas, 3% para peptídeos e 5% para espectros. As proteínas que apresentaram peptídeos compartilhados foram agrupadas de acordo com o princípio da máxima parcimônia. O valor de abundância relativa de cada identificação foi registrado utilizando o *normalized spectral abundance factor* (NSAF) (PAOLETTI et al., 2006). Foi utilizada a média dos NSAF de três repetições biológicas para o cálculo final da abundância relativa das identificações.

A análise estatística para determinação de proteínas diferencialmente expressas ($p<0,05$) foi realizada através do *software* Perseus Maxquant (TYANOVA et al., 2016), utilizando os valores de NSAF de cada proteína identificada para a

realização de teste ANOVA multifatorial. Os fatores considerados foram dieta, expressão de AOX e a interação entre eles. As proteínas diferencialmente expressas foram *clusterizadas* utilizando a ferramenta DAVID v6.8 (HUANG; SHERMAN; LEMPICKI, 2009; SHERMAN et al., 2022). O *software* JAVA TreeView v1.1.6r4 (SALDANHA, 2004) foi utilizado para a construção dos *heatmaps*, utilizando os dados de agrupamento não supervisionado fornecidos pelo *software* Cluster 3.0 (DE HOON et al., 2004).

4.6 Quantificação da Massa Corporal e Gordura Relativa

Para mensurar a massa corporal, larvas L3 errantes e pupas em diferentes estágios do desenvolvimento foram coletadas aleatoriamente e agrupadas em conjuntos de vinte indivíduos. As pupas foram separadas por períodos após o início da pupação, conforme descrito nos Resultados. Os indivíduos coletados foram brevemente lavados com água deionizada e cuidadosamente secos em folhas Kimwipes®. As pupas tiveram a extremidade anterior removida com auxílio de uma tesoura de dissecção para total penetração do éter nos tecidos. Os indivíduos foram pesados em microtubos de 2,0 ml previamente pesados em balança de precisão ATX224 (Shimadzu Scientific Instruments) para obtenção da massa fresca. Os tubos foram colocados em banho seco a 65°C com as tampas abertas até que o peso dos indivíduos permanecesse constante (~5h) permitindo, desta forma, a obtenção do valor de massa seca. Os microtubos foram congelados a -20ºC até que as amostras seguissem para incubação com 2 ml de éter etílico por um total de 96h em temperatura ambiente. A cada 24h as amostras foram brevemente vortexadas, o éter removido e substituído por outros 2 ml de éter fresco. Ao final, as amostras foram secas a 65ºC por pelo menos 5h para a obtenção do valor de massa magra. As massas individuais foram calculadas dividindo o peso total por tubo por 20, e os valores finais foram obtidos pela média das massas individuais de ~10 tubos, obtidos em três experimentos independentes. As medidas do teor de gordura total e gordura relativa foram obtidas, respectivamente, subtraindo o peso da massa magra do peso da massa seca, e, dividindo o valor de gordura total pela massa seca. A análise estatística para determinar a diferença entre massa seca, massa fresca e gordura relativa foi feita através do *software* Jamovi (versão 2.3.21) (“jamovi - open statistical software for the desktop and cloud”, [s.d.]), utilizando uma ANOVA multifatorial com teste *a posteriori*

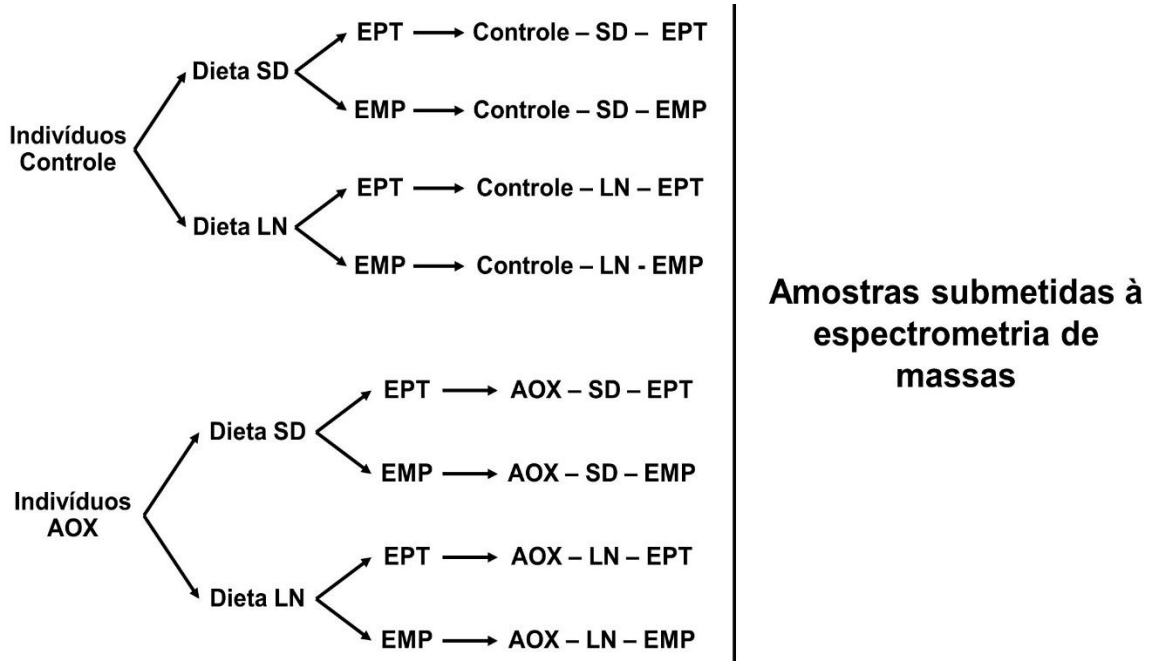
de Tukey ($p<0,05$). Os fatores considerados foram dieta, expressão de AOX e período de desenvolvimento.

5 RESULTADOS

5.1 Proteômica indica alterações no metabolismo de lipídeos induzidas pela AOX

Para investigar as possíveis alterações moleculares que levam à letalidade de moscas AOX cultivadas em dieta LN, propomos estudar a fase de pré-farato. Esta fase contempla os indivíduos no 3º dia do estágio de pupa, referidos a partir de então neste documento como 3P, que é o último período do desenvolvimento em que detectamos a maioria dos indivíduos ainda vivos, independentemente da expressão de AOX ou da dieta. Inicialmente, obtivemos um extrato proteico total (EPT) e um extrato de mitocôndrias purificadas com gradiente de sacarose (EMP) de indivíduos 3P controles que não expressam AOX (prole de *UAS-AOX*^{F6} X *w*^{1118}) e de indivíduos que expressam AOX ubiquamente (prole de *UAS-AOX*^{F6} X *daGAL4*), cultivados em dieta SD ou LN. As amostras foram processadas e submetidas à aquisição de dados peptídicos por espectrometria de massas separadamente, conforme mostrado na Figura 7.

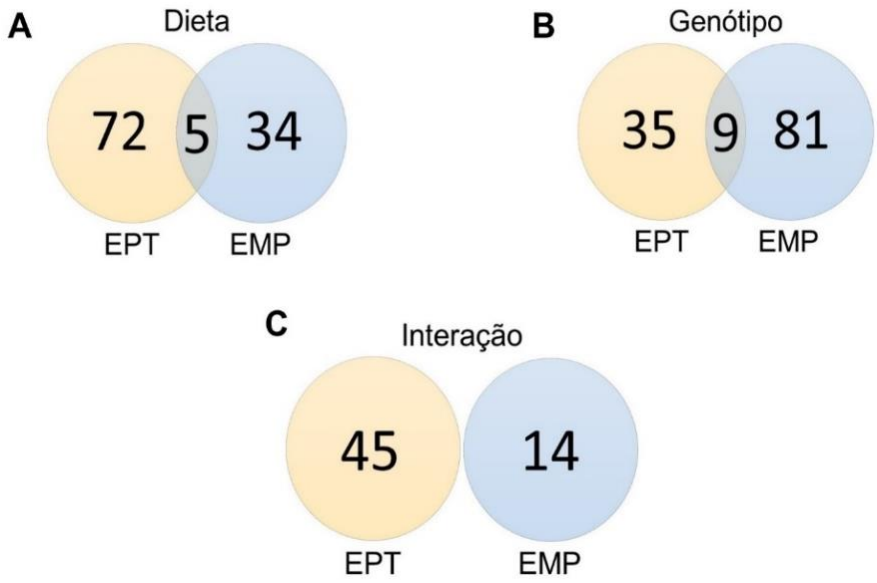
Figura 7 – Ilustração das amostras que foram processadas e injetadas no espectrômetro de massas para obtenção dos dados proteômicos. Dieta SD, dieta padrão do laboratório; Dieta LN, dieta restrita em nutrientes; EPT, extrato proteico total; EMP, extrato mitocondrial puro (ver texto para mais detalhes).



O número de proteínas identificadas com nossa abordagem variou entre 444 e 546 para EPT, e entre 302 e 395 para EMP (Tabela Suplementar 1). A obtenção do conjunto de proteínas diferencialmente expressas (PDE, Tabela Suplementar 2) foi feita através de uma análise estatística multifatorial, considerando os fatores dieta (SD ou LN) e genótipo (ausência ou presença de AOX), e a interação dieta X genótipo. Primeiro, confirmamos que AOX não foi identificada nas amostras controles, como esperado. Nas amostras de indivíduos AOX, os níveis dessa enzima não variaram significativamente por causa das dietas (*Normalized Spectral Abundance Factor*, NSAF, igual a 0,03302 +/- 0,007939 em SD e 0,034715 +/- 0,007056 em LN, Tabela Suplementar 1), consistente com aquilo que já tínhamos observado a nível transcricional (CAMARGO et al., 2021). Notamos, também, um número baixo de sobreposições nas listas de PDE em EPT e EMP para cada fator analisado (Figura 8), e as diferenças encontradas para as poucas proteínas identificadas em ambas as frações proteicas foram consistentes (Tabela Suplementar 2). Assim, optamos por

reunir as PDE de EPT e EMP em um único conjunto de dados (PDE totais) para maior robustez das análises posteriores de *clusterização*.

Figura 8 – Número de proteínas diferencialmente expressas identificadas para o extrato proteico total (EPT) e o extrato mitocondrial puro (EMP). Os diagramas de Venn mostram o compartilhamento do número de proteínas quando os fatores dieta **(A)**, genótipo **(B)** e a interação dieta X genótipo **(C)** são analisados.



As PDE totais de cada fator e da interação dieta X genótipo foram agrupadas de acordo com função, localização e participação em processos metabólicos, conforme as funcionalidades do *software* DAVID (HUANG; SHERMAN; LEMPICKI, 2009; SHERMAN et al., 2022), seguido de curadoria dos *clusters* e eventuais ajustes manuais para a *clusterização* final. Os dados indicam que a dieta LN induziu alterações em vários processos (Figura 9), com destaque para uma tendência de diminuição nos níveis de vários componentes ribossomais e proteínas envolvidas com a síntese de proteínas. Observamos também que, quando AOX é expressa, proteínas envolvidas com a síntese proteica tendem a aumentar, assim como várias proteínas mitocondriais, com destaque para enzimas do ciclo do TCA e quase todas as subunidades da ATP sintase (Figura 10). Para a interação dieta X genótipo, o número de *clusters* foi bem mais reduzido, mas mesmo assim um *cluster* de síntese proteica e outro de proteínas mitocondriais também foram formados (Figura 11).

Para obtermos uma visão mais ampla das alterações intramitocondriais induzidas por AOX, mapeamos as principais rotas metabólicas mitocondriais (demonstradas na Figura 10) e observamos que as pupas AOX parecem oxidar mais ácidos graxos e corpos cetônicos para a geração de ATP (Figura 12). A oxidação desses compostos convergentemente gera acetil-CoA, que é posteriormente oxidado no ciclo do TCA. A reação que combina acetil-CoA com oxaloacetato é o que dá início às reações do ciclo do TCA (MARTÍNEZ-REYES; CHANDEL, 2020). O aumento nos níveis da enzima málica e da piruvato carboxilase, duas enzimas que fornecem oxaloacetato anapleroticamente para o ciclo do TCA (Figura 12), corrobora tal hipótese. Estes dados sugerem alterações importantes no metabolismo de lipídeos durante a fase de pupa de moscas AOX.

Figura 9 – Dados proteômicos sugerem uma tendência na diminuição da síntese proteica em pupas cultivadas em condição de restrição nutricional. Os *heatmaps* mostram os agrupamentos obtidos pelo *software* DAVID em que as proteínas representadas estão diferencialmente expressas para quando a dieta é LN. As colunas LN, AOX e LN-AOX representam, respectivamente, os valores de $\log_2$ (fold change) das proteínas de pupas controle cultivadas em dieta LN, pupas que expressam AOX cultivadas em dieta padrão (SD) e pupas que expressam AOX cultivadas em dieta LN, cada uma em comparação com pupas controle cultivadas em dieta SD. As diferenças nos níveis de expressão foram atribuídas a partir de um teste ANOVA multifatorial com $p<0,05$.

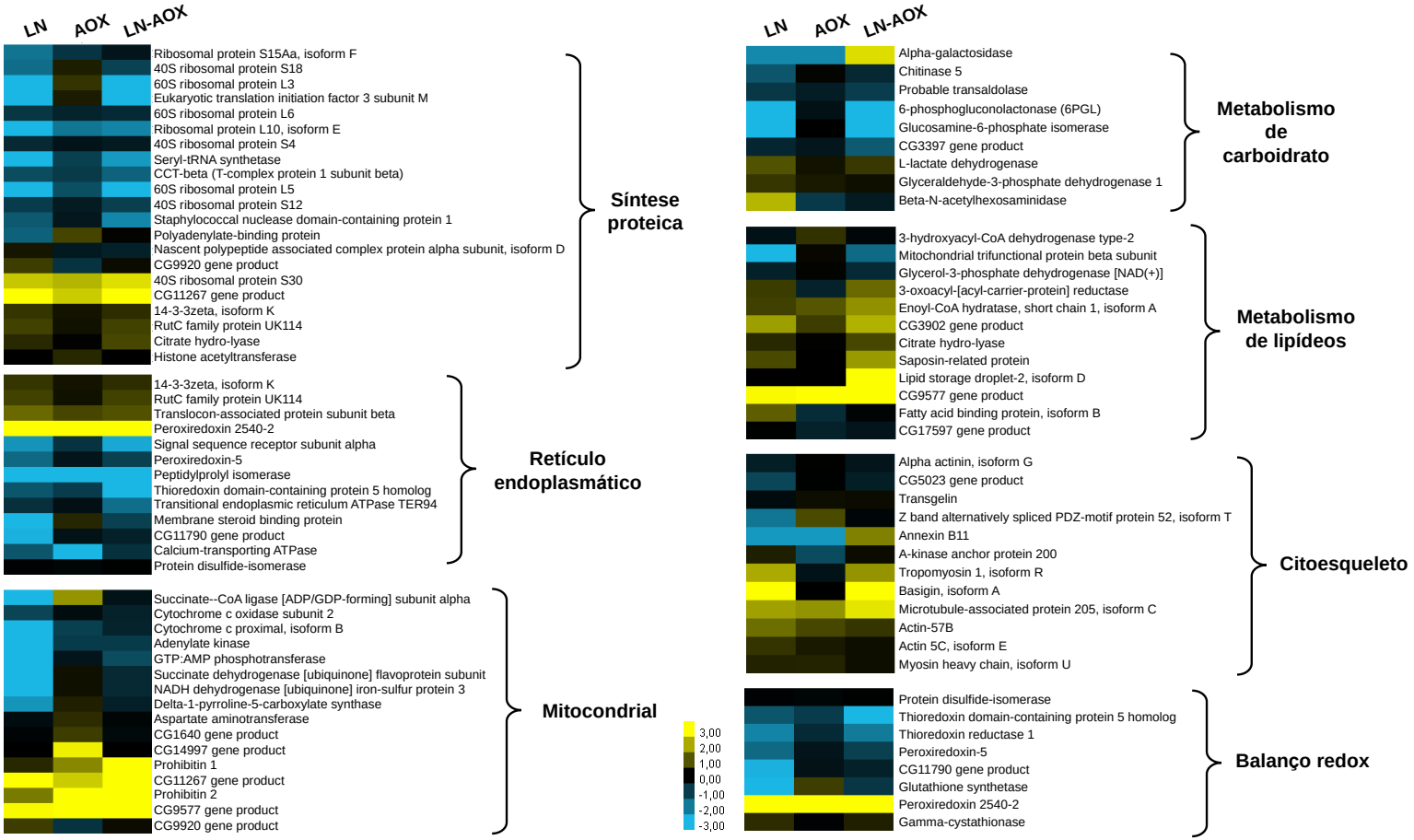


Figura 10 – Expressão de AOX causa uma tendência de aumento nos níveis de proteínas mitocondriais. Os *heatmaps* mostram os agrupamentos obtidos pelo *software* DAVID em que as proteínas representadas estão diferencialmente expressas para quando AOX é expressa. As colunas LN, AOX e LN-AOX representam, respectivamente, os valores de $\log_2$ (fold change) das proteínas de pupas controle cultivadas em dieta LN, pupas que expressam AOX cultivadas em dieta padrão (SD) e pupas que expressam AOX cultivadas em dieta LN, cada uma em comparação com pupas controle cultivadas em dieta SD. As diferenças nos níveis de expressão foram atribuídas a partir de um teste ANOVA multifatorial com $p<0,05$.

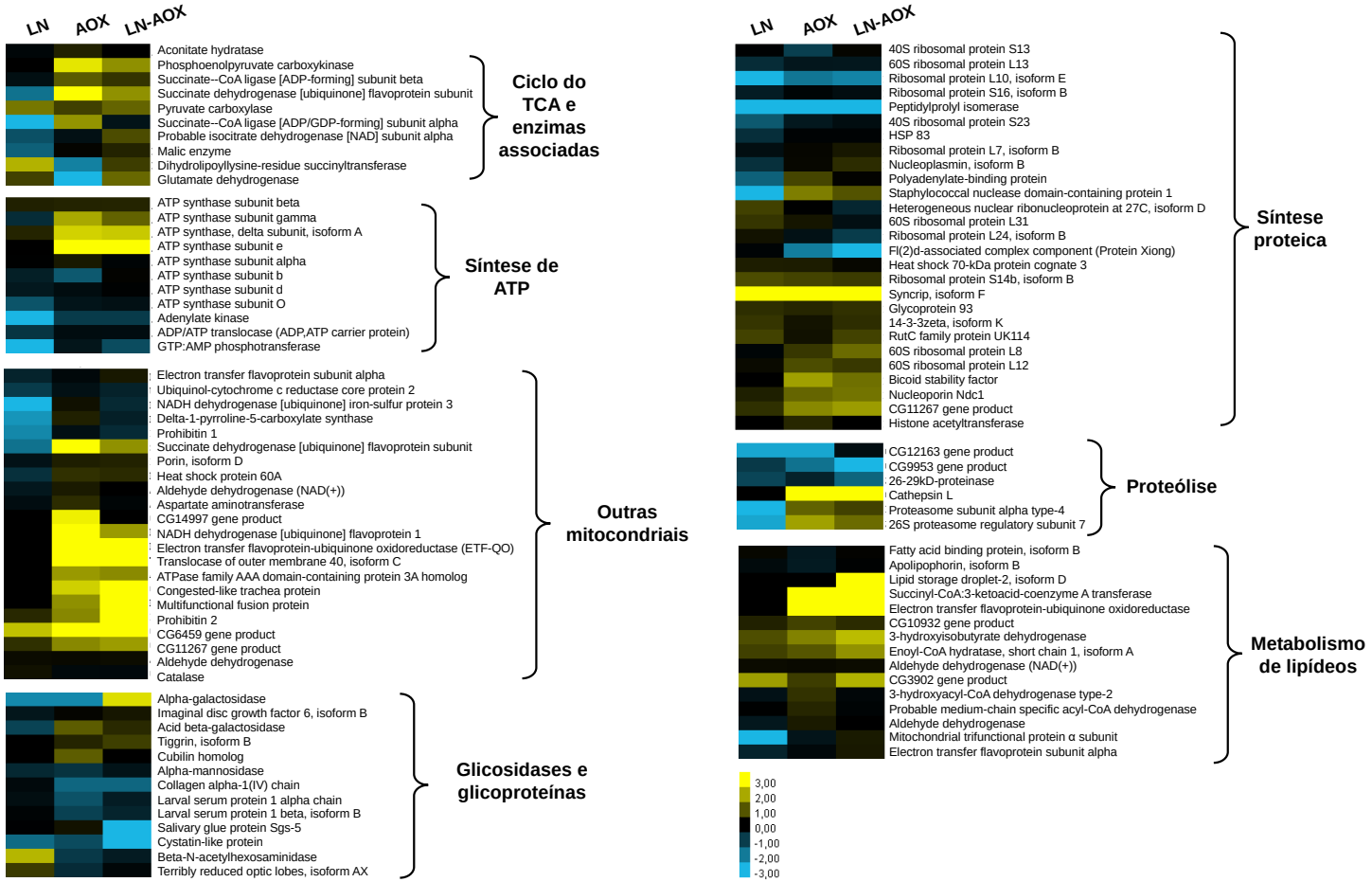


Figura 11 – Proteínas ribossomais estão diminuídas quando AOX é expressa em LN (interação). Os *heatmaps* mostram os agrupamentos obtidos pelo *software* DAVID em que as proteínas representadas estão diferencialmente expressas pela interação dieta X genótipo. As colunas LN, AOX e LN-AOX mostram, respectivamente, representações dos valores $\log_2$ (fold change) das proteínas de pupas controle cultivadas em dieta LN, pupas que expressam AOX cultivadas em dieta padrão (SD) e pupas que expressam AOX cultivadas em dieta LN, cada uma em comparação com pupas controle cultivadas em dieta SD. As diferenças nos níveis de expressão foram atribuídas a partir de um teste ANOVA multifatorial com $p<0,05$.

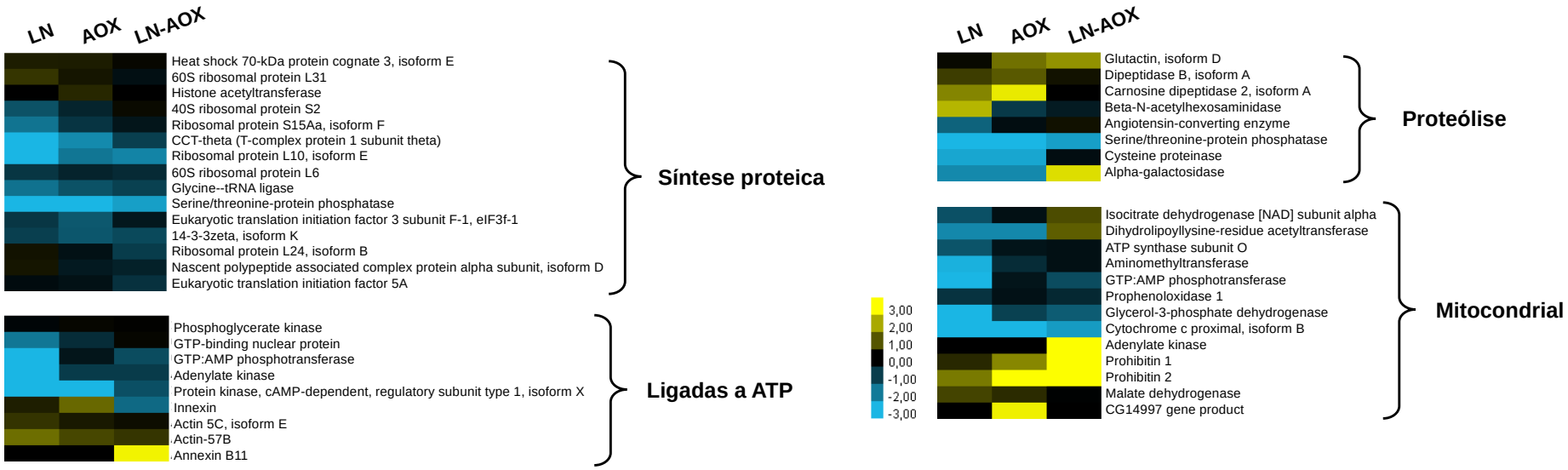
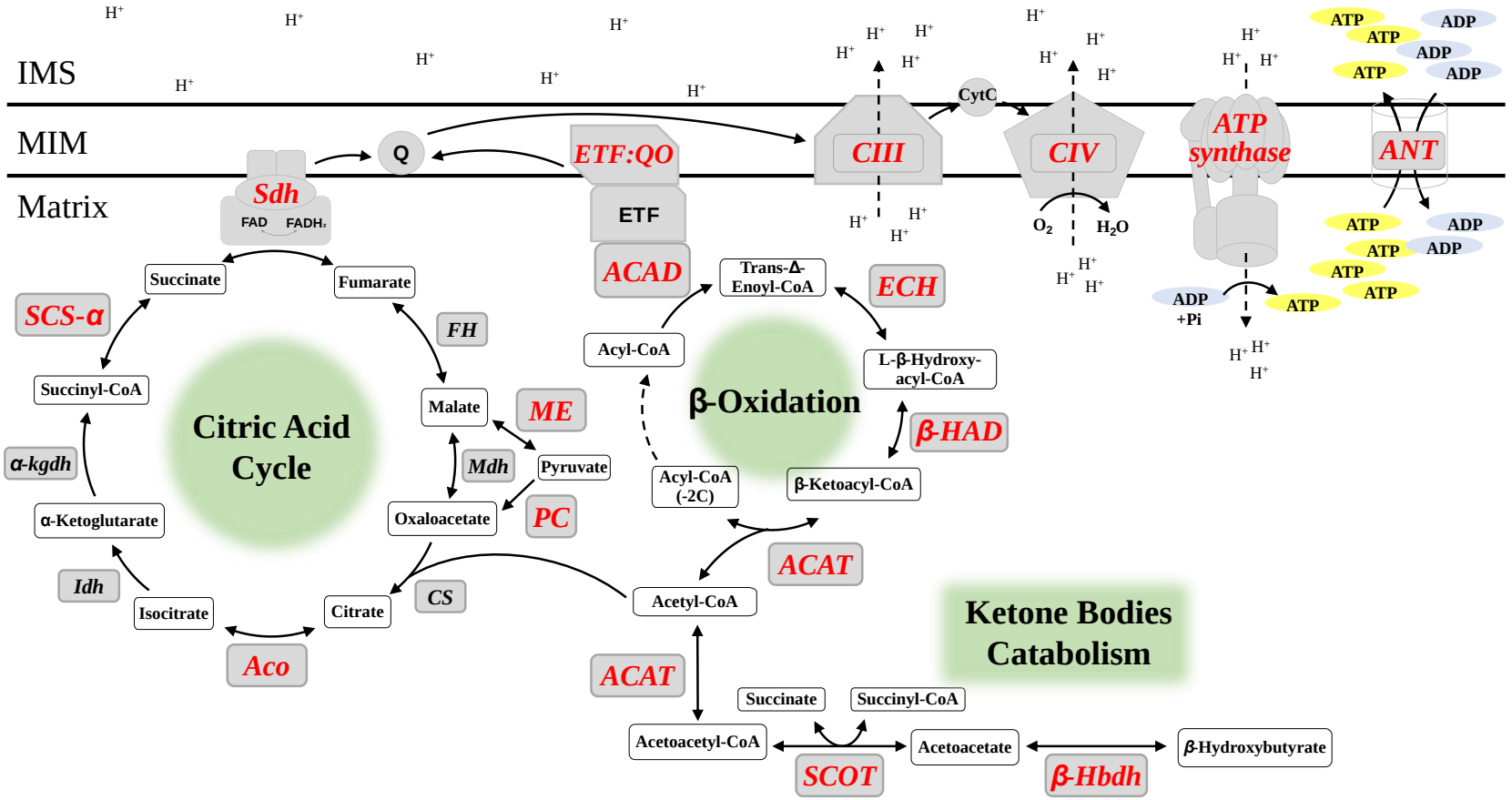


Figura 12 – Resumo ilustrativo das vias mitocondriais alteradas por AOX em moscas em estágio de pré-farato da fase de pupa. A análise dos dados proteômicos mostram que moscas que expressam AOX, independente da dieta, apresentam aumento significativo no nível de expressão de enzimas (em vermelho e itálico) que participam da β-oxidação (β-Oxidation), da degradação de corpos cetônicos (Ketone Bodies Catabolism), do ciclo do ácido tricarboxílico (Citric Acid Cycle) e de alguns componentes dos complexos da CR, com destaque para a ATP sintase e o translocador de nucleotídeos de adenina (ANT). A nomenclatura das enzimas está de acordo com MitoPedia (https://www.bioblast.at/index.php/MitoPedia:_Enzymes). MIM, membrana interna mitocondrial; IMS, espaço intermembranas.



5.2 Expressão da AOX associada à dieta LN leva a diferenças de massa corporal e quantidade relativa de lipídeos durante o desenvolvimento de drosófila

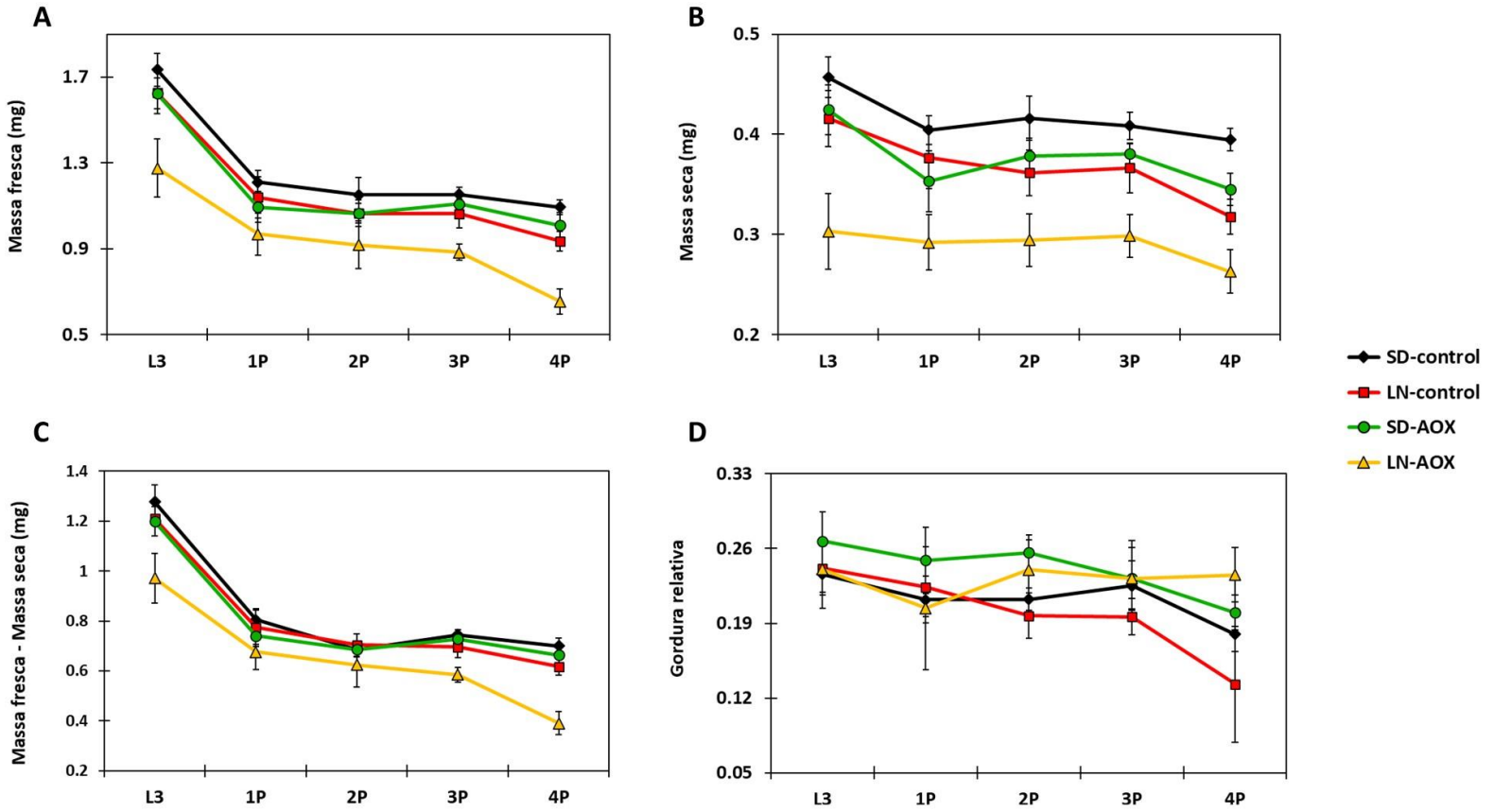
Para testar se AOX aumenta a degradação de ácidos graxos e corpos cetônicos, consequentemente alterando os estoques de lipídeos da pupa que foram gerados durante a fase de larva, medimos a massa corpórea e a quantidade relativa de gordura total ao longo do desenvolvimento de larvas L3 errantes até o último estágio da fase de pupa de indivíduos controle e AOX, cultivados em SD e LN. As pupas foram separadas por períodos após o início da pupação (PAP): 1P, até 24h PAP; 2P, de 24 a 48h PAP; 3P, de 48 a 72h PAP; e 4P, de 72 a 96h PAP. Durante este período, a massa corporal fresca tende a cair 25-30% de L3 para 1P em indivíduos controles cultivados em dieta SD, se mantendo relativamente estável até o final da fase de pupa (Figura 13A). Este mesmo padrão é observado para indivíduos controles cultivados em dieta LN e para indivíduos AOX cultivados em dieta SD, mas no geral o peso desses indivíduos é levemente, mas significativamente, menor do que indivíduos controles em dieta SD. O peso corpóreo fresco de indivíduos AOX em dieta LN é substancialmente menor em todos os estágios avaliados, com destaque para uma queda acentuada durante a transição de 3P para 4P (Figura 13A). É possível que indivíduos AOX em dieta LN em estágio 4P já estejam mortos, o que reflete nessa queda de massa fresca.

A perda de massa seca que ocorre durante esse mesmo período do desenvolvimento, isto é, de L3 a 4P (Figura 13B), é bem menos acentuada do que a perda de massa fresca, mas o padrão de queda entre L3 e 1P e estabilização de 1P a 4P é no geral mantido. Entretanto, indivíduos cultivados em dieta LN, independentemente do genótipo, tendem a perder peso seco no estágio 4P. Apesar da maioria dos indivíduos AOX em dieta LN provavelmente já estarem mortos neste estágio, a maioria dos indivíduos controle na mesma dieta emergem, indicando que a queda relativa de massa seca entre 3P e 4P em si não deve ser um problema. Indivíduos AOX em dieta LN mantêm um peso seco cerca de 30% menor desde o estágio L3, sem uma queda evidente entre L3 e 1P (Figura 13B). A partir da subtração da massa fresca pela seca, pudemos calcular a taxa de hidratação dos organismos e observar que os animais que expressam AOX submetidos a LN apresentam uma desidratação corpórea maior ao longo desse período do desenvolvimento, com uma

queda mais acentuada em 4P (Figura 13C), quando os indivíduos já devem estar mortos.

Avaliamos também a quantidade relativa de gordura total desses animais e verificamos que indivíduos AOX em SD tendem a ter mais gordura nos estágios de L3 e 1P, mantendo essa quantidade constante até 3P, mas com queda significativa em 4P (Figura 13D). Os indivíduos controle em dieta SD apresentam uma queda significativa na quantidade de gordura relativa apenas no estágio 4P, enquanto que controles em dieta LN apresentam uma queda progressiva desta desde 1P, culminando em quase 50% de redução de L3 a 4P. Curiosamente, os indivíduos AOX em dieta LN mantêm a quantidade de gordura corpórea relativa constante de L3 a 4P (Figura 13D). Combinado ao fato da interação AOX e dieta LN causar uma desidratação acentuada dos indivíduos (Figura 13C), os dados de gordura relativa sugerem que a síntese de impermeabilizantes corpóreos a partir dos lipídeos estocados durante a fase de larva não acontece eficientemente. Portanto, estes dados corroboram a ideia de que existe alteração do metabolismo de lipídeos induzidas por AOX.

Figura 13 – A combinação entre moscas expressando AOX em dieta LN afeta a massa corporal, a quantidade de gordura relativa e a hidratação de pupas. Mensuração da massa fresca (**A**), da massa seca (**B**), da taxa de hidratação (massa fresca-massa seca) (**C**) e da quantidade relativa de gordura **D**) de larvas L3 errantes (L3) e de pupas de 1, 2, 3 e 4 dias (1-4P) foi feita como descrito nos Materiais e Métodos para indivíduos controles e AOX cultivados em dieta SD e LN. As diferenças significativas foram atribuídas a partir de um teste ANOVA multifatorial, seguido do teste *a posteriori* de Tukey. O resultado dos testes estatísticos encontra-se no Material Suplementar.



6 CONSIDERAÇÕES FINAIS

A expressão de AOX proveniente de *C. intestinalis* em modelos biológicos, incluindo *D. melanogaster*, proporciona diversos benefícios, muitos deles devido à capacidade dessa enzima de diminuir EROs e de manter o fluxo de elétrons mesmo quando há defeitos no CIII e CIV (DASSA et al., 2009; EL-KHOURY et al., 2013, 2016; FERNANDEZ-AYALA et al., 2009; GIORDANO et al., 2019; HUMPHREY et al., 2012; KEMPPAINEN et al., 2014; RAJENDRAN et al., 2019; SZIBOR et al., 2016; VARTIAINEN et al., 2014). Apesar disso, a expressão xenotópica da AOX apresentou algumas desvantagens significativas quando sujeita a condições de restrição nutricional. Quando os indivíduos com AOX foram submetidos a uma dieta LN, houve uma redução de cerca de 80% na taxa de emergência dos adultos (SAARI et al., 2019a, 2019b). Entretanto, os mecanismos moleculares envolvidos nesse fenótipo ainda são desconhecidos e uma análise global das proteínas expressas nessas condições poderia fornecer pistas sobre quais alterações a AOX está causando nesses animais. Nesse contexto, empregamos uma análise de proteômica quantitativa para contribuir na
compreensão dessas alterações.

Nossos dados mostraram que em condição de restrição nutricional há uma queda substancial nos níveis de proteínas envolvidas na síntese proteica, tanto em moscas que expressam AOX quanto nas que não expressam. É sabido que moscas cultivadas em dietas com reduzido teor nutricional apresentam um declínio na proliferação celular de muitos tecidos e na taxa de crescimento do organismo (LANET; MAURANGE, 2014), o que é coerente com nossos achados. Sabe-se também que a mitocôndria tem alta relevância no que diz respeito a ajustes metabólicos diante da variação nutricional, de acordo com as reservas energéticas disponíveis, de forma que o processo de OXPHOS seja regulado/reconfigurado de acordo com as necessidades celulares (CORMIER et al., 2019). Diante de limitações nutricionais, o corpo gorduroso produz uma variedade de citocinas que entram na hemolinfa e são captadas pelas IPCs (IPCs, do inglês Insulin-Producing Cells) no sistema nervoso central, induzindo a produção das DILPs1, 2, 3 e 5 (peptídeos semelhantes à insulina em *Drosophila*) (LEHMANN, 2018). Uma vez que esse mecanismo ocorre durante a fase de larva, esse estímulo leva o animal a procurar novas fontes de alimento até que o peso crítico

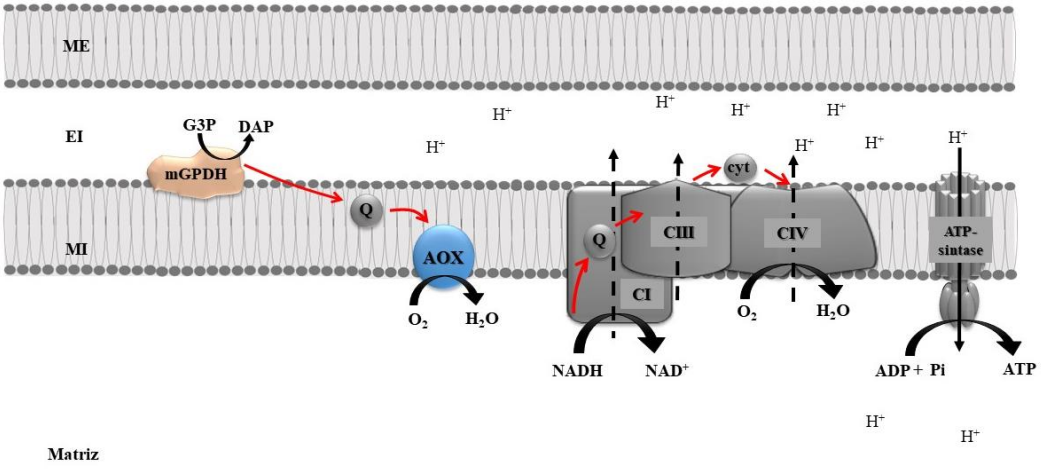
seja atingido, levando à conclusão adequada do desenvolvimento e à transição para a fase de pupa (IKEYA et al., 2002; RULIFSON; KIM; NUSSE, 2002). Alguns sinais hormonais, tais como a diminuição nos níveis de DILPs e do hormônio juvenil, juntamente com o aumento do hormônio ecdisona, induzem a larva a interromper sua alimentação e procurar um local apropriado para a pupação. Nesse estágio, ocorre uma notável redução das enzimas glicolíticas e de outras envolvidas no catabolismo da glicose, incluindo a LDH. Essa condição está possivelmente relacionada ao controle da degradação dos tecidos larvais (GILLETTE; TENNESSEN; REIS, 2021; LI et al., 2017).

Originalmente identificada em tecidos vegetais, mas também encontrada em fungos e em alguns animais, a enzima AOX possui a capacidade de oxidar o ubiquinol em ubiquinona, enquanto simultaneamente reduz o oxigênio em água. Apesar de ter função análoga aos CIII e CIV mantendo o fluxo de elétrons em curso e reduzindo o O_2, a ação da AOX não está associada à criação do gradiente de prótons. Esse mecanismo resulta no desacoplamento mitocondrial, onde a energia é dissipada como calor, sem haver a produção de ATP (HERNANSANZ-AGUSTÍN; ENRÍQUEZ, 2023; JARMUSZKIEWICZ et al., 2001). No entanto, é importante ressaltar que AOX pode coexistir com o CIII sem comprometer significativamente a canalização de substrato entre CI e CIII. Quando AOX é expressa, não há alteração substancial na taxa de OXPHOS, sugerindo, portanto, que a AOX não participa de uma competição expressiva pelo ubiquinol em relação ao CIII (HERNANSANZ-AGUSTÍN; ENRÍQUEZ, 2023). Apesar disso, nosso grupo mostrou uma reconfiguração da respiração, de acordo com a desidrogenase avaliada, sugerindo que pode haver uma interação funcional entre AOX e desidrogenases específicas. Por exemplo, nós mostramos que a respiração mitocondrial em larvas de *Drosophila* mantidas por mGPDH na presença de AOX é muito mais ineficiente indicando desacoplamento. Interessantemente, esta enzima não forma SC, o que indicaria uma maior preferência da AOX em interagir com essas vias paralelas de transferência de elétrons (Figura 14A). Nas pupas AOX, os dados proteômicos revelaram que as enzimas envolvidas na β-oxidação, no ciclo do TCA e na degradação de corpos cetônicos estão consideravelmente mais elevadas. Especulamos que neste contexto, essa interação preferencial também possa acontecer com a ETF:QO, principal doadora de elétrons para a CR a partir do catablismo de ácidos graxos (Figura 14B). Isso pode acelerar a β-oxidação sem

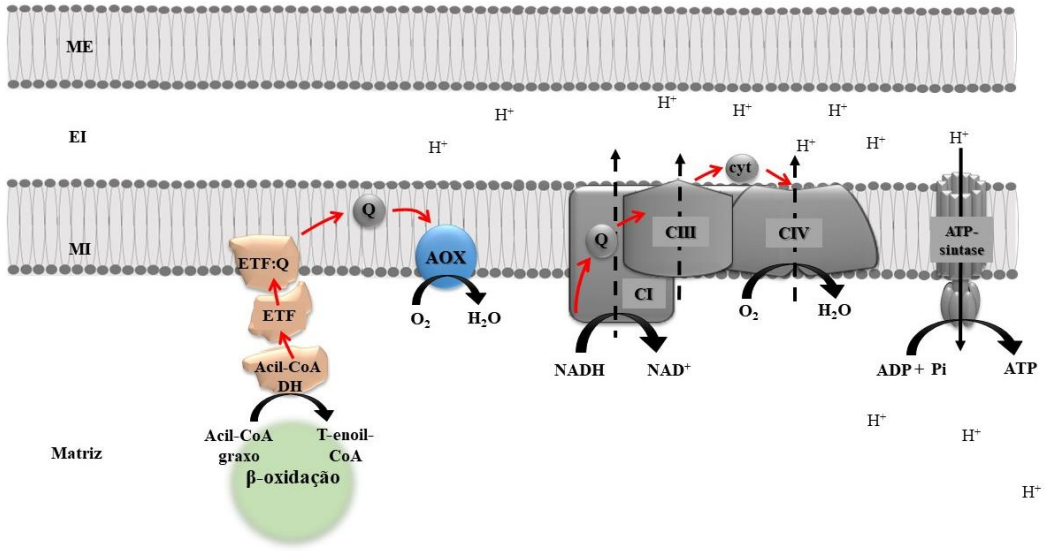
conservação da energia da quebra dos ácidos graxos, com possível detrimento do peso corpóreo animal.

Figura 14 – Representação esquemática da cadeia respiratória mitocondrial com vias paralelas para o de fluxo de elétrons na presença de AOX. Setas vermelhas indicam a direção da transferência de elétrons. Setas pontilhadas indicam bombeamento de prótons para EI. CI, CIII e CIV, complexos I, III e IV formando supercomplexo; Q, coenzima Q; AOX, oxidase alternativa; cyt, citocromo c; MI, membrana interna; EI, espaço intermembranar, ME, membrana externa. Preferência de interação da AOX por mGPDH (**A**); Preferência de interação da AOX por ETF:QO (**B**).

A



B



Crédito da Figura: Geovana S. Garcia

Dessa forma, procedemos à análise da massa corporal dos indivíduos e não foi observada variação significativa na massa fresca e seca dos indivíduos analisados, exceto para os indivíduos que expressam AOX em LN (LN-AOX), cuja massa corporal fresca e seca foi menor desde o estágio de L3 errante até o 4º dia de pupa.

Uma vez que a proteômica indica um aumento nas vias de catabolismo de ácidos graxos, investigamos a quantidade de gordura relativa desses indivíduos e observamos que moscas que expressam AOX em SD demonstraram ter uma maior quantidade de gordura nos estágios de L3 e 1P, mantendo essa quantidade constante até 3P, porém com uma queda significativa em 4P. Por outro lado, os indivíduos controle em SD tiveram uma diminuição significativa na quantidade de gordura relativa apenas no estágio 4P, enquanto os controles em LN exibiram uma redução progressiva desde 1P, culminando em uma redução de quase 50% do estágio L3 até 4P. Curiosamente, os indivíduos com expressão de AOX em LN mantiveram a quantidade de gordura corporal relativa constante do estágio L3 até 4P. Embora não fosse possível observar através do ganho de peso o fato de larvas AOX comerem mais (CAMARGO et al., 2021), a quantidade de gordura relativa nos mostra que esses indivíduos armazenam mais gordura. Nesse contexto, é plausível que a taxa de lipólise esteja superando a β-oxidação, e, como estratégia para evitar que ácidos graxos fiquem circulantes na hemolinfa do animal, é possível que esses sejam reesterificados e armazenados novamente.

A degradação de ácidos graxos normalmente ocorre para que ATP seja produzido. No entanto, o desacoplamento mitocondrial causado pelo funcionamento da AOX reduz a eficiência na geração de ATP. Adicionalmente, os dados proteômicos também revelam um aumento significativo nas subunidades da ATP-sintase e da ANT (adenina nucleotídeo translocase), enzimas que, respectivamente sintetiza ATP e o transporta para fora da mitocôndria, enquanto importa o ADP (ZHANG et al., 1999). Essa aparente dualidade nos faz questionar como o funcionamento da AOX estaria associado ao aumento da ATP-sintase e da ANT. Este é um ponto crucial que necessita de uma abordagem mais detalhada, uma vez que aparentemente contrapõe as expectativas. Uma hipótese plausível é que a célula esteja intensificando a síntese de ATP na tentativa de compensar a redução na eficiência energética provocada pelo desacoplamento da AOX.

Os dados obtidos sugerem fortemente que a AOX induz uma intensificada utilização de lipídeos durante a fase de pupa, possivelmente esgotando os nutrientes armazenados durante a fase larval em condições de cultivo em LN. O aumento da atividade metabólica lipídica aliado à privação nutricional pode levar a um desequilíbrio energético, onde a demanda por energia supera a disponibilidade de nutrientes. Tal desequilíbrio pode comprometer a formação adequada de tecidos e órgãos durante a metamorfose. Nesse contexto, o aumento da Dilp8 é de grande importância, visto que este aumento leva a inibição da produção do hormônio ecdisona, atrasando o desenvolvimento de outros tecidos e atuando como um sinal de coordenação de crescimento (ANDERSEN; COLOMBANI; LÉOPOLD, 2012). Os dados obtidos sugerem que a expressão de AOX em condições de restrição alimentar, como é o caso de nossa dieta LN, provoca a interrupção do desenvolvimento na fase de pupa, o que é sinalizado por fatores que indicam um estado de inanição.

Estudos recentes realizados por nosso grupo, nos quais foi conduzida uma análise transcriptômica desses organismos, mostraram que as moscas LN-AOX apresentam um aumento na expressão de genes relacionados à condição de inanição (*starvation*), entre eles o gene *Tor*, o gene *foxo*, as *Dilps 3* e *8*, assim como os genes *InR* e *Idgf5* (fator de crescimento do disco imaginal 5) (CAMARGO et al., 2021). O gene *Tor* atua como um marcador de restrição nutricional e é transcricionalmente ativado para estimular mecanismos que induzem o processo de lipólise (BJEDOV et al., 2010) e sua ativação no tecido adiposo é mediada pela Dilp3 por meio da trealose circulante (KIM; NEUFELD, 2015). Ainda em situações de jejum, quando a sinalização da insulina é reduzida, os fatores de transcrição Foxo migram para o núcleo, regulando programas de transcrição específicos nos tecidos. Esses programas são cruciais para a sobrevivência celular, crescimento e metabolismo, incluindo o metabolismo lipídico. Essa ação resulta na ativação de lipases e na degradação enzimática dos triacilgliceróis no corpo gorduroso de *Drosophila*. Consequentemente, a lipólise é amplificada, liberando ácidos graxos na hemolinfa, disponibilizando-os como fonte de energia durante a restrição alimentar (HEIER; KÜHNLEIN, 2018). Além disso, o corpo gorduroso desempenha um papel crucial na regulação do crescimento, iniciando rapidamente o processo de autofagia como uma estratégia para garantir níveis suficientes de aminoácidos na circulação (LANET; MAURANGE, 2014). Esse

processo também leva à liberação de lipídios, possivelmente direcionados para a síntese de ATP por meio da β-oxidação.

Uma vez que os triglicerídeos também são convertidos em ácidos graxos e hidrocarbonetos de cadeia longa que desempenham um papel na proteção do adulto contra ressecamento e desidratação (STORELLI et al., 2019), nós analisamos o nível de hidratação dos animais a partir da subtração do valor de massa seca pela massa fresca. A partir disso, podemos notar que moscas LN-AOX possuem menor hidratação ao longo do período de desenvolvimento analisado, enquanto as demais condições mantém o padrão e a quantidade de hidratação. Essa desidratação acentuada pode ter uma correlação com a deficiência na mobilização de nutrientes, indicando que o aumento do catabolismo de lipídeos pela AOX pode estar levando a um desequilíbrio entre os lipídeos que são direcionados para a síntese de ATP e aqueles direcionados para a impermeabilização do animal.

Os resultados apresentados contribuem significativamente para a compreensão do papel desempenhado pela AOX em resposta ao estresse nutricional em *D. melanogaster*. A identificação da AOX como um fator associado à letalidade durante a restrição nutricional destaca a importância de conduzir investigações adicionais nas vias de sinalização e regulação envolvidas nesse processo. Para uma abordagem mais abrangente, sugerimos que estudos futuros considerem a quantificação de ATP que pode fornecer insights sobre as mudanças energéticas induzidas pela AOX. Além disso, a realização de ensaios de respirometria permitiria avaliar o impacto da AOX no consumo de oxigênio e nas vias preferenciais para o transporte de elétrons. A quantificação das mitocôndrias contribuiria para uma compreensão mais profunda da dinâmica mitocondrial sob a influência da AOX. Uma vez que a quantidade mais elevada na massa mitocondrial poderia remeter a uma tentativa do organismo a contornar o déficit energético que o desacoplamento pelo funcionamento da AOX causa. Finalmente, o uso de linhagens com enzimas chave no catabolismo de lipídeos em estado de knockdown, possibilitaria investigar mais a fundo as interações metabólicas. Tais abordagens mais abrangentes enriqueceriam nossa compreensão das complexas interações metabólicas envolvidas e proporcionariam *insights* mais aprofundados sobre os mecanismos subjacentes à resposta nutricional mediada por essa enzima alternativa.

REFERÊNCIAS

ANDERSEN, D. S.; COLOMBANI, J.; LÉOPOLD, P. Drosophila growth and development: Keeping things in proportion. **Cell Cycle**, v. 11, n. 16, p. 2971–2972, 15 ago. 2012.

BEUMER, K. J.; CARROLL, D. Targeted genome engineering techniques in Drosophila. **Methods**, Drosophila developmental biology methods. v. 68, n. 1, p. 29–37, 15 jun. 2014.

BIER, E. et al. Advances in Engineering the Fly Genome with the CRISPR-Cas System. **Genetics**, v. 208, n. 1, p. 1–18, jan. 2018.

BJEDOV, I. et al. Mechanisms of Life Span Extension by Rapamycin in the Fruit Fly Drosophila melanogaster. **Cell Metabolism**, v. 11, n. 1, p. 35–46, jan. 2010.

BRAND, A. H.; DORMAND, E.-L. The GAL4 system as a tool for unravelling the mysteries of the Drosophila nervous system. **Current Opinion in Neurobiology**, v. 5, n. 5, p. 572–578, 1 out. 1995.

CAMARGO, A. F. et al. **Systemic impact of the expression of the mitochondrial alternative oxidase on *Drosophila* development**. [s.l.] Biochemistry, 24 set. 2021. Disponível em: <http://biorxiv.org/lookup/doi/10.1101/2021.09.24.461559>. Acesso em: 23 fev. 2023.

CARVALHO, P. C. et al. PatternLab: From Mass Spectra to Label-Free Differential Shotgun Proteomics. **Current Protocols in Bioinformatics**, v. 40, n. 1, dez. 2012.

CARVALHO, P. C. et al. Integrated analysis of shotgun proteomic data with PatternLab for proteomics 4.0. **Nature Protocols**, v. 11, n. 1, p. 102–117, jan. 2016.

CHAN, D. C. Mitochondrial Dynamics and Its Involvement in Disease. **Annual Review of Pathology: Mechanisms of Disease**, v. 15, n. 1, p. 235–259, 2020.

CHATTERJEE, N.; PERRIMON, N. What fuels the fly: Energy metabolism in Drosophila and its application to the study of obesity and diabetes. **Science Advances**, v. 7, n. 24, p. eabg4336, 9 jun. 2021.

CHEN, Y.; ZHOU, Z.; MIN, W. Mitochondria, Oxidative Stress and Innate Immunity. **Frontiers in Physiology**, v. 9, 2018.

CORMIER, R. P. J. et al. Dynamic mitochondrial responses to a high-fat diet in Drosophila melanogaster. **Scientific Reports**, v. 9, n. 1, p. 4531, 14 mar. 2019.

CRUZ-BERMÚDEZ, A. et al. Spotlight on the relevance of mtDNA in cancer. **Clinical and Translational Oncology**, v. 19, n. 4, p. 409–418, 1 abr. 2017.

DASSA, E. P. et al. The alternative oxidase, a tool for compensating cytochrome *c* oxidase deficiency in human cells. **Physiologia Plantarum**, v. 137, n. 4, p. 427–434, dez. 2009.

DE HOON, M. J. L. et al. Open source clustering software. **Bioinformatics**, v. 20, n. 9, p. 1453–1454, 12 jun. 2004.

DOGAN, S. A. et al. Perturbed Redox Signaling Exacerbates a Mitochondrial Myopathy. **Cell Metabolism**, v. 28, n. 5, p. 764- 775.e5, nov. 2018.

EL-HATTAB, A. W. et al. Mitochondrial dynamics: Biological roles, molecular machinery, and related diseases. **Molecular Genetics and Metabolism**, v. 125, n. 4, p. 315–321, 1 dez. 2018.

EL-KHOURY, R. et al. Alternative Oxidase Expression in the Mouse Enables Bypassing Cytochrome c Oxidase Blockade and Limits Mitochondrial ROS Overproduction. **PLoS Genetics**, v. 9, n. 1, p. e1003182, 3 jan. 2013.

EL-KHOURY, R. et al. Engineering the alternative oxidase gene to better understand and counteract mitochondrial defects: state of the art and perspectives. **British Journal of Pharmacology**, v. 171, n. 8, p. 2243–2249, 2014.

EL-KHOURY, R. et al. Expression of the alternative oxidase mitigates beta-amyloid production and toxicity in model systems. **Free Radical Biology and Medicine**, v. 96, p. 57–66, jul. 2016.

ENG, J. K.; JAHAN, T. A.; HOOPMANN, M. R. Comet: An open-source MS/MS sequence database search tool. **PROTEOMICS**, v. 13, n. 1, p. 22–24, jan. 2013.

FENTON, A. R.; JONGENS, T. A.; HOLZBAUR, E. L. F. Mitochondrial dynamics: Shaping and remodeling an organelle network. **Current Opinion in Cell Biology**, Cell Architecture. v. 68, p. 28–36, 1 fev. 2021.

FERNANDEZ-AYALA, D. J. M. et al. Expression of the Ciona intestinalis Alternative Oxidase (AOX) in Drosophila Complements Defects in Mitochondrial Oxidative Phosphorylation. **Cell Metabolism**, v. 9, n. 5, p. 449–460, maio 2009.

FERNÁNDEZ-MORENO, M. A. et al. Drosophila melanogaster as a model system to study mitochondrial biology. **Methods in Molecular Biology (Clifton, N.J.)**, v. 372, p. 33–49, 2007.

FLATT, T. Life-History Evolution and the Genetics of Fitness Components in Drosophila melanogaster. **Genetics**, v. 214, n. 1, p. 3–48, 1 jan. 2020.

FRANSEN, M.; LISMONT, C.; WALTON, P. The Peroxisome-Mitochondria Connection: How and Why? **International Journal of Molecular Sciences**, v. 18, n. 6, p. 1126, jun. 2017.

FRIGO, E. et al. The Haves and Have-Nots: The Mitochondrial Permeability Transition Pore across Species. **Cells**, v. 12, n. 10, p. 1409, jan. 2023.

GILLETTE, C. M.; TENNESSEN, J. M.; REIS, T. Balancing energy expenditure and storage with growth and biosynthesis during Drosophila development. **Developmental Biology**, v. 475, p. 234–244, 1 jul. 2021.

GIORDANO, L. et al. Alternative Oxidase Attenuates Cigarette Smoke–induced Lung Dysfunction and Tissue Damage. **American Journal of Respiratory Cell and Molecular Biology**, v. 60, n. 5, p. 515–522, maio 2019.

GOLIC, M. M. et al. FLP-mediated DNA mobilization to specific target sites in Drosophila chromosomes. **Nucleic Acids Research**, v. 25, n. 18, p. 3665–3671, 1997.

GREAVES, L. C.; TAYLOR, R. W. Mitochondrial DNA mutations in human disease. **IUBMB Life**, v. 58, n. 3, p. 143–151, 2006.

GROTH, A. C.; CALOS, M. P. Phage Integrases: Biology and Applications. **Journal of Molecular Biology**, v. 335, n. 3, p. 667–678, 16 jan. 2004.

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

HALES, K. G. et al. Genetics on the Fly: A Primer on the Drosophila Model System. **Genetics**, v. 201, n. 3, p. 815–842, 1 nov. 2015.

HEIER, C.; KÜHNLEIN, R. P. Triacylglycerol Metabolism in Drosophila melanogaster. **Genetics**, v. 210, n. 4, p. 1163–1184, 1 dez. 2018.

HERNANSANZ-AGUSTÍN, P.; ENRÍQUEZ, J. A. Alternative respiratory oxidases to study the animal electron transport chain. **Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Bioenergetics**, v. 1864, n. 1, p. 148936, 1 jan. 2023.

HUANG, D. W.; SHERMAN, B. T.; LEMPICKI, R. A. Systematic and integrative analysis of large gene lists using DAVID bioinformatics resources. **Nature Protocols**, v. 4, n. 1, p. 44–57, jan. 2009.

HUMPHREY, D. M. et al. Alternative oxidase rescues mitochondria-mediated dopaminergic cell loss in Drosophila. **Human Molecular Genetics**, v. 21, n. 12, p. 2698–2712, 15 jun. 2012.

IKEYA, T. et al. Nutrient-Dependent Expression of Insulin-like Peptides from Neuroendocrine Cells in the CNS Contributes to Growth Regulation in Drosophila. **Current Biology**, v. 12, n. 15, p. 1293–1300, 6 ago. 2002.

JARMUSZKIEWICZ, W. et al. Alternative Oxidase and Uncoupling Protein: Thermogenesis Versus Cell Energy Balance. **Bioscience Reports**, v. 21, n. 2, p. 213–222, 1 abr. 2001.

JUDGE, A.; DODD, M. S. Metabolism. **Essays in Biochemistry**, v. 64, n. 4, p. 607–647, 24 ago. 2020.

KADENBACH, B. Complex IV – The regulatory center of mitochondrial oxidative phosphorylation. **Mitochondrion**, v. 58, p. 296–302, 1 maio 2021.

KEMPPAINEN, K. K. et al. Expression of alternative oxidase in Drosophila ameliorates diverse phenotypes due to cytochrome oxidase deficiency. **Human Molecular Genetics**, v. 23, n. 8, p. 2078–2093, 15 abr. 2014.

KERSCHER, S. J. Diversity and origin of alternative NADH:ubiquinone oxidoreductases. **Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Bioenergetics**, v. 1459, n. 2, p. 274–283, 15 ago. 2000.

KIM, J.; NEUFELD, T. P. Dietary sugar promotes systemic TOR activation in Drosophila through AKH-dependent selective secretion of Dilp3. **Nature Communications**, v. 6, n. 1, p. 6846, 17 abr. 2015.

KOPINSKI, P. K. et al. Mitochondrial DNA variation and cancer. **Nature Reviews Cancer**, v. 21, n. 7, p. 431–445, jul. 2021.

KÜHNLEIN, R. P. Lipid droplet-based storage fat metabolism in Drosophila: Thematic Review Series: Lipid Droplet Synthesis and Metabolism: from Yeast to Man. **Journal of Lipid Research**, v. 53, n. 8, p. 1430–1436, 1 ago. 2012.

LANET, E.; MAURANGE, C. Building a brain under nutritional restriction: insights on sparing and plasticity from Drosophila studies. **Frontiers in Physiology**, v. 5, 26 mar. 2014.

LEHMANN, M. Endocrine and physiological regulation of neutral fat storage in Drosophila. **Molecular and Cellular Endocrinology**, v. 461, p. 165–177, 5 fev. 2018.

LEHNINGER, A. L.; NELSON, D. L.; COX, M. M. **Lehninger principles of biochemistry**. 6th ed ed. New York: W.H. Freeman, 2013.

LI, H. et al. Drosophila larvae synthesize the putative oncometabolite L-2-hydroxyglutarate during normal developmental growth. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 114, n. 6, p. 1353–1358, 7 fev. 2017.

MARTÍNEZ-REYES, I.; CHANDEL, N. S. Mitochondrial TCA cycle metabolites control physiology and disease. **Nature Communications**, v. 11, n. 1, p. 102, 3 jan. 2020.

MCDONALD, A. E.; GOSPODARYOV, D. V. Alternative NAD(P)H dehydrogenase and alternative oxidase: Proposed physiological roles in animals. **Mitochondrion**, v. 45, p. 7–17, mar. 2019.

MCFARLAND, R.; TAYLOR, R. W.; TURNBULL, D. M. Mitochondrial disease--its impact, etiology, and pathology. **Current Topics in Developmental Biology**, v. 77, p. 113–155, 2007.

MCINERNEY, J. O.; O'CONNELL, M. J.; PISANI, D. The hybrid nature of the Eukaryota and a consilient view of life on Earth. **Nature Reviews Microbiology**, v. 12, n. 6, p. 449–455, jun. 2014.

MEYER, J. N.; LEUTHNER, T. C.; LUZ, A. L. Mitochondrial fusion, fission, and mitochondrial toxicity. **Toxicology**, Mitochondrial Toxicity. v. 391, p. 42–53, 1 nov. 2017.

MIRZOYAN, Z. et al. Drosophila melanogaster: A Model Organism to Study Cancer. **Frontiers in Genetics**, v. 10, 2019.

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

MUNNICH, A.; RUSTIN, P. Clinical spectrum and diagnosis of mitochondrial disorders. **American Journal of Medical Genetics**, v. 106, n. 1, p. 4–17, 2001.

NI, H.-M.; WILLIAMS, J. A.; DING, W.-X. Mitochondrial dynamics and mitochondrial quality control. **Redox Biology**, v. 4, p. 6–13, 1 abr. 2015.

NIJHOUT, H. F.; WILLIAMS, C. M. Control of Moulting and Metamorphosis in the Tobacco Hornworm, Manduca Sexta (L.): Cessation of Juvenile Hormone Secretion as a Trigger for Pupation. **Journal of Experimental Biology**, v. 61, n. 2, p. 493–501, 1 out. 1974.

NUNNARI, J.; SUOMALAINEN, A. Mitochondria: In Sickness and in Health. **Cell**, v. 148, n. 6, p. 1145–1159, 2012.

OGIENKO, A. A. et al. Drosophila as a Model Organism to Study Basic Mechanisms of Longevity. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 23, n. 19, p. 11244, jan. 2022.

OWEN, O. E.; KALHAN, S. C.; HANSON, R. W. The Key Role of Anaplerosis and Cataplerosis for Citric Acid Cycle Function*. **Journal of Biological Chemistry**, v. 277, n. 34, p. 30409–30412, 23 ago. 2002.

PAOLETTI, A. C. et al. Quantitative proteomic analysis of distinct mammalian Mediator complexes using normalized spectral abundance factors. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 103, n. 50, p. 18928–18933, 12 dez. 2006.

PENNISI, R. et al. Molecular Evolution of Alternative Oxidase Proteins: A Phylogenetic and Structure Modeling Approach. **Journal of Molecular Evolution**, v. 82, n. 4, p. 207–218, 1 maio 2016.

PFANNER, N.; WARSCHEID, B.; WIEDEMANN, N. Mitochondrial proteins: from biogenesis to functional networks. **Nature Reviews Molecular Cell Biology**, v. 20, n. 5, p. 267–284, maio 2019.

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

RIDDIFORD, L. M. et al. Insights into the molecular basis of the hormonal control of molting and metamorphosis from Manduca sexta and Drosophila melanogaster.

Insect Biochemistry and Molecular Biology, Tribute to Lawrence Gilbert. v. 33, n. 12, p. 1327–1338, 1 dez. 2003.

RODRIGUES, A. P. C. et al. Developmental arrest in Drosophila melanogaster caused by mitochondrial DNA replication defects cannot be rescued by the alternative oxidase. **Scientific Reports**, v. 8, n. 1, p. 10882, 18 jul. 2018.

RULIFSON, E. J.; KIM, S. K.; NUSSE, R. Ablation of Insulin-Producing Neurons in Flies: Growth and Diabetic Phenotypes. **Science**, v. 296, n. 5570, p. 1118–1120, 10 maio 2002.

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

SAARI, S. et al. Expression of Ciona intestinalis AOX causes male reproductive defects in Drosophila melanogaster. **BMC Developmental Biology**, v. 17, n. 1, p. 9, dez. 2017.

SAARI, S. et al. Alternative respiratory chain enzymes: Therapeutic potential and possible pitfalls. **Biochimica Et Biophysica Acta. Molecular Basis of Disease**, v. 1865, n. 4, p. 854–866, 1 abr. 2019a.

SAARI, S. et al. Alternative oxidase confers nutritional limitation on *Drosophila* development. **Journal of Experimental Zoology Part A: Ecological and Integrative Physiology**, v. 331, n. 6, p. 341–356, jul. 2019b.

SALDANHA, A. J. Java Treeview—extensible visualization of microarray data. **Bioinformatics**, v. 20, n. 17, p. 3246–3248, 22 nov. 2004.

SHERMAN, B. T. et al. DAVID: a web server for functional enrichment analysis and functional annotation of gene lists (2021 update). **Nucleic Acids Research**, v. 50, n. W1, p. W216–W221, 5 jul. 2022.

SHEVCHENKO, A. et al. In-gel digestion for mass spectrometric characterization of proteins and proteomes. **Nature Protocols**, v. 1, n. 6, p. 2856–2860, dez. 2006.

STORELLI, G. et al. Drosophila HNF4 Directs a Switch in Lipid Metabolism that Supports the Transition to Adulthood. **Developmental Cell**, v. 48, n. 2, p. 200-214.e6, jan. 2019.

SZIBOR, M. et al. Broad AOX expression in a genetically tractable mouse model does not disturb normal physiology. **Disease Models & Mechanisms**, p. dmm.027839, 1 jan. 2016.

The Nobel Prize in Physiology or Medicine 2017. Disponível em: <https://www.nobelprize.org/prizes/medicine/2017/summary/>. Acesso em: 20 jun. 2023.

TYANOVA, S. et al. The Perseus computational platform for comprehensive analysis of (prote)omics data. **Nature Methods**, v. 13, n. 9, p. 731–740, set. 2016.

UGUR, B.; CHEN, K.; BELLEN, H. J. *Drosophila* tools and assays for the study of human diseases. **Disease Models & Mechanisms**, v. 9, n. 3, p. 235–244, 1 mar. 2016.

VARTIAINEN, S. et al. Phenotypic rescue of a *Drosophila* model of mitochondrial ANT1 disease. **Disease Models & Mechanisms**, p. dmm.016527, 1 jan. 2014.

VERCELLINO, I.; SAZANOV, L. A. The assembly, regulation and function of the mitochondrial respiratory chain. **Nature Reviews Molecular Cell Biology**, v. 23, n. 2, p. 141–161, fev. 2022.

VISCOMI, C. et al. Xenotopic expression of alternative oxidase (AOX) to study mechanisms of mitochondrial disease. **Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Bioenergetics**, v. 1864, n. 2, p. 148947, abr. 2023.

WALKER, B. R.; MORAES, C. T. Nuclear-Mitochondrial Interactions. **Biomolecules**, v. 12, n. 3, p. 427, mar. 2022.

WATMOUGH, N. J.; FRERMAN, F. E. The electron transfer flavoprotein: Ubiquinone oxidoreductases. **Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Bioenergetics**, Quinone Binding and Catalysis. v. 1797, n. 12, p. 1910–1916, 1 dez. 2010.

YAMANAKA, N.; REWITZ, K. F.; O'CONNOR, M. B. Ecdysone Control of Developmental Transitions: Lessons from Drosophila Research. **Annual Review of Entomology**, v. 58, n. 1, p. 497–516, 2013.

ZHANG, Y. Q. et al. stress sensitive B Encodes an Adenine Nucleotide Translocase in Drosophila melanogaster. **Genetics**, v. 153, n. 2, p. 891–903, 1 out. 1999.

APÊNDICE A – Tabela suplementar 1

Extrato Proteico Total - EPT

			NSAF											
Protein IDs	**Flybase IDs**	**Protein names**	**Controle_SD_1**	**Controle_SD_2**	**Controle_SD_3**	**Controle_LN_1**	**Controle_LN_2**	**Controle_LN_3**	**AOX_SD_1**	**AOX_SD_2**	**AOX_SD_3**	**AOX_LN_1**	**AOX_LN_2**	**AOX_LN_3**
AOX	AOX	AOX	0	0	0	0	0	0	0.006770317	0.009622791	0.007423614	0.007429233	0.007228259	0.006511483
sp|A0A0B4K692|NEP2_DROME	FBgn0027570	Neprilysin-2 (EC 3.4.24.11) [Cleaved into: Neprilysin-2, soluble form]	0	0	7.60588E-05	0	0	0	0	0	0	4.98851E-05	0	0
sp|A1Z713|VPS13_DROME	FBgn0033194	Intermembrane lipid transfer protein Vps13 (Vacuolar protein sorting-associated protein 13)	4.06361E-05	2.05266E-05	0	0	4.8721E-05	2.31623E-05	3.58218E-05	2.05615E-05	4.34129E-05	3.4879E-05	2.17065E-05	6.38381E-05
tr|G3JX29|G3JX29_DROME;tr|G3JX30|G3JX30_DROME;tr|G3JX27|G3JX27_DROME;tr|G3JX28|G3JX28_DROME;tr|A0A0B4KFR8|A0A0B4KFR8_DROME;tr|A0A0B4KEW3|A0A0B4KEW3_DROME;tr|A0A0B4LGL0|A0A0B4LGL0_DROME;sp|A1ZA47|ZASP_DROME;tr|C1C3E7|C1C3E7_DROME;tr|G3JX32|G3JX32_DROME;tr|A0A0B4KER6|A0A0B4KER6_DROME;tr|A0A126GUN6|A0A126GUN6_DROME;tr|G3JX25|G	FBgn0265991	Z band alternatively spliced PDZ-motif protein 52, isoform T (Z-band PDZ-motif protein 52 isoform 6)	0.0004146	0	0.000180859	0	0.000124272	0	0.000365481	0.000314677	0.000442932	0.000237242	0.000221466	0.000108554

3JX25_DROME;tr|G3JX31|G3JX31_DROME;tr|G3JX33|G3JX33_DROME														
tr|A0A0B4LFL2|A0A0B4LFL2_DROME;sp|A1ZAX1|EIF3C_DROME	FBgn0034258	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit C (eIF3c) (Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit 8)	4.94331E-05	7.49107E-05	6.46917E-05	0	8.89025E-05	0	0	0	0	0.000127289	7.92167E-05	0
tr|A0A0B4LGZ7|A0A0B4LGZ7_DROME;sp|C0HK92|Y5076_DROME	FBgn0266446	Uncharacterized protein, isoform H	0	0.000110127	0	0	0.000130697	0.000372804	0.000640625	0.000330944	0	0.00018713	0	0.000456664
tr|X2JCX8|X2JCX8_DROME;sp|C0HKA1|RS14B_DROME;sp|C0HKA0|RS14A_DROME	FBgn0004404	GEO12513p1 (Ribosomal protein S14b, isoform B)	0.002085358	0.002708692	0.001169592	0.003417395	0.001607309	0.006112995	0.003413982	0.004069955	0.002864392	0.003579836	0.003819191	0.002340025
sp|C0HL67|H33B_DROME;sp|C0HL66|H33A_DROME;sp|P02299|H3_DROME	FBgn0004828	Histone H3.3B (H3.B)	0.000992297	0.000501241	0.000432864	0.00108409	0.001784586	0.001131204	0.001749473	0.001506283	0.001060106	0.000851715	0.001590159	0.001558869
tr|E2QD63|E2QD63_DROME;sp|Q86DS1|F10A2_DROME;sp|C4NYP8|F10A1_DROME	FBgn0029676	Hsc/Hsp70-interacting protein related, isoform B (Hsc/Hsp70-interacting protein related, isoform D)	0.000119321	0	0.000468457	0	0	0.000408073	0.000105185	0.00054338	0.000573638	0.000409667	0.000191213	0.000562351
sp|O01666|ATPG_DROME	FBgn0020235	ATP synthase subunit gamma, mitochondrial (F-ATPase gamma subunit)	0.000302924	0	0.000594641	0	0.000272395	0.000258996	0.001468693	0.000689746	0.001456307	0.001560044	0.000242718	0.000237942
sp|O02195|EIF3I_DROME	FBgn0015834	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit I (eIF3i) (Eukaryotic translation initiation	0	0	0	0.000226129	0	0	0	0	0	0.000118439	0	0

		factor 3 subunit 2) (TRIP-1 homolog) (eIF-3-beta)												
sp|O02649|CH60A_DROME;sp|Q9VMN5|CH60C_DROME	FBgn0015245	Heat shock protein 60A	0.001413114	0.001427618	0.002465737	0.001286529	0.000423567	0.001342441	0.00166093	0.003098438	0.003145166	0.002021523	0.002893554	0.002589954
sp|O16797|RL3_DROME	FBgn0020910	60S ribosomal protein L3	0.00021627	0	0.000141513	0	0	0	0.000381295	0	0.000173287	0	0	0
tr|A8Y560|A8Y560_DROME;sp|O17445|RL15_DROME	FBgn0028697	Ribosomal protein L15	0.000220511	0	0	0	0	0.000377068	0.000583158	0	0.000353369	0	0	0
sp|O18404|HCD2_DROME;tr|D5A7S2|D5A7S2_DROME	FBgn0021765	3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase type-2 (EC 1.1.1.35) (17-beta-hydroxysteroid dehydrogenase 10) (17-beta-HSD 10) (EC 1.1.1.51, EC 1.1.1.62) (3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase type II) (Hydroxysteroid dehydrogenase) (EC 1.1.1.-, EC 1.1.1.53) (Mitochondrial ribonuclease P protein 2) (Mitochondrial RNase P protein 2) (Scully protein) (Type II HADH)	0.002469718	0.003742598	0.003924632	0.001445453	0.003807117	0.003016543	0.004509752	0.004284537	0.006501983	0.003482569	0.00339234	0.002494191
sp|O18413|PRS8_DROME;tr|Q9VA54|Q9VA54_DROME	FBgn0020369	26S proteasome regulatory subunit 8	0.00055536	0.000504954	0.000581427	0.00018202	0.000399512	0.000379861	0.000391651	0.000337209	0	0.000572016	0	0
tr|M9PCC1|M9PCC1_DROME;sp|O18640|GBLP_DROME;tr|M9	FBgn0020618	Receptor of activated protein kinase C 1, isoform C	0.00339503	0.004287342	0.003887607	0.002781815	0.001780845	0.002902711	0.002868108	0.002147321	0.002040204	0.0032783	0.002946962	0.001555601

PB67|M9PB67_DROME;tr|Q9VYQ9|Q9VYQ9_DROME		(Receptor of activated protein kinase C 1, isoform D)												
tr|A0A0B4KFX5|A0A0B4KFX5_DROME;tr|A0A0B4KGG9|A0A0B4KGG9_DROME;tr|A4V2S3|A4V2S3_DROME;tr|A0A0B4KHB2|A0A0B4KHB2_DROME;tr|A0A0B4KFT4|A0A0B4KFT4_DROME;sp|O46036|CTBP_DROME;tr|A0A0B4KGZ7|A0A0B4KGZ7_DROME	FBgn0020496	C-terminal binding protein, isoform I (EC 1.1.1.-)	0.000118692	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000101876	0	0
tr|X2JAB9|X2JAB9_DROME;sp|O46037|VINC_DROME	FBgn0004397	Vinculin	4.68097E-05	7.09352E-05	0	0	0	0	4.1264E-05	0	0	4.0178E-05	0	0
tr|M9PIM0|M9PIM0_DROME;sp|O61231|RL10_DROME	FBgn0024733	Ribosomal protein L10, isoform E	0.000825397	0.001876204	0.001890304	0.000338156	0	0	0.000545707	0.000313233	0.000330675	0.00035423	0.000330675	0.000324169
sp|O62619|KPYK_DROME	FBgn0267385	Pyruvate kinase (PK) (EC 2.7.1.40)	0.002700736	0.001151067	0.001656739	0.000968155	0.001366062	0.002020461	0.002008775	0.001409255	0.001622976	0.002245673	0.002163969	0.000795521
tr|M9PEA6|M9PEA6_DROME;sp|O76927|RS21_DROME	FBgn0015521	40S ribosomal protein S21	0	0	0.000709271	0	0.000974714	0.000926769	0.000955535	0	0	0	0	0
tr|B7YZQ7|B7YZQ7_DROME;tr|A0A0B4K7G9|A0A0B4K7G9_DROME;sp|O77460|IPYR_DROME	FBgn0016687	inorganic diphosphatase (EC 3.6.1.1)	0.000620471	0.001175323	0.001014991	0.001525202	0.00027897	0.001060991	0.000957183	0.001177324	0.001491459	0.001464558	0.001242883	0.000974741
tr|A0A0B4K623|A0A0B4K623_DROME;sp|O96553|C1TC_DROME	FBgn0020385	C-1-tetrahydrofolate synthase, cytoplasmic (EC 1.5.1.5) (EC 3.5.4.9) (EC 6.3.4.3)	0.000233078	0.000211924	6.10046E-05	0	8.38355E-05	0.000318847	0.000205465	0	0	0.000680195	0	0
tr|A0A0B4LFL3|A0A0B4LFL3_DROME;sp|O96827|	FBgn0028737	Eukaryotic translation elongation factor 1 beta, isoform C	0.004660519	0.004605996	0.002651778	0.002656508	0.0072884	0.003811443	0.003751122	0.002768303	0.006169625	0.003478476	0.003896607	0.003819932

EF1B_DROME														
sp|O97125|HSP68_DROME;sp|Q9VG58|HSP74_DROME;sp|Q9BIS2|HSP73_DROME;sp|Q9BIR7|HSP75_DROME;sp|Q8INI8|HSP72_DROME;sp|P82910|HSP70_DROME;sp|P02825|HSP71_DROME;sp|P11146|HSP7B_DROME	FBgn0001230	Heat shock protein 68	0.001983553	0.002254399	0.001946865	0.001973555	0.001528842	0.002665009	0.001686106	0.002150703	0.002043417	0.001520121	0.002270464	0.001335472
sp|P00334|ADH_DROME	FBgn0000055	Alcohol dehydrogenase (EC 1.1.1.1)	0.036725335	0.044469454	0.042312436	0.061335761	0.052775418	0.035756641	0.037331195	0.04001063	0.032382921	0.033483051	0.043928154	0.041407465
sp|P00408|COX2_DROME	FBgn0013675	Cytochrome c oxidase subunit 2 (EC 7.1.1.9) (Cytochrome c oxidase polypeptide II)	0.001972989	0.0020929	0.001807396	0.0012933	0.00106449	0.000337377	0.001391393	0.001796969	0.001897032	0.000846734	0.001264688	0.001859704
sp|P02283|H2B_DROME	FBgn0001198	Histone H2B	0.006583045	0.004433739	0.003350295	0.002996671	0.005261869	0.003752285	0.005158337	0.008882577	0.004688598	0.006592137	0.00351645	0.006894511
tr|M9NE68|M9NE68_DROME;sp|P02516|HSP23_DROME	FBgn0001224	Heat shock protein 23, isoform B	0.011608811	0.009162466	0.008862072	0.007530343	0.012613634	0.013647425	0.012365448	0.010646556	0.009301574	0.008718632	0.009689144	0.012917942
tr|X2JGG6|X2JGG6_DROME;sp|P02517|HSP26_DROME	FBgn0001225	Heat shock protein 26, isoform B	0.001297619	0.000327734	0.001415132	0.001417656	0.001944741	0.000739633	0.000953238	0.000328292	0.002426011	0.001670672	0.002079439	0.002378275
tr|X2JC82|X2JC82_DROME;sp|P02518|HSP27_DROME	FBgn0001226	Heat shock protein 27, isoform B	0.007602954	0.007360944	0.008015093	0.005883604	0.00759636	0.006861573	0.005585171	0.005449961	0.007445626	0.005800727	0.008122505	0.008626231
tr|X2JCP8|X2JCP8_DROME;sp|P10987|ACT1_DROME;sp|P02572|ACT2_DROME;sp|P45891|ACTY_DROME	FBgn0000042	Actin 5C, isoform E	0.016031583	0.014685288	0.012368853	0.022154641	0.024098241	0.0198442	0.015397841	0.020521764	0.017063193	0.013657645	0.016104593	0.01841898
tr|M9PBL3|M9PBL3_DROME;sp|P02828|HSP83_DROME	FBgn0001233	Heat shock protein 83 (HSP 82)	0.003325188	0.001996574	0.002627369	0.005243547	0.002595158	0.003754902	0.00326308	0.003333289	0.004323221	0.00425422	0.004423763	0.003252536

sp|P05389|RLA2_DROME	FBgn0003274	60S acidic ribosomal protein P2 (Acidic ribosomal protein RPA1)	0.00039809	0.000603263	0.001562906	0.000652373	0	0	0	0	0.00063794	0.001366764	0	0
sp|P05661|MYSA_DROME	FBgn0264695	Myosin heavy chain, muscle	4.58554E-05	0	0	0	0	0	2.02114E-05	0	0	1.96795E-05	0	0
sp|P06605|TBA3_DROME;sp|P06603|TBA1_DROME	FBgn0003885	Tubulin alpha-3 chain (EC 3.6.5.-)	0.012195701	0.012573346	0.016483453	0.021787793	0.019416297	0.015555307	0.011896414	0.01623661	0.018101897	0.014500608	0.018422292	0.015075998
sp|P06604|TBA2_DROME	FBgn0003886	Tubulin alpha-2 chain (EC 3.6.5.-)	0	0	0	0.000164183	0	0	0	0	0.000160551	0	0	0
tr|A0A0B4LHS1|A0A0B4LHS1_DROME;sp|P06742|MLC1_DROME	FBgn0002772	Myosin light chain alkali	0.002611982	0.007476572	0.008355668	0.007134009	0.012526643	0.00744405	0.006907595	0.009692037	0.011161889	0.00398566	0.007906341	0.009574475
sp|P07486|G3P1_DROME	FBgn0001091	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 1 (EC 1.2.1.12) (Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase I) (GAPDH I)	0.00216791	0.001847948	0.001773177	0.002886552	0.00316782	0.003012	0.00250828	0.002262448	0.002388431	0.001628178	0.002822693	0.002128577
tr|M9PJN8|M9PJN8_DROME;sp|P07487|G3P2_DROME	FBgn0001092	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (EC 1.2.1.12)	0.012059002	0.010471705	0.010639062	0.015987057	0.014864384	0.010889539	0.011585865	0.013574691	0.015199108	0.009885368	0.014113463	0.011494313
sp|P07701|SGS5_DROME	FBgn0003375	Salivary glue protein Sgs-5	0.002759763	0.002091066	0.00144465	0.001356775	0.001985306	0.002831479	0.001216402	0.001675701	0.004422528	0.000710633	0	0
tr|C8VV14|C8VV14_DROME;sp|P07764|ALF_DROME;tr|F3YDE2|F3YDE2_DROME;tr|A4V3G1|A4V3G1_DROME	FBgn0000064	Fructose-bisphosphate aldolase (EC 4.1.2.13)	0.029532525	0.036067119	0.030657788	0.044108335	0.049078591	0.037928225	0.027242019	0.032723745	0.038340006	0.027059847	0.036143458	0.036802558
tr|A4V3J6|A4V3J6_DROME;tr|A4V3J5|A4V3J5_DROME;sp|P07909|ROA1_DROME;tr|E1JIK0|E1JIK0_DROME;sp|P	FBgn0001215	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein at 98DE, isoform F	0.000623049	0.000566499	0.00097844	0	0	0.00063924	0.000768928	0	0.000399375	0.000427824	0	0.000391517

48810|RB87F_DROME														
tr|A4V2B8|A4V2B8_DROME;sp|P08181|CSK2A_DROME	FBgn0264492	Casein kinase IIalpha, isoform C (EC 2.7.11.-) (Casein kinase IIalpha, isoform D) (Casein kinase IIalpha, isoform E) (Casein kinase IIalpha, isoform F) (Casein kinase IIalpha, isoform G)	0.000401644	0.00060865	0.000350414	0	0.000240777	0.000228934	0.00047208	0.000609686	0	0.000689484	0.000429091	0.000420647
tr|M9PBK5|M9PBK5_DROME;sp|P08570|RLA1_DROME	FBgn0002593	Ribosomal protein LP1, isoform B	0.006024662	0.002434598	0.003679342	0.005265578	0.007223325	0.006868022	0.004248719	0.006706544	0.00450545	0.005171128	0.005792724	0.003154855
sp|P08736|EF1A1_DROME;tr|A4V3Q6|A4V3Q6_DROME;sp|P05303|EF1A2_DROME	FBgn0284245	Elongation factor 1-alpha 1 (EF-1-alpha-1) (50 kDa female-specific protein)	0.007384006	0.007361635	0.008264613	0.011463721	0.009260833	0.005980965	0.00642355	0.005751852	0.00871897	0.005920922	0.00731771	0.005036865
tr|A0A0B4LJ12|A0A0B4LJ12_DROME;sp|P08879|NDKA_DROME;tr|A0A0B4LHX6|A0A0B4LHX6_DROME	FBgn0000150	Nucleoside diphosphate kinase (EC 2.7.4.6)	0.005292252	0.004009926	0.005386749	0.004818176	0.005287663	0.009049629	0.006997891	0.007140895	0.003769265	0.007318441	0.006125059	0.003695098
tr|M9NE89|M9NE89_DROME;sp|P08928|LAM0_DROME	FBgn0002525	Lamin, isoform B (Lamin, isoform C) (Lamin, isoform D)	0	0.000109596	0	0.000237036	0	0	0.000255014	0	0.000115896	0.000124151	0.000231792	0.000113615
sp|P09180|RL4_DROME	FBgn0003279	60S ribosomal protein L4 (L1)	0.007740413	0.007139868	0.007340334	0.005331234	0.008069949	0.008248478	0.006526711	0.006300593	0.006471669	0.006643803	0.009168201	0.00687302
tr|Q7JYK1|Q7JYK1_DROME;sp|P18101|RL40_DROME;sp|P15357|RS27A_DROME;tr|Q9W418|Q9W418_DROME;tr|	FBgn0003941	Ubiquitin-60S ribosomal protein L40	0.004568702	0.004793115	0.001839671	0.002879613	0.003160205	0.004807616	0.004647037	0.002667375	0.003942269	0.006334631	0.006758178	0.004416796

A4V1F9|A4V1F9_DROME;sp|P0CG69|UBIQP_DROME;tr|R9PY16|R9PY16_DROME														
tr|A0A0B4LH50|A0A0B4LH50_DROME;sp|P10981|ACT5_DROME;sp|P83967|ACT6_DROME;tr|M9PFZ6|M9PFZ6_DROME;sp|P02574|ACT4_DROME	FBgn0000046	Actin 87E, isoform C	0	0.0001813	0.000469703	0	0.000430326	0.000204579	0.000316394	0.000181609	0.000958606	0.000308067	0	0
tr|C7LA75|C7LA75_DROME;sp|P11147|HSP7D_DROME;tr|Q8I0E9|Q8I0E9_DROME	FBgn0266599	Heat shock protein cognate 4, isoform G (EC 3.6.1.3) (LD25749p)	0.005666205	0.005235695	0.00515447	0.00645458	0.007456335	0.006144295	0.006395921	0.007657129	0.006865447	0.006227595	0.008415713	0.005970477
sp|P11995|LSP1A_DROME	FBgn0002562	Larval serum protein 1 alpha chain (Hexamerin-1-alpha)	0.004299955	0.003425145	0.002741471	0.003884655	0.002280305	0.002733742	0.002089648	0.001087871	0.000883422	0.003406861	0.002208555	0.001905285
tr|X2J8F5|X2J8F5_DROME;sp|P11996|LSP1B_DROME	FBgn0002563	Larval serum protein 1 beta, isoform B	0.011801923	0.010799864	0.008132792	0.014949171	0.00861306	0.005752077	0.005779838	0.003721479	0.00502509	0.008025625	0.007674686	0.004567941
sp|P11997|LSP1G_DROME	FBgn0002564	Larval serum protein 1 gamma chain (Hexamerin-1-gamma)	0.021792836	0.021192356	0.026384506	0.030938683	0.027560914	0.018034786	0.015769426	0.020255468	0.021103247	0.020906003	0.020449615	0.019314902
tr|A4V391|A4V391_DROME;sp|P12613|TCPA_DROME	FBgn0003676	T-complex protein 1 subunit alpha (CCT-alpha)	0	0.000122386	0	0	0	0	0	0	0	6.93197E-05	0	0
tr|I0DHK3|I0DHK3_DROME;sp|P12881|PSA1_DROME	FBgn0250843	Proteasome subunit alpha type	0	0.000244332	0.000211002	0.000792668	0	0.000827117	0.000426395	0	0	0.000276782	0	0.000253293
sp|P12982|PP12_DROME;sp|Q05547|PP13_DROME;tr|A0A0B4KHS9|A0A0B4KHS9_DROME;sp|P48461|PP11_DROME	FBgn0004103	Serine/threonine-protein phosphatase alpha-2 isoform (EC 3.1.3.16)	0	0	0.000194932	0	0	0	0.000131307	0	0	0	0	0
tr|M9PG47|M9PG47_DROME;sp|P1300	FBgn0261597	40S ribosomal protein S26	0.001183793	0.004783772	0.002581995	0.0051732	0.00141932	0.001349506	0.003130635	0	0.005691095	0.003725631	0.001897032	0.005579111

8|RS26_DROME														
sp|P13060|EF2_DROME	FBgn0000559	Eukaryotic translation elongation factor 2 (Elongation factor 2) (EF-2)	0.001545664	0.001453836	0.00118576	0.000873437	0.001437818	0.001184815	0.001033654	0.000809062	0.000768702	0.001326684	0.001537405	0.000837307
sp|P13395|SPTCA_DROME;tr|M9PDQ0|M9PDQ0_DROME;tr|M9PBI5|M9PBI5_DROME;tr|M9PGV6|M9PGV6_DROME	FBgn0250789	Spectrin alpha chain	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4.79641E-05	0	0
tr|A0A0B4K7G4|A0A0B4K7G4_DROME;sp|P13469|MODU_DROME	FBgn0002780	Modulo, isoform C	0	0.00050309	0	0.000136011	0	0.000141922	7.31637E-05	0	0	0.000142476	0	0.000130385
tr|M9PET0|M9PET0_DROME;tr|M9PC43|M9PC43_DROME;tr|B5RIM9|B5RIM9_DROME;sp|P13706|GPDA_DROME	FBgn0001128	Glycerol-3-phosphate dehydrogenase [NAD(+)] (EC 1.1.1.8)	0.004498414	0.003895357	0.00454136	0.002948724	0.002773757	0.003076874	0.00407877	0.004097088	0.005149086	0.003861109	0.002265599	0.001817196
sp|P14318|MP20_DROME	FBgn0002789	Muscle-specific protein 20	0.009534682	0.008521093	0.00799857	0.01081733	0.007914252	0.005016642	0.007111987	0.005195583	0.008227343	0.006295286	0.006268455	0.007297316
tr|E1JHR5|E1JHR5_DROME;sp|P15007|ENO_DROME	FBgn0000579	phosphopyruvate hydratase (EC 4.2.1.11) (2-phospho-D-glycerate hydro-lyase)	0.011012284	0.011335218	0.010604663	0.011917475	0.013265561	0.011902457	0.010715015	0.015297059	0.009489539	0.008827939	0.010654925	0.011587715
tr|A4V2I0|A4V2I0_DROME;sp|P15364|AMAL_DROME;tr|Q7KSX2|Q7KSX2_DROME	FBgn0000071	Amalgam, isoform C	0	0.000204711	0	0.000221376	0	0	0.000238166	0	0	0.000231898	0	0
tr|M9MS72|M9MS72_DROME;tr|M9MS37|M9MS37_DROME;tr|H1UUF3|H1UUF3_DROME;sp|P16905|KAPR1_DROME;tr|M9MRY3|M9MRY3_DROME;tr|	FBgn0259243	Protein kinase, cAMP-dependent, regulatory subunit type 1, isoform X (EC 3.1.4.35)	0.000151462	0.000229524	0	0	0	0	0	0	0	0.000130004	0	0

Q9VPA7|Q9VPA7_DROME;tr|M9MS76|M9MS76_DROME														
tr|Q59E23|Q59E23_DROME;tr|M9PBV1|M9PBV1_DROME;sp|P17276|PH4H_DROME;tr|E8NH57|E8NH57_DROME	FBgn0001208	phenylalanine 4-monooxygenase (EC 1.14.16.1) (Phe-4-monooxygenase)	0.000603814	0.000457508	0.000263398	0.000494752	0.000180987	0.000516254	0.000354852	0.000458287	0.000322538	0.000604648	0.000645076	0.000948574
sp|P17336|CATA_DROME	FBgn0000261	Catalase (EC 1.11.1.6)	0.008356738	0.009161017	0.007678627	0.008304213	0.009752916	0.010945401	0.006739734	0.007422262	0.008547889	0.005722987	0.008262963	0.008798677
sp|P17704|RS17_DROME	FBgn0005533	40S ribosomal protein S17	0.002747123	0.004162977	0.001797541	0.002813668	0.002470267	0.004110328	0.003329785	0.005212581	0.001100568	0.002063188	0.003301705	0.00269728
sp|P18053|PSA4_DROME;sp|Q9VA12|PSA4L_DROME	FBgn0261394	Proteasome subunit alpha type-4 (PROS-Dm29) (Proteasome 29 kDa subunit)	0.000340789	0	0.00022299	0	0	0	0.000751036	0.000258655	0.000273058	0.000438762	0.000273058	0.000267685
sp|P18432|MLR_DROME	FBgn0002773	Myosin regulatory light chain 2 (MLC-2)	0.004052625	0.000921199	0.002651778	0.002988572	0.00327978	0.006236907	0.003393872	0.004613838	0.003571888	0.002608857	0.002273021	0.003501604
tr|E1JJ68|E1JJ68_DROME;tr|C7LAE4|C7LAE4_DROME;sp|P19109|DDX17_DROME;tr|A0A0B4K624|A0A0B4K624_DROME;tr|Q7KU78|Q7KU78_DROME;tr|A0A0B4K6A3|A0A0B4K6A3_DROME;tr|A0A0B4K6K1|A0A0B4K6K1_DROME;tr|A0A0B4K6T7|A0A0B4K6T7_DROME;tr|Q8MZI3|Q8MZI3_DROME	FBgn0003261	RNA helicase (EC 3.6.4.13)	0	0	0	0	0	0	6.89647E-05	0	0	6.71497E-05	0	0
tr|M9PJM6|M9PJM6_DROME;tr|M9NH07|M9NH07_DROME;tr|M9PHJ0|M9PHJ0_DROM	FBgn0004169	Upheld, isoform Q (Upheld, isoform R) (Upheld, isoform S)	0.002666586	0.00263539	0.002427607	0.001899951	0.001042542	0.002379026	0.003372695	0.002463885	0.001857917	0.002786367	0.002229502	0.001274952

E;tr|M9PHR2|M9PHR2_DROME;sp|P19351|TNNT_DROME;tr|B9EQV5|B9EQV5_DROME;tr|E1JJP0|E1JJP0_DROME;tr|X2JBP9|X2JBP9_DROME														
tr|M9PG76|M9PG76_DROME;sp|P19889|RLA0_DROME	FBgn0000100	60S acidic ribosomal protein P0	0.003121928	0.002795564	0.003528454	0.00302314	0.004593761	0.004610458	0.002501875	0.003446552	0.004093279	0.003532244	0.004320686	0.004904455
sp|P20007|PCKG_DROME	FBgn0003067	Phosphoenolpyruvate carboxykinase [GTP] (EC 4.1.1.32) (Phosphoenolpyruvate carboxykinase 1)	0	0	0	0	0	0	6.12901E-05	0.000105541	0	5.96771E-05	0	0
sp|P20432|GSTD1_DROME	FBgn0001149	Glutathione S-transferase D1 (EC 2.5.1.18) (EC 4.5.1.1) (DDT-dehydrochlorinase)	0.004304703	0.004240161	0.003661738	0.002469027	0.002322524	0.002944377	0.003225503	0.000980165	0.001379659	0.005727003	0.002414405	0.004057535
tr|E1JHQ1|E1JHQ1_DROME;sp|P20477|GLNA1_DROME	FBgn0001142	Glutamine synthetase (EC 6.3.1.2)	0.00202936	0.00170849	0.001327883	0.001478057	0.00223036	0.002313439	0.002385246	0.002053678	0.001806697	0.001548314	0.000722679	0.001771146
sp|P21187|PABP_DROME	FBgn0265297	Polyadenylate-binding protein (PABP) (Poly(A)-binding protein)	0.000283812	0.000322565	0.000185708	0.000116275	0.000127604	0	0.000625469	0.000430819	0.000341107	0.000365405	0.000113702	0.000334395
tr|A0A0B4KH34|A0A0B4KH34_DROME;sp|P22464|ANXB9_DROME	FBgn0000083	Annexin	0.001388399	0.000420795	0.000726784	0.000682575	0	0.001424479	0.000979129	0.000421511	0.000444983	0.00154921	0.000667474	0.000218113
tr|A0A0B4LGB7|A0A0B4LGB7_DROME;sp|P22700|ATC1_DROME	FBgn0263006	Calcium-transporting ATPase (EC 7.2.2.10)	9.00583E-05	6.8237E-05	0.000294642	7.37919E-05	8.09822E-05	0	0	0	0	0.000231898	0	0
tr|A0A0B4KI71|A0A0B4KI71_DROME;tr|Q8IMF5|Q8IMF5_DROME;sp|P23226|	FBgn0002645	Microtubule-associated protein 205, isoform C	0	0	0	6.64726E-05	0	0	7.15144E-05	0	0	3.48161E-05	0	0.000127446

MA205_DROME														
tr|X2JDI1|X2JDI1_DROME;sp|P23696|PP2A_DROME	FBgn0004177	Serine/threonine-protein phosphatase (EC 3.1.3.16)	0.00014558	0.000220611	0.000571548	0	0	0	0	0	0	0.000124955	0	0
sp|P23779|CYTL_DROME	FBgn0004629	Cystatin-like protein	0.001071051	0.002705109	0.00233609	0.000585064	0	0.001220982	0.00031472	0.000541943	0.001716362	0	0	0
sp|P25007|PPIA_DROME;tr|Q7K2I4|Q7K2I4_DROME	FBgn0004432	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase (PPIase) (EC 5.2.1.8) (Cyclophilin) (Cyclosporin A-binding protein) (Rotamase)	0.003963361	0.001501514	0.00337138	0.000324749	0.002851145	0.003388628	0.003843188	0.001504071	0.002222953	0.003912136	0.002540519	0.001245264
tr|M9PG62|M9PG62_DROME;sp|P25161|PSMD3_DROME	FBgn0261396	Regulatory particle non-ATPase 3, isoform B	9.1061E-05	0.000137993	0.000119169	0.000298454	0	0	0.000321091	0.000691142	0	0.00023448	0.000291851	0.000429162
tr|M9NEU5|M9NEU5_DROME;sp|P25843|PROF_DROME	FBgn0000308	Profilin	0.004284204	0.000541022	0.003270526	0.001170129	0.000642073	0.005494418	0.003461919	0.004335543	0.002288482	0.003983683	0.004004846	0.001682589
tr|A0A0B4KGE6|A0A0B4KGE6_DROME;sp|P26270|PSMD7_DROME;tr|A0A0B4KFH4|A0A0B4KFH4_DROME	FBgn0002787	Regulatory particle non-ATPase 8, isoform C	0	0	0.00017417	0	0	0	0	0	0	0.000114234	0	0.000209079
tr|A4V4I0|A4V4I0_DROME;sp|P26308|GBB1_DROME	FBgn0001105	G protein beta-subunit 13F, isoform C (G protein beta-subunit 13F, isoform E) (G protein beta-subunit 13F, isoform F) (G protein beta-subunit 13F, isoform G) (G protein beta-subunit 13F, isoform H)	0	0	0.000346291	0.000216818	0	0	0	0	0	0	0	0
tr|A0A0B4KEH0|A0A0B4KEH0_DROME;sp|P29310|1433Z_DROME	FBgn0004907	14-3-3zeta, isoform K (14-3-3zeta, isoform L)	0.003446366	0.005497479	0.004984915	0.008917512	0.005871864	0.006823712	0.005916227	0.004956155	0.00552281	0.005604835	0.00610416	0.008548638

sp|P29327|RS6_DROME;tr|Q95TP9|Q95TP9_DROME	FBgn0261592	40S ribosomal protein S6	0.00308359	0.001924118	0.002373769	0.003567005	0.002935932	0.004032194	0.002878165	0.003579446	0.002034719	0.002491038	0.003488092	0.003134501
tr|Q53YH3|Q53YH3_DROME;sp|P29413|CALR_DROME	FBgn0005585	Calreticulin	0.002326766	0.00302226	0.002609977	0.001634145	0.002191905	0.001894627	0.002930151	0.001850081	0.001775547	0.002092226	0.002663321	0.002959036
sp|P29613|TPIS_DROME	FBgn0086355	Triosephosphate isomerase (TIM) (EC 5.3.1.1) (Triose-phosphate isomerase)	0.006556393	0.00524375	0.007388477	0.003282992	0.005895637	0.006539914	0.007385088	0.006358504	0.003502212	0.006565448	0.007004427	0.007724923
sp|P29681|IMPE2_DROME	FBgn0001254	20-hydroxyecdysone protein (20-HE)	0.000482662	0.000438855	0	0.000632773	0.000868039	0.001155478	0.000340384	0.000146534	0.000309387	0.00091142	0.000464081	0.000909898
tr|X2JC31|X2JC31_DROME;sp|P29742|CLH_DROME	FBgn0000319	Clathrin heavy chain	5.36164E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	6.90305E-05	4.29602E-05	0
sp|P29746|BNB_DROME	FBgn0001090	Protein bangles and beads	0.002544352	0.003393014	0.001864644	0.0088395	0.003477655	0.00783141	0.00520356	0.005098187	0.001467839	0.007075787	0.005708265	0.011831418
sp|P29843|HSP7A_DROME	FBgn0001216	Heat shock 70 kDa protein cognate 1 (Heat shock 70 kDa protein 70C)	0	0	0	0	0	0.000120003	0	0	0	6.02357E-05	0	0
tr|F3YDH0|F3YDH0_DROME;sp|P29844|BIP_DROME	FBgn0001218	Heat shock 70-kDa protein cognate 3, isoform E (EC 3.6.1.3) (LD03228p1)	0.004182977	0.003013557	0.003858822	0.004832131	0.004563027	0.004690357	0.005017288	0.004996449	0.003956005	0.003708077	0.004395563	0.003662709
tr|A0A0B4LFD2|A0A0B4LFD2_DROME;sp|P29845|HSP7E_DROME	FBgn0001220	Heat shock protein cognate 5, isoform B (EC 3.6.1.3)	0	0	0.000514893	0	0	0	5.78057E-05	9.95405E-05	0.00031525	0.000281422	0.00031525	0
tr|M9PB84|M9PB84_DROME;sp|P31009|RS2_DROME	FBgn0004867	40S ribosomal protein S2	0.00101088	0.002042509	0.001984364	0.001380489	0.000303001	0.000288097	0.001485195	0.001022993	0.000809969	0.00173533	0.002159917	0.001588062
tr|E1JIJ5|E1JIJ5_DROME;sp|P31409|VATB_DROME	FBgn0005671	Vacuolar proton pump subunit B (V-ATPase subunit B) (Vacuolar proton pump subunit B)	0.003029544	0.004173597	0.00336397	0.004362908	0.004622928	0.004395534	0.004208255	0.004041346	0.004854852	0.004885484	0.005884672	0.003461326

tr|X2J5G6|X2J5G6_DROME;sp|P32100|RL7_DROME	FBgn0005593	Ribosomal protein L7, isoform B	0.004462713	0.004869196	0.005373008	0.004387982	0.003531403	0.004578681	0.005192879	0.004877486	0.005435146	0.004749776	0.006293329	0.006730356
tr|M9NCS8|M9NCS8_DROME;sp|P33438|GLT_DROME	FBgn0001114	Glutactin, isoform D	0.000131533	0	0	7.185E-05	0	7.49726E-05	0.000309199	6.65544E-05	0	0.000225796	0.000140521	0.000137756
tr|M9MRD0|M9MRD0_DROME;sp|P35122|UCHL_DROME	FBgn0010288	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase (EC 3.4.19.12)	0.000396336	0.000300303	0.000518674	0.000324749	0	0	0.000349381	0	0.000952694	0.000850464	0.00063513	0.000311316
sp|P35381|ATPA_DROME	FBgn0011211	ATP synthase subunit alpha, mitochondrial (Protein bellwether)	0.004563609	0.004939764	0.005865618	0.004941249	0.004396806	0.005852749	0.005387869	0.007917079	0.005484896	0.004756438	0.005484898	0.004352785
tr|A4V1N8|A4V1N8_DROME;sp|P35415|MYSP1_DROME;tr|A4V1N9|A4V1N9_DROME;sp|P35416|MYSP2_DROME	FBgn0003149	FI03688p (Paramyosin, isoform B (EC 2.7.11.-))	0.001177059	0.001318394	0.000669732	0.000838659	0.000644265	0.00140017	0.000541361	0.000233054	0.000738094	0.001361711	0.001312168	0
tr|M9MQH9|M9MQH9_DROME;sp|P36179|2AAA_DROME;tr|M9NDI6|M9NDI6_DROME;tr|H5V8B8|H5V8B8_DROME	FBgn0260439	Protein phosphatase 2A at 29B, isoform C	0.000685038	0.000230689	0.00049805	0.000498938	0	0.000130155	0.000402586	0	0.0004879	0.000195995	0.00024395	0.000358725
sp|P36241|RL19_DROME	FBgn0285950	60S ribosomal protein L19	0.001551177	0.002686453	0.002609977	0.000363143	0.001594113	0.003410328	0.001758091	0.002354649	0.001775547	0.001521619	0.001775547	0.001392488
sp|P38979|RSSA_DROME	FBgn0003517	40S ribosomal protein SA (K14) (Laminin receptor homolog) (Protein stubarista)	0.003831982	0.002524768	0.003488562	0.00464151	0.004494513	0.00398854	0.003671733	0.004299414	0.003470865	0.003003084	0.003737856	0.004187777
tr|E2QD65|E2QD65_DROME;sp|P39018|RS19A_DROME	FBgn0010412	Ribosomal protein S19a, isoform C (Ribosomal protein S19a, isoform D) (Ribosomal protein S19a, isoform E)	0.003460319	0.003495833	0.003773684	0.002835311	0.000518598	0.002958533	0.002796166	0.003064062	0.002310487	0.002227563	0.003696781	0.004077043

sp|P40301|PSA2_DROME	FBgn0086134	Proteasome subunit alpha type-2 (PROS-Dm25) (Proteasome 25 kDa subunit)	0	0	0	0.000315035	0	0	0.001016788	0.000583631	0	0.000495014	0	0
sp|P40304|PSB1_DROME	FBgn0002284	Proteasome subunit beta type-1 (Proteasome 26 kDa subunit)	0	0	0.000250508	0	0	0	0.000168743	0	0	0.000492907	0	0
tr|F6J1D0|F6J1D0_DROME;sp|P40423|SQH_DROME	FBgn0003514	CG3595 (Spaghetti squash, isoform B) (Spaghetti squash, isoform C) (Spaghetti squash, isoform D) (Spaghetti squash, isoform E)	0.000517059	0	0	0	0	0	0.000227901	0	0.000414294	0	0	0.000812284
tr|X2JGM9|X2JGM9_DROME;sp|P41042|RS4_DROME	FBgn0011284	40S ribosomal protein S4	0.006032356	0.007835488	0.005864392	0.005084007	0.002789698	0.004420796	0.004406079	0.005755808	0.005523923	0.006065343	0.004695337	0.00379066
tr|A4UZL5|A4UZL5_DROME;sp|P41043|GSTS1_DROME;tr|A0A0B4KFT5|A0A0B4KFT5_DROME	FBgn0010226	Glutathione S transferase S1, isoform C (EC 1.11.1.9, EC 2.5.1.18, EC 5.3.99.2) (MIP34768p1)	0.003793843	0.002463931	0.004728472	0.002960566	0.001299618	0.004016	0.003025862	0.003016598	0.004342602	0.002481034	0.002895069	0.003405722
tr|M9MRC9|M9MRC9_DROME;sp|P41092|RL27A_DROME	FBgn0285948	60S ribosomal protein L27a	0.002113349	0.001372525	0	0.000494752	0.000542961	0.00258127	0.000798417	0	0.000483807	0.001554809	0.000483807	0.001422861
sp|P41093|RL18A_DROME	FBgn0010409	60S ribosomal protein L18a	0.002033182	0.001925671	0.002328171	0.000416486	0.001371207	0.002172934	0.001792303	0.00115737	0.002443634	0.003053984	0.00162909	0.000399258
sp|P41094|RS18_DROME	FBgn0010411	40S ribosomal protein S18	0.003255431	0.000448479	0.003485693	0	0	0.002024259	0.003652408	0.002695453	0.002845547	0.001016081	0.000948516	0.001394778
tr|M9PFF0|M9PFF0_DROME;sp|P41126|RL13_DROME	FBgn0011272	60S ribosomal protein L13	0.003301588	0.003127007	0.002430391	0.001690782	0.00222664	0.00141141	0.002364731	0.002819098	0.001653376	0.002833841	0.002314727	0.001620843
tr|M9PIS3|M9PIS3_DROME;sp|P41572|6PGD_DROME	FBgn0004654	6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylati	0.002057487	0.002692736	0.000734339	0.001379341	0.002018326	0.00223889	0.001978614	0.002413392	0.002248042	0.001204088	0.000899217	0.001616125

		ng (EC 1.1.1.44)												
sp|P45594|CADF_DROME	FBgn0011726	Cofilin/actin-depolymerizing factor homolog (Protein D61) (Protein twinstar)	0.009726301	0.007830194	0.007955335	0.006973334	0.00765282	0.011954071	0.008573992	0.010150444	0.009254438	0.007043914	0.008767366	0.007639864
tr|M9NG50|M9NG50_DROME;sp|P46150|MOEH_DROME;tr|M9PHG2|M9PHG2_DROME;tr|C7LAH9|C7LAH9_DROME	FBgn0011661	Moesin/ezrin/radixin homolog 1	0	0	0.00010185	0	0.000139968	0	0.00020582	0	0	0.000467608	0.000124718	0
tr|A0A0B4LGZ5|A0A0B4LGZ5_DROME;sp|P46222|RL11_DROME	FBgn0013325	Ribosomal protein L11, isoform B	0.000977916	0.000740965	0.001279771	0	0.001758723	0.001672214	0.000646544	0.001855565	0.001175335	0.001259057	0.000783557	0.001152208
tr|X2JCS6|X2JCS6_DROME;sp|P46223|RL7A_DROME	FBgn0014026	60S ribosomal protein L7a	0.000497979	0.000251545	0	0.000272022	0	0.001135378	0.001316946	0.001007894	0	0.000569905	0.000798014	0.001043081
sp|P48148|RHO1_DROME	FBgn0014020	Ras-like GTP-binding protein Rho1	0.000468585	0	0.000306612	0	0	0.000400635	0.000206535	0	0	0.000201099	0	0
tr|E1JJM9|E1JJM9_DROME;sp|P48149|RS15A_DROME;sp|Q7KR04|RS15B_DROME	FBgn0010198	GEO07866p1 (Ribosomal protein S15Aa, isoform F)	0.002076191	0.0020975	0.002717053	0	0.000622317	0.001183413	0.002135254	0.000525268	0.001109034	0.002079058	0.002772586	0.000543606
sp|P48159|RL23_DROME	FBgn0010078	60S ribosomal protein L23 (L17A)	0.003855784	0.003408437	0.004204963	0.003685905	0.002311464	0.004944976	0.003398975	0.005365235	0.001029817	0.002757935	0.00411927	0.003533437
sp|P48375|FKB12_DROME	FBgn0013954	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase Fkbp12 (PPIase Fkbp12) (EC 5.2.1.8) (12 kDa FK506-binding protein) (12 kDa FKBP) (Macrolide-binding protein) (Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase)	0.003748679	0.00315596	0.003270526	0.004778025	0.002247257	0.006410154	0.003671733	0.003161334	0.000667474	0.00321759	0	0.00130868

		(PPIase) (Rotamase)												
sp|P48588|RS25_DROME	FBgn0086472	40S ribosomal protein S25	0.003075839	0.00524375	0.001509474	0.003150346	0.003457318	0.004602162	0.003389292	0.002334523	0.00123226	0.004290121	0.003696781	0.00664407
tr|A0A0B4LIJ0|A0A0B4LIJ0_DROME;sp|P48601|PRS4_DROME	FBgn0015282	Regulatory particle triple-A ATPase 2, isoform B (EC 3.6.1.3)	0.000204939	0.000155282	0.000134099	0.000335846	0	0	0.000180659	0	0	0.000527714	0	0
tr|A4V303|A4V303_DROME;sp|P48605|TCPG_DROME	FBgn0015019	T-complex protein 1 subunit gamma	0	0	0.000108216	0	0	0	0.000145789	0	0	0	0	0
tr|A8JNP1|A8JNP1_DROME;sp|P48610|KARG_DROME;tr|A8JNP2|A8JNP2_DROME	FBgn0000116	arginine kinase (EC 2.7.3.3)	0.014025954	0.010723173	0.011740822	0.010146592	0.015453046	0.014692937	0.014480654	0.014194033	0.011137067	0.010195062	0.010529595	0.013895539
tr|E1JHA4|E1JHA4_DROME;sp|P48809|RB27C_DROME	FBgn0004838	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein at 27C, isoform D (Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein at 27C, isoform E) (Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein at 27C, isoform F) (Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein at 27C, isoform G) (Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein at 27C, isoform H)	0.000641104	0.000161921	0.000699162	0.000700409	0.000960822	0.000913561	0.000470959	0.000324393	0.000684914	0.000458564	0.000171229	0.000335718
sp|P49455|TPM4_DROME;tr|A0A0B4K6Y8|A0A0B4K6Y8_DROME	FBgn0003721	Tropomyosin-1, isoforms 33/34 (Tropomyosin II)	0.002257891	0.003553197	0.002841191	0.002846259	0.00249888	0.003860942	0.002143498	0.003559247	0.003618276	0.002907012	0.002783291	0.00422921
tr|X2JC35|X2JC35_DROME;sp|P49630|RL36_DROME	FBgn0002579	60S ribosomal protein L36	0.001564666	0.004742174	0.003071451	0.002564108	0.004220934	0.002675543	0.002413765	0.002968905	0.003761071	0.002014491	0.003761073	0.002458043
tr|X2JDU0|X2JDU0_DROME;sp|P50882|RL9_DROME	FBgn0015756	60S ribosomal protein L9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000406432	0	0

sp|P50887|RL22_DROME	FBgn0015288	60S ribosomal protein L22	0.000451346	0.000911956	0.000984439	0.000986195	0.000541145	0.000514527	0.000530498	0.001370264	0.000723283	0.000774804	0.000723283	0.001181752
sp|P52029|G6PI_DROME	FBgn0003074	Glucose-6-phosphate isomerase (GPI) (EC 5.3.1.9) (Phosphoglucose isomerase) (PGI) (Phosphohexose isomerase) (PHI)	0.002015419	0.001710327	0.001371511	0.002113781	0.000434953	0.001378528	0.001918776	0.001835613	0.001162697	0.001522301	0.00090432	0.001266465
sp|P52034|PFKA_DROME;tr|A0A0B4KFI7|A0A0B4KFI7_DROME;tr|A0A0B4K7L1|A0A0B4K7L1_DROME	FBgn0003071	ATP-dependent 6-phosphofructokinase (ATP-PFK) (Phosphofructokinase) (EC 2.7.1.11) (Phosphohexokinase)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	9.79977E-05	0	0
sp|P53501|ACT3_DROME	FBgn0000044	Actin-57B (EC 3.6.4.-)	0.001435664	0.000906499	0.000469703	0.002352705	0.001721303	0.002864111	0.001687435	0.001634477	0.001725491	0.00112958	0.001725492	0.00150359
tr|A0A0B4LGF8|A0A0B4LGF8_DROME;sp|P53777|MLP1_DROME;tr|B7YZP9|B7YZP9_DROME	FBgn0259209	Muscle LIM protein at 60A, isoform F	0.003422706	0.002222894	0.001919657	0.004006418	0.002638084	0.002508321	0.001293088	0.000742226	0.00235067	0.0029378	0.00235067	0.005376969
sp|P54385|DHE3_DROME;tr|Q8IMY1|Q8IMY1_DROME	FBgn0001098	Glutamate dehydrogenase, mitochondrial (GDH) (EC 1.4.1.3)	0.001200644	0.000849077	0.00052375	0.000787026	0.000287905	0.000410615	0.00183456	0.000486013	0.000384807	0.001717575	0.001026153	0.000628725
tr|X2J986|X2J986_DROME;sp|P54398|FBP2_DROME	FBgn0000640	Fat body protein 2, isoform B (EC 1.1.1.1) (Fat body protein 2, isoform C)	0.001230035	0.000532568	0.000229959	0.002303691	0.001896123	0.001201904	0.00123921	0.000800213	0.001126362	0.001508246	0.000844772	0.00027605
tr|X2JGP4|X2JGP4_DROME;sp|P54399|PDI_DROME	FBgn0286818	Protein disulfide-isomerase (EC 5.3.4.1)	0.008887996	0.011682144	0.008782946	0.009512013	0.009134011	0.009770316	0.009433984	0.008948614	0.009156237	0.009419237	0.008720229	0.010685798
tr|A0A0B4LGS4|A0A0B4LGS4_DROME;sp|P54611|VATE_DROME	FBgn0283535	Vacuolar H[+]-ATPase 26kD subunit, isoform C	0.001791404	0.002413053	0.001823391	0.00260949	0.002505791	0.003063259	0.001754633	0.001812871	0.00159485	0.001879301	0.00382764	0.002501548
sp|P55828|RS20_DROME	FBgn0019936	40S ribosomal protein S20	0.000749736	0.000568073	0	0.000614317	0	0.000641015	0.000330456	0.00056904	0	0.001608795	0.000600727	0.000588906

sp|P55830|RS3A_DROME	FBgn0017545	40S ribosomal protein S3a (C3 protein)	0.004196282	0.001780527	0.002196622	0.00330081	0.001509351	0.003444262	0.002515411	0.005095881	0.001882875	0.00360178	0.003496769	0.003164272
sp|P55841|RL14_DROME	FBgn0017579	60S ribosomal protein L14	0.006232743	0.008213102	0.006738073	0.007549444	0.008285067	0.006487385	0.005494328	0.00863844	0.007816684	0.005582326	0.008250948	0.00723716
tr|C6SUW3|C6SUW3_DROME;sp|P55935|RS9_DROME;tr|Q95RG1|Q95RG1_DROME	FBgn0010408	40S ribosomal protein S9	0.007151325	0.003845416	0.002717053	0.001512166	0.002904147	0.005917065	0.002236933	0.001750893	0.003327101	0.005742162	0.002957425	0.001812019
sp|P61851|SODC_DROME;tr|M9PF91|M9PF91_DROME	FBgn0003462	Superoxide dismutase [Cu-Zn] (EC 1.15.1.1) (Superoxide dismutase 1)	0.003234154	0.004455473	0.004617214	0.007227264	0.005816429	0.007038601	0.00466526	0.003570447	0.006125056	0.00302832	0.004240425	0.00323321
sp|P80455|RS12_DROME	FBgn0286213	40S ribosomal protein S12	0.001618135	0.002452113	0.002541128	0.001060692	0.000582023	0.001660184	0.002282286	0.000982515	0.001555839	0.001666666	0.001037226	0.000508408
tr|A0A0B4KEY5|A0A0B4KEY5_DROME;sp|P82147|L2EFL_DROME	FBgn0011296	Lethal (2) essential for life, isoform C	0.000721671	0	0.00031481	0.000394214	0	0	0.000848229	0	0	0.000412953	0	0.000377908
tr|X2J6D4|X2J6D4_DROME;sp|P84029|CYC2_DROME	FBgn0284248	Cytochrome c proximal, isoform B (GEO08274p1)	0.001666079	0.001262384	0.002180351	0	0	0	0.00110152	0	0.001334948	0.00143004	0.001334949	0.00065434
tr|A0A0B4KFZ9|A0A0B4KFZ9_DROME;sp|P84040|H4_DROME	FBgn0013981	Histone H4	0.014849134	0.011912984	0.013145611	0.017892742	0.018850774	0.019417166	0.013474903	0.015248064	0.01959652	0.013870002	0.0174969	0.019897024
tr|Q4AB57|Q4AB57_DROME;sp|P84051|H2A_DROME;tr|A0A0B4KH25|A0A0B4KH25_DROME;sp|P08985|H2AV_DROME	FBgn0053853	Histone H2A	0.003990529	0.008795967	0.004747538	0.001783502	0.005219435	0.0049627	0.004796941	0.007709575	0.004069439	0.005604835	0.00406944	0.005129183
tr|M9PI82|M9PI82_DROME;sp|P91891|MO25_DROME	FBgn0017572	Mo25, isoform B	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000227794	0	0
sp|P91938|TRXR1_DROME	FBgn0020653	Thioredoxin reductase 1, mitochondrial (EC 1.8.1.9)	0.000679291	0.001372525	0.000888969	0.000371064	0	0.000258127	0.000998021	0.000572859	0.000241903	0.000583053	0.000120952	0
sp|P92177|1433E_DROME	FBgn0020238	14-3-3 protein epsilon (Suppressor of Ras1 3-9)	0.005150856	0.009626884	0.006066702	0.002250934	0.004940534	0.004697517	0.004994678	0.004691323	0.007428833	0.00795801	0.0052277	0.007282656

sp|P98159|NUDEL_DROME	FBgn0002926	Serine protease nudel (EC 3.4.21.-)	0	0	0	5.63594E-05	0	0	1.51585E-05	0	0	4.42788E-05	2.75563E-05	0
tr|A0A0B4LGQ1|A0A0B4LGQ1_DROME;sp|Q00637|SODM_DROME	FBgn0010213	Superoxide dismutase (EC 1.15.1.1)	0.001036501	0.000628283	0.000542576	0.001358859	0.000745634	0.001063436	0.000548222	0.000629353	0.001328796	0.001067588	0.001328797	0.001628312
tr|M9PCE0|M9PCE0_DROME;sp|Q01604|PGK_DROME	FBgn0250906	Phosphoglycerate kinase (EC 2.7.2.3)	0.003360261	0.003942289	0.002837083	0.003197411	0.003508969	0.002780308	0.003822141	0.004278084	0.002605561	0.003814589	0.002779267	0.003746295
tr|C9QP42|C9QP42_DROME;sp|Q02748|IF4A_DROME;sp|Q9VHS8|IF4A3_DROME	FBgn0001942	RNA helicase (EC 3.6.4.13)	0.00033487	0.000169153	0.000146078	0.000365847	0	0.000190873	0.000295196	0.000169441	0.000357753	0.000958091	0	0.00052607
tr|X2J950|X2J950_DROME;sp|Q03334|RS13_DROME	FBgn0010265	40S ribosomal protein S13	0.002085358	0.000902897	0.001169592	0.001464598	0.00053577	0.002037665	0.001050456	0	0.000954797	0.001534215	0.000477399	0.002340025
sp|Q03427|LAMC_DROME;tr|A0A0B4KFY9|A0A0B4KFY9_DROME	FBgn0010397	Lamin-C (pG-IF)	0	0	0	0	0.000130276	0	0.000191569	0.000329878	0	0.000124351	0	0
tr|M9PFK6|M9PFK6_DROME;sp|Q04691|FBP1_DROME	FBgn0000639	Fat body protein 1, isoform D	0.025142062	0.021771517	0.024705691	0.030865416	0.030564441	0.02389296	0.028302731	0.035438951	0.026953733	0.020189049	0.028147009	0.02924461
tr|X2JH42|X2JH42_DROME;sp|Q05825|ATPB_DROME;tr|L0MQ04|L0MQ04_DROME;tr|Q8T4C4|Q8T4C4_DROME	FBgn0010217	ATP synthase subunit beta (EC 7.1.2.2)	0.009442216	0.008369232	0.01014187	0.011970067	0.012335436	0.012185639	0.010365192	0.013927397	0.01298997	0.011239267	0.01327547	0.01329412
tr|G3M3A2|G3M3A2_DROME;sp|Q06559|RS3_DROME	FBgn0002622	Ribosomal protein S3, isoform B (EC 3.2.2.23, EC 4.2.99.18) (RpS3-PA)	0.000731449	0.000554217	0.000239307	0	0	0.000625381	0.001128386	0.000555161	0	0.001569556	0.000879113	0
tr|A0A0C4DHG6|A0A0C4DHG6_DROME;tr|A0A0C4DHG2|A0A0C4DHG2_DROME;sp|Q07171|GELS_DROME	FBgn0010225	Gelsolin, isoform L	0	0.00036848	0	9.96191E-05	0	0	0.0004287	0	0.00019483	0.000208709	0.00019483	9.54983E-05

tr|A0A023GPM5|A0A023GPM5_DROME;tr|M9MSN3|M9MSN3_DROME;tr|X2JE67|X2JE67_DROME;tr|X2JEJ9|X2JEJ9_DROME;tr|M9MS31|M9MS31_DROME;sp|Q09103|DGK2_DROME;tr|M9PH20|M9PH20_DROME;tr|M9PHG3|M9PHG3_DROME	FBgn0261549	Diacylglycerol kinase (DAG kinase) (EC 2.7.1.107)	0.000226963	0	0	0.00029755	8.1636E-05	7.76204E-05	0.000120045	6.8905E-05	0	0.000116885	0	0
sp|Q0E9B6|RS11_DROME;tr|A1Z8U9|A1Z8U9_DROME	FBgn0033699	40S ribosomal protein S11	0.002902203	0.001759193	0.002658621	0.000475601	0.002609717	0.00148881	0.002046695	0.003524377	0.000930157	0.002989245	0	0.001367782
tr|X2J8C3|X2J8C3_DROME;sp|Q10714|ACE_DROME	FBgn0012037	Angiotensin-converting enzyme (EC 3.4.-.-)	0.00043887	0.000221687	0.000574336	0	0.000131547	0.000250152	0.000257917	0.000444129	0.000351645	0.000502258	0.00046886	0.000459634
sp|Q23983|SNAP_DROME	FBgn0250791	Alpha-soluble NSF attachment protein (SNAP-alpha) (N-ethylmaleimide-sensitive factor attachment protein)	0	0.000233455	0	0	0	0	0.000135804	0	0	0.00013223	0	0
tr|A0A0B4LFJ1|A0A0B4LFJ1_DROME;sp|Q23997|C5210_DROME	FBgn0013763	Imaginal disc growth factor 6, isoform B	0.001094747	0.001055711	0.00117218	0.000652373	0.00107391	0.000850905	0.001754633	0.000755363	0.00095691	0.001452187	0.001435365	0.001094427
tr|X2JKU5|X2JKU5_DROME;sp|Q24186|RS5A_DROME;tr|A0A0B4K683|A0A0B4K683_DROME;sp|Q9VFE4|RS5B_DROME	FBgn0002590	Ribosomal protein S5a, isoform B (Ribosomal protein S5a, isoform C) (Ribosomal protein S5a, isoform D)	0.002367586	0.005082757	0.002581995	0.0012933	0.00283864	0.002024259	0.001913166	0.002695453	0.002213203	0.002201509	0.002845548	0.003409457
tr|A0A0B4LHL7|A0A0B4LHL7_DROME;sp|Q24251|ATP5H_DROME	FBgn0016120	ATP synthase subunit d, mitochondrial	0.002779919	0.002680793	0.002645819	0.00124244	0.002727008	0.002160726	0.00311891	0.001918113	0.002024921	0.001518413	0.002429907	0.003970154

tr|X2JCV2|X2JCV2_DROME;sp|Q24388|LSP2_DROME	FBgn0002565	Larval serum protein 2, isoform B	0.01482359	0.01925451	0.016208001	0.023766462	0.022850849	0.021946319	0.01617867	0.020845862	0.020464126	0.016248603	0.017893263	0.016129812
sp|Q24439|ATPO_DROME	FBgn0016691	ATP synthase subunit O, mitochondrial (Oligomycin sensitivity conferral protein) (OSCP)	0.005380878	0.006197159	0.004506754	0.004232618	0.001548349	0.000368047	0.004363916	0.003593937	0.004828808	0.004433809	0.005518639	0.003381279
sp|Q24560|TBB1_DROME;tr|A1ZBL0|A1ZBL0_DROME;sp|P61857|TBB2_DROME	FBgn0284243	Tubulin beta-1 chain (Beta-1-tubulin)	0.009258481	0.0109802	0.010404225	0.00709145	0.010316265	0.009292572	0.009669718	0.008554696	0.010482479	0.010192636	0.009998676	0.010276215
tr|X2JB48|X2JB48_DROME;sp|Q26365|ADT_DROME;tr|O62526|O62526_DROME	FBgn0003360	ADP/ATP translocase (ADP,ATP carrier protein)	0.005115254	0.003191848	0.003150206	0.001725842	0.002705727	0.001800846	0.002917738	0.004110791	0.002893132	0.004390558	0.003375322	0.002127153
sp|Q27268|DX39B_DROME;tr|M9PC90|M9PC90_DROME	FBgn0014189	ATP-dependent RNA helicase WM6 (DEAD box protein UAP56) (Dmrnahel) (EC 3.6.4.13) (HEL/UAP56)	0.000106095	0	0.000416529	0	0	0.000362839	9.35253E-05	0	0	0.000273192	0.000170017	0
tr|A4V0N4|A4V0N4_DROME;sp|Q27331|VATA2_DROME;tr|M9PD18|M9PD18_DROME;sp|P48602|VATA1_DROME	FBgn0263598	H(+)-transporting two-sector ATPase (EC 7.1.2.2)	0.00161181	0.00166536	0.001534058	0.001680869	0.001712893	0.001628638	0.002066695	0.001779409	0.001526276	0.002200958	0.002113306	0.001611339
tr|A0A0B4KI24|A0A0B4KI24_DROME;sp|Q27415|NLP_DROME	FBgn0016685	Nucleoplasmin, isoform B	0.001479742	0.001345436	0.001549197	0.000969975	0.000532245	0.00101213	0.002347976	0.000898484	0.001422774	0.002540203	0.001422774	0.00232463
tr|X2JF40|X2JF40_DROME;sp|Q27580|SAHH_DROME;tr|M9PHN8|M9PHN8_DROME	FBgn0014455	Adenosylhomocysteinase, isoform C (EC 3.3.1.1)	0.00010413	0.000315596	0.000136272	0	0	0	0	0.000316133	0.000166869	0	0	0
tr|Q8IPJ7|Q8IPJ7_DROME;tr|M9PCQ1	FBgn0015623	Cytochrome P450 reductase,	0	0	0	0	0	0	7.20995E-05	0	0.000131068	0.000140404	0	0

|M9PCQ1_DROME;sp|Q27597|NCPR_DROME		isoform B (EC 1.-.-.-, EC 1.14.13.-, EC 1.6.2.4)												
sp|Q3LHL9|WGE_DROME;tr|A0A0B4KHX2|A0A0B4KHX2_DROME	FBgn0051151	Protein winged eye	0.000244184	8.22301E-05	0.000213038	8.89241E-05	0.000146383	0.000231972	7.17516E-05	0.000205925	0.00026087	0.000139726	0.000130435	0.000255737
tr|A0A0B4LFB3|A0A0B4LFB3_DROME;sp|Q7JVI3|EIF3M_DROME	FBgn0033902	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit M (eIF3m) (Transport and Golgi organization protein 7) (Tango-7)	0	0.000352293	0	0	0	0	0.000102467	0.000176447	0.000186272	0	0	0
sp|Q7JXF7|SEELE_DROME	FBgn0263260	Protein seele	0	0.000360681	0	0	0	0.000406994	0	0	0	0.000408583	0	0
tr|A0A0B4LF26|A0A0B4LF26_DROME;sp|Q7K550|EIF3J_DROME	FBgn0027619	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit J (eIF3j)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000327213	0	0
sp|Q7KN62|TERA_DROME;tr|A0A0B4LFZ4|A0A0B4LFZ4_DROME	FBgn0286784	Transitional endoplasmic reticulum ATPase TER94 (EC 3.6.4.6) (Valosin-containing protein homolog)	0.001460159	0.002553136	0.002351839	0.000644228	0.000707002	0.002304775	0.001584208	0.001875488	0.001889927	0.000819461	0.000539979	0.000441128
sp|Q7KW39|MMSA_DROME	FBgn0023537	Probable methylmalonate-semialdehyde dehydrogenase [acylating], mitochondrial (MMSDH) (Malonate-semialdehyde dehydrogenase [acylating]) (EC 1.2.1.18) (EC 1.2.1.27)	0	0	0	0.000425297	0.000311159	0.000147927	0.000305036	0.000262634	0.000415888	0.000445513	0	0.00095131
sp|Q8I0G5|COPG_DROME;tr|A0A0B4KHL2|A0A0B4KHL2_DROME	FBgn0028968	Coatomer subunit gamma (Gamma-coat protein)	0	0	0	0	0	0	4.49091E-05	0	0	8.74543E-05	0	0

		(Gamma-COP)												
tr|A0A0B4K6N1|A0A0B4K6N1_DROME;sp|Q8MLY8|RS8_DROME	FBgn0039713	40S ribosomal protein S8	0.006271828	0.004916015	0.008773816	0.006733865	0.003500534	0.008135965	0.007244611	0.008207309	0.007624608	0.004083865	0.006931464	0.006455318
tr|E6PBV6|E6PBV6_DROME;sp|Q8SWU7|OLA1_DROME;tr|A0A4D6K4F6|A0A4D6K4F6_DROME	FBgn0030151	Obg-like ATPase 1	0.00011331	0	0	0	0	0	0	0.000172002	0	0.000194514	0	0
tr|A0A0B4LFD9|A0A0B4LFD9_DROME;sp|Q8T3U2|RS23_DROME	FBgn0033912	40S ribosomal protein S23	0.003145744	0.001430114	0.001235024	0.001546534	0	0.000537915	0.00194114	0.000955032	0.001512319	0.002970084	0.002016426	0
tr|A0A0B4KFT0|A0A0B4KFT0_DROME;sp|Q94514|COX5A_DROME	FBgn0019624	Cytochrome c oxidase subunit 5A, mitochondrial (Cytochrome c oxidase polypeptide Va)	0	0.000457508	0	0	0	0	0.000266139	0	0	0.001036539	0	0
sp|Q94516|AT5F1_DROME	FBgn0019644	ATP synthase subunit b, mitochondrial (ATPase subunit b) (FO-ATP synthase subunit b)	0.00018512	0.00028053	0.000484522	0	0.000332927	0.000316551	0.000326376	0	0	0.00095336	0	0
tr|A0A0B4LEY6|A0A0B4LEY6_DROME;sp|Q94518|NACA_DROME	FBgn0086904	Nascent polypeptide associated complex protein alpha subunit, isoform D	0.001451101	0.00188485	0.001899015	0.004416292	0.002982534	0.004608221	0.002375628	0.002832089	0.002325394	0.001779313	0.002657594	0.002930962
sp|Q94522|SUCA_DROME	FBgn0004888	Succinate--CoA ligase [ADP/GDP-forming] subunit alpha, mitochondrial (EC 6.2.1.4) (EC 6.2.1.5) (Succinyl-CoA synthetase subunit alpha) (SCS-alpha) (Succinyl-coenzyme A synthetase	0.000137147	0	0.00017948	0	0	0	0.000241797	0.000416371	0.000439556	0.000235433	0	0

		alpha subunit 1)												
sp|Q94915|REG2_DROME	FBgn0016715	Rhythmically expressed gene 2 protein (dREG-2)	0.000346032	0.000786562	0.000226421	0	0	0	0.000610073	0	0.000554517	0.000148504	0	0
tr|M9PD75|M9PD75_DROME;sp|Q94920|VDAC_DROME	FBgn0004363	Porin, isoform D (Porin, isoform E)	0.001595182	0.001692132	0.00208757	0.001307058	0.001434419	0.001636635	0.002671771	0.002179302	0.002045027	0.002327619	0.002811913	0.002004787
tr|B5RJQ0|B5RJQ0_DROME;sp|Q95028|LDH_DROME	FBgn0001258	L-lactate dehydrogenase (EC 1.1.1.27)	0.003658349	0.002053275	0.001595859	0.005773104	0.006335639	0.002316923	0.003463815	0.00287948	0.002171301	0.004303043	0.003474083	0.003831438
sp|Q95029|CATL_DROME;tr|A0A0B4JD48|A0A0B4JD48_DROME	FBgn0013770	Cathepsin L (EC 3.4.22.15) (Cysteine proteinase 1) [Cleaved into: Cathepsin L heavy chain; Cathepsin L light chain]	0	0	0	0	0	0	0.000213772	0.000368112	0.000194305	0.000728511	0	0.000761927
sp|Q95083|PSA5_DROME	FBgn0016697	Proteasome subunit alpha type-5	0.000184361	0	0	0	0	0	0.000325039	0	0	0.000474726	0	0.000868878
sp|Q95RA9|GILT1_DROME	FBgn0038149	GILT-like protein 1	0.000359873	0.000818025	0.001412867	0.000294872	0.000323605	0	0.000158619	0	0.001153395	0.001544443	0.000865047	0.000848025
tr|Q59E30|Q59E30_DROME;sp|Q95RI5|FAXC_DROME;tr|M9PFH6|M9PFH6_DROME;tr|M9PFW1|M9PFW1_DROME;tr|Q59E29|Q59E29_DROME;tr|Q86BI4|Q86BI4_DROME	FBgn0014163	Failed axon connections, isoform C	0.003251866	0.003613765	0.003971916	0.003552679	0.00428874	0.0024096	0.002675499	0.002632667	0.003474082	0.003070279	0.002952971	0.003576009
tr|A0A0B4JD95|A0A0B4JD95_DROME;tr|Q59E58|Q59E58_DROME;tr|A0A0B4JD57|A0A0B4JD57_DROME;tr|Q59E59|Q59E59_DROME;tr|A0A0B4K7Q4|A0A0B4K7Q4_DROME;sp|Q99323|M	FBgn0287873	Zipper, isoform H	0.000251948	0.000208255	0.000269768	0.000112604	0.000288345	0.000156664	0.000141336	6.95365E-05	0.000110113	0.000373529	0.000183521	0.000107946

YSN_DROME														
sp|Q9GU68|IF5A_DROME	FBgn0285952	Eukaryotic translation initiation factor 5A (eIF-5A)	0.003677949	0.003858608	0.002591738	0.001390907	0.001017626	0.00096757	0.003242209	0.001717857	0.001360136	0.00242837	0.001813515	0.004889032
tr|F0JAN1|F0JAN1_DROME;sp|Q9I7S8|PUR6_DROME	FBgn0020513	PAICS bifunctional enzyme, isoform B (EC 4.1.1.21, EC 6.3.2.6) (RH01319p)	0.001156134	0.000318546	0.000687728	0.000861193	0.000189022	0.000539172	0.000926512	0.001116808	0	0.000360851	0.000168428	0
tr|A0A0B4JD11|A0A0B4JD11_DROME;sp|Q9NJH0|EF1G_DROME	FBgn0029176	Eukaryotic translation elongation factor 1 gamma, isoform C	0.003966119	0.003163283	0.003551291	0.003591833	0.001877059	0.003569459	0.003772258	0.004911436	0.001839812	0.001881283	0.003177859	0.001803611
sp|Q9U915|KAD2_DROME	FBgn0283494	Adenylate kinase (EC 2.7.4.3) (ATP-AMP transphosphorylase) (ATP:AMP phosphotransferase) (Adenylate kinase cytosolic and mitochondrial) (Adenylate monophosphate kinase)	0.000187434	0	0.000490579	0	0	0	0.000330456	0	0	0.000321759	0	0
tr|D4G7B1|D4G7B1_DROME;sp|Q9V3D4|IDGF2_DROME	FBgn0020415	Imaginal disc growth factor 2, isoform B (Imaginal disc growth factor 2, isoform C (EC 3.2.1.14)) (MIP18369p) (MIP21791p)	0	0	0	0	0	0	0.000107757	0	0	0.000104921	0	0
sp|Q9V3G1|RL8_DROME	FBgn0261602	60S ribosomal protein L8	0.000351439	0	0	0	0.00031602	0	0.000309802	0.000266738	0	0.000603298	0.000281591	0
sp|Q9V3G7|PSMD6_DROME	FBgn0028688	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 6 (26S proteasome regulatory subunit S10) (Protein Rpn7)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000198515	0	0

sp|Q9V3H2|PSDE_DROME	FBgn0028694	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 14 (EC 3.4.19.-) (26S proteasome regulatory complex subunit p37B) (26S proteasome regulatory subunit rpn11) (Yippee-interacting protein 5)	0	0	0	0	0	0.000249746	0	0	0	0.000125361	0	0
tr|M9PDK5|M9PDK5_DROME;sp|Q9V3J1|VATH_DROME	FBgn0027779	V-type proton ATPase subunit H	0	0	0	0.000157517	0	0	0	0	0	0.000165005	0.000154033	0
sp|Q9V3J4|SEC13_DROME	FBgn0024509	Protein SEC13 homolog (GATOR complex protein SEC13) (Secretory protein 13)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000108458	0.000202492	0
sp|Q9V3N1|SP27A_DROME	FBgn0028990	Serine protease inhibitor 27A (Serpin 27A)	0.000503178	0.000305006	0.000395097	0.000329835	0.000542961	0.000344169	0.000354852	0	0.000322538	0.000604648	0	0.000316191
tr|X2JF59|X2JF59_DROME;sp|Q9V3P0|PRDX1_DROME	FBgn0040309	Thioredoxin peroxidase 1, isoform C (Thioredoxin peroxidase 1, isoform D (EC 1.11.1.-)) (Thioredoxin peroxidase 1, isoform E)	0.002782524	0.002108312	0.003641411	0.003419912	0.004587184	0.005154557	0.00286168	0.004223803	0.005202169	0.002587341	0.005573755	0.001821359
sp|Q9V3W0|UK114_DROME	FBgn0086691	RutC family protein UK114	0.002607776	0.002469882	0.001706362	0.003739324	0.002931204	0.005016642	0.001724118	0.002968905	0.003134226	0.004476648	0.003134227	0.004096739
sp|Q9V419|C28A5_DROME	FBgn0028940	Probable cytochrome P450 28a5 (EC 1.14.-.-) (CYPXXVIIIA5)	0.000267233	0.000134988	0	0	0	0.000456961	0.000157048	0	0	0.000152915	0	0.000139938
tr|E1JJF3|E1JJF3_DROME;sp|Q9V427|INX2_DROME	FBgn0027108	Innexin	0.000245145	0.000185746	0.000160407	0	0	0	0.000324153	0	0	0.000210415	0.000196423	0.000192558

sp|Q9V438|PDIA6_DROME	FBgn0025678	Protein disulfide-isomerase A6 homolog (EC 5.3.4.1) (Calcium-binding protein 1) (DmCaBP1)	0.000207779	0.000157434	0	0.00017025	0.000186839	0.000177649	0.000274744	0.000157702	0.000332966	0.000356684	0	0.000326415
tr|L0MPS3|L0MPS3_DROME;sp|Q9V496|APLP_DROME	FBgn0087002	Apolipophorin, isoform B (Apolipophorin, isoform C) (Apolipophorin, isoform D)	0.002644547	0.002400451	0.002529754	0.002287879	0.002583239	0.001882301	0.001751387	0.001507931	0.002323312	0.002938176	0.002602971	0.001855819
tr|H9XVL5|H9XVL5_DROME;sp|Q9V4A7|PLXB_DROME	FBgn0025740	Plexin B, isoform B	0	0	5.74056E-05	0	0	0	0	3.32934E-05	0	0	0	0
sp|Q9V4I1|CP9B2_DROME	FBgn0015039	Cytochrome P450 9b2 (EC 1.14.-.-) (CYPIXB2)	0.000178155	0.000269975	0	0	0	0	7.85242E-05	0	0	7.64576E-05	0.000428241	0
sp|Q9V4N3|CYB5_DROME	FBgn0264294	Cytochrome b5 (CYTB5)	0.000335703	0	0	0.00110027	0	0	0.000295931	0	0	0.000576285	0.000537964	0
sp|Q9V521|PPO2_DROME	FBgn0033367	Phenoloxidase 2 (PO A3) (EC 1.14.18.1) (Phenoloxidase subunit A3) (Processed phenoloxidase A3) (Pro-phenoloxidase A3)	0.002564885	0.002391886	0.003872992	0.0021555	0.002365533	0.002811471	0.002782787	0.003194611	0.004321016	0.002483754	0.001686251	0.002582922
sp|Q9V597|RL31_DROME	FBgn0285949	60S ribosomal protein L31	0.002539427	0.003298488	0.003323277	0.004756006	0.003914576	0.005583037	0.004157349	0.003854788	0.002906742	0.002491038	0.002906743	0.002279637
sp|Q9V7D2|VATD1_DROME	FBgn0022097	V-type proton ATPase subunit D 1 (V-ATPase subunit D 1) (Vacuolar H+ ATPase subunit 36-1) (Vacuolar proton pump subunit D 1) (dV-ATPase D)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000313911	0	0
tr|B7YZI0|B7YZI0_DROME;sp|Q9V7N5|VATC_DROME	FBgn0287825	Vacuolar H[+] ATPase 44kD subunit, isoform F	0	8.15416E-05	0	0	0	9.20118E-05	9.48677E-05	0.000163361	0	0.000138557	0	0
tr|A0A0B4JCU8|A0A0B4JCU8_DROME;sp|Q9V8M	FBgn0034390	3-hydroxyisobutyrate dehydrogena	0	0.000631192	0	0.000227525	0.000998781	0	0.000611955	0.000843022	0.000444983	0.00083419	0.001334949	0.000872454

5|3HIDH_DROME		se (HIBADH) (EC 1.1.1.31)												
tr|Q8IMI7|Q8IMI7_DROME;sp|Q9VA91|RS7_DROME	FBgn0039757	40S ribosomal protein S7	0.003941909	0.003513853	0.003034509	0.003799902	0.000417017	0.001982522	0.002248463	0.002815868	0.003344251	0.004179551	0.003344253	0.001092816
tr|D1FYT3|D1FYT3_DROME;sp|Q9VAI6|OB99B_DROME	FBgn0039685	GEO09079p1 (Odorant-binding protein 99b) (Odorant-binding protein 99b, isoform B)	0.00905721	0.011895217	0.007901943	0.011874056	0.008687381	0.005678794	0.009314865	0.006416022	0.006773294	0.008551449	0.006773297	0.00901145
tr|D1FYH5|D1FYH5_DROME;sp|Q9VAJ4|OB99A_DROME	FBgn0039678	Odorant-binding protein 99a (Odorant-binding protein 99a, isoform B)	0.000633579	0	0	0	0	0	0	0	0.000507656	0.000543818	0	0
sp|Q9VAN0|SERC_DROME	FBgn0014427	Probable phosphoserine aminotransferase (PSAT) (EC 2.6.1.52) (Phosphohydroxythreonine aminotransferase)	0.000370748	0.000187277	0	0	0	0	0.000326825	0	0	0.000636446	0	0
sp|Q9VCG4|NDC1_DROME	FBgn0039125	Nucleoporin Ndc1	0.000389136	0.000117939	0	0.00012754	0.000139968	0.000399248	0.000343034	0.000472559	0.000374155	0.000601211	0.000249437	0.000489057
tr|A0A0B4KHZ1|A0A0B4KHZ1_DROME;sp|Q9VCI3|LSD1_DROME	FBgn0039114	Lipid storage droplet-1, isoform D	0.000444288	0.000168318	0.000726784	0.00036404	0	0.000569791	0.000293739	0.000337209	0.000177993	9.5336E-05	0	0.000348981
sp|Q9VEN1|FLNA_DROME;tr|A0A0B4JCY6|A0A0B4JCY6_DROME;tr|Q7KSF4|Q7KSF4_DROME;tr|A0A0B4KHN1|A0A0B4KHN1_DROME;tr|A0A0B4KGT8|A0A0B4KGT8_DROME;tr|A0A0B4KGB3|A0A0B4KGB3_DROME;tr|A4V310|A4V310_DROME;tr|B7Z0L2|B7Z0L2_DROME	FBgn0014141	Filamin-A (FLN-A) (Actin-binding protein 280) (ABP-280) (Filamin-1) (Filamin1)	0	0	2.66378E-05	3.33566E-05	0	3.48063E-05	7.17732E-05	0	0	6.98843E-05	0	0

tr|A0A0B4KHJ5|A0A0B4KHJ5_DROME;sp|Q9VFC8|GYS_DROME	FBgn0266064	Glycogen [starch] synthase (EC 2.4.1.11)	0.000130578	0	0.000170884	0	0	0	5.7554E-05	0	0	0.000168118	0	0
sp|Q9VG93|GSTD7_DROME	FBgn0010043	Glutathione S-transferase D7 (EC 2.5.1.18)	0	0.000304325	0	0	0	0	0.00017703	0	0	0	0	0
sp|Q9VG98|GSTD2_DROME;sp|Q9VG95|GSTD5_DROME	FBgn0010038	Glutathione S-transferase D2 (EC 2.5.1.18)	0	0	0.000273812	0	0.000376285	0	0.000553322	0	0.001005868	0.000538759	0	0
sp|Q9VG96|GSTD4_DROME	FBgn0010040	Glutathione S-transferase D4 (EC 2.5.1.18)	0.0029292	0.003170639	0.003285738	0.003771624	0.003386564	0.002504432	0.002213286	0.003176038	0.004023472	0.00251421	0.003688184	0.00361561
tr|A0A126GUT1|A0A126GUT1_DROME;sp|Q9VGS2|TCTP_DROME	FBgn0037874	Translationally-controlled tumor protein homolog	0.002876893	0.003170639	0.002053586	0.002571562	0.003762848	0.00268332	0.00345826	0.003970047	0.00251467	0.003142763	0.002933783	0.002876053
sp|Q9VHP0|DDX3_DROME;tr|A0A0B4KGU4|A0A0B4KGU4_DROME	FBgn0263231	ATP-dependent RNA helicase bel (EC 3.6.4.13) (Protein belle)	0.000112742	0.000256273	0	0	0	9.63933E-05	0	0	0	4.83848E-05	0	0
sp|Q9VHR8|DPP3_DROME	FBgn0037580	Dipeptidyl peptidase 3 (EC 3.4.14.4) (Dipeptidyl aminopeptidase III) (Dipeptidyl arylamidase III) (Dipeptidyl peptidase III) (DPP III)	5.72317E-05	0.000346915	0.000449385	0	0	0	0.000201805	0	0.000183428	0.000245618	0.000183428	0
sp|Q9VI25|NCDN_DROME	FBgn0037447	Neurochondrin homolog (dNeurochondrin)	0	0.000188572	0	0	0	0	5.48475E-05	0	0	0	0	0
tr|M9PD65|M9PD65_DROME;tr|M9PBD9|M9PBD9_DROME;sp|Q9VIW3|RAGP1_DROME	FBgn0003346	Ran GTPase activating protein, isoform C	0.000382518	0.0003478	0.000400473	0.000250742	0	0	0.00020232	0.000232261	0.000245195	0.000196995	0.000122597	0.00048074
tr|X2JE06|X2JE06_DROME;sp|Q9VJY6|RL24_DROME	FBgn0032518	GEO07624p1 (Ribosomal protein L24, isoform B) (Ribosomal protein L24, isoform C)	0.004063084	0.00527758	0.005697046	0.005707208	0.006785265	0.0049627	0.003325879	0.004846019	0.004185708	0.002491038	0.002790473	0.002279637

sp|Q9VL18|EF1D_DROME	FBgn0032198	Probable elongation factor 1-delta (EF-1-delta)	0.000351439	0.000532568	0.000689877	0	0	0	0.000464704	0	0.001126362	0.001206596	0	0.00027605
sp|Q9VLL3|AK200_DROME;tr|Q86BM5|Q86BM5_DROME	FBgn0027932	A-kinase anchor protein 200	0.00023896	0	0	0.000685294	0.000107439	0.000204308	0.000263312	0.000181367	0	0.00056404	0.0005744	0.000563098
tr|X2JDD7|X2JDD7_DROME;sp|Q9VMD9|TIG_DROME	FBgn0011722	Tiggrin, isoform B	0	0	0	0	0	0	1.81237E-05	0	0	1.76467E-05	0	0
tr|M9NCR7|M9NCR7_DROME;tr|M9ND31|M9ND31_DROME;tr|M9NE92|M9NE92_DROME;sp|Q9VMP9|GNPI_DROME	FBgn0031717	Glucosamine-6-phosphate isomerase (EC 3.5.99.6) (Glucosamine-6-phosphate deaminase)	0	0.000256273	0	0	0	0	0	0.00025671	0	0	0	0
sp|Q9VN13|SFXN1_DROME	FBgn0037239	Sideroflexin-1-3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000240568	0.000224571	0
sp|Q9VN25|EIF3A_DROME	FBgn0037249	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit A (eIF3a) (Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit 10)	0.000118379	0	0.00010328	6.4665E-05	0	0	3.47848E-05	0	6.32344E-05	0.000203216	0	0
sp|Q9VN50|EI3F1_DROME	FBgn0037270	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit F-1 (eIF3f-1) (Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit 5-1)	0.001285261	0.001460759	0.000840993	0.000789837	0.000577866	0.000549442	0.000566496	0.000487749	0.000257454	0.000689484	0.001544726	0.000504777
sp|Q9VN93|CPR1_DROME	FBgn0260462	Putative cysteine proteinase CG12163 (EC 3.4.22.-)	7.32641E-05	0	9.58786E-05	0	0	0	0	0	0	0.000125769	0	0
sp|Q9VNA5|PSB4_DROME	FBgn0250746	Proteasome subunit beta type-4 (Proteasome subunit beta type-7)	0.000167851	0.000254361	0	0	0	0	0	0	0	0.000576285	0	0
sp|Q9VNE2|PKRA_DROME	FBgn0250753	Protein krasavietz (Eukaryotic translation	0	0.000161537	0	0	0	0	0	0	0	0.000182991	0	0

		initiation factor 5C domain-containing protein) (Decp) (eIF5C domain-containing protein) (Protein extra bases)												
sp|Q9VNE9|RL13A_DROME;tr|A0A0B4KFM7|A0A0B4KFM7_DROME	FBgn0037351	60S ribosomal protein L13a	0.000658305	0	0.000861505	0	0	0.000375229	0.00077375	0.000666193	0	0.000376694	0.000351645	0
sp|Q9VQ62|NPC2_DROME	FBgn0031381	NPC intracellular cholesterol transporter 2 homolog a (Niemann Pick type C2 protein homolog)	0	0	0	0	0	0	0.000267937	0	0	0.000260886	0	0
sp|Q9VQG4|COLT_DROME	FBgn0019830	Congested-like trachea protein	0	0	0	0	0	0	0.000129591	0	0	0	0.000235579	0
tr|M9PHM6|M9PHM6_DROME;sp|Q9VS34|RL18_DROME	FBgn0035753	60S ribosomal protein L18	0.003110606	0.003988597	0.00281822	0.000784235	0	0.000818318	0.000843717	0.004358605	0.001150328	0.001232269	0.003067542	0.001879488
sp|Q9VSA3|ACADM_DROME	FBgn0035811	Probable medium-chain specific acyl-CoA dehydrogenase, mitochondrial (MCAD) (EC 1.3.8.7)	0.000536804	0.000162694	0.0004215	0.000351876	0	0.000734337	0.001041055	0.000488913	0	0.000552903	0.000344092	0.00016866
tr|M9PBW0|M9PBW0_DROME;sp|Q9VSF3|UBC2M_DROME	FBgn0035853	NEDD8-conjugating enzyme UbcE2M, isoform B (NEDD8-conjugating enzyme UbcE2M, isoform C)	0	0.000376623	0.000325246	0	0	0	0	0	0	0	0	0
sp|Q9VTP4|R10AB_DROME	FBgn0036213	60S ribosomal protein L10a-2	0.001451101	0.001256567	0.002441591	0.002378003	0.001864084	0.001063436	0.002375628	0.001258706	0.001993194	0.001779313	0.001660996	0.000651325
sp|Q9VTZ6|PMM_DROME	FBgn0036300	Phosphomannomutase (EC 5.4.2.8) (Phosphomannomutase 2)	0	0	0.000463539	0	0	0	0.000156121	0	0	0.000152012	0.000283808	0

		(Phosphomannomutase type 2)												
tr|Q8T060|Q8T060_DROME;sp|Q9VUR3|AIMP2_DROME	FBgn0036515	AaRS-interacting multifunctional protein 2, isoform B (LD25772p)	0	0	0	0	0	0.000255554	0	0	0	0.000384828	0	0
sp|Q9VUY9|PGM_DROME	FBgn0003076	Phosphoglucomutase (PGM) (EC 5.4.2.2) (Glucose phosphomutase)	0.000321315	0	0	0.000394918	0.000144466	0	0.000212436	0.000121937	0.000128727	0.000482639	0.000257454	0
sp|Q9VW26|OAT_DROME	FBgn0022774	Ornithine aminotransferase, mitochondrial (EC 2.6.1.13) (Ornithine--oxo-acid aminotransferase)	0.000939344	0.000790821	0.000682941	0.000342079	0.000375412	0.000178473	0.000644044	0.000316867	0	8.95849E-05	0.000167256	0.000655858
tr|M9NEQ9|M9NEQ9_DROME;sp|Q9VWG3|RS10B_DROME;sp|Q9VB14|RS10A_DROME	FBgn0285947	Ribosomal protein S10b, isoform D (Ribosomal protein S10b, isoform E)	0.004779565	0.005964765	0.007358685	0.002764429	0.008090124	0.004807616	0.005948207	0.004267801	0.004054905	0.005550344	0.004054907	0.007508554
sp|Q9VWH4|IDH3A_DROME	FBgn0027291	Probable isocitrate dehydrogenase [NAD] subunit alpha, mitochondrial (EC 1.1.1.41) (Isocitric dehydrogenase subunit alpha) (NAD(+)-specific ICDH subunit alpha)	0.000596607	0.000180819	0.000780762	0.000195539	0	0.000408073	0.000736294	0.000362254	0.000191213	0.001024167	0.000956064	0.000937251
sp|Q9VWN4|FLACC_DROME	FBgn0030974	Fl(2)d-associated complex component (Protein Xiong)	7.82333E-05	0.000237109	0.000255954	0.000128205	0.000281396	0.000133777	0	0.000118756	0	0	0	0
sp|Q9VXG4|ANX11_DROME	FBgn0030749	Annexin B11	0	0.000133403	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000414885
tr|X2JFD6|X2JFD6_DROME;sp|Q9VXJ0|DHB4_DROME	FBgn0030731	Peroxisomal multifunctional enzyme type 2, isoform B	0.000300897	0.000227989	0.000196888	0.000369823	0.000676432	0.000257264	0.000331561	0	0.000361641	0.000258268	0.000241094	0

		(EC 1.1.1.35, EC 4.2.1.17)												
tr|B4F5C5|B4F5C5_DROME;sp|Q9VXT7|ASGL1_DROME	FBgn0030653	CG7860-PA (Uncharacterized protein, isoform B (EC 3.4.19.5, EC 3.5.1.1))	0.000135494	0.000410655	0	0	0	0.000231692	0.000119442	0	0.00021713	0	0.00021713	0.000851431
tr|Q0KHS6|Q0KHS6_DROME;tr|X2JKC1|X2JKC1_DROME;tr|Q0KHS7|Q0KHS7_DROME;sp|Q9VXY7|LSD2_DROME	FBgn0030608	Lipid storage droplet-2, isoform D	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000242837	0.000226689	0.000222229
tr|A4V4A5|A4V4A5_DROME;sp|Q9VZ23|RAN_DROME	FBgn0020255	GTP-binding nuclear protein	0.00083304	0.000946788	0.001090175	0.000341287	0.000374543	0	0.000734347	0.000316133	0.000667474	0.00071502	0.001668686	0.00065434
sp|Q9VZ64|6PGL_DROME	FBgn0030239	Probable 6-phosphogluconolactonase (6PGL) (EC 3.1.1.31)	0.00037024	0	0.000726784	0	0	0	0.000326376	0.000281007	0.000296655	0	0	0
tr|D1Z3A1|D1Z3A1_DROME;sp|Q9VZS5|RL28_DROME	FBgn0035422	60S ribosomal protein L28	0.002499119	0.001420182	0.000817632	0.002047725	0.002247257	0.002136718	0.00220304	0.0018968	0.001001211	0.001608795	0.001501817	0.001963021
tr|M9ND19|M9ND19_DROME;sp|Q9W0P5|GALE_DROME	FBgn0035147	UDP-glucose 4-epimerase (EC 5.1.3.2)	0	0	0	0	0	0	0.000226598	0	0	0.000220635	0	0
sp|Q9W0S7|SND1_DROME	FBgn0035121	Staphylococcal nuclease domain-containing protein 1 (EC 3.1.31.1) (Tudor staphylococcal nuclease)	0.000145737	7.36164E-05	6.35739E-05	0	0	0	0.000342589	0.000221225	0.000233544	0.00025018	0.000233544	7.63161E-05
sp|Q9W141|ATPK_DROME	FBgn0035032	Putative ATP synthase subunit f, mitochondrial	0.00168165	0	0.00275091	0.001377908	0.001512173	0.000718896	0.001111814	0.001914527	0	0.002525959	0.000673712	0.001981367
sp|Q9W1G0|TALDO_DROME	FBgn0023477	Probable transaldolase (EC 2.2.1.2)	0.002038556	0.001235687	0.002312094	0.001558993	0.000488829	0.000929569	0.001437633	0.001237791	0.001306717	0.000816549	0.001088931	0.000854003
tr|A0A0B4LG52|A0A0B4LG52_DROME;sp|Q9W237|RS16_DROME	FBgn0034743	GEO08239p1 (Ribosomal protein S16, isoform B)	0.007294726	0.005066596	0.005568734	0.005479048	0.00273315	0.00467768	0.006966369	0.005075222	0.004870757	0.005217714	0.00584491	0.004297423
sp|Q9W2D9|EIF3K_DROME	FBgn0034654	Eukaryotic translation initiation	0.000202631	0	0.000530356	0	0	0	0	0.000307589	0	0	0	0

		factor 3 subunit K (eIF3k) (eIF-3 p25)												
tr|X2JEB6|X2JEB6_DROME;sp|Q9W303|IDGF4_DROME	FBgn0026415	Imaginal disc growth factor 4, isoform C (EC 3.2.1.14)	0.002035482	0.002776103	0.002530588	0.002168179	0.002013379	0.001392251	0.003409229	0.001699396	0.002446398	0.002358596	0.001141653	0.002877913
tr|X2JEM4|X2JEM4_DROME;sp|Q9W334|RS28_DROME	FBgn0030136	40S ribosomal protein S28	0.004844446	0.008389999	0.00633979	0.009072997	0.012446344	0.007100478	0.00488058	0.008404284	0.009981304	0.0071282	0.011090343	0.009784903
tr|X2JIQ5|X2JIQ5_DROME;sp|Q9W3W8|RL17_DROME	FBgn0029897	60S ribosomal protein L17	0.002418502	0.004397983	0.003481528	0.002774337	0.002174764	0.001240675	0.002131974	0.001835613	0.002712959	0.002698624	0.003488092	0.001899697
sp|Q9W401|CISY_DROME	FBgn0261955	Probable citrate synthase, mitochondrial (EC 2.3.3.16) (Protein knockdown)	0.001066434	0.000734577	0.001395613	0.000635501	0.000348712	0.001326239	0.001196478	0.000882993	0.000621441	0.000832135	0.001242883	0.001066123
tr|R9Q794|R9Q794_DROME;sp|Q9W5R8|RL5_DROME	FBgn0064225	60S ribosomal protein L5	0.000601795	0.000227989	0.000196888	0	0	0	0.000397873	0	0	0	0	0
tr|A4UZZ4|A4UZZ4_DROME;sp|Q9XTL9|PYG_DROME	FBgn0004507	Alpha-1,4 glucan phosphorylase (EC 2.4.1.1)	0.005436472	0.006057649	0.004045533	0.00375578	0.004313455	0.005468378	0.004933347	0.005016183	0.004697626	0.00544398	0.004783039	0.003265499
sp|Q9XYN7|PSB3_DROME	FBgn0026380	Proteasome subunit beta type-3 (20S proteasome subunit beta-3)	0.000219435	0	0.000861505	0	0	0	0.000193438	0	0.000351645	0.000376694	0	0.000344726
sp|Q9XZ34|RIF1_DROME	FBgn0050085	Telomere-associated protein RIF1 (Rap1 interacting factor 1)	3.17685E-05	4.81418E-05	8.3149E-05	0	0	5.43233E-05	5.60095E-05	0.000144671	0.000305454	0.000163606	0.000101818	9.98146E-05
tr|E1JGZ9|E1JGZ9_DROME;sp|Q9XZJ4|PSA6_DROME	FBgn0050382	Proteasome subunit alpha type	0.001106167	0.00055876	0.000965073	0	0	0.000630507	0.000325039	0	0.001181757	0.000632969	0	0.001158504
sp|Q9XZU1|XPO2_DROME	FBgn0022213	Exportin-2 (Exp2) (Cellular apoptosis susceptibility protein homolog) (Chromosome segregation	9.22752E-05	6.99167E-05	0	0	0	0	4.06715E-05	0	0	7.92022E-05	0	0.000217442

		protein 1) (Importin-alpha re-exporter)												
sp|Q9Y0Y2|PURA_DROME	FBgn0027493	Adenylosuccinate synthetase (AMPSase) (AdSS) (EC 6.3.4.4) (IMP--aspartate ligase)	0.000100636	0.000152503	0.000395097	0	0	0	0.000177426	0	0.000161269	0.000431891	0.000322538	0
tr|X2JAC7|X2JAC7_DROME;tr|Q8IRV7|Q8IRV7_DROME;tr|M9NGK3|M9NGK3_DROME;tr|X2JDK9|X2JDK9_DROME;tr|M9NDM1|M9NDM1_DROME;tr|M9NFR6|M9NFR6_DROME;tr|Q8IRV8|Q8IRV8_DROME;tr|M9NET2|M9NET2_DROME;tr|M9NGL3|M9NGL3_DROME;tr|X2JE09|X2JE09_DROME;tr|A0A023GRW4|A0A023GRW4_DROME;tr|Q8IRV9|Q8IRV9_DROME;tr|Q9W4Y4|Q9W4Y4_DROME;tr|M9NE61|M9NE61_DROME;tr|M9NE56|M9NE56_DROME;tr|X2JCE8|X2JCE8_DROME;tr|Q8MPN3|Q8MPN3_DROME;tr|M9NFS1|M9NFS1_DROME;tr|E1JJC0|E1JJC0_DROME;tr|M9NDL5|M9NDL5_DROME;tr|M9NES6|M9NES6_DROME;tr|Q9W4	FBgn0284408	Terribly reduced optic lobes, isoform AX	0	2.38937E-05	0	0	2.83566E-05	2.69617E-05	0	0	0	1.35335E-05	0	0

Y3|Q9W4Y3_DROME														
tr|A0A0B4JCT4|A0A0B4JCT4_DROME;tr|A1ZAU2|A1ZAU2_DROME;tr|A1ZAU3|A1ZAU3_DROME;tr|C3KGN2|C3KGN2_DROME	FBgn0283508	Narrow, isoform B	0.004195412	0.002825647	0.004880371	0.003437631	0.004191774	0.005181264	0.003698367	0.003184266	0.008217194	0.004001149	0.004855616	0.003661593
tr|A0A0B4JCW4|A0A0B4JCW4_DROME;tr|A0A126GUR6|A0A126GUR6_DROME;tr|Q9VHJ8|Q9VHJ8_DROME;tr|Q95U38|Q95U38_DROME	FBgn0037643	Succinate--CoA ligase [ADP-forming] subunit beta, mitochondrial (EC 6.2.1.5) (ATP-specific succinyl-CoA synthetase subunit beta) (A-SCS) (Succinyl-CoA synthetase beta-A chain) (SCS-betaA)	0.000498716	0	0.000130531	0.000163455	0.000358764	0	0.000263779	0.00060563	0.000479516	0.000342449	0	0.000626774
tr|A0A0B4K843|A0A0B4K843_DROME;tr|A0A0B4KF38|A0A0B4KF38_DROME;tr|A0A0B4K7V8|A0A0B4K7V8_DROME;tr|A1Z7V1|A1Z7V1_DROME;tr|A0A0B4K6V0|A0A0B4K6V0_DROME;tr|A8DY79|A8DY79_DROME;tr|A0A0B4K7K9|A0A0B4K7K9_DROME	FBgn0259246	Bruchpilot, isoform I	0	4.87965E-05	0.00012642	0.000105538	0.000173732	0.000110124	2.83856E-05	4.88796E-05	0	0.000165831	5.16015E-05	5.05861E-05
tr|A1ZB77|A1ZB77_DROME;tr|A1ZB80|A1ZB80_DROME;tr|E1JGL5|E1JGL5_DROME;tr|A0A0B4K7G1|A0A0B4K7G1_DROME;tr|A1ZB83|A1ZB83_DROME;tr|A0A0B4	FBgn0034345	Uncharacterized protein, isoform J	0.00024185	0	0	0	0	0	0.000213197	0	0	0	0.000387566	0.000379939

LGX1|A0A0B4LGX1_DROME;tr|A0A0B4K897|A0A0B4K897_DROME;tr|A1ZB78|A1ZB78_DROME;tr|Q7JRI6|Q7JRI6_DROME;tr|A1ZB79|A1ZB79_DROME														
tr|A0A0B4KF46|A0A0B4KF46_DROME;tr|Q8T0L3|Q8T0L3_DROME	FBgn0023143	E1 ubiquitin-activating enzyme (EC 6.2.1.45) (Ubiquitin-activating enzyme E1)	0.000490898	0.000743905	0.000408816	0.000585064	0.000321037	0.000228934	0.00043274	0.000203229	0.000500606	0.000727788	0.000357576	0.000630971
tr|Q6NN28|Q6NN28_DROME;tr|A0A0B4KG06|A0A0B4KG06_DROME	FBgn0003721	RE21974p (Tropomyosin 1, isoform N)	0	0	0	0	0	0	0	0.000239596	0	0.000406432	0	0.00024796
tr|A4V364|A4V364_DROME;tr|A8JR54|A8JR54_DROME;tr|Q8IN47|Q8IN47_DROME;tr|A0A0B4KGK8|A0A0B4KGK8_DROME;tr|Q8IN48|Q8IN48_DROME;tr|A0A0B4KH21|A0A0B4KH21_DROME;tr|A0A0B4KH24|A0A0B4KH24_DROME;tr|A0A0B4KGF9|A0A0B4KGF9_DROME;tr|A0A4D6K1Z7|A0A4D6K1Z7_DROME;tr|A0A4D6K3P4|A0A4D6K3P4_DROME;tr|A0A4D6K4U6|A0A4D6K4U6_DROME;tr|Q9VDI8|Q9VDI8_DROME;tr|Q7KSA0|Q7KSA0_DROME;tr|A0A0B4KHH8|A0A0B4KHH8_	FBgn0038826	Syncrip, isoform F	0	0	0	0	0.000152932	0.00014541	0	0.000387248	0	7.29888E-05	0	0.000133589

DROME;tr|A0A0B4KHI4|A0A0B4KHI4_DROME;tr|Q95TW4|Q95TW4_DROME;tr|A0A0B4KGK5|A0A0B4KGK5_DROME;tr|A0A0B4KHT5|A0A0B4KHT5_DROME														
tr|Q9VA83|Q9VA83_DROME;tr|A0A0B4KHF0|A0A0B4KHF0_DROME	FBgn0015221	Ferritin (EC 1.16.3.1)	0.004756033	0.006006057	0.005705412	0.005195989	0.008553435	0.002710902	0.00471664	0.006016283	0.006986425	0.007824273	0.007303992	0.006226321
tr|A0A0B4KHJ9|A0A0B4KHJ9_DROME;sp|P09491|TPM2_DROME	FBgn0004117	Tropomyosin 2, isoform E (Tropomyosin 2, isoform F) (Tropomyosin 2, isoform G)	0.004910241	0.003360431	0.002487443	0.00674884	0.005127543	0.003521071	0.006004059	0.003606592	0.005838048	0.005981999	0.003807424	0.008709176
tr|Q8IMU2|Q8IMU2_DROME;tr|A0A0B4KHU4|A0A0B4KHU4_DROME;tr|Q8SWX6|Q8SWX6_DROME	FBgn0039265	RE10237p (Uncharacterized protein, isoform B)	0.000734435	0.001669439	0.002402836	0.00060178	0	0	0.001294848	0.001114854	0.001471167	0.000945578	0.001471168	0.000865332
tr|A0A0B4LEQ0|A0A0B4LEQ0_DROME;tr|Q8MT58|Q8MT58_DROME	FBgn0287767	Carnosine dipeptidase 2, isoform C (EC 3.4.13.-)	0.000313115	0.000316328	0.000273176	0.00017104	0.000563118	0.000713892	0.000368025	0.000158433	0.000501767	0.000716679	0.000501767	0.000327929
tr|A0A0B4LEU9|A0A0B4LEU9_DROME;tr|Q5U124|Q5U124_DROME;tr|Q8T0N3|Q8T0N3_DROME	FBgn0050359	alpha-glucosidase (EC 3.2.1.20)	0	0.000111569	0.000192699	0	0.000132408	0	6.49013E-05	0	0.000117982	0.000505546	0.000117982	0.000115661
tr|E2QCF1|E2QCF1_DROME;tr|A0A0B4LFH8|A0A0B4LFH8_DROME;tr|Q7KN85|Q7KN85_DROME	FBgn0020236	ATP-citrate synthase (EC 2.3.3.8) (ATP-citrate (pro-S-)-lyase) (Citrate cleavage enzyme)	0.000739465	0.000435782	0.000537621	0.000471257	0.000443294	0.000561986	0.000688073	0.000311803	0.000526664	0.000811009	0.000460832	0.000516301
tr|A0A0B4LGH1|A0A0B4LGH1_DROME;sp|P08841|TBB3_DROME	FBgn0288686	Tubulin beta chain	0	0.000300966	0.000779728	0	0	0	0	0	0.000318266	0	0	0

tr|Q9W2J5|Q9W2J5_DROME;tr|A0A0B4LH29|A0A0B4LH29_DROME	FBgn0265180	Uncharacterized protein, isoform A	0	0	0	0	0	0.000176426	0.000363805	0.000313233	0	0.000177115	0	0.000162084
tr|Q9W1I7|Q9W1I7_DROME;tr|A0A0B4LHC9|A0A0B4LHC9_DROME	FBgn0034914	GH07506p (Uncharacterized protein, isoform A)	0.001114158	0.001477341	0.001640326	0.000228229	0.001502809	0.001190741	0.00159601	0.001268448	0.001562261	0.00119539	0.001562262	0.001312732
tr|A0A0B4LHF0|A0A0B4LHF0_DROME;tr|Q9I7J1|Q9I7J1_DROME	FBgn0038744	Uncharacterized protein, isoform E	0	0	6.67454E-05	0	0	0	4.496E-05	0	8.17315E-05	0.00013133	0	8.01233E-05
tr|A0A0C4DHE7|A0A0C4DHE7_DROME	FBgn0001098	Glutamate dehydrogenase	0.000345147	0	0	0	0.000413817	0.000196731	0	0	0	0.000493748	0.000184366	0.000180738
tr|X2JES1|X2JES1_DROME;tr|Q9VIS3|Q9VIS3_DROME;tr|A0A0U1RVK6|A0A0U1RVK6_DROME	FBgn0032820	fructose-bisphosphatase (EC 3.1.3.11)	0.000139702	0	0.000365649	0	0.000251246	0	0	0	0.000223873	0.000839371	0.000223873	0
tr|A1Z6W6|A1Z6W6_DROME	FBgn0033154	LP06106p	0	0	0.000172891	0	0	0	0	0	0	0	0	0
tr|Q7JX87|Q7JX87_DROME;tr|A1Z893|A1Z893_DROME;tr|A1Z892|A1Z892_DROME	FBgn0033518	Peroxiredoxin 2540-2 (EC 1.11.1.15, EC 1.11.1.7) (RE05093p) (RH69586p)	0	0	0	0	0.000367733	0.002097869	0.001261741	0.001862313	0.000655338	0.003861109	0.001966015	0.004818323
tr|A1Z8D3|A1Z8D3_DROME	FBgn0061356	FMN hydroxy acid dehydrogenase domain-containing protein	0	0	0	0.000201416	0	0	0.000108346	0	0.00019696	0	0	0
tr|A1Z936|A1Z936_DROME;tr|A1Z935|A1Z935_DROME	FBgn0033762	Zinc transporter 9 (Solute carrier family 30 member 9)	0.000137356	0	0	0	0	0.000117438	6.05415E-05	0	0	0	0.000220114	0
tr|A1Z992|A1Z992_DROME	FBgn0053138	1,4-alpha-glucan branching enzyme (EC 2.4.1.18)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000112733	0	0
tr|A1Z9E3|A1Z9E3_DROME	FBgn0024556	Elongation factor Tu	0	0.000278809	0.000120387	0.000150753	0	0	0	0	0.000294835	0	0.000147418	0
tr|Q7K221|Q7K221_DROME;tr|A1ZAA	FBgn0001124	Glutamate oxaloacetate transaminase	0.00086508	0.000655469	0.000283026	0.000354414	0.000972371	0.00110945	0.000762591	0.000492439	0.00051986	0.000742521	0.00103972	0.00050963

5|A1ZAA5_DROME		1, isoform A (EC 2.6.1.1) (LD23191p)												
tr|A1ZB72|A1ZB72_DROME	FBgn0063493	Glutathione S transferase E7 (EC 2.5.1.18)	0.000201723	0	0	0	0	0.000689882	0.000355648	0	0	0.000519432	0	0
tr|A4V0U4|A4V0U4_DROME;tr|Q9VJ39|Q9VJ39_DROME	FBgn0032721	Leukotriene A(4) hydrolase (LTA-4 hydrolase) (EC 3.3.2.6)	0.000293534	0.000556026	0.001056385	0.000360774	0	0.000125484	0.000517517	0	0.000235195	0.000125974	0.000235195	0.000230567
tr|A5XCL5|A5XCL5_DROME;tr|Q9VSW2|Q9VSW2_DROME;tr|E1JI91|E1JI91_DROME;tr|Q9VSW1|Q9VSW1_DROME	FBgn0035978	UTP--glucose-1-phosphate uridylyltransferase (EC 2.7.7.9)	8.80316E-05	0	0	0	0	0	7.76022E-05	0	0	0	0	0
tr|A8DYI3|A8DYI3_DROME;tr|Q7JXB5|Q7JXB5_DROME	FBgn0034356	phosphoenolpyruvate carboxykinase (GTP) (EC 4.1.1.32)	7.99008E-05	0.000121081	0.000418256	0.000261876	0.000143697	0.000273257	0.000140869	0	0	0.000411486	0.000256083	0.000125522
tr|Q0E924|Q0E924_DROME;tr|A8DYI7|A8DYI7_DROME;tr|A8DYI6|A8DYI6_DROME	FBgn0010551	Prohibitin	0.00105314	0.001367935	0.001378215	0	0.000270573	0.000514527	0.001060996	0.000685132	0.001446566	0.000903938	0.000723283	0.000709051
tr|Q9VVC5|Q9VVC5_DROME;tr|Q8IQQ0|Q8IQQ0_DROME;tr|A8JNU6|A8JNU6_DROME	FBgn0010352	oxoglutarate dehydrogenase (succinyl-transferring) (EC 1.2.4.2)	4.46271E-05	0	0.000175207	0	0	0	0	0	0	0.000114914	0	0
tr|A8JQU3|A8JQU3_DROME;tr|Q9VNL0|Q9VNL0_DROME	FBgn0026077	Gasp, isoform B	0.000382844	0	0.000250508	0	0	0	0.000843717	0	0	0	0	0
tr|A8JRB8|A8JRB8_DROME;tr|A8JRC1|A8JRC1_DROME;tr|Q8MT18|Q8MT18_DROME	FBgn0039358	MIP04243p (Uncharacterized protein, isoform C (EC 1.1.1.41))	0	0	0.000150177	0	0	0	0.00010116	0	0	0.000196995	0	0.000180277
tr|Q9VQL7|Q9VQL7_DROME;tr|B7Z001|B7Z001_DROME;tr|Q9VQL6|Q9VQL6_DROME;tr|M9PB21|M9PB21_DROME	FBgn0283427	Fatty acid synthase 1, isoform A (EC 1.-.-.-, EC 2.3.1.85, EC 3.1.-.-)	0.000498184	0.000167766	0.000120733	0.000604742	0.000398201	0.000283961	0.000211448	0.000140043	0.000177409	0.000871046	0.000680068	0.00031885

tr|Q7KUB0|Q7KUB0_DROME;tr|Q8IQA7|Q8IQA7_DROME;tr|Q9VSI6|Q9VSI6_DROME;tr|Q7KUB1|Q7KUB1_DROME;tr|B7Z0E0|B7Z0E0_DROME	FBgn0001248	Isocitrate dehydrogenase [NADP] (EC 1.1.1.42)	0.004649803	0.008193359	0.006792632	0.009037555	0.007390017	0.006841607	0.005433458	0.007879016	0.006411602	0.007053948	0.01022391	0.008663716
tr|B7Z0X1|B7Z0X1_DROME;tr|Q9W457|Q9W457_DROME	FBgn0029823	Serine hydroxymethyltransferase (EC 2.1.2.1)	0.001541213	0.001897631	0.002269059	0.001262837	0.002252069	0.001482434	0.001868102	0.001315981	0.002469797	0.002066975	0.001080537	0.001210599
tr|Q9VM19|Q9VM19_DROME;tr|C9QPE7|C9QPE7_DROME	FBgn0031907	Trehalose 6-phosphate phosphatase (EC 3.1.3.12)	0.000494331	0.000249702	0	0	0.000296342	0.00056353	0.000290511	0.00100051	0	0.000424298	0.000264056	0
tr|Q9VY76|Q9VY76_DROME;tr|Q76NR0|Q76NR0_DROME;tr|D0IQK3|D0IQK3_DROME;tr|X2JFA0|X2JFA0_DROME;tr|M9MS55|M9MS55_DROME;tr|X2JEY5|X2JEY5_DROME;tr|M9NDW2|M9NDW2_DROME;tr|Q76NQ9|Q76NQ9_DROME;tr|Q961Q7|Q961Q7_DROME	FBgn0052626	AMP deaminase (EC 3.5.4.6)	0	0	0	0	0	9.97689E-05	0.000102866	0	0	0.000100158	9.34983E-05	0
tr|D3DMM4|D3DMM4_DROME;tr|Q86B97|Q86B97_DROME;tr|Q9VGE9|Q9VGE9_DROME;tr|Q86B96|Q86B96_DROME;tr|Q86B95|Q86B95_DROME;tr|Q9VGF0|Q9VGF0_DROME;tr|Q86B94|Q86B94_DROME	FBgn0260745	MIP15217p (Midline fasciclin, isoform Q)	0	0	0.00022187	0	0	0	0	0	9.05618E-05	4.85064E-05	0	0
tr|E1JHJ4|E1JHJ4_DROME;tr|E1JHJ5|	FBgn0264695	Myosin heavy chain, isoform N	2.30806E-05	0	6.04099E-05	3.78235E-05	0	7.89347E-05	4.06924E-05	7.00716E-05	0	0.000118864	7.39736E-05	3.6259E-05

E1JHJ5_DROME														
tr|Q9VYS0|Q9VYS0_DROME;tr|H0RNK3|H0RNK3_DROME	FBgn0030357	LP11415p (Sclp, isoform A)	0.000180659	0	0	0	0	0	0.000159256	0	0	0	0	0
tr|Q9VFG5|Q9VFG5_DROME;tr|H8F4T3|H8F4T3_DROME	FBgn0038257	RE17477p (Senescence marker protein-30, isoform A (EC 3.1.1.17)) (Senescence marker protein-30, isoform B) (Senescence marker protein-30, isoform D) (Smp-30 protein)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000254859	0	0
tr|L0MLQ9|L0MLQ9_DROME;tr|Q8IH18|Q8IH18_DROME	FBgn0052016	Eukaryotic translation initiation factor 4E transporter (4E-T) (Dm4E-T) (eIF4E transporter)	0	0	0	0	0	0	0.000405053	0.000627746	0.000220901	0.000354954	0.000662702	0.000505292
tr|Q9VUC1|Q9VUC1_DROME;tr|M9MSL3|M9MSL3_DROME	FBgn0026418	Hsc70Cb, isoform A (Hsc70Cb, isoform B) (Hsc70Cb, isoform C) (Hsc70Cb, isoform E) (Hsc70Cb, isoform F) (Hsc70Cb, isoform I) (LD32979p)	0.000391653	0.000423935	0.000366104	0.000458446	0.000100623	0.000191348	0.000591861	0.000339725	0.000268982	0.000576285	0.000179321	0.000615275
tr|M9ND95|M9ND95_DROME	FBgn0026695	Myosin heavy chain, isoform U	0.000184645	0.000174881	0.00012082	0.000151294	0.000249055	0.000236804	0.000142423	0.000280287	0.000221921	0.000138675	0.000147947	0.000253813
tr|M9PBA8|M9PBA8_DROME;tr|M9NDN7|M9NDN7_DROME;tr|Q9VK51|Q9VK51_DROME	FBgn0040510	Adenylyl cyclase X A, isoform G (EC 4.6.1.1)	5.20048E-05	0	0	8.52232E-05	0	0	9.16872E-05	0	0	0.000178548	0	0
tr|M9NEP1|M9NEP1_DROME	FBgn0026695	Myosin heavy chain, isoform T	0.007313935	0.005559123	0.005820937	0.008228473	0.0075046	0.006861021	0.006871867	0.008178863	0.004739678	0.007005885	0.00646654	0.006339296
tr|M9PJQ5|M9PJQ5_DROME;tr|M9NH	FBgn0283471	Wings up A, isoform K (Wings up A,	0.002689269	0.001852412	0.001279771	0.002003209	0.002198403	0.001672214	0.003448236	0.003340018	0.000783557	0.002098429	0.001958892	0.002688485

88|M9NH88_DROME;tr|M9NFC0|M9NFC0_DROME;tr|A4V4Q6|A4V4Q6_DROME;tr|E4NKJ3|E4NKJ3_DROME;sp|P36188|TNNI_DROME		isoform L) (Wings up A, isoform M)												
tr|Q7KTK9|Q7KTK9_DROME;tr|M9PCA2|M9PCA2_DROME;tr|M9PCU4|M9PCU4_DROME;tr|M9PCG1|M9PCG1_DROME;tr|Q9VM14|Q9VM14_DROME	FBgn0283658	Dihydrolipoyllysine-residue acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase complex, mitochondrial (EC 2.3.1.12) (Dihydrolipoamide acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase complex) (Pyruvate dehydrogenase complex component E2)	0.000106851	0	0	0	0	0	0	0	0	9.17128E-05	0.000171229	0
tr|M9PCA6|M9PCA6_DROME;tr|Q9VMJ5|Q9VMJ5_DROME	FBgn0001089	Beta-galactosidase (EC 3.2.1.23) (Acid beta-galactosidase)	0.000268562	0.000101744	0.00017573	0.000220054	0	0	0.000532675	0.000203835	0.000430371	0.000345771	0.000107593	0.000316427
tr|Q8IPG9|Q8IPG9_DROME;tr|M9PCW5|M9PCW5_DROME;tr|Q7KTJ7|Q7KTJ7_DROME	FBgn0261822	Basigin, isoform A (Basigin, isoform B) (Basigin, isoform C) (Basigin, isoform D) (Basigin, isoform E) (Basigin, isoform F) (Basigin, isoform H) (Basigin, isoform I) (LD05560p) (LD19437p)	0.000169751	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000291404	0	0
tr|M9PD73|M9PD73_DROME;tr|M9PDF6|M9PDF6_DROME;tr|Q	FBgn0041180	Thioester-containing protein 4, isoform B	0	0	3.98845E-05	0	0	0	2.68663E-05	0	0	0	0	0

9VIT9|Q9VIT9_DROME;tr|M9PDR0|M9PDR0_DROME														
tr|Q8INW9|Q8INW9_DROME;tr|M9PDP3|M9PDP3_DROME;tr|Q9VIX7|Q9VIX7_DROME	FBgn0032773	Fondue, isoform A	7.9618E-05	0	0	0	0	0.000408435	7.01853E-05	0.000120858	0	6.83382E-05	0	0
tr|M9PE30|M9PE30_DROME;tr|Q9VZI1|Q9VZI1_DROME	FBgn0035499	Transgelin	0.003084627	0.001558143	0.002354779	0.002106231	0.001849171	0.002197767	0.003852172	0.002341193	0.001647707	0.001985713	0.001235781	0.004442035
tr|Q9VT32|Q9VT32_DROME;tr|M9PEY1|M9PEY1_DROME;tr|M9PEP5|M9PEP5_DROME;tr|M9PHW7|M9PHW7_DROME;tr|M9PF46|M9PF46_DROME;tr|Q9VT33|Q9VT33_DROME	FBgn0036030	ribose-phosphate diphosphokinase (EC 2.7.6.1)	0.000514104	0.000389536	0.000840993	0.000210623	0	0.000879107	0.000906393	0.000975497	0.000411927	0.000551587	0.000411927	0
tr|M9PGA7|M9PGA7_DROME;tr|M9MS06|M9MS06_DROME;tr|F0JAG6|F0JAG6_DROME;sp|P18091|ACTN_DROME	FBgn0000667	Alpha actinin, isoform G (Alpha actinin, isoform H) (Alpha actinin, isoform J)	0.002452789	0.002824877	0.002824708	0.001929372	0.001499805	0.002264875	0.002940589	0.002978618	0.002279748	0.0021474	0.001572241	0.002620215
tr|O77434|O77434_DROME;tr|M9PGI6|M9PGI6_DROME	FBgn0260855	EG:34F3.8 protein (LD45288p) (Secretory 22, isoform A)	0	0	0.000279002	0	0	0	0.000375874	0	0	0	0	0
tr|Q9VTK9|Q9VTK9_DROME;tr|M9PI17|M9PI17_DROME;tr|Q8IQF8|Q8IQF8_DROME;tr|M9PF61|M9PF61_DROME	FBgn0086254	Aldo-keto reductase 1B, isoform A (EC 1.-.-.-, EC 1.1.1.112, EC 1.1.1.2, EC 1.1.1.21) (LD06393p)	0.003701227	0.004098754	0.002421846	0.003732562	0.002816182	0.004381624	0.002509792	0.001728729	0.002053116	0.001344057	0.002965614	0.000894541
tr|O18335|O18335_DROME	FBgn0015790	Drab11 (GM06568p) (RE11886p) (Rab11) (Rab11, isoform A)	0.000420413	0	0	0	0.000756086	0	0.00074121	0	0.000336856	0.000541277	0.000336856	0

		(Rab11, isoform B)												
tr|O46067|O46067_DROME	FBgn0023529	EG:25E8.1 protein (GH11566p) (Uncharacterized protein, isoform A) (Uncharacterized protein, isoform B)	0.000194948	0	0.000127561	0	8.76503E-05	0.000166678	0.00030074	7.39814E-05	0.000234303	0.000292825	7.8101E-05	0.000229693
tr|Q8IQZ8|Q8IQZ8_DROME;tr|O61604|O61604_DROME;tr|Q8IQZ7|Q8IQZ7_DROME	FBgn0024238	FI20019p1 (Fimbrin, isoform C)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000188041	0	0
tr|O76904|O76904_DROME	FBgn0004650	EG:8D8.1 protein (Female sterile (1) nasrat) (RE10379p)	0.000446018	0.000321854	0.000389128	0.000104417	0.000420167	0.000254227	7.48909E-05	0.000128961	0.000340355	0.00032814	0.000238249	0.000200195
tr|O97479|O97479_DROME;tr|O96299|O96299_DROME	FBgn0024289	Sorbitol dehydrogenase (Polyol dehydrogenase)	0.000374868	0	0.000163526	0.000204772	0	0	0.000110152	0	0	0.000429012	0	0
tr|O97102|O97102_DROME	FBgn0264922	Small ubiquitin-related modifier (SUMO)	0.000999648	0.002272291	0.000654105	0	0	0.001709374	0.003084255	0.00227616	0	0.001716048	0.003203877	0.002355625
tr|O97428|O97428_DROME;tr|Q8IRS7|Q8IRS7_DROME	FBgn0026084	Ciboulot, isoform A (Ciboulot, isoform B) (Ciboulot, isoform D) (Ciboulot, isoform E) (EG:EG0007.11 protein) (GEO07826p1) (RE50273p)	0.001743571	0.003170639	0.000912705	0.001142916	0	0.00178888	0.002151806	0.003176038	0.002794077	0.001496554	0.002235263	0.003834738
tr|Q7KN97|Q7KN97_DROME;tr|Q0E9E2|Q0E9E2_DROME	FBgn0027580	Pyruvate carboxylase (EC 6.4.1.1)	7.61797E-05	0.000115442	4.98471E-05	0.0003121	6.85023E-05	0.000260531	0.000167886	5.78195E-05	0.000183117	0.000294242	0.000244157	0
tr|Q0E9F9|Q0E9F9_DROME	FBgn0033241	FI16720p1 (Uncharacterized protein, isoform A) (Uncharacterized protein, isoform B (EC 3.4.17.-))	0	0.000150483	0	0	0	0	0	0	0	0.000170468	0	0

tr|Q0KHZ6|Q0KHZ6_DROME	FBgn0039697	Electron transfer flavoprotein subunit beta (Beta-ETF)	0	0.000808325	0.000465371	0.000291376	0.000639535	0.000912117	0.000626952	0.001349502	0	0.001068291	0.001709579	0.001396615
tr|Q0KI00|Q0KI00_DROME	FBgn0263236	Aminopeptidase (EC 3.4.11.-)	0.000241331	0.000365712	0.000694811	0.00023729	0.000347216	0.000165068	0.00021274	7.3267E-05	0.000464081	0.000248569	0.000464081	0.00015165
tr|Q24077|Q24077_DROME	FBgn0014850	Eig71Ej (GEO11774p1) (L71-10)	0.001377066	0.000695599	0	0	0	0	0.00040464	0	0	0	0	0
tr|Q24171|Q24171_DROME	FBgn0015402	AT08303p (KSR) (Kinase suppressor of ras) (Kinase suppressor of ras, isoform A) (Kinase suppressor of ras, isoform B) (Kinase suppressor of ras, isoform C) (Kinase suppressor of ras, isoform D)	0.000232837	7.05681E-05	0.000121883	7.63127E-05	0	0.000159258	0	0.000141376	7.46244E-05	7.99401E-05	0	0.000146312
tr|Q24253|Q24253_DROME	FBgn0010380	AP complex subunit beta	9.76854E-05	7.4016E-05	0.000319595	0	8.78407E-05	0	0	7.4142E-05	0	4.1923E-05	0	0
tr|Q27241|Q27241_DROME	FBgn0004591	Ecdysone-induced gene 71Ed (GEO09060p1) (L71-4) (L71-4 protein) (LP04160p)	0.000908771	0.001377146	0.001189282	0.000744627	0	0.002330965	0	0	0	0	0	0
tr|Q27364|Q27364_DROME	FBgn0004589	Ecdysone-induced gene 71Eb, isoform A (Ecdysone-induced gene 71Eb, isoform B)	0.000947035	0.000717566	0.001239357	0.00077598	0.002554776	0.000809704	0	0.002156362	0	0	0	0
tr|Q2QBM1|Q2QBM1_DROME;tr|Q9VG32|Q9VG32_DROME;tr|Q9VG31|Q9VG31_DROME	FBgn0002719	Malic enzyme	0.000622618	0.001061451	0.000305551	0.00038262	0	0.000266166	0.000960495	0.00023628	0.000873028	0.000935217	0.000873029	0.00085585
tr|Q3YMU0|Q3YMU0_DROME	FBgn0033663	Protein disulfide-isomerase (EC 5.3.4.1)	0.003311716	0.00348511	0.003009687	0.003768819	0.001654422	0.001258435	0.003081552	0.001954984	0.002063846	0.002921493	0.002800935	0.004190989

tr|Q494G8|Q494G8_DROME	FBgn0033609	F-box and leucine-rich repeat protein 6, isoform A (F-box and leucine-rich repeat protein 6, isoform B) (F-box and leucine-rich repeat protein 6, isoform C) (RE55062p)	0.000374868	0.000378715	8.17632E-05	0.000102386	0.000112363	0.000747851	0.000495684	0.00037936	0.000100121	0.000268133	0.000200242	0.000294453
tr|Q5LJP0|Q5LJP0_DROME	FBgn0001313	Male fertility factor kl2 (EC 3.6.1.3, EC 5.6.1.4)	1.00884E-05	0	2.64048E-05	1.65324E-05	0	1.72509E-05	8.89319E-06	0	0	3.46365E-05	0	0
tr|Q5U1B0|Q5U1B0_DROME	FBgn0033949	Beta hydroxy acid dehydrogenase 2 (EC 1.1.1.35) (RE67096p)	0.000142807	0.000216409	0	0	0	0	0.000125888	0	0	0.0004903	0.000228848	0
tr|Q6NL75|Q6NL75_DROME;tr|Q9VU62|Q9VU62_DROME;tr|Q7KUJ4|Q7KUJ4_DROME	FBgn0001256	Ecdysone-inducible gene L1, isoform C (RE44872p)	0.000264613	0.000200496	0.000692582	0.000650454	0.00047589	0.000452481	0.000116632	0	0.000636064	0.000113562	0.000424043	0.000415698
tr|Q6NP72|Q6NP72_DROME	FBgn0033608	GEO09659p1 (RE35907p) (Uncharacterized protein, isoform A) (Uncharacterized protein, isoform B)	0.000882042	0.001336642	0.001154303	0	0	0	0.000259181	0.000446306	0.002355791	0	0	0
tr|Q70VI1|Q70VI1_DROME;tr|Q9VFC7|Q9VFC7_DROME;tr|Q95U15|Q95U15_DROME;tr|C1C553|C1C553_DROME;tr|A0A0B4KG65|A0A0B4KG65_DROME;tr|E1JIK9|E1JIK9_DROME;tr|E1JIK6|E1JIK6_DROME;tr|Q8INF1|Q8INF1_DROME;tr|Q8I062|Q8I062_DROME;tr|Q9VFC6|Q	FBgn0038294	Mf4 protein (Myofilin, isoform L) (Myofilin, isoform M)	0.001482994	0.001685491	0.000970376	0.001417656	0.002667074	0.001267943	0.002287772	0.004502295	0.001584334	0.001166819	0.001980418	0.002718028

9VFC6_DROME;tr|C1C529|C1C529_DROME														
tr|Q76NQ0|Q76NQ0_DROME	FBgn0053303	Dolichyl-diphosphooligosaccharide--protein glycosyltransferase subunit 1	0.000196437	0.00014884	0.000128536	0.000321913	0	0	8.65823E-05	0	0	0.000252911	0	0
tr|Q9VYR1|Q9VYR1_DROME;tr|Q76NR6|Q76NR6_DROME	FBgn0030362	Regucalcin homologue (Regucalcin, isoform A (EC 3.1.1.17)) (Regucalcin, isoform B) (Regucalcin, isoform C) (SD03837p)	0.011283151	0.01034905	0.013600209	0.015570819	0.013884041	0.011170169	0.01295649	0.013296382	0.014512604	0.011723498	0.010943936	0.008163056
tr|Q7JR58|Q7JR58_DROME	FBgn0033879	Enoyl-CoA hydratase, short chain 1, isoform A (EC 4.2.1.17) (Enoyl-CoA hydratase, short chain 1, isoform B) (LD24265p)	0.001372398	0.000693241	0.000997788	0.001749243	0.001371207	0.002086016	0.001747496	0.003009161	0.00146618	0.002879471	0.002687998	0.004551546
tr|Q7JWQ7|Q7JWQ7_DROME	FBgn0034709	RE01730p (Secreted Wg-interacting molecule, isoform A) (Secreted Wg-interacting molecule, isoform B)	0.000208743	0	0	0	0	0	0	0	0	8.95849E-05	0	0
tr|Q7JXZ2|Q7JXZ2_DROME	FBgn0000566	cystathionine gamma-lyase (EC 4.4.1.1) (Gamma-cystathionase)	0.002060342	0.002428403	0.001647746	0.002438512	0.003293689	0.003131678	0.001513539	0.00260629	0.00183428	0.002554423	0.002934849	0.002517462
tr|Q7JZZ3|Q7JZZ3_DROME	FBgn0033787	RE03883p (Uncharacterized protein, isoform A) (Uncharacterized protein, isoform B)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000135004	0	0.000247093
tr|Q7K084|Q7K084_DROME	FBgn0033268	Odorant-binding protein 44a, isoform A (Odorant-binding protein 44a,	0.003145744	0.002860227	0.004528421	0.002062045	0.005657429	0.009144555	0.002495751	0.005252678	0.005545169	0.004590129	0.005041065	0.005436057

		isoform B) (RH04549p)												
tr|Q7K0B6|Q7K0B6_DROME	FBgn0050000	Glutathione S transferase T1 (EC 1.11.1.9, EC 2.5.1.18) (RE63575p)	0.000197299	0.000298986	0.000516399	0	0	0.001349506	0.000173924	0.000299495	0	0.000338694	0	0
tr|Q7K0E6|Q7K0E6_DROME	FBgn0002069	Aspartate--tRNA ligase, cytoplasmic (EC 6.1.1.12) (Aspartyl-tRNA synthetase)	8.47159E-05	0	0	0	0	0.000144862	0.000149359	0	0	0.000218142	0	0
tr|Q7K127|Q7K127_DROME	FBgn0034117	Alpha-galactosidase (EC 3.2.1.-)	0.000107876	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000277778	0.000172871	0.000338939
tr|Q7K2W6|Q7K2W6_DROME	FBgn0283437	GH04080p (Prophenoloxidase 1 (EC 1.10.3.1, EC 1.14.18.1))	0.002412193	0.002963858	0.003498041	0.001282054	0.001641474	0.002006657	0.002471236	0.00227616	0.002507381	0.002294282	0.001462639	0.001843532
tr|Q7K3J0|Q7K3J0_DROME	FBgn0284436	T-complex protein 1 subunit theta (CCT-theta)	8.23885E-05	0.000249702	0.00010782	0	0	0	7.26277E-05	0	0	7.07163E-05	0	0.00012943
tr|Q7K3N4|Q7K3N4_DROME	FBgn0033679	GH26015p	0	0	0	0	0	0	0	0	0	9.95131E-05	0	0.000182136
tr|Q7K485|Q7K485_DROME	FBgn0029093	Cathepsin D (Cathepsin D, isoform A) (Cathepsin D, isoform B (EC 3.4.23.-)) (Cathepsin D, isoform C) (SD07085p)	0.003557419	0.005390896	0.006007089	0.002256676	0.004953137	0.003532126	0.003844079	0.004354898	0.005332982	0.003348921	0.006252464	0.002343606
tr|Q7K569|Q7K569_DROME	FBgn0022160	Glycerol-3-phosphate dehydrogenase (EC 1.1.5.3)	0.000310664	0.000376623	0.000487869	0	0	0.000106246	0.000164315	9.4316E-05	0.000298704	0.000213321	9.9568E-05	9.76088E-05
tr|Q7K5K3|Q7K5K3_DROME;tr|Q8IML6|Q8IML6_DROME	FBgn0039635	Pyruvate dehydrogenase E1 component subunit beta, mitochondrial (EC 1.2.4.1)	0.000123244	0.000186764	0.000483859	0.000201967	0	0.000210745	0.000434572	0	0.000197499	0.000740487	0.000394999	0
tr|Q7K7G0|Q7K7G0_DROME;tr|Q9W555|Q9W555_DROME	FBgn0028969	Coatomer subunit delta	0.000169432	0.000128378	0	0	0	0	7.46793E-05	0	0.000135757	7.27139E-05	0.000271515	0
tr|Q7K8X7|Q7K8X7_DROME	FBgn0063491	Glutathione S transferase E9 (EC 2.5.1.18) (Putative glutathione	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000326186	0.000698843	0	0

		S-transferase)												
tr|Q7KA66|Q7KA66_DROME	FBgn0024294	Serpin 43Aa (Serpin, putative)	0.003344975	0.004369791	0.004679369	0.002835311	0.005185977	0.004339181	0.003355399	0.002976517	0.006099686	0.003267092	0.005175493	0.002174423
tr|Q7KLX3|Q7KLX3_DROME	FBgn0021795	Translocon-associated protein subunit delta (Signal sequence receptor subunit delta)	0.000541978	0.00082131	0.002127812	0	0	0.000463385	0.000716651	0	0.001302781	0.000930388	0	0.001702861
tr|Q7KM15|Q7KM15_DROME	FBgn0000181	Transcription factor BTF3	0.000266178	0	0.00069668	0	0.000478706	0	0.000234643	0.000404052	0	0.000228468	0	0
tr|Q7KMM4|Q7KMM4_DROME	FBgn0027588	BcDNA.GH04962 (Glucosidase 2 alpha subunit, isoform A) (Glucosidase 2 alpha subunit, isoform B) (Glucosidase 2 alpha subunit, isoform C (EC 3.2.1.-)) (Glucosidase 2 alpha subunit, isoform D) (Glucosidase 2 alpha subunit, isoform E)	9.73683E-05	0.000295103	6.37116E-05	0	0	0	0.000128749	0	0.000156033	0.000167148	7.80165E-05	0
tr|Q7KMP8|Q7KMP8_DROME	FBgn0028691	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 13 (26S proteasome regulatory subunit RPN9) (26S proteasome regulatory subunit S11) (26S proteasome regulatory subunit p40.5)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000303228	0.00018871	0
tr|Q7KMQ0|Q7KMQ0_DROME;tr|M9PC18|M9PC18_DROME;sp|Q9VQN8|	FBgn0028687	26S proteasome regulatory subunit 7 (Proteasome 26S subunit ATPase 2)	0	0.000157434	0	0	0	0	0.000183163	0.000315403	0.000166483	8.91711E-05	0	0.000326415

FIGL1_DROME														
tr|Q7KN75|Q7KN75_DROME	FBgn0027835	Dodeca-satellite-binding protein 1, isoform A (Dodeca-satellite-binding protein 1, isoform B) (Dodeca-satellite-binding protein 1, isoform D) (Dodeca-satellite-binding protein 1, isoform E) (Dodeca-satellite-binding protein 1, isoform F) (Dodeca-satellite-binding protein 1, isoform G) (Dodeca-satellite-binding protein 1, isoform H)	0.000138306	0	4.52494E-05	0.000113325	0	5.91252E-05	9.14405E-05	0.000104973	0	0.00014839	0	0
tr|Q7KN94|Q7KN94_DROME	FBgn0010516	Electron transfer flavoprotein subunit alpha (Alpha-ETF)	0.001772103	0.00103286	0.001427139	0.000446776	0.000980621	0.001398579	0.002162984	0.001241542	0.000436892	0.002340066	0.001966015	0.000856591
tr|Q7KRU8|Q7KRU8_DROME;tr|Q8I0T0|Q8I0T0_DROME;tr|H1UUD2|H1UUD2_DROME;tr|B8A405|B8A405_DROME;tr|A0A0B4KI27|A0A0B4KI27_DROME	FBgn0015222	Ferritin (EC 1.16.3.1)	0.002413783	0.001330122	0.002584514	0.002517203	0.003551762	0.002251371	0.001934376	0.00299787	0.003868094	0.002071814	0.00281316	0.002757805
tr|Q7KSQ0|Q7KSQ0_DROME	FBgn0037912	LD46175p (RH27308p) (Scheggia, isoform A) (Scheggia, isoform C) (Scheggia, isoform D) (Scheggia, isoform E)	0.000425717	0.000215043	0.000371416	0	0.000255209	0.000242656	0	0	0.000227404	0.000609008	0.000227405	0

tr|Q7KSU6|Q7KSU6_DROME;tr|Q9VHN7|Q9VHN7_DROME	FBgn0037607	Uncharacterized protein, isoform D (EC 2.2.1.1)	0.001706295	0.000587662	0.001623986	0	0.000139485	0.000663119	0.000341851	0.000117732	0.001491459	0.000865421	0	0.000365528
tr|Q7KT11|Q7KT11_DROME;tr|Q9VIJ0|Q9VIJ0_DROME;tr|Q8SZU0|Q8SZU0_DROME;tr|Q8INU6|Q8INU6_DROME	FBgn0032889	Uncharacterized protein, isoform B (Uncharacterized protein, isoform D) (Uncharacterized protein, isoform F) (Uncharacterized protein, isoform G (EC 1.1.1.-, EC 1.1.1.29, EC 1.1.1.79, EC 1.1.1.81)) (Uncharacterized protein, isoform J) (Uncharacterized protein, isoform K)	0.002069822	0.000418213	0.001083487	0.000904517	0.000992653	0.00141574	0.002067884	0.00083785	0.001105632	0.001184389	0.000442253	0.000433551
tr|Q7KUA4|Q7KUA4_DROME	FBgn0029113	SUMO-activating enzyme subunit	0.000192789	0.000194768	8.40993E-05	0	0	0	0.000113299	0	0	0	0	0
tr|Q7KUC2|Q7KUC2_DROME	FBgn0085484	Pyridoxal kinase (EC 2.7.1.35) (Pyridoxine kinase)	0	0	0.00019365	0.000242494	0	0	0.000260886	0	0.000237129	0	0.000474258	0
tr|Q7KV27|Q7KV27_DROME;tr|Q9VYD9|Q9VYD9_DROME	FBgn0030478	alanine transaminase (EC 2.6.1.2)	0.000237592	0.000240031	0.000103643	0.000129785	0	0.000406277	0.000349073	0.000360659	0.000253828	0.000271909	0.000126914	0.000124417
tr|Q7KVX5|Q7KVX5_DROME;tr|Q9W4N8|Q9W4N8_DROME	FBgn0029687	VAMP-associated protein 33kDa, isoform A	0	0	0.000250508	0.000627388	0	0	0.000337487	0.000581147	0	0.000328605	0	0.000300718
tr|Q8IQZ1|Q8IQZ1_DROME;tr|Q86B44|Q86B44_DROME;tr|X2JCE7|X2JCE7_DROME;tr|Q9VX03|Q9VX03_DROME;tr|Q1RL06|Q1RL06_DROME	FBgn0030882	Glutathione synthetase (GSH-S) (EC 6.3.2.3)	9.16174E-05	0.000277673	0.000119897	0	0	0	0.000242289	0.000278146	0.000293634	0.000235913	0	0
tr|Q9VG23|Q9VG23_DROME;tr|Q86PF4|Q86PF4_DROME	FBgn0052495	GH22994p (Uncharacterized protein, isoform A)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000538759	0	0

tr|Q8I725|Q8I725_DROME	FBgn0038088	Glyoxylate reductase/hydroxypyruvate reductase	0.000259275	0.000196452	0.000169653	0.000212444	0	0.00066503	0.00091423	0.000196786	0.000830976	0.001557796	0.000415488	0.000203656
tr|Q9VKV1|Q9VKV1_DROME;tr|Q8IPB7|Q8IPB7_DROME;tr|Q9VLI0|Q9VLI0_DROME	FBgn0037370	Alpha-mannosidase (EC 3.2.1.-)	0.00020826	0.000252477	0.000218035	6.82575E-05	7.49086E-05	0.000284896	3.67173E-05	0	0.000333737	0.000143004	0.00026699	0.000130868
tr|Q8IPE8|Q8IPE8_DROME;tr|Q9V397|Q9V397_DROME	FBgn0027611	enoyl-CoA hydratase (EC 4.2.1.17)	0.000120925	0	0.000395628	0	0	0	0.000213197	0	0.000193783	0.000363276	0.000193783	9.49849E-05
tr|Q8IPG8|Q8IPG8_DROME	FBgn0028479	Uncharacterized protein	0.000228346	0.001384137	0.000896489	0	0	0.000390466	0	0	0.001097775	0.000391991	0.000365925	0
tr|Q9VLY9|Q9VLY9_DROME;tr|Q8IPH5|Q8IPH5_DROME;tr|Q8IPH4|Q8IPH4_DROME;tr|Q9VLZ0|Q9VLZ0_DROME;tr|Q9NFV7|Q9NFV7_DROME	FBgn0051606	Thioester-containing protein 2, isoform B	9.64635E-05	0	0	5.26934E-05	0	5.49835E-05	8.50351E-05	0	0.000103055	8.27972E-05	0.000103055	0
tr|Q9V3N7|Q9V3N7_DROME;tr|Q8IPQ2|Q8IPQ2_DROME;tr|Q9VND9|Q9VND9_DROME	FBgn0041182	BcDNA.HL02693 (Collapsin response mediator protein) (Collapsin response mediator protein, isoform A (EC 3.5.2.-, EC 3.5.2.2))	0	0	0.000299845	0	0	0	0	0	0	0	0	0
tr|Q9VQ61|Q9VQ61_DROME;tr|Q8IPY3|Q8IPY3_DROME	FBgn0023023	Aspartate aminotransferase (EC 2.6.1.1)	0.001379231	0.001607753	0.001249588	0.001043181	0.001526438	0.001088517	0.001964031	0.002254687	0.001870187	0.00163915	0.001190119	0.001166701
tr|Q8IQU1|Q8IQU1_DROME;tr|Q9VW31|Q9VW31_DROME;tr|E1JI40|E1JI40_DROME	FBgn0001125	LD36620p (Vermiform, isoform G)	0.001285261	0.001947678	0.001345588	0.000982908	0.00061639	0.000879107	0.001208525	0.000520265	0.001510398	0.000808994	0.001235781	0.001076857
tr|Q9VZQ8|Q9VZQ8_DROME;tr|Q8IRD4|Q8IRD4_DROME;tr|Q8IRD3|Q8IRD3_DROME	FBgn0261341	Glutathione peroxidase	0.00159707	0	0	0.000436202	0.000478706	0.002730953	0.00140786	0.001212156	0.001706206	0.00114234	0	0.003763424

tr|Q8IRN0|Q8IRN0_DROME	FBgn0035438	FI06485p	0	0	0	0.000296057	0	0.000308923	0.000159256	0	0	0.000465194	0	0.00056762
tr|Q8IRQ5|Q8IRQ5_DROME;tr|Q9W3X6|Q9W3X6_DROME	FBgn0030073	fumarate hydratase (EC 4.2.1.2)	0.000288977	0	0.000882412	0.000157855	0.000173236	0.000164715	0.00067931	0.000584881	0.000154362	0.000248037	0.000463087	0.0006053
tr|Q8MZ07|Q8MZ07_DROME	FBgn0286222	GEO07581p1 (Odorant-binding protein 83g) (RE27306p)	0.000308111	0	0	0	0	0	0	0	0.000493748	0.000264459	0.000493748	0
tr|Q8SXQ1|Q8SXQ1_DROME	FBgn0046875	aldehyde dehydrogenase (NAD(+)) (EC 1.2.1.3)	0.000499824	0.00075743	0.00043607	0.000136515	0.000449451	0.000712239	0.00095465	0.000885173	0.00026699	0.000500514	0.000800969	0.000392604
tr|Q8SY19|Q8SY19_DROME;tr|Q8SY70|Q8SY70_DROME	FBgn0036857	glutathione transferase (EC 2.5.1.18)	0.002959483	0	0.003485693	0.002909925	0.00319347	0.000506065	0.002869749	0.001347726	0.001897032	0.001778142	0.002845548	0.00232463
tr|Q8SYQ4|Q8SYQ4_DROME	FBgn0025814	RE42475p (Uncharacterized protein, isoform A) (Uncharacterized protein, isoform B)	0.001215788	0	0.001591067	0.000498095	0.00109326	0.001559227	0.001875561	0.001845535	0.000487076	0.001565314	0.000974152	0.002864949
tr|Q8SZK9|Q8SZK9_DROME	FBgn0051997	HL04814p (RH18728p) (Schlaff, isoform A) (Schlaff, isoform B)	0.001557892	0.00206572	0.002548462	0	0.000700444	0.00199797	0.00188832	0.000295605	0.000936197	0.002005771	0.000624132	0.000305925
tr|Q8T0I9|Q8T0I9_DROME;tr|Q9VM97|Q9VM97_DROME	FBgn0287234	GH27479p (Thrombospondin, isoform C) (Thrombospondin, isoform D) (Thrombospondin, isoform E)	0	0	0	0	0	0	0.000189283	0	0	0	0	0
tr|Q8T6I0|Q8T6I0_DROME;tr|Q8T8W3|Q8T8W3_DROME	FBgn0031850	EH domain containing protein (Putative achaete scute target 1, isoform B)	0	0.000255314	0	0.000138049	0	0	7.42598E-05	0	0.000134995	0.000144611	0	0
tr|Q95SI7|Q95SI7_DROME	FBgn0016693	GH23390p	0.001074706	0.000232658	0.000602759	0.000251598	0.000276113	0	0.000676702	0.000233054	0.000246031	0.001844898	0.000738094	0.002170712
tr|Q960M4|Q960M4_DROME	FBgn0038924	Peroxiredoxin-5 (EC 1.11.1.24)	0.001183793	0.001435131	0.001549197	0.00038799	0.000851592	0	0.001043545	0.001078181	0.001138219	0.001219297	0	0.000743881
tr|Q961R8|Q961R8_DROME;tr|Q9VUK8|Q9VUK8_DROME	FBgn0038570	Glycine--tRNA ligase (EC 6.1.1.14) (Diadenosine tetraphospha	0.000728756	0.000401583	0.000953703	0.000217137	0.000119148	0.000226574	0.000292008	0.000100567	0.000424667	0.000568646	0.000212334	0.000208155

		te synthetase) (EC 2.7.7.-) (Glycyl-tRNA synthetase)												
tr|Q9I7J0|Q9I7J0_DROME	FBgn0027088	GH21596p (RE39031p)	0.005855924	0.008470672	0.005921782	0.003489614	0.002393528	0.003186112	0.007508585	0.006060782	0.006398272	0.004112423	0.003838965	0.006272373
tr|Q9I7V4|Q9I7V4_DROME	FBgn0038774	MIP24941p	0.000617914	0.00056183	0.001132105	0.000202522	0	0.000422648	0.000435766	0.000187596	0.000990209	0.000530372	0.000198042	0.000582435
tr|Q9V3A8|Q9V3A8_DROME	FBgn0042098	Ergic53, isoform A (Ergic53, isoform B) (LD43551p) (Rhea)	8.78597E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000138025
tr|Q9V3P3|Q9V3P3_DROME	FBgn0035909	LD45860p (Proteasome regulator dREG) (Proteasome regulator gamma, isoform A) (Proteasome regulator gamma, isoform B)	0	0	0	0.00060178	0	0	0.000161856	0	0	0.000315193	0	0
tr|Q9V3U6|Q9V3U6_DROME	FBgn0029133	26-29kD-proteinase (EC 3.4.22.-) (Homologue of Sarcophaga 26,29kDa proteinase) (RE18380p)	0.000819383	0.000248338	0.001179534	0	0	0.000980789	0.000722308	0	0.000787838	0.000562639	0.000131306	0
tr|Q9V3V6|Q9V3V6_DROME	FBgn0250848	26S proteasome regulatory complex subunit p50 (GH12068p) (Regulatory particle triple-A ATPase 5 (EC 3.-.-.-, EC 3.6.1.3))	0.000630619	0.001114909	0.000550182	0.000688954	0.000756086	0.000539172	0.00074121	0.000478632	0.000673712	0.000811915	0.000673712	0.000495342
tr|Q9V3Z9|Q9V3Z9_DROME	FBgn0028684	HL02234p (RH05666p) (Vajk3)	0	0	0.000637576	0	0	0	0	0	0	0	0	0
tr|Q9V405|Q9V405_DROME;tr|Q9VH79|Q9VH79_DROME	FBgn0028544	26S proteasome regulatory complex subunit p48A (CG16916 protein) (GH06151p) (Regulatory particle triple-A ATPase 3, isoform A)	0.00010892	0.000165057	0.000427623	0	0	0	0	0.000165339	0	9.34893E-05	0	0

		(Regulatory particle triple-A ATPase 3, isoform B (EC 3.6.1.3))												
tr|Q9V436|Q9V436_DROME	FBgn0028686	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 8	0	0.000774645	0	0	0.000306444	0	0	0	0.000273058	0.000292508	0	0
tr|Q9V9M7|Q9V9M7_DROME	FBgn0028693	60S ribosomal protein L21	0.002829191	0.002572405	0.000370248	0.000927272	0.001017626	0.00096757	0.000997603	0.001717857	0.000453379	0.000242837	0.000453379	0.000444457
tr|Q9V9W2|Q9V9W2_DROME;tr|Q9V9W3|Q9V9W3_DROME	FBgn0032987	60S ribosomal protein L6	0.007219677	0.009538014	0.00799462	0.004853866	0.004993904	0.003482059	0.006690713	0.003934104	0.005933103	0.005243481	0.003559863	0.006397993
tr|Q9V9X0|Q9V9X0_DROME;tr|Q9VAG2|Q9VAG2_DROME	FBgn0039857	FI18240p1 (Nyobe, isoform C) (Nyobe, isoform D)	0	0	0.00014626	0	0	0	0	0	8.95493E-05	0	0	0
tr|Q9VA42|Q9VA42_DROME;tr|Q9VA41|Q9VA41_DROME	FBgn0039852	Niemann-Pick type C-2g, isoform A (Niemann-Pick type C-2g, isoform B)	0.001697515	0.001714937	0	0.000463636	0.000508813	0.00096757	0.002494007	0	0.00317365	0.001457022	0	0.00177783
tr|Q9VA48|Q9VA48_DROME	FBgn0039800	Serpin 100A	0.000415878	0.000525183	0.000362832	0.000227174	0.000498621	0.000474095	0.000549911	0.000105215	0.000666446	0.000416452	0.000666446	0.000217777
tr|Q9VAC1|Q9VAC1_DROME	FBgn0039795	Acetyl-CoA hydrolase (EC 3.1.2.1) (Acetyl-CoA deacylase)	0.000943064	0.00100038	0.000987329	0.000927272	0.000508813	0.000161262	0.000914469	0.000286309	0.000755631	0.001295131	0.001057884	0.000740762
tr|Q9VAI9|Q9VAI9_DROME	FBgn0039737	GEO07291p1 (Odorant-binding protein 99c, isoform A) (RE07893p)	0.00327699	0.002708692	0.005458097	0.003905595	0.006429238	0.006622411	0.003151368	0.002261086	0.004773987	0.002812728	0.005251387	0.004680049
tr|Q9VAK5|Q9VAK5_DROME;tr|Q9VXK7|Q9VXK7_DROME	FBgn0039682	NADH dehydrogenase (Ubiquinone) 20 kDa subunit-like, isoform A (NADH dehydrogenase (Ubiquinone) 20 kDa subunit-like, isoform B)	0.000212189	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000182128	0	0
tr|Q9VAN7|Q9VAN7_DROME	FBgn0039669	Phosphoglycerate mutase (EC 5.4.2.11) (EC 5.4.2.4)	0.000176408	0	0.000230861	0	0	0	0.000777543	0.000535567	0.00056539	0.001059912	0	0.000277132

tr|Q9VAY2|Q9VAY2_DROME	FBgn0014869	Heat shock protein 83 (HSP 82)	0.000800226	0.001039422	0.000822826	0.000374679	0.000411188	0.000781925	0.001058131	0.00086766	0.000641182	0.000735917	0.00073278	0.001077541
tr|Q9VB10|Q9VB10_DROME	FBgn0039562	GH01709p	0	0.000165458	0.000428661	0	0	0	9.62493E-05	0.00016574	0	0	0	0
tr|Q9VBH8|Q9VBH8_DROME;tr|Q9VHE5|Q9VHE5_DROME	FBgn0039537	60S ribosomal protein L34	0.00055536	0	0.000726784	0	0	0.000474826	0.000734347	0	0.000444983	0	0.000889966	0
tr|Q9VBN5|Q9VBN5_DROME	FBgn0039406	60S ribosomal protein L27	0	0	0	0	0	0	0.000587477	0.000505813	0	0	0	0
tr|Q9VBU9|Q9VBU9_DROME	FBgn0039359	40S ribosomal protein S27	0.000535526	0.000811533	0	0	0	0	0	0.000812914	0	0.000919312	0	0
tr|Q9VBV4|Q9VBV4_DROME	FBgn0039300	LP07620p	0.000719746	0.00163605	0.001412867	0.00117949	0.000323605	0.000615375	0.001110332	0.000273139	0.001153395	0.002007776	0.001153396	0.00056535
tr|Q9VC18|Q9VC18_DROME	FBgn0039297	Bifunctional purine biosynthesis protein ATIC (EC 2.1.2.3) (EC 3.5.4.10) (AICAR transformylase/inosine monophosphate cyclohydrolase)	0.003430994	0.003928368	0.00409093	0.002998702	0.002742415	0.003129024	0.00342778	0.004282268	0.002687997	0.002748586	0.003176725	0.002395551
tr|Q9VCF8|Q9VCF8_DROME	FBgn0039241	LD23561p	0	0	0	0	0	0.000207337	0	0	0	0.000104073	0.000194305	0
tr|Q9VCK6|Q9VCK6_DROME	FBgn0039130	LD34157p	0.000117452	0	0	0	0	0	0	0.000178289	0	0.000100812	0	0
tr|Q9VCR2|Q9VCR2_DROME	FBgn0039094	Uncharacterized protein, isoform A (Uncharacterized protein, isoform B) (Uncharacterized protein, isoform C (EC 3.5.1.14))	0	0	0.000146807	0	0	0	9.88896E-05	0	0	0	0	0
tr|Q9VD29|Q9VD29_DROME	FBgn0039049	RE74312p (Secretion-associated Ras-related 1, isoform A) (Secretion-associated Ras-related 1, isoform C) (Secretion-associated Ras-related 1, isoform D)	0.001165392	0.002119236	0.001220093	0.000763918	0.002095887	0.001594235	0.002260113	0.000707615	0.002241053	0.00160046	0.002241054	0.001098478

		(Secretion-associated Ras-related 1, isoform E)												
tr|Q9VDH8|Q9VDH8_DROME	FBgn0038947	Ribosomal protein S30, isoform A (Ribosomal protein S30, isoform B) (Ribosomal protein S30, isoform C)	0.000340789	0	0.000445981	0.001675411	0.001225776	0.001165483	0.000300414	0.001034618	0.002184461	0.001170033	0.002184461	0.001606108
tr|Q9VDM7|Q9VDM7_DROME	FBgn0038834	Trimethyllysine dioxygenase, mitochondrial (EC 1.14.11.8) (Epsilon-trimethyllysine 2-oxoglutarate dioxygenase) (TML hydroxylase) (TML-alpha-ketoglutarate dioxygenase)	0.000123583	0	0	0.000202522	0	0	0.000326825	0.000375191	0.000198042	0	0.000594126	0
tr|Q9VE24|Q9VE24_DROME	FBgn0038795	N-sulfoglucosamine sulfohydrolase (EC 3.1.6.-, EC 3.1.6.14, EC 3.10.1.1) (RE63280p)	0	0.000130093	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000137571	0
tr|Q9VEA1|Q9VEA1_DROME	FBgn0038660	Eukaryotic translation initiation factor 4C	0	0	0	0	0	0.000519742	0.000535875	0	0.000487076	0	0	0
tr|Q9VEB1|Q9VEB1_DROME	FBgn0026250	Malate dehydrogenase, mitochondrial (EC 1.1.1.37)	0.00294539	0.00446343	0.002803308	0.005484977	0.005297105	0.007096956	0.004956839	0.005080715	0.00450545	0.002528107	0.003432725	0.003996149
tr|Q9VEI6|Q9VEI6_DROME	FBgn0262559	Sgs5bis	0.00031679	0.000480062	0	0	0	0.000541703	0	0	0	0	0	0
tr|Q9VEJ0|Q9VEJ0_DROME	FBgn0038523	Thioredoxin-dependent peroxide reductase, mitochondrial (EC 1.11.1.24) (Peroxiredoxin 3) (Thioredoxin peroxidase 3)	0	0	0	0	0	0	0.000338929	0	0	0.000330009	0	0
tr|Q9VEK7|Q9VEK7_DROME;tr|Q8IN9	FBgn0038519	Cellular repressor of E1A-	0.001065975	0.002907672	0.001953016	0.001746874	0.001150255	0.000729117	0.00187937	0.001294499	0.001366582	0.001829909	0.002391519	0.001004769

7|Q8IN97_DROME		stimulated genes, isoform A (Cellular repressor of E1A-stimulated genes, isoform B) (Cellular repressor of E1A-stimulated genes, isoform D) (GH28782p)												
tr|Q9VF15|Q9VF15_DROME;tr|Q8T0T2|Q8T0T2_DROME	FBgn0025456	GEO09476p1 (Globin 1, isoform A) (Globin 1, isoform B) (Globin 1, isoform C) (Globin 1, isoform D) (Globin 1, isoform F (EC 1.11.1.7)) (RH41321p)	0.007056336	0.002227737	0.010388731	0.004336359	0.002115065	0.007038601	0.005961166	0.004463059	0.005653898	0.00176652	0.001413475	0.000923774
tr|Q9VFF0|Q9VFF0_DROME	FBgn0027657	GH01077p (Ubiquinol-cytochrome c reductase core protein 1, isoform A (EC 3.4.24.-)) (Ubiquinol-cytochrome c reductase core protein 1, isoform B)	0	0	0	0.000156847	0	0	0	0	0.000153377	0.000328605	0	0.000300718
tr|Q9VFQ9|Q9VFQ9_DROME	FBgn0038271	Dipeptidase B, isoform A (Dipeptidase B, isoform B) (Dipeptidase B, isoform C) (Dipeptidase B, isoform D (EC 3.4.14.-)) (LD41062p)	0.000354206	0.000268381	0.000579424	0.000435343	0.000796272	0.000757105	0.000702544	0.000806513	0.000993328	0.000836067	0.000425712	0.000139112
tr|Q9VFR3|Q9VFR3_DROME	FBgn0000454	Chitinase 5 (EC 3.2.1.14) (LP08894p)	0.000302414	0.000114569	0.000296821	0.000123896	0	0.00012928	0.000266586	0.000229529	0.00024231	0.000194678	0.00024231	0
tr|Q9VFV9|Q9VFV9_DROME	FBgn0038180	DnaJ-like-2, isoform A (DnaJ-like-2, isoform B) (DnaJ-like-2, isoform C) (DnaJ-like-2, isoform D)	0	0	0	0	0	0	9.83988E-05	0	0	0.000383237	0.000178876	0

		(DnaJ-like-2, isoform E) (GM13664p)												
tr|Q9VFZ4|Q9VFZ4_DROME	FBgn0038145	Methanethiol oxidase	0.00018512	0.000420795	0.000242261	0	0.000166463	0	0	0	0	0.000317787	0	0
tr|Q9VGA0|Q9VGA0_DROME	FBgn0038115	Glutathione S transferase D9, isoform A (Glutathione S transferase D9, isoform B (EC 2.5.1.18))	0.001031746	0.001250803	0.00081013	0.000676313	0	0.001058558	0.001273316	0	0.001322701	0.00106269	0	0.001945011
tr|Q9VGF1|Q9VGF1_DROME;tr|Q9VGF2|Q9VGF2_DROME	FBgn0038020	GH17980p	0.003682912	0.00259121	0.004303324	0.00107775	0.002602087	0.003148848	0.002898736	0.002795285	0.002529375	0.001467673	0.001264688	0.001033169
tr|Q9VGF3|Q9VGF3_DROME	FBgn0037975	IP11040p	0.000782333	0.000790362	0.000682545	0.000641027	0.001172482	0.000891848	0.000574706	0.000197927	0.000835794	0.000671497	0.000835794	0.000409674
tr|Q9VGK3|Q9VGK3_DROME	FBgn0037973	peptidylprolyl isomerase (EC 5.2.1.8)	0.000325972	0.000493976	0.00042659	0	0	0	0	0	0	0	0	0
tr|Q9VGM2|Q9VGM2_DROME;tr|Q8INK3|Q8INK3_DROME;tr|Q8INK2|Q8INK2_DROME	FBgn0037930	Fatty acid binding protein, isoform B (GEO09480p1) (RH06221p) (RH49003p)	0.010380956	0.010487499	0.008604	0.014176557	0.009957076	0.007100478	0.008235979	0.008404284	0.005545169	0.010989309	0.009981308	0.009241297
tr|Q9VGQ1|Q9VGQ1_DROME	FBgn0037913	Dihydrolipoyllysine-residue succinyltransferase component of 2-oxoglutarate dehydrogenase complex, mitochondrial (EC 2.3.1.61) (E2K)	9.612E-05	0	0	0.000157517	0	0.000328726	0	0	0	0.000165005	0	0
tr|Q9VGU6|Q9VGU6_DROME	FBgn0037891	GTP:AMP phosphotransferase, mitochondrial (EC 2.7.4.10) (Adenylate kinase 3) (AK 3)	0.00020826	0	0.000272544	0	0	0	0.000367173	0	0	0.000178755	0	0
tr|Q9VGZ3|Q9VGZ3_DROME;tr|Q9VCV4|Q9VCV4_DROME	FBgn0042094	Cytoplasmic aconitate hydratase (EC 4.2.1.3) (Citrate hydro-lyase) (Iron-responsive element-	0.00050038	0.000758273	0.000523866	0.000820001	0.000989893	0.00068451	0.000793976	0.000379782	0.000641488	0.001460264	0.000962232	0.000786082

		binding protein 1)												
tr|Q9VH26|Q9VH26_DROME	FBgn0024957	Carbonic anhydrase (EC 4.2.1.1)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00012701	0	0.000232463
tr|Q9VHL2|Q9VHL2_DROME	FBgn0037788	T-complex protein 1 subunit eta (TCP-1-eta) (CCT-eta)	0.000413457	0.000501241	0.000432864	0.000271022	0.000297431	0	0.000218684	0.000251047	0.000265026	0.000496834	0.000132513	0.000129906
tr|Q9VHX4|Q9VHX4_DROME	FBgn0037632	LD24679p	0.00054692	0	0.000536804	0	0	0	0.000120531	0	0	0	0	0
tr|Q9VI04|Q9VI04_DROME	FBgn0037537	Beta-alanine synthase (EC 3.5.1.6) (Pyd3 (EC 3.5.1.-))	0	0.000176603	0	0	0	0.000199279	0	0	0	0	0	0
tr|Q9VIE8|Q9VIE8_DROME;tr|Q8T4D6|Q8T4D6_DROME	FBgn0037513	Aconitate hydratase, mitochondrial (Aconitase) (EC 4.2.1.3)	0.00057159	0.000346474	0.001196838	0.000562019	0.000719579	0.000684184	0.001360454	0.000694128	0.00073278	0.000932161	0.000549585	0.000628566
tr|Q9VIH3|Q9VIH3_DROME	FBgn0010100	Microsomal triacylglycerol transfer protein (MTP)	5.07722E-05	0	0	0	0	8.68192E-05	4.4757E-05	7.70709E-05	8.13625E-05	0.000130737	0	0
tr|Q9VIH9|Q9VIH9_DROME	FBgn0266369	Protein quiver (Protein sleepless)	0.000918044	0.000463733	0	0.000501484	0	0.001046556	0.0013488	0.000464523	0.000490389	0.000525321	0.000980779	0.00048074
tr|Q9VIQ8|Q9VIQ8_DROME	FBgn0032899	Cytochrome c oxidase subunit 4	0.000494331	0.000374554	0.000646917	0.001215133	0	0	0.000653649	0.001125574	0.000396084	0.000848595	0.000396084	0
tr|Q9VJ11|Q9VJ11_DROME	FBgn0032833	Calcium load-activated calcium channel (CLAC channel)	0	0.000372507	0	0	0	0	0.000650077	0	0	0.000421979	0	0
tr|Q9VJ19|Q9VJ19_DROME	FBgn0032746	60S ribosomal protein L30	0.003647363	0.001842398	0.001060711	0.002656508	0.00510188	0.002771959	0.001786248	0.002460714	0.003247171	0.003130629	0.003896607	0
tr|Q9VJ28|Q9VJ28_DROME	FBgn0086710	FI05204p (L-2-hydroxyglutarate dehydrogenase, isoform A) (L-2-hydroxyglutarate dehydrogenase, isoform B) (L-2-hydroxyglutarate dehydrogenase, isoform C (EC 1.1.3.15, EC 1.1.99.2))	9.88662E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	8.48595E-05	0	0

tr|Q9VJ44|Q9VJ44_DROME;tr|Q9VJ43|Q9VJ43_DROME	FBgn0032729	SD06839p (Uncharacterized protein, isoform A (EC 2.3.1.-)) (Uncharacterized protein, isoform B)	0.000221052	0.000167491	0	0	0	0	9.74317E-05	0.000167776	0	0	0	0
tr|Q9VJ59|Q9VJ59_DROME	FBgn0032715	PRA1 family protein	0.000361318	0	0.000472847	0	0.000324905	0.000308923	0.000318512	0	0	0.000310129	0.000289507	0
tr|Q9VJQ3|Q9VJQ3_DROME	FBgn0032704	RH54244p (Yellow-c, isoform A) (Yellow-c, isoform B)	0	0.000155636	0.000134405	0	0	0	9.05359E-05	0	0.000329165	0	0	0
tr|Q9VK60|Q9VK60_DROME	FBgn0041713	GH25425p	0.000175036	0	0	0	0	0.000299307	0.000154298	0	0	0.000450713	0	0.000274976
tr|Q9VK69|Q9VK69_DROME	FBgn0032453	T-complex protein 1 subunit delta	0.000506388	0.000383689	0.000662696	0.000138308	0.000151785	0.000144319	0.000223197	0.000512456	0	0.000289764	0.000405744	0
tr|Q9VKI8|Q9VKI8_DROME	FBgn0032444	GH03305p	0.000812966	0.00082131	0.001241224	0.000222042	0.000731035	0.001390154	0.001074977	0.001234063	0.001519911	0.002325969	0.001085651	0
tr|Q9VKM3|Q9VKM3_DROME	FBgn0032350	ATP synthase subunit	0.003635082	0.004820012	0.004757129	0.004467763	0.007354658	0.00466193	0.003604974	0.007587201	0.005097075	0.003120088	0.005825231	0.007138257
tr|Q9VKM8|Q9VKM8_DROME;tr|Q9VKM7|Q9VKM7_DROME	FBgn0010612	RH51633p (Uncharacterized protein, isoform A) (Uncharacterized protein, isoform B) (Uncharacterized protein, isoform C) (Uncharacterized protein, isoform G) (Uncharacterized protein, isoform H)	0.002277678	0.001725791	0.000993578	0.002799421	0.004096265	0.002596518	0.003513709	0.002593094	0.001520827	0.00244374	0.002129159	0.001490902
tr|Q9VKR4|Q9VKR4_DROME	FBgn0053129	Aminomethyltransferase (EC 2.1.2.10) (Glycine cleavage system T protein)	0.000777504	0.000841589	0.001308211	0.00018202	0	0.00018993	0.00068539	0	0.001067958	0.000667352	0.000533979	0.001221435
tr|Q9VKW5|Q9VKW5_DROME	FBgn0032287	Prolyl endopeptidase (EC 3.4.21.-)	0.000119006	0.000180341	7.78697E-05	9.75107E-05	0	0	0.00015736	0	0	0.000153219	9.53535E-05	0
tr|Q9VKX2|Q9VKX2_DROME	FBgn0032242	Malate dehydrogenase (EC 1.1.1.37)	0.003470587	0.004450185	0.003843111	0.006124946	0.004561197	0.004108585	0.003765433	0.002836758	0.005775532	0.003437189	0.003636448	0.005871587
tr|Q9VKZ8|Q9VKZ8_DROME	FBgn0262782	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase	0	0.000287026	0	0	0.000170318	0	0.000166967	0	0.000303525	0	0	0

		(EC 3.4.19.12)												
tr|Q9VL68|Q9VL68_DROME	FBgn0032216	RH73277p (SD13345p) (Uncharacterized protein, isoform A (EC 4.2.1.17, EC 5.3.3.8)) (Uncharacterized protein, isoform B)	0.000640344	0	0.0006285	0.000787026	0.000287905	0.000547486	0.00056448	0.000486013	0.000256538	0.00068703	0.001026153	0
tr|Q9VL69|Q9VL69_DROME	FBgn0032160	Translocon-associated protein subunit gamma (Signal sequence receptor subunit gamma)	0.00165731	0.00251148	0.001239357	0.00116397	0.002980572	0.001214556	0.001460963	0.001078181	0.001517625	0.001422514	0.001517626	0.001859704
tr|Q9VL70|Q9VL70_DROME	FBgn0025700	HL08109p (Yippee interacting protein 2 (EC 2.3.1.16, EC 2.3.1.9))	0.000791178	0	0	0.000555664	0.000406539	0.000579813	0.00059781	0.00051471	0	0.000873115	0.000362247	0.000532679
tr|Q9VL89|Q9VL89_DROME	FBgn0040064	Methionine aminopeptidase 2 (MAP 2) (MetAP 2) (EC 3.4.11.18) (Peptidase M)	0	0.000456487	0.000394215	0.000164549	0.000361166	0	0.00017703	0.000152421	0.000321818	0	0.000321818	0
tr|Q9VLB7|Q9VLB7_DROME	FBgn0283478	Rab GDP dissociation inhibitor	0.001015443	0.000769399	0.000797329	0.000332813	0.001278349	0.000520915	0.001253196	0.001387276	0.001464525	0.00095874	0.001464526	0.001435708
tr|Q9VLC5|Q9VLC5_DROME	FBgn0004868	Aldehyde dehydrogenase (Aldehyde dehydrogenase, isoform A (EC 1.2.1.10, EC 1.2.1.3)) (Aldehyde dehydrogenase, isoform B)	0.00380635	0.006292499	0.004868053	0.004961795	0.005289696	0.006212919	0.005490653	0.004990044	0.005683798	0.00534615	0.005683801	0.005571958
tr|Q9VLG9|Q9VLG9_DROME	FBgn0012036	Argininosuccinate lyase, isoform B (Argininosuccinate lyase, isoform C) (Argininosuccinate lyase, isoform D (EC 4.3.2.1))	0.00095915	0.001017444	0.000878649	0.000943089	0.001379978	0.000492037	0.000845516	0.000727983	0.001075928	0.000740938	0.000461112	0.001054757
tr|Q9VM12|Q9VM12_DROME	FBgn0032076	MIP26555p1	0.00336616	0.002086798	0.002002363	0.001504451	0.001651046	0.001308195	0.00188832	0.000696784	0.001471167	0.002363944	0.001716363	0.00048074

tr|Q9VM18|Q9VM18_DROME	FBgn0031913	Trehalose 6-phosphate phosphatase (EC 3.1.3.12)	0.004237637	0.005186752	0.002132952	0.002403851	0.002931204	0.004180535	0.003735589	0.002721496	0.000522371	0.003497381	0.001567114	0.0033286
tr|Q9VML5|Q9VML5_DROME	FBgn0031908	LP05310p (Uncharacterized protein, isoform A) (Uncharacterized protein, isoform B)	0.000142355	0.000215724	0.000186296	0	0	0.000730271	0.00012549	0.000216091	0.000228124	0.000488748	0.000456248	0.000223635
tr|Q9VMQ9|Q9VMQ9_DROME	FBgn0031747	Thioredoxin domain-containing protein 17	0.001071051	0	0.001868872	0.000585064	0.001284147	0	0.00062944	0	0.000572121	0.001532186	0.000572121	0.001121726
tr|Q9VMS1|Q9VMS1_DROME	FBgn0000318	Cyclope, isoform A (EC 1.9.3.1) (Cyclope, isoform B) (Cyclope, isoform C) (Cytochrome c oxidase subunit VIc) (GEO10004p1)	0.00058421	0	0	0.000957378	0.001050665	0	0.001029993	0	0	0.000501443	0.000936198	0.001835552
tr|Q9VMW4|Q9VMW4_DROME;tr|Q9VMW2|Q9VMW2_DROME;tr|E1JHT9|E1JHT9_DROME;tr|Q9VMW1|Q9VMW1_DROME;tr|Q7KTP4|Q7KTP4_DROME	FBgn0015031	Reticulon-like protein	0.000810525	0.001228266	0.000795533	0.001328254	0.00072884	0.00069299	0.000714499	0	0.000974151	0.000869619	0.000974152	0
tr|Q9VN21|Q9VN21_DROME	FBgn0053113	LD30155p (Lost)	0.001073016	0.001876204	0.001836296	0.001487888	0.001632869	0.001129128	0.001309697	0.001378225	0.001454971	0.001416921	0.001719512	0.001426342
tr|Q9VN44|Q9VN44_DROME	FBgn0263594	FI07923p (Karyopherin beta 3, isoform A) (Karyopherin beta 3, isoform B)	0.000284967	0.000185074	0.000372929	0.00020014	0.000219641	0	0.000251206	6.17962E-05	0.000195712	0.000384364	0	0
tr|Q9VNF3|Q9VNF3_DROME	FBgn0087013	RE01652p	0.002100427	0.000265248	0.002290641	0.001721045	0.001259163	0.001496534	0.00200588	0.001062799	0.001963465	0.001502377	0.00112198	0.001099903
tr|Q9VNM7|Q9VNM7_DROME	FBgn0037354	FI03362p (Osiris 7)	0	0	0.000408816	0	0	0	0	0	0	0	0	0
tr|Q9VNW6|Q9VNW6_DROME	FBgn0037414	Delta-1-pyrroline-5-carboxylate synthase [Includes: Glutamate 5-kinase (GK) (EC 2.7.2.11)	0.000347816	0.000351385	0.000455176	9.49975E-05	0	9.91261E-05	0.000408811	0.000351984	0.000743167	0.000248783	0.00046448	9.1068E-05

		(Gamma-glutamyl kinase); Gamma-glutamyl phosphate reductase (GPR) (EC 1.2.1.41) (Glutamate-5-semialdehyde dehydrogenase) (Glutamyl-gamma-semialdehyde dehydrogenase)]												
tr|Q9VNX4|Q9VNX4_DROME	FBgn0037146	Multifunctional fusion protein [Includes: L-glutamate gamma-semialdehyde dehydrogenase (EC 1.2.1.88) (L-glutamate gamma-semialdehyde dehydrogenase); Delta-1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase (P5C dehydrogenase)]	0	0	0	0	0	0	6.90849E-05	0	0	0.0002018	0	0
tr|Q9VPN5|Q9VPN5_DROME	FBgn0037138	Stress-induced-phosphoprotein 1	0	0	0.000240284	0	0	0.00047095	8.0928E-05	0	0.000147117	0.000236394	0.000147117	0
tr|Q9VQB4|Q9VQB4_DROME	FBgn0024352	LD06553p (Uncharacterized protein, isoform A (EC 1.-.-.-)) (Uncharacterized protein, isoform B) (Uncharacterized protein, isoform C)	0.000268562	0.001220933	0.000527189	0	0	0.000229617	0.001420467	0.000611506	0.000645557	0.000922056	0.000430372	0
tr|Q9VQL1|Q9VQL1_DROME	FBgn0031418	serine--tRNA ligase (EC 6.1.1.11) (Seryl-tRNA synthetase)	0.000359155	0	0.000235008	0	0	0	0	0.000136297	0.000143887	7.7068E-05	0	0

tr|Q9VQT5|Q9VQT5_DROME	FBgn0031497	FI01556p (GEO11944p1) (Uncharacterized protein, isoform A) (Uncharacterized protein, isoform B)	0	0	0	0	0	0	0	0.000864365	0	0	0	0.001789082
tr|Q9VR15|Q9VR15_DROME;tr|Q2PDW5|Q2PDW5_DROME	FBgn0031558	Uncharacterized protein, isoform A (EC 3.4.21.-)	0.001289354	0.000217098	0.000187482	0	0	0.000244974	0.000884022	0.000434935	0.000229577	0.00024593	0	0.00022506
tr|Q9VR79|Q9VR79_DROME	FBgn0031619	LD43683p (Obstructor-A, isoform A) (Obstructor-A, isoform B)	0.000949033	0.001438159	0.001241972	0.00093314	0.001365422	0.000973694	0.000669278	0.000288122	0.001824992	0.000488748	0.000608331	0.000894541
tr|Q9VRD4|Q9VRD4_DROME	FBgn0031097	Uncharacterized protein, isoform A (Uncharacterized protein, isoform B)	0.000468585	0	0.000204408	0.000511931	0.001685442	0.000801269	0.00055076	0.0004742	0.000500606	0.000804398	0.001001211	0.000490755
tr|Q9VRD6|Q9VRD6_DROME;tr|D0Z726|D0Z726_DROME;tr|A8JUT4|A8JUT4_DROME;tr|Q9VJ85|Q9VJ85_DROME	FBgn0031143	NTF2-related export protein	0.002768255	0.002621875	0.002264211	0.001134125	0	0.00177512	0.002135254	0.000525268	0.001109034	0.003267092	0.001663551	0.002174423
tr|Q9VRL0|Q9VRL0_DROME	FBgn0031145	Cytochrome c1, isoform A (Cytochrome c1, isoform B) (GM14501p)	0	0	0	0	0	0.000751679	0.000387505	0	0.000469623	0.000377307	0	0.000230191
tr|Q9VRP2|Q9VRP2_DROME	FBgn0035600	Uncharacterized protein, isoform A (Uncharacterized protein, isoform C) (Uncharacterized protein, isoform D)	0.000115049	0	0	0.000188537	0	0.000196731	0	0.000523924	0	9.87496E-05	0.000184366	0
tr|Q9VSD6|Q9VSD6_DROME	FBgn0035630	D-Importin 7/RanBP7 (FI03666p) (Moleskin)	4.28829E-05	0	5.61196E-05	0	0	0	3.78024E-05	0	0	0.00014723	0	0
tr|Q9VSL2|Q9VSL2_DROME	FBgn0026252	Glutathione S transferase O3 (EC 1.8.5.1, EC 2.5.1.18, EC 2.8.-.-) (Glutathione S-transferase omega class) (RE55344p)	0.001119937	0.001131431	0.000732815	0.000917653	0.00067138	0.001276711	0.000822712	0.000566679	0.001196468	0.001762332	0.000299117	0.000879694

tr|Q9VSL4|Q9VSL4_DROME	FBgn0035904	Glutathione S transferase O2, isoform B (EC 1.8.5.1, EC 2.5.1.18, EC 2.8.-.-) (Glutathione S-transferase omega class)	0.001439493	0.0010907	0.00117739	0.000294872	0	0.000923062	0.00142757	0.001365696	0.000576698	0.00108111	0.001441745	0.00169605
tr|Q9VSU6|Q9VSU6_DROME	FBgn0035906	Dihydropteridine reductase (Dihydropteridine reductase, isoform A (EC 1.5.1.34)) (Dihydropteridine reductase, isoform B) (Dihydropteridine reductase, isoform C) (RE58329p)	0.000382844	0.000870239	0	0.000313694	0	0.000327327	0.00050623	0.000290574	0.001227016	0.00065721	0.000306754	0
tr|Q9VT96|Q9VT96_DROME	FBgn0035964	IP08601p	0	0	0.000825273	0	0	0	0.000370605	0.000319088	0.000336856	0	0	0
tr|Q9VTY2|Q9VTY2_DROME	FBgn0052061	Uncharacterized protein, isoform A (EC 1.-.-.-, EC 1.1.1.2, EC 1.1.1.21) (Uncharacterized protein, isoform D)	0.001277152	0.001505303	0.000742833	0.000465098	0	0.000727967	0.000750562	0.001077047	0.000909618	0.000852611	0.000682214	0.000668789
tr|Q9VU35|Q9VU35_DROME	FBgn0036290	RH34413p	0.001746957	0.001323665	0.000571548	0	0.003141796	0.002240442	0.002309983	0.004640715	0.004199254	0.004873244	0.002799504	0.005488834
tr|Q9VUZ0|Q9VUZ0_DROME	FBgn0036334	Translocon-associated protein subunit beta (TRAP-beta) (Signal sequence receptor subunit beta)	0.00165731	0.000717566	0.001549197	0.00310392	0.003406368	0.002833963	0.001460963	0.002515756	0.00303525	0.00162573	0.003035252	0.002975526
tr|Q9VV44|Q9VV44_DROME	FBgn0011016	Cuticular protein 72Ea	0	0	0.000172638	0	0	0	0	0	0.000211399	0	0	0
tr|Q9VV60|Q9VV60_DROME	FBgn0036617	Tyrosine--tRNA ligase (EC 6.1.1.1) (Tyrosyl-tRNA synthetase)	8.56841E-05	0.000129845	0	0	0	0	7.55328E-05	0	0	0.000220635	0	0
tr|Q9VV75|Q9VV75_DROME	FBgn0027080	AT02348p (Ubiquinol-cytochrome c reductase	0.00122684	0.001394361	0.002140708	0.001172788	0.000551599	0.00069929	0.001892611	0.001551927	0.000491504	0.001755049	0.000983008	0.000481832

		core protein 2, isoform A) (Ubiquinol-cytochrome c reductase core protein 2, isoform B)												
tr|Q9VVC0|Q9VVC0_DROME	FBgn0250814	Uncharacterized protein, isoform A (Uncharacterized protein, isoform B)	0.002626811	0.001990328	0.003724103	0.002869804	0.00472416	0.004117471	0.001833186	0.001661431	0.003507893	0.002536495	0.003683289	0.003266925
tr|Q9VVL7|Q9VVL7_DROME	FBgn0036677	Dihydrolipoyl dehydrogenase (EC 1.8.1.4)	8.92543E-05	0	0.000350414	0	0	0	0.00015736	0	0.00028606	0.000229828	0.00028606	0.000140216
tr|Q9VVU1|Q9VVU1_DROME	FBgn0036762	FI09602p	0.000977916	0.00131727	0.000284394	0.003027072	0.00214955	0.004273436	0.002107255	0.001649392	0.000522371	0.003170959	0.003656599	0.004267436
tr|Q9VVU2|Q9VVU2_DROME	FBgn0036824	GEO07453p1 (RE17611p) (Ribosomal protein L26, isoform A) (Ribosomal protein L26, isoform B) (Ribosomal protein L26, isoform C)	0	0	0	0	0	0	0.000532278	0	0	0.000777404	0	0.000474287
tr|Q9VW54|Q9VW54_DROME	FBgn0036825	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 2	0.000195796	7.41771E-05	0	8.02156E-05	0.000176064	0.000167403	0.000172599	7.43034E-05	0.000235323	0.000210071	0.000156882	0
tr|Q9VWG1|Q9VWG1_DROME;tr|Q8IQW5|Q8IQW5_DROME;tr|M9NHC5|M9NHC5_DROME	FBgn0028695	LD37169p (Uncharacterized protein, isoform A) (Uncharacterized protein, isoform D)	0.005653745	0.007822643	0.007077205	0.006445298	0.005747083	0.005044056	0.006717465	0.007462821	0.005908787	0.005907707	0.005908789	0.007337192
tr|Q9VWI0|Q9VWI0_DROME	FBgn0031037	NADH dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfur protein 4, mitochondrial	0	0	0	0.000402831	0.000442083	0	0.000433385	0	0	0	0	0
tr|Q9VWP2|Q9VWP2_DROME	FBgn0031021	RH57257p (Uncharacterized protein, isoform A (EC 1.1.1.10, EC 1.1.1.184, EC 1.6.5.-)) (Uncharacterized protein, isoform B) (Uncharacteri	0.003717698	0.003661957	0.004378721	0.003350823	0.003677329	0.004767883	0.004260424	0.006489878	0.002383048	0.005265148	0.004170335	0.007884529

		zed protein, isoform C)												
tr|Q9VWV6|Q9VWV6_DROME	FBgn0030968	Transferrin	0.002596589	0.001169822	0.002847042	0.002875121	0.001009688	0.00168004	0.001546596	0.001278343	0.00202429	0.001746835	0.001349527	0.001543467
tr|Q9VXI1|Q9VXI1_DROME	FBgn0022355	Beta hydroxy acid dehydrogenase 1, isoform A (Beta hydroxy acid dehydrogenase 1, isoform B (EC 1.1.1.35, EC 1.1.1.45)) (RH68464p)	0.001856488	0.00173127	0.001121323	0.000702077	0.000513659	0.001709374	0.001636544	0.001300663	0.000686545	0.001961198	0.001144242	0.000224345
tr|Q9VXM4|Q9VXM4_DROME	FBgn0286508	LD12946p (Membrane steroid binding protein, isoform A) (Membrane steroid binding protein, isoform B) (Membrane steroid binding protein, isoform C) (Steroid membrane binding protein)	0.000544163	0.000274874	0.000474754	0	0	0	0.000639592	0.000550684	0.000581348	0.00031138	0.000290674	0
tr|Q9VXQ5|Q9VXQ5_DROME	FBgn0030703	Chaperonin containing TCP1 subunit 6 (GH13725p)	0.000253194	0.000255793	0.000110449	0	0.000151785	0	0	0	0.000135248	0.000362205	0	0
tr|Q9VY87|Q9VY87_DROME	FBgn0027329	Cathepsin B1, isoform A (Cathepsin B1, isoform C (EC 3.4.-.-, EC 3.4.22.-)) (GH06546p)	0	0.000601489	0.000346291	0	0	0	0.000466526	0	0	0.000340686	0	0
tr|Q9VY92|Q9VY92_DROME	FBgn0030521	GEO07753p1 (RE42326p) (Uncharacterized protein, isoform A) (Uncharacterized protein, isoform B)	0.001564666	0	0	0	0	0	0.000344824	0.000593781	0	0.000671497	0	0.000614511
tr|Q9VYB9|Q9VYB9_DROME	FBgn0030519	LP02557p	0	0	0	0	0	0	0.000127098	0	0	0.000123753	0	0

tr|Q9VYG8|Q9VYG8_DROME	FBgn0052631	CG15717-PA (RE15818p) (RE20610p) (Uncharacterized protein, isoform A (EC 1.-.-.-)) (Uncharacterized protein, isoform C) (Uncharacterized protein, isoform E)	0.000714034	0.001082044	0.001168045	0	0	0.000305245	0.00031472	0	0.000858181	0.000153219	0	0.000280432
tr|Q9VYV6|Q9VYV6_DROME	FBgn0030451	GEO09033p1 (LP01642p) (Uncharacterized protein, isoform A) (Uncharacterized protein, isoform B)	0.000394598	0	0	0	0	0	0	0	0	0.001016081	0	0
tr|Q9VZF9|Q9VZF9_DROME	FBgn0030326	Cuticular protein 64Ad (RE69226p)	0.000364244	0	0	0	0	0	0.000321091	0	0	0	0	0
tr|Q9VZJ8|Q9VZJ8_DROME	FBgn0035513	RH40737p (RH63541p) (Uncharacterized protein, isoform A (EC 2.7.1.47)) (Uncharacterized protein, isoform C) (Uncharacterized protein, isoform D) (Uncharacterized protein, isoform E)	8.20879E-05	0.000124396	0.000429704	0	0	0	0.00028945	0	0	0.000140916	0	0
tr|Q9VZK6|Q9VZK6_DROME	FBgn0035484	CG10853-PA (LP09837p)	0.000870661	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
tr|Q9VZT9|Q9VZT9_DROME	FBgn0035478	LP21536p	0	0.000261183	0	0	0	0	0.000303868	0	0	0	0	0
tr|Q9VZU4|Q9VZU4_DROME	FBgn0035409	NADH dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfur protein 3, mitochondrial (EC 7.1.1.2) (NADH dehydrogenase (Ubiquinone) 30 kDa subunit)	0	0.000257241	0	0	0	0	0.000299281	0	0	0.000145702	0	0
tr|Q9W0A8|Q9W0A8_DROME	FBgn0266582	FI01658p (Ribosomal protein L23A,	0.002598362	0.002214869	0.001062626	0.001862912	0.002336498	0.001943873	0.002147367	0.00221864	0.002081941	0.002509024	0.002602427	0.001020487

		isoform A) (Ribosomal protein L23A, isoform B) (Rpl23A)												
tr|Q9W0J9|Q9W0J9_DROME	FBgn0026372	GH07301p	0.000419107	0	0.000914122	0	0	0.000238888	0.000369454	0	0	0.000359731	0	0
tr|Q9W1B9|Q9W1B9_DROME	FBgn0035189	60S ribosomal protein L12	0.00245368	0.001652576	0.001070354	0.001340329	0.002451553	0.001864772	0.002883979	0.002483084	0.004368921	0.002574072	0.003495138	0.002141477
tr|Q9W1G7|Q9W1G7_DROME	FBgn0034968	LD21576p (MIP15604p) (Nucleosome assembly protein 1, isoform A) (Nucleosome assembly protein 1, isoform B) (Nucleosome assembly protein 1, isoform C)	0.000364736	0.00018424	0.00047732	0	0	0.000207897	0.000643049	0	0	0	0.00019483	0
tr|Q9W1H6|Q9W1H6_DROME	FBgn0015268	GH04238p	0.000519048	0.000786562	0.000905684	0.002835311	0.000622317	0.000591707	0.001525181	0.001050536	0.000277258	0.000445513	0.001109034	0.001359014
tr|Q9W1H8|Q9W1H8_DROME	FBgn0034920	GH13256p (Mitochondrial trifunctional protein beta subunit (EC 1.1.1.211, EC 2.3.1.16))	9.5915E-05	0.000145349	0.000878649	0	0	0	0.000591861	0.000291193	0.000307408	0.000164653	0.000153704	0
tr|Q9W227|Q9W227_DROME	FBgn0025352	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase (PPIase) (EC 5.2.1.8)	0.004388697	0.002327713	0.005743364	0.005394007	0.005130322	0.001876143	0.003868752	0.004330256	0.004923028	0.003766935	0.00562632	0.004136707
tr|Q9W229|Q9W229_DROME	FBgn0034753	40S ribosomal protein S24	0.006524418	0.008846326	0.008538321	0.006190069	0.006793234	0.005871897	0.005751447	0.006776355	0.008804543	0.003242152	0.008254263	0.009710209
tr|Q9W2M4|Q9W2M4_DROME	FBgn0261596	Methyltransf_FA domain-containing protein	0.000607894	0.001842398	0.001392184	0.000996191	0.00109326	0.001819098	0.001473655	0.001845535	0.001704765	0.001304429	0.00121769	0.001432474
tr|Q9W2M7|Q9W2M7_DROME	FBgn0034583	Chitinase 8 (EC 3.2.1.14)	0	0.000143212	0.000247351	0.00015487	0.000509882	0.000161601	0.000333233	0	0.000605775	0	0.000151444	0
tr|Q9W335|Q9W335_DROME	FBgn0034580	Translocon-associated protein subunit alpha (Signal sequence receptor subunit alpha)	0.003128036	0.006320281	0.005458097	0.001220498	0.000267885	0.001273541	0.002494833	0.002939412	0.002864392	0.001917769	0.000238699	0

tr|Q9W370|Q9W370_DROME	FBgn0028327	GEO12084p1 (Uncharacterized protein, isoform A) (Uncharacterized protein, isoform B)	0.001106167	0.00111752	0	0.000604247	0.000663125	0	0.001300155	0	0	0	0	0.000579252
tr|Q9W374|Q9W374_DROME	FBgn0030105	Dihydropyrimidine dehydrogenase [NADP(+)] (DHPDHase) (DPD) (EC 1.3.1.2) (Dihydrothymine dehydrogenase) (Dihydrouracil dehydrogenase)	0	6.61191E-05	0	7.15015E-05	0	7.4609E-05	0	0	0	7.49003E-05	6.99197E-05	0
tr|Q9W392|Q9W392_DROME	FBgn0086450	T-complex protein 1 subunit beta (CCT-beta)	0.00100899	0.001019346	0.000990328	0.000826745	0.000151217	0.000287558	0.000370605	0.000510541	0.000673712	0.000577362	0.000134742	0.000264182
tr|Q9W3L4|Q9W3L4_DROME	FBgn0030086	GH20802p	0.001955832	0.001646588	0.001421968	0.00178063	0.000781654	0.00241542	0.001819902	0.002309148	0.000870618	0.001678743	0.001741237	0.000341395
tr|Q9W3N9|Q9W3N9_DROME	FBgn0029990	LD24105p (Uncharacterized protein, isoform A) (Uncharacterized protein, isoform B (EC 2.3.1.16, EC 2.3.1.9))	0.000329152	0.000665061	0.000287168	0.001078801	0.00059196	0	0.000677032	0.000832742	0.00070329	0.000941734	0.000879113	0
tr|Q9W402|Q9W402_DROME	FBgn0029969	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha subcomplex subunit 13	0	0.000442654	0.001529077	0	0	0	0.000772494	0	0.000468099	0.000250721	0	0.000917776
tr|Q9W414|Q9W414_DROME	FBgn0029868	Regulatory particle triple-A ATPase 4 (EC 3.6.1.3)	0.000566551	0	0.000741429	0.000371376	0	0.000193758	0.00049943	0.000688008	0	0.000194514	0	0
tr|Q9W499|Q9W499_DROME	FBgn0028685	60S ribosomal protein L35	0.002925798	0.002771087	0.003828909	0.002996671	0.003288668	0.004377666	0.003546356	0.002775805	0.004102524	0.00251129	0.00351645	0.001149085
tr|Q9W4B7|Q9W4B7_DROME	FBgn0029785	LP05252p (Uncharacterized protein, isoform A) (Uncharacterized protein, isoform B)	0.000247166	0	0	0.000810089	0	0.000845295	0.000653649	0	0	0	0	0.00077658
tr|Q9W5B4|Q9W5B4_DROME	FBgn0029770	GH18858p	0.000282032	0.000641085	0.000738175	0.000462182	0	0	0.000621547	0.000214059	0.000903915	0.000847265	0.000451958	0.001329193

tr|Q9W5W8|Q9W5W8_DROME	FBgn0040398	RE22677p	0.00014418	0.000436979	0.000377368	0	0	0	0.000127098	0	0.000693146	0	0	0
tr|Q9XYZ9|Q9XYZ9_DROME	FBgn0031092	Glutathione S transferase E12, isoform A (Glutathione S transferase E12, isoform B) (Glutathione S transferase E12, isoform C (EC 2.5.1.18)) (Glutathione S transferase E12, isoform D)	0.001412058	0.002139826	0.001583932	0.001322298	0.002902287	0.001379764	0.001066943	0.00091863	0.001939566	0.002424014	0.002586089	0.001584501
tr|Q9XZ29|Q9XZ29_DROME	FBgn0027590	EG:BACR25B3.9 protein (Kinesin-like protein at 3A, isoform A (EC 3.6.1.3, EC 5.6.1.3)) (Kinesin-like protein at 3A, isoform B)	0	0	0	0.000304118	6.67502E-05	0	0	0	0	0	0	0
tr|Q9XZ61|Q9XZ61_DROME	FBgn0011327	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase (EC 3.4.19.12)	0.00083304	0	0.000545088	0	0.000249695	0.000237413	0.000122391	0	0.000444983	0.00083419	0.000444983	0
tr|Q9Y112|Q9Y112_DROME	FBgn0027552	BcDNA.GH10614	0.000142355	0.001078619	0.000372592	0.00046657	0.000512033	0.000243424	0.000627448	0	0	0.001099683	0.000228124	0.000223635
tr|Q9Y119|Q9Y119_DROME	FBgn0027560	BcDNA.GH08860 (RE05454p) (Trehalose-6-phosphate synthase 1 (EC 3.1.3.12))	0	0	7.27682E-05	0	0	0	0	8.44064E-05	0	4.77269E-05	0	0

Extrato Mitocondrial Puro - EMP

			NSAF											
Protein IDs	Flybase IDs	Protein names	Controle_SD_1	Controle_SD_2	Controle_SD_3	Controle_LN_1	Controle_LN_2	Controle_LN_3	AOX_SD_1	AOX_SD_2	AOX_SD_3	AOX_LN_1	AOX_LN_2	AOX_LN_3
AOX	AOX	AOX	0	0	0	0	0	0	0.021294693	0.034812281	0.042954521	0.040499204	0.033665817	0.029981044
sp|A1Z713|VPS13_DROME	FBgn0033194	Intermembrane lipid transfer	0	0.000340827	0	0.000383387	2.88746E-05	0.00020438	0.000208771	3.82973E-05	0	8.91072E-05	0	0

		protein Vps13 (Vacuolar protein sorting-associated protein 13)												
tr|X2JCX8|X2JCX8_DROME;sp|C0HKA1|RS14B_DROME;sp|C0HKA0|RS14A_DROME	FBgn0004404	GEO12513p1 (Ribosomal protein S14b, isoform B)	0.023789997	0.022487815	0.009611083	0.014053283	0.008255643	0.011237535	0.012244241	0.010107454	0.000912768	0.00783907	0.006516392	0.008389115
sp|P02299|H3_DROME;sp|C0HL67|H33B_DROME;sp|C0HL66|H33A_DROME	FBgn0001199	Histone H3	0.004802526	0.01040337	0.001940205	0	0.004935642	0.007486181	0	0.010287059	0	0	0.002713167	0.004967672
sp|O01666|ATPG_DROME	FBgn0020235	ATP synthase subunit gamma, mitochondrial (F-ATPase gamma subunit)	0.002199137	0.001905533	0.001332666	0	0.001614351	0.002285344	0.005447038	0.004282339	0.007425077	0.00548009	0.004555441	0.006539932
sp|O02649|CH60A_DROME	FBgn0015245	Heat shock protein 60A	0.002849666	0.000493842	0.011282311	0.011110187	0.009036987	0.007107299	0.008470002	0.007546781	0.0115458	0.010070742	0.013308564	0.010464188
sp|O18404|HCD2_DROME;tr|D5A7S2|D5A7S2_DROME	FBgn0021765	3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase type-2 (EC 1.1.1.35) (17-beta-hydroxysteroid dehydrogenase 10) (17-beta-HSD 10) (EC 1.1.1.51, EC 1.1.1.62) (3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase type II) (Hydroxysteroid dehydrogenase) (EC 1.1.1.-, EC 1.1.1.53) (Mitochondrial ribonuclease P protein 2) (Mitochondrial RNase P protein 2) (Scully protein)	0	0.001109693	0.003621717	0.006657398	0.005640734	0.005323507	0.006344197	0.010972863	0.005945521	0.013925877	0.011093838	0.0105977

		(Type II HADH)												
tr|M9PCC1|M9PCC1_DROME;sp|O18640|GBLP_DROME;tr|M9PB67|M9PB67_DROME	FBgn0020618	Receptor of activated protein kinase C 1, isoform C (Receptor of activated protein kinase C 1, isoform D)	0.011296508	0.001779696	0.00497864	0.0066731	0.00663407	0.008004093	0.00654085	0.005999314	0.000433421	0.004652907	0.004641392	0.003717943
sp|O44386|ITA3_DROME	FBgn0286785	Integrin alpha-PS3 (Position-specific antigen subunit alpha-3) (Protein scab) (Protein volado) [Cleaved into: Integrin alpha-PS3 heavy chain; Integrin alpha-PS3 light chain]	0.000585779	0	0	0	0.000172004	0	0	0	0	0	0	0
tr|M9PIM0|M9PIM0_DROME;sp|O61231|RL10_DROME	FBgn0024733	Ribosomal protein L10, isoform E	0	0.001298035	0	0	0	0	0	0	0.001896715	0	0	0.000387387
sp|O62619|KPYK_DROME	FBgn0267385	Pyruvate kinase (PK) (EC 2.7.1.40)	0	0	0	0	0.000179911	0	0	0	0.000517178	0	0	0.000158444
tr|A0A0B4LFL3|A0A0B4LFL3_DROME;sp|O96827|EF1B_DROME	FBgn0028737	Eukaryotic translation elongation factor 1 beta, isoform C	0.001471044	0	0.002971486	0	0.003887533	0.002293065	0.001041036	0.001718722	0.000620847	0.001332995	0.00110808	0.002282444
sp|O97125|HSP68_DROME;sp|Q9VG58|HSP74_DROME;sp|Q9BIS2|HSP73_DROME;sp|Q9BIR7|HSP75_DROME;sp|Q8INI8|HSP72_DROME;sp|P82910|HSP70_DROME;sp|P02825|HSP71_DROME;sp|P11146|HSP7B_DROME	FBgn0001230	Heat shock protein 68	0.001028573	0.000891249	0.0020777	0.004678526	0.001661129	0.002672233	0.000727906	0.002002921	0.00108526	0.002097105	0.001162175	0.000797957
sp|P00334|ADH_DROME	FBgn0000055	Alcohol dehydrogenase (EC 1.1.1.1)	0.001275671	0.006632148	0.007730506	0.008289241	0.007491599	0.007954068	0.000902774	0.00844591	0.00969103	0.01676137	0.003363196	0.007917227

sp|P00408|COX2_DROME	FBgn0013675	Cytochrome c oxidase subunit 2 (EC 7.1.1.9) (Cytochrome c oxidase polypeptide II)	0	0.003723311	0.000578658	0	0.000841162	0	0.003040922	0.000557831	0.006045087	0.000648958	0.004855141	0.004444759
sp|P02283|H2B_DROME	FBgn0001198	Histone H2B	0	0	0.005363169	0	0.003898068	0.001379567	0	0.005170141	0.001120553	0.002405893	0.004999874	0.006179299
tr|M9NE68|M9NE68_DROME;sp|P02516|HSP23_DROME	FBgn0001224	Heat shock protein 23, isoform B	0.024580671	0.022820296	0.015605092	0.015972387	0.021137588	0.02645654	0.01739538	0.012308271	0.015561224	0.019887424	0.015870567	0.013167001
tr|X2JGG6|X2JGG6_DROME;sp|P02517|HSP26_DROME	FBgn0001225	Heat shock protein 26, isoform B	0	0.002720881	0.002537192	0	0.00322715	0	0	0.002445874	0	0	0.002956656	0
tr|X2JC82|X2JC82_DROME;sp|P02518|HSP27_DROME	FBgn0001226	Heat shock protein 27, isoform B	0.004599602	0.002657011	0.010529941	0.009962656	0.010354586	0.009559818	0.005425118	0.006568263	0.004529558	0.004862615	0.008084303	0.009119059
tr|M9PBL3|M9PBL3_DROME;sp|P02828|HSP83_DROME	FBgn0001233	Heat shock protein 83 (HSP 82)	0.008653924	0.007498552	0.011040499	0.013022317	0.009361887	0.01088646	0.003223292	0.005676339	0.000768915	0.004952718	0.005832489	0.007066981
sp|P05389|RLA2_DROME	FBgn0003274	60S acidic ribosomal protein P2 (Acidic ribosomal protein RPA1)	0	0	0	0	0	0	0.002045222	0	0.004878867	0	0	0
sp|P06605|TBA3_DROME;sp|P06603|TBA1_DROME;sp|P06604|TBA2_DROME	FBgn0003885	Tubulin alpha-3 chain (EC 3.6.5.-)	0.012337156	0.006288259	0.026093606	0.036782125	0.012998757	0.015837432	0.008217246	0.011305374	0.016539358	0.021372352	0.017492892	0.013136732
sp|P07486|G3P1_DROME	FBgn0001091	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 1 (EC 1.2.1.12) (Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase I) (GAPDH I)	0.009836499	0.002556973	0.003576523	0.008948385	0.00317716	0.004088838	0.007657261	0.004597065	0.002490867	0.00579371	0.003334253	0.003815531
tr|M9PJN8|M9PJN8_DROME;sp|P07487|G3P2_DROME	FBgn0001092	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (EC 1.2.1.12)	0.013771099	0.020455783	0.013511309	0.025566815	0.01155331	0.017377561	0.010441719	0.00919413	0.012039192	0.01025041	0.010373232	0.010174749
sp|P07701|SGS5_DROME	FBgn0003375	Salivary glue protein Sgs-5	0.008014031	0.001736023	0.002428232	0	0.002353189	0.002082046	0	0	0	0	0	0
tr|C8VV14|C8VV14_DROM	FBgn0000064	Fructose-bisphosphate	0.003618524	0.00156771	0.010233105	0.009405189	0.009031424	0.005640558	0.005121552	0.004227772	0.006490515	0.00696776	0.006132809	0.00701804

E;sp|P07764|ALF_DROME;tr|F3YDE2|F3YDE2_DROME;tr|A4V3G1|A4V3G1_DROME		aldolase (EC 4.1.2.13)												
sp|P08120|CO4A1_DROME	FBgn0000299	Collagen alpha-1(IV) chain (Collagen type IV alpha 1)	0	0.000159062	0	0	0	0.000190766	0	0	0	0	0	0
tr|A4V2B8|A4V2B8_DROME;sp|P08181|CSK2A_DROME	FBgn0264492	Casein kinase IIalpha, isoform C (EC 2.7.11.-) (Casein kinase IIalpha, isoform D) (Casein kinase IIalpha, isoform E) (Casein kinase IIalpha, isoform F) (Casein kinase IIalpha, isoform G)	0	0	0	0	0	0	0	0	0.002051012	0	0	0
tr|M9PBK5|M9PBK5_DROME;sp|P08570|RLA1_DROME	FBgn0002593	Ribosomal protein LP1, isoform B	0	0	0.003533945	0	0.002568548	0.00151506	0.004126965	0.004542338	0.002461214	0.001321093	0	0
tr|M9MRT6|M9MRT6_DROME;sp|P08645|RAP1_DROME	FBgn0004636	Rap1 GTPase, isoform B (Rap1 GTPase, isoform C)	0	0	0	0	0.001042309	0	0	0	0.000749065	0	0.000668461	0
sp|P08736|EF1A1_DROME;tr|A4V3Q6|A4V3Q6_DROME;sp|P05303|EF1A2_DROME	FBgn0284245	Elongation factor 1-alpha 1 (EF-1-alpha-1) (50 kDa female-specific protein)	0.019749481	0.015890418	0.018522047	0.008249854	0.009941336	0.016492235	0.012478944	0.01400963	0.01220507	0.013422079	0.014079558	0.009667111
tr|A0A0B4LJ12|A0A0B4LJ12_DROME;sp|P08879|NDKA_DROME;tr|A0A0B4LHX6|A0A0B4LHX6_DROME	FBgn0000150	Nucleoside diphosphate kinase (EC 2.7.4.6)	0.002134456	0.003698976	0.00258694	0	0.010027971	0.005545319	0	0.002493833	0	0.000967075	0.004823408	0.003863745
tr|M9NE89|M9NE89_DROME;sp|P08928|LAM0_DROME	FBgn0002525	Lamin, isoform B (Lamin, isoform C)	0	0.00272963	0	0.00068233	0.000616672	0.000818425	0	0.004702999	0	0.000475763	0.001186465	0.000407317

		(Lamin, isoform D)												
tr|Q4AB57|Q4AB57_DROME;sp|P84051|H2A_DROME;tr|A0A0B4KH25|A0A0B4KH25_DROME;sp|P08985|H2AV_DROME	FBgn0053853	Histone H2A	0.010534573	0.015974207	0.006383901	0	0.006959937	0.009579092	0.003727581	0.014359649	0.003334548	0.007159473	0.011902925	0.008172621
sp|P09180|RL4_DROME	FBgn0003279	60S ribosomal protein L4 (L1)	0.000814393	0.00141133	0.001645062	0.002116754	0.001195667	0.000423159	0.000576334	0.001268683	0.005499371	0	0	0.000421199
tr|A0A0B4KHJ9|A0A0B4KHJ9_DROME;sp|P09491|TPM2_DROME	FBgn0004117	Tropomyosin 2, isoform E (Tropomyosin 2, isoform F) (Tropomyosin 2, isoform G)	0.003449702	0.001992758	0	0	0.001688248	0.002389955	0.000813768	0.001343508	0	0.001041989	0	0.000892082
tr|Q7JYK1|Q7JYK1_DROME;sp|P18101|RL40_DROME;sp|P15357|RS27A_DROME;tr|Q9W418|Q9W418_DROME;tr|A4V1F9|A4V1F9_DROME;sp|P0CG69|UBIQP_DROME;tr|R9PY16|R9PY16_DROME	FBgn0003941	Ubiquitin-60S ribosomal protein L40	0.005102684	0.022107162	0.006184405	0.019894178	0.007491599	0.011931101	0.005416642	0.009936364	0.004307125	0.009247652	0.011530959	0.011216071
tr|B7Z0L1|B7Z0L1_DROME;tr|B7Z0L0|B7Z0L0_DROME;tr|Q9VES3|Q9VES3_DROME;sp|P10674|FAS1_DROME;tr|Q8INA9|Q8INA9_DROME;tr|A0A0B4KH94|A0A0B4KH94_DROME;tr|A8JR25|A8JR25_DROME	FBgn0285925	Fasciclin 1, isoform E	0	0	0.000422865	0	0.000307348	0	0	0	0	0	0	0
tr|A0A0B4LH50|A0A0B4LH50_DROME;sp|P10981|ACT5_DROME;sp|P83967|ACT6_DROME;tr|M9PFZ6|M9PFZ6_DROME;sp|P02574|ACT4_DROME	FBgn0000046	Actin 87E, isoform C	0	0	0.001403553	0	0.000510066	0.000902589	0	0.000338259	0	0	0	0

tr|X2JCP8|X2JCP8_DROME;sp|P10987|ACT1_DROME;sp|P02572|ACT2_DROME;sp|P45891|ACTY_DROME	FBgn0000042	Actin 5C, isoform E	0.062535021	0.045907638	0.036492373	0.085784825	0.033154311	0.059119595	0.048557696	0.03010507	0.026026029	0.042499849	0.038927209	0.029422886
tr|C7LA75|C7LA75_DROME;sp|P11147|HSP7D_DROME;tr|Q8I0E9|Q8I0E9_DROME	FBgn0266599	Heat shock protein cognate 4, isoform G (EC 3.6.1.3) (LD25749p)	0.001003293	0.002173362	0.005471916	0.004563539	0.005008209	0.0046918	0.000710016	0.001953694	0.005504651	0.003636558	0.003400836	0.005967311
tr|X2J8F5|X2J8F5_DROME;sp|P11996|LSP1B_DROME	FBgn0002563	Larval serum protein 1 beta, isoform B	0.000827812	0	0.000836083	0	0.001336904	0.000860262	0.00058583	0.000483595	0.000698748	0.000375063	0.000311779	0.000535174
sp|P11997|LSP1G_DROME	FBgn0002564	Larval serum protein 1 gamma chain (Hexamerin-1-gamma)	0.00042302	0.001099631	0.001025393	0.001649258	0.003353752	0.002637618	0.000598731	0.001317984	0.001428269	0.002491595	0.000796612	0.001093917
sp|P12982|PP12_DROME;sp|Q05547|PP13_DROME;tr|A0A0B4KHS9|A0A0B4KHS9_DROME;sp|P48461|PP11_DROME	FBgn0004103	Serine/threonine-protein phosphatase alpha-2 isoform (EC 3.1.3.16)	0	0	0	0	0.000317525	0	0	0	0.00228192	0	0	0
tr|M9PG47|M9PG47_DROME;sp|P13008|RS26_DROME	FBgn0261597	40S ribosomal protein S26	0	0.002482208	0	0	0	0	0	0.002231324	0	0	0.00107892	0.001481586
sp|P13060|EF2_DROME	FBgn0000559	Eukaryotic translation elongation factor 2 (Elongation factor 2) (EF-2)	0.002708534	0.001341098	0.000937919	0.002011418	0.001136167	0.002010507	0.001095308	0.001356243	0.004735796	0.001227177	0.000874386	0.000800478
sp|P13395|SPTCA_DROME;tr|M9PDQ0|M9PDQ0_DROME;tr|M9PBI5|M9PBI5_DROME;tr|M9PGV6|M9PGV6_DROME	FBgn0250789	Spectrin alpha chain	0.002163623	0.000585863	0.001857455	0.000175739	0.001151504	0.000351318	0.000382791	0.000421318	0.000913146	0.00030634	0.000611165	0.000489568
sp|P13607|ATNA_DROME;tr|E1JIR4|E1JIR4_DROME;tr|A0A0B4KGG8|A0A0B4KGG8_DROME	FBgn0002921	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit alpha (Na(+)/K(+) ATPase alpha subunit) (EC 7.2.2.13) (Sodium	0.003450806	0.000271827	0.006590361	0.002038468	0.002395009	0.001467033	0.000222008	0.000733057	0.000529598	0.00056854	0.001417832	0.001135741

		pump subunit alpha)												
tr|E1JHR5|E1JHR5_DROME;sp|P15007|ENO_DROME	FBgn0000579	phosphopyruvate hydratase (EC 4.2.1.11) (2-phospho-D-glycerate hydro-lyase)	0.001508415	0.001307028	0.004875158	0.001960319	0.003100449	0.002351318	0.000533741	0.001174923	0.007957736	0.003417146	0.001420287	0.001950356
tr|X2J6N7|X2J6N7_DROME;tr|Q8INX7|Q8INX7_DROME;sp|P15278|FAS3_DROME;tr|X2JAT7|X2JAT7_DROME;tr|A8DZ14|A8DZ14_DROME	FBgn0000636	Fasciclin 3, isoform F	0	0	0	0	0.000239133	0	0	0	0.000343711	0	0	0
sp|P16378|GNAO_DROME;sp|P20353|GNAI_DROME;tr|A0A0B4LGI1|A0A0B4LGI1_DROME;sp|P20354|GNAS_DROME;tr|M9PDM5|M9PDM5_DROME;sp|P25157|GNAL_DROME	FBgn0001122	G protein alpha o subunit (Guanine nucleotide-binding protein G(o) subunit alpha 47A)	0	0	0.000372695	0	0.001083531	0	0	0	0.000778689	0	0	0
sp|P17336|CATA_DROME	FBgn0000261	Catalase (EC 1.11.1.6)	0.010971779	0.005592325	0.010690301	0.013420052	0.007201411	0.012743276	0.006394349	0.006786576	0.005720134	0.008480061	0.00777846	0.006509024
sp|P17704|RS17_DROME	FBgn0005533	40S ribosomal protein S17	0.002492914	0.008640356	0.002014259	0	0.004392022	0	0	0.000970881	0	0	0.002816723	0.001933979
tr|M9MS06|M9MS06_DROME;tr|F0JAG6|F0JAG6_DROME;tr|M9PGA7|M9PGA7_DROME;sp|P18091|ACTN_DROME	FBgn0000667	Alpha actinin, isoform D (Alpha actinin, isoform I)	0	0	0	0	0.000321427	0	0	0	0.000461993	0	0	0
sp|P18432|MLR_DROME	FBgn0002773	Myosin regulatory light chain 2 (MLC-2)	0.001471044	0	0	0	0	0	0.001041036	0.001145815	0	0	0	0
tr|M9PGG4|M9PGG4_DROME;sp|P18824|ARM_DROME	FBgn0000117	Armadillo segment polarity protein	0	0	0	0	0.000113751	0	0	0	0.000163497	0	0	0
tr|M9PG76|M9PG76_DROME;sp|P19889|RLA0_DROME	FBgn0000100	60S acidic ribosomal protein P0	0	0	0.002497173	0	0.001814999	0.002676448	0	0.001203648	0.000869577	0.001400275	0.001552011	0.002397646
tr|E1JJF9|E1JJF9_DROME;tr|E1JJF8|E1JJF8_DROME;sp|P20241|NR	FBgn0264975	Neuroglian, isoform D (Neuroglian, isoform F)	0.000263577	0	0.000425937	0.000342542	0.00046437	0	0	0	0.000333724	0	0.000297813	0.00013632

G_DROME;tr|M9NEZ5|M9NEZ5_DROME		(Neuroglian, isoform H)												
sp|P20432|GSTD1_DROME	FBgn0001149	Glutathione S-transferase D1 (EC 2.5.1.18) (EC 4.5.1.1) (DDT-dehydrochlorinase)	0	0	0	0	0.000458816	0	0	0	0	0	0	0.000404069
tr|E1JHQ1|E1JHQ1_DROME;sp|P20477|GLNA1_DROME	FBgn0001142	Glutamine synthetase (EC 6.3.1.2)	0.005729329	0.004255213	0.003967939	0	0.003845312	0.002976961	0.008109124	0.004781408	0.002072601	0.005191664	0.005240469	0.004021449
sp|P21187|PABP_DROME	FBgn0265297	Polyadenylate-binding protein (PABP) (Poly(A)-binding protein)	0	0	0.000208098	0.000669415	0.0003025	0	0	0	0.000217394	0	0	0
sp|P21914|SDHB_DROME	FBgn0014028	Succinate dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfur subunit, mitochondrial (EC 1.3.5.1) (Iron-sulfur subunit of complex II) (Ip)	0	0.000952767	0	0	0	0.000571336	0.001556297	0.001284702	0.000464067	0	0.001656524	0.00056869
tr|A0A0B4KH34|A0A0B4KH34_DROME;sp|P22464|ANXB9_DROME	FBgn0000083	Annexin	0	0	0.001628814	0.001309905	0.003551573	0	0.000713303	0	0.001276185	0	0.00037962	0.000260649
tr|A0A0B4LGB7|A0A0B4LGB7_DROME;sp|P22700|ATC1_DROME	FBgn0263006	Calcium-transporting ATPase (EC 7.2.2.10)	0.000980696	0.000849765	0.000264132	0	0	0	0	0	0.00137966	0	0	0
tr|A0A0B4KI71|A0A0B4KI71_DROME;tr|Q8IMF5|Q8IMF5_DROME;sp|P23226|MA205_DROME	FBgn0002645	Microtubule-associated protein 205, isoform C	0	0	0	0	8.64675E-05	0	0	0	0	0	0	7.61501E-05
tr|M9MS15|M9MS15_DROME;sp|P23654|NRT_DROME	FBgn0004108	Neurotactin, isoform C (EC 3.1.1.-, EC 3.1.1.1)	0.000386019	0	0.000623801	0	0.000680088	0	0.000819539	0.000300675	0.000325834	0.000174896	0.000145386	0
tr|A0A023GQA5|A0A023GQA5_DROME;sp|P24156|L2CC_DROME	FBgn0002031	Prohibitin	0	0	0.001912086	0	0.002779492	0	0	0.004147352	0.001997507	0.009113628	0.005347691	0.006425575
sp|P25007|PPIA_DROME	FBgn0004432	Peptidyl-prolyl cis-trans	0	0	0.002324828	0	0.004646772	0	0	0.001680865	0	0.002607268	0.000541837	0.001116085

		isomerase (PPIase) (EC 5.2.1.8) (Cyclophilin) (Cyclosporin A-binding protein) (Rotamase)												
tr|M9NEU5|M9NEU5_DROME;sp|P25843|PROF_DROME	FBgn0000308	Profilin	0	0.006737421	0.00628257	0.013473306	0.004566308	0.008080323	0.009171034	0.008075267	0	0.003522915	0.002928497	0.006032173
tr|A4V4I0|A4V4I0_DROME;sp|P26308|GBB1_DROME	FBgn0001105	G protein beta-subunit 13F, isoform C (G protein beta-subunit 13F, isoform E) (G protein beta-subunit 13F, isoform F) (G protein beta-subunit 13F, isoform G) (G protein beta-subunit 13F, isoform H)	0	0	0	0	0	0.000499079	0	0	0.000810753	0	0	0
tr|A0A0B4KEH0|A0A0B4KEH0_DROME;sp|P29310|1433Z_DROME	FBgn0004907	14-3-3zeta, isoform K (14-3-3zeta, isoform L)	0.017118682	0.013692178	0.007447885	0.008556636	0.003866632	0.006157988	0.004659477	0.004615601	0.005001822	0.00656285	0.004959552	0.005107888
sp|P29327|RS6_DROME;tr|Q95TP9|Q95TP9_DROME	FBgn0261592	40S ribosomal protein S6	0.001316822	0.010269133	0.001063984	0	0.000773326	0.002052663	0.000931895	0	0	0	0.000495955	0.001021578
tr|Q53YH3|Q53YH3_DROME;sp|P29413|CALR_DROME	FBgn0005585	Calreticulin	0	0.006969746	0.001949763	0.001045343	0.001180942	0.002089739	0.000569237	0	0.0030553	0.001457758	0.00151474	0.001872054
sp|P29613|TPIS_DROME	FBgn0086355	Triosephosphate isomerase (TIM) (EC 5.3.1.1) (Triose-phosphate isomerase)	0	0.001145634	0	0	0	0.001373982	0	0	0.001116016	0	0.000497963	0.000341905
tr|X2JC31|X2JC31_DROME;sp|P29742|CLH_DROME	FBgn0000319	Clathrin heavy chain	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000985659	0	0	0
sp|P29746|BNB_DROME	FBgn0001090	Protein bangles and beads	0	0	0	0	0.000216951	0.000383907	0	0	0	0.000669513	0.000278274	0.000382129
sp|P29843|HSP7A_DROME	FBgn0001216	Heat shock 70 kDa protein cognate 1 (Heat shock 70 kDa protein 70C)	0	0	0	0	0.000149598	0	0	0	0	0.000461661	0	0.000131748

tr|F3YDH0|F3YDH0_DROME;sp|P29844|BIP_DROME	FBgn0001218	Heat shock 70-kDa protein cognate 3, isoform E (EC 3.6.1.3) (LD03228p1)	0.018419445	0.027606992	0.012469368	0.014233233	0.012425091	0.014485456	0.01303517	0.011245056	0.006303109	0.009698757	0.008812277	0.008496536
tr|A0A0B4LFD2|A0A0B4LFD2_DROME;sp|P29845|HSP7E_DROME	FBgn0001220	Heat shock protein cognate 5, isoform B (EC 3.6.1.3)	0	0.001649981	0.001923236	0	0.002376344	0.00074207	0.001010685	0.000927008	0.002009154	0.001941198	0.003944507	0.002954534
tr|M9PB84|M9PB84_DROME;sp|P31009|RS2_DROME	FBgn0004867	40S ribosomal protein S2	0.001223115	0.004239276	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000460663	0.000316294
tr|E1JIJ5|E1JIJ5_DROME;sp|P31409|VATB_DROME	FBgn0005671	Vacuolar proton pump subunit B (V-ATPase subunit B) (Vacuolar proton pump subunit B)	0.000666473	0.000577493	0.001346265	0.000866141	0.002152688	0.002770396	0.001886613	0.001038249	0.008157167	0.001207857	0.001757098	0.001378782
tr|X2J5G6|X2J5G6_DROME;sp|P32100|RL7_DROME	FBgn0005593	Ribosomal protein L7, isoform B	0.003887759	0.005614517	0.003141285	0.003368326	0.004946834	0.004040161	0.00275131	0.003028225	0.001093873	0.004110068	0.001464249	0.003016086
tr|M9NCS8|M9NCS8_DROME;sp|P33438|GLT_DROME	FBgn0001114	Glutactin, isoform D	0	0	0	0	0.000280387	0.000330773	0	0.000123962	0.000134335	0	0	0
sp|P35381|ATPA_DROME	FBgn0011211	ATP synthase subunit alpha, mitochondrial (Protein bellwether)	0.024847853	0.015891525	0.017447789	0.021528	0.013376305	0.018136811	0.028888756	0.027418605	0.026966345	0.030289412	0.028298198	0.022030544
tr|A4V1N8|A4V1N8_DROME;sp|P35415|MYSP1_DROME;tr|A4V1N9|A4V1N9_DROME;sp|P35416|MYSP2_DROME	FBgn0003149	FI03688p (Paramyosin, isoform B (EC 2.7.11.-))	0.001114579	0.000643849	0.000150096	0.000965664	0.000654556	0	0.000788771	0.00086816	0.000627204	0	0.000139928	0
tr|M9MQH9|M9MQH9_DROME;sp|P36179|2AAA_DROME;tr|M9NDI6|M9NDI6_DROME;tr|H5V8B8|H5V8B8_DROME	FBgn0260439	Protein phosphatase 2A at 29B, isoform C	0	0	0	0	0	0	0	0	0.002798538	0	0	0
sp|P38979|RSSA_DROME	FBgn0003517	40S ribosomal protein SA (K14) (Laminin receptor homolog)	0.001209525	0	0.00342051	0.003143771	0.003196416	0.006284695	0.001711926	0.004710573	0	0.004384072	0.003644352	0.002815014

		(Protein stubarista)												
tr|E2QD65|E2QD65_DROME;sp|P39018|RS19A_DROME	FBgn0010412	Ribosomal protein S19a, isoform C (Ribosomal protein S19a, isoform D) (Ribosomal protein S19a, isoform E)	0	0.001813921	0	0	0.000614695	0	0	0.000815291	0.005301076	0	0	0
tr|F6J1D0|F6J1D0_DROME;sp|P40423|SQH_DROME	FBgn0003514	CG3595 (Spaghetti squash, isoform B) (Spaghetti squash, isoform C) (Spaghetti squash, isoform D) (Spaghetti squash, isoform E)	0	0	0.000758241	0	0.001653318	0	0	0.000730951	0.00158423	0	0	0.000485347
tr|M9PBH7|M9PBH7_DROME;sp|P40792|RAC1_DROME;tr|M9PBU2|M9PBU2_DROME;sp|P48554|RAC2_DROME	FBgn0010333	Rac1, isoform B	0.001700895	0.002947622	0.00343578	0	0.00299664	0	0	0.003312121	0.000717854	0.000770638	0.003203044	0.00219923
sp|P40797|PNUT_DROME	FBgn0013726	Protein peanut	0	0	0	0	0	0	0	0	0.001278553	0	0	0
tr|X2JGM9|X2JGM9_DROME;sp|P41042|RS4_DROME	FBgn0011284	40S ribosomal protein S4	0.005004931	0.006505096	0.002527471	0.001626089	0.002939233	0.000650141	0.013282187	0.001949202	0.010561532	0.001133812	0.001413757	0.002264954
tr|A4UZL5|A4UZL5_DROME;sp|P41043|GSTS1_DROME;tr|A0A0B4KFT5|A0A0B4KFT5_DROME	FBgn0010226	Glutathione S transferase S1, isoform C (EC 1.11.1.9, EC 2.5.1.18, EC 5.3.99.2) (MIP34768p1)	0	0	0.01006725	0.006817817	0.006161765	0.005451784	0	0.002553925	0.001107052	0.00356536	0.001975854	0.00203495
sp|P41093|RL18A_DROME	FBgn0010409	60S ribosomal protein L18a	0.001845038	0.00479613	0.003726948	0	0.003792358	0.000958682	0.001305706	0.002874248	0	0.001671892	0.001389795	0.001908484
sp|P41094|RS18_DROME	FBgn0010411	40S ribosomal protein S18	0	0	0	0	0.001261743	0	0	0	0	0	0	0.000555595
tr|M9PFF0|M9PFF0_DROME;sp|P41126|RL13_DROME	FBgn0011272	60S ribosomal protein L13	0.002996071	0.003894106	0.007867622	0.005840493	0.004398737	0.005448658	0.003180413	0.002917098	0	0.004751087	0.002256824	0.003486485
sp|P45594|CADF_DROME	FBgn0011726	Cofilin/actin-depolymerizing factor homolog (Protein D61) (Protein twinstar)	0.017652528	0.017207737	0.010697348	0.025808664	0.008422987	0.006879194	0.014053989	0.00687489	0.00093127	0.008997716	0.007479541	0.007988553

tr|M9NG50|M9NG50_DROME;sp|P46150|MOEH_DROME;tr|M9PHG2|M9PHG2_DROME;tr|C7LAH9|C7LAH9_DROME	FBgn0011661	Moesin/ezrin/radixin homolog 1	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000476913	0	0	0
tr|A0A0B4LGZ5|A0A0B4LGZ5_DROME;sp|P46222|RL11_DROME	FBgn0013325	Ribosomal protein L11, isoform B	0.003549693	0.004613669	0.004302194	0.006919714	0.001563464	0.001844421	0.006280164	0.003456127	0.00149813	0.002412431	0.001336923	0.002753818
tr|X2JCS6|X2JCS6_DROME;sp|P46223|RL7A_DROME	FBgn0014026	60S ribosomal protein L7a	0.009640495	0.002088352	0.001947365	0.001566085	0.003184621	0.004383053	0.003411218	0.002815914	0	0.001637961	0.001815452	0.002181376
tr|E1JJM9|E1JJM9_DROME;sp|P48149|RS15A_DROME;sp|Q7KR04|RS15B_DROME	FBgn0010198	GEO07866p1 (Ribosomal protein S15Aa, isoform F)	0	0	0	0	0.000737634	0	0	0	0	0	0.00094613	0.000649619
sp|P48159|RL23_DROME	FBgn0010078	60S ribosomal protein L23 (L17A)	0	0	0	0	0.001369892	0	0	0	0	0	0	0
sp|P48375|FKB12_DROME	FBgn0013954	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase Fkbp12 (PPIase Fkbp12) (EC 5.2.1.8) (12 kDa FK506-binding protein) (12 kDa FKBP) (Macrolide-binding protein) (Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase) (PPIase) (Rotamase)	0.003023813	0.002620108	0.002443222	0	0.006215253	0.004713522	0.006419724	0.001177643	0	0.001370023	0	0.003127793
sp|P48588|RS25_DROME	FBgn0086472	40S ribosomal protein S25	0.013956059	0.009674245	0.009021126	0.003627429	0.005737156	0.008701886	0.013827097	0.008696442	0	0.006323181	0.007358789	0.006496186
sp|P48604|GRPE_DROME	FBgn0014877	GrpE protein homolog, mitochondrial (dRoe1)	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00064708	0	0.00057745	0
tr|A8JNP1|A8JNP1_DROME;sp|P48610|KARG_DROME;tr|A8JNP2|A8JNP2_DROME	FBgn0000116	arginine kinase (EC 2.7.3.3)	0.005504019	0.015102421	0.013341637	0.017882407	0.011043796	0.009056317	0.006491855	0.006430726	0.006968831	0.008728121	0.011401397	0.006879388

tr|X2JDU0|X2JDU0_DROME;sp|P50882|RL9_DROME	FBgn0015756	60S ribosomal protein L9	0	0	0	0	0.001009394	0	0	0	0	0	0	0
sp|P50887|RL22_DROME	FBgn0015288	60S ribosomal protein L22	0.008737706	0.005678361	0.002647504	0.004258286	0.001924264	0.0039726	0.005410603	0.002552217	0.000460963	0.002474288	0.002468165	0.0019771
sp|P53501|ACT3_DROME	FBgn0000044	Actin-57B (EC 3.6.4.-)	0.005211252	0.006020674	0.002456217	0.001128748	0.001530199	0.001805178	0.004917235	0.002367814	0	0.001574068	0.001635597	0.000898409
sp|P54385|DHE3_DROME;tr|Q8IMY1|Q8IMY1_DROME	FBgn0001098	Glutamate dehydrogenase, mitochondrial (GDH) (EC 1.4.1.3)	0.002905443	0.007552625	0.001408548	0.002265529	0.003924425	0.003925139	0.005345962	0.007694494	0.001471473	0.007898351	0.007003382	0.008114453
tr|X2J986|X2J986_DROME;sp|P54398|FBP2_DROME	FBgn0000640	Fat body protein 2, isoform B (EC 1.1.1.1) (Fat body protein 2, isoform C)	0	0.001105358	0.000515367	0	0.00037458	0.001988517	0	0.001987273	0.000538391	0.000577978	0.000480457	0.000329884
tr|X2JGP4|X2JGP4_DROME;sp|P54399|PDI_DROME	FBgn0286818	Protein disulfide-isomerase (EC 5.3.4.1)	0.009217752	0.007987104	0.009841848	0.005989645	0.009473248	0.010605423	0.00792111	0.007436247	0.010837281	0.00447467	0.004215619	0.005448414
tr|A0A0B4LGS4|A0A0B4LGS4_DROME;sp|P54611|VATE_DROME	FBgn0283535	Vacuolar H[+]-ATPase 26kD subunit, isoform C	0.002890016	0.002504174	0.006421565	0.001877917	0.00721315	0.002252479	0.002045222	0.002813838	0.001219717	0.002618804	0.002176936	0.005231442
sp|P55828|RS20_DROME	FBgn0019936	40S ribosomal protein S20	0	0	0	0	0.001598208	0	0	0	0	0	0.001024974	0.001407507
sp|P55830|RS3A_DROME	FBgn0017545	40S ribosomal protein S3a (C3 protein)	0.00852986	0	0.008368945	0.003167232	0.005009308	0.006331596	0.001724702	0.006169444	0.001028567	0.002760493	0.001376831	0.001890681
sp|P55841|RL14_DROME	FBgn0017579	60S ribosomal protein L14	0	0.001704649	0.008742612	0.002556682	0.005198989	0.003066628	0.002784458	0.00612942	0.000830289	0.01069608	0.00148189	0.0081398
tr|C6SUW3|C6SUW3_DROME;sp|P55935|RS9_DROME;tr|Q95RG1|Q95RG1_DROME	FBgn0010408	40S ribosomal protein S9	0	0.008706821	0.005412675	0	0.001967025	0.001740377	0	0.001956699	0	0.003035127	0.001261507	0.002165395
sp|P61851|SODC_DROME;tr|M9PF91|M9PF91_DROME	FBgn0003462	Superoxide dismutase [Cu-Zn] (EC 1.15.1.1) (Superoxide dismutase 1)	0	0	0.006036194	0	0.003133741	0.002218128	0	0.001662555	0	0.000967075	0	0.002759818
sp|P61857|TBB2_DROME	FBgn0003889	Tubulin beta-2 chain (Beta-2-tubulin)	0.002196671	0	0.002070712	0.00095159	0.001720044	0.001902318	0.000518184	0.000570338	0.004326439	0.00232228	0.002206222	0.001893507
sp|P80455|RS12_DROME	FBgn0286213	40S ribosomal protein S12	0	0	0.004745826	0	0.005518991	0	0	0.001830007	0.000991568	0	0.00088487	0.000607557
tr|X2J6D4|X2J6D4_DROME;	FBgn0284248	Cytochrome c proximal, isoform B	0	0.005240216	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000781948

sp|P84029|CYC2_DROME		(GEO08274p1)												
tr|A0A0B4KFZ9|A0A0B4KFZ9_DROME;sp|P84040|H4_DROME	FBgn0013981	Histone H4	0.031705998	0.076924337	0.02818007	0.032963816	0.023274871	0.044480999	0.022437869	0.041983551	0	0.022984456	0.035824338	0.025417117
sp|P91926|AP2A_DROME	FBgn0264855	AP-2 complex subunit alpha (Alpha-adaptin)	0	0	0.000280711	0	0.00030604	0.000180518	0	0.000270607	0.001026379	0	0	8.98409E-05
sp|P91938|TRXR1_DROME	FBgn0020653	Thioredoxin reductase 1, mitochondrial (EC 1.8.1.9)	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000693765	0	0	0
sp|P92177|1433E_DROME	FBgn0020238	14-3-3 protein epsilon (Suppressor of Ras1 3-9)	0.0087252	0.008640356	0.007553471	0.008099411	0.006954034	0.007771913	0.005292596	0.003883526	0.012625464	0.005647421	0.006572353	0.007735916
tr|A0A0B4LGQ1|A0A0B4LGQ1_DROME;sp|Q00637|SODM_DROME	FBgn0010213	Superoxide dismutase (EC 1.15.1.1)	0	0	0.005471916	0.00782321	0.002209504	0.0023459	0	0.004102757	0.002540608	0.004772982	0.004534448	0.00311338
sp|Q00963|SPTCB_DROME;tr|M9PF16|M9PF16_DROME;tr|M9PHG4|M9PHG4_DROME	FBgn0250788	Spectrin beta chain	0.000427637	0.000123514	0.000748643	0	0.000502274	0.000148133	0	0	0.001383694	0	0.000107374	0.000110585
tr|M9PCE0|M9PCE0_DROME;sp|Q01604|PGK_DROME	FBgn0250906	Phosphoglycerate kinase (EC 2.7.2.3)	0	0	0	0	0.000693199	0	0.000556892	0.000612942	0.001660578	0	0	0
tr|A0A0B4K849|A0A0B4K849_DROME;tr|A0A0B4K7A5|A0A0B4K7A5_DROME;sp|Q02645|HTS_DROME;tr|A8DYJ2|A8DYJ2_DROME	FBgn0263391	Hu li tai shao, isoform O (Hu li tai shao, isoform S)	0	0	0.000737061	0	0.000133928	0	0.000322779	0	0.005004927	0.000206651	0	0.000117948
tr|C9QP42|C9QP42_DROME;sp|Q02748|IF4A_DROME	FBgn0001942	RNA helicase (EC 3.6.4.13)	0	0.000702163	0.001309518	0	0.001189733	0.000842118	0	0.000631193	0.00068401	0	0	0.000838218
tr|X2J950|X2J950_DROME;sp|Q03334|RS13_DROME	FBgn0010265	40S ribosomal protein S13	0.017301816	0.007495938	0.007863614	0.00843197	0.006985544	0.005618767	0.00459159	0.005053727	0	0.004899418	0.005701843	0.005592743
sp|Q03427|LAMC_DROME;tr|A0A0B4KFY9|A0A0B4KFY9_DROME	FBgn0010397	Lamin-C (pG-IF)	0.00052588	0.000455671	0	0	0	0	0	0.000409615	0	0	0.000198063	0.000271982
tr|M9PFK6|M9PFK6_DROM	FBgn0000639	Fat body protein 1, isoform D	0.021941044	0.018185132	0.007707924	0.016943305	0.008216687	0.012391926	0.016877559	0.007182821	0.013688855	0.012822451	0.00910201	0.008880862

E;sp|Q04691|FBP1_DROME														
tr|X2JH42|X2JH42_DROME;sp|Q05825|ATPB_DROME;tr|L0MQ04|L0MQ04_DROME	FBgn0010217	ATP synthase subunit beta (EC 7.1.2.2)	0.034920546	0.017370538	0.029260602	0.039499464	0.023166102	0.0275531	0.064070112	0.042563056	0.025382184	0.043363249	0.042379128	0.036455825
tr|G3M3A2|G3M3A2_DROME;sp|Q06559|RS3_DROME	FBgn0002622	Ribosomal protein S3, isoform B (EC 3.2.2.23, EC 4.2.99.18) (RpS3-PA)	0.018585386	0.010352622	0.007508437	0.008626202	0.009355363	0.008967187	0.012213133	0.007238197	0.000560276	0.003007367	0.005999848	0.006865888
sp|Q09332|UGGG_DROME	FBgn0014075	UDP-glucose:glycoprotein glucosyltransferase (UGT) (dUGT) (EC 2.4.1.-) (UDP--Glc:glycoprotein glucosyltransferase)	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000178072	0	0	0
sp|Q0E9B6|RS11_DROME;tr|A1Z8U9|A1Z8U9_DROME	FBgn0033699	40S ribosomal protein S11	0	0.003651247	0.001702374	0	0.003711967	0	0	0.001641103	0.000889213	0	0.000793528	0.002724207
tr|A0A0B4LHZ4|A0A0B4LHZ4_DROME;sp|Q0KHY3|MESH_DROME	FBgn0051004	Mesh, isoform E	0.000262729	0	0.000636849	0	0.000617168	0.000409542	0.000185929	0	0.0006653	0.000119037	0.000692662	0.000203822
sp|Q23983|SNAP_DROME	FBgn0250791	Alpha-soluble NSF attachment protein (SNAP-alpha) (N-ethylmaleimide-sensitive factor attachment protein)	0	0	0	0	0	0	0	0	0.001888055	0	0	0
tr|A0A0B4LFJ1|A0A0B4LFJ1_DROME;sp|Q23997|C5210_DROME	FBgn0013763	Imaginal disc growth factor 6, isoform B	0.008670047	0.001878131	0.008756679	0.014084374	0.008273908	0.006757438	0.004601749	0.002532454	0.005183796	0.003600856	0.003537521	0.005418279
tr|Q1RL12|Q1RL12_DROME;tr|A4V0B5|A4V0B5_DROME;sp|Q24048|ATPB2_DROME	FBgn0015777	IP16413p (Nervana 2, isoform D) (Nervana 2, isoform E)	0	0	0	0	0	0	0	0	0.003852335	0	0	0
tr|X2JKU5|X2JKU5_DROME;sp|Q24186|RS5A_DROME;tr|	FBgn0002590	Ribosomal protein S5a, isoform B (Ribosomal	0.002864665	0.003723311	0	0	0	0.002232721	0.007095484	0.001115662	0.001813526	0.000648958	0.00053946	0.001481586

A0A0B4K683|A0A0B4K683_DROME;sp|Q9VFE4|RS5B_DROME		protein S5a, isoform C) (Ribosomal protein S5a, isoform D)												
tr|A0A0B4KGP8|A0A0B4KGP8_DROME;sp|Q24208|IF2G_DROME	FBgn0263740	protein-synthesizing GTPase (EC 3.6.5.3)	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000870493	0	0.000258941	0
tr|A0A0B4LHL7|A0A0B4LHL7_DROME;sp|Q24251|ATP5H_DROME	FBgn0016120	ATP synthase subunit d, mitochondrial	0	0	0	0	0	0	0.001298371	0.002143575	0	0.004987498	0	0.004269965
sp|Q24372|LACH_DROME	FBgn0010238	Lachesin	0	0	0.001102512	0	0.00026711	0.000472665	0	0	0	0	0	0
tr|X2JCV2|X2JCV2_DROME;sp|Q24388|LSP2_DROME	FBgn0002565	Larval serum protein 2, isoform B	0.006987984	0.00282568	0.007716537	0.00787064	0.007934042	0.007746044	0.00527498	0.003810121	0.011796975	0.008020788	0.007369286	0.008071581
sp|Q24439|ATPO_DROME	FBgn0016691	ATP synthase subunit O, mitochondrial (Oligomycin sensitivity conferral protein) (OSCP)	0.018750533	0.012185383	0.002525052	0	0.004129341	0.002435695	0.027644742	0.014605029	0.015827137	0.012743176	0.017066555	0.01616276
sp|Q24560|TBB1_DROME;tr|A1ZBL0|A1ZBL0_DROME;tr|Q9VAX7|Q9VAX7_DROME;tr|Q8MST5|Q8MST5_DROME;CON__ENSEMBL:ENSBTAP00000025008	FBgn0284243	Tubulin beta-1 chain (Beta-1-tubulin)	0.008767028	0.013927017	0.01239648	0.018039762	0.014587669	0.011008762	0.005687272	0.003414375	0.015725341	0.007282268	0.00660386	0.009446356
tr|A4V0N4|A4V0N4_DROME;sp|Q27331|VATA2_DROME;tr|M9PD18|M9PD18_DROME;sp|P48602|VATA1_DROME;tr|Q9VK47|Q9VK47_DROME	FBgn0263598	H(+)-transporting two-sector ATPase (EC 7.1.2.2)	0	0.000460866	0	0	0	0	0	0	0.002693707	0	0	0.000550166
tr|Q8IPJ7|Q8IPJ7_DROME;tr|M9PCQ1|M9PCQ1_DROME;sp|Q27597|NCPR_DROME	FBgn0015623	Cytochrome P450 reductase, isoform B (EC 1.-.-.-, EC 1.14.13.-, EC 1.6.2.4)	0.001187534	0.000514494	0.00023988	0	0.0003487	0.000925564	0.0004202	0.000462493	0	0	0.000447261	0.000460639
sp|Q7KN62|TERA_DROME;tr|A0A0B4LFZ4|	FBgn0286784	Transitional endoplasmic reticulum	0	0	0.000823558	0.000529849	0.000718296	0	0.000288527	0	0.003097258	0.000184722	0	0.000105431

A0A0B4LFZ4_DROME		ATPase TER94 (EC 3.6.4.6) (Valosin-containing protein homolog)												
sp|Q7KUT2|LONM_DROME	FBgn0036892	Lon protease homolog, mitochondrial (EC 3.4.21.53)	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000269195	0	0	0
sp|Q7KW39|MMSA_DROME	FBgn0023537	Probable methylmalonate-semialdehyde dehydrogenase [acylating], mitochondrial (MMSDH) (Malonate-semialdehyde dehydrogenase [acylating]) (EC 1.2.1.18) (EC 1.2.1.27)	0.003140113	0.001088353	0.001268596	0	0.00258172	0.002936886	0.004888866	0.003668811	0	0.00455269	0.00473065	0.003248093
sp|Q8I0G5|COPG_DROME;tr|A0A0B4KHL2|A0A0B4KHL2_DROME	FBgn0028968	Coatomer subunit gamma (Gamma-coat protein) (Gamma-COP)	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000312181	0	0	0
tr|A0A0B4K6N1|A0A0B4K6N1_DROME;sp|Q8MLY8|RS8_DROME	FBgn0039713	40S ribosomal protein S8	0.015700566	0.004081322	0.008245873	0.004080857	0.006915322	0.012237027	0.004444424	0.006114686	0	0.009247652	0.004139319	0.007714221
tr|A0A0B4LFD9|A0A0B4LFD9_DROME;sp|Q8T3U2|RS23_DROME	FBgn0033912	40S ribosomal protein S23	0.006851156	0.01385176	0.004613076	0	0.003352884	0.007119725	0	0.001778818	0	0.001034702	0.001720236	0.003543374
tr|A4V449|A4V449_DROME;sp|Q94511|NDUS1_DROME	FBgn0017566	NADH-ubiquinone oxidoreductase 75 kDa subunit, mitochondrial	0.000446747	0.000774204	0.000180484	0	0.000524719	0.000928519	0.00158078	0.001913872	0	0.000404822	0.000841292	0.001039745
tr|A0A0B4KFT0|A0A0B4KFT0_DROME;sp|Q94514|COX5A_DROME	FBgn0019624	Cytochrome c oxidase subunit 5A, mitochondrial (Cytochrome c oxidase polypeptide Va)	0	0	0	0	0	0	0.001551074	0.004267969	0	0	0	0.002267125
sp|Q94516|AT5F1_DROME	FBgn0019644	ATP synthase subunit b,	0	0	0	0	0.000394619	0	0	0.003140382	0.004537547	0.002435596	0.00101232	0.003822859

		mitochondrial (ATPase subunit b) (FO-ATP synthase subunit b)												
tr|A0A0B4LEY6|A0A0B4LEY6_DROME;sp|Q94518|NACA_DROME	FBgn0086904	Nascent polypeptide associated complex protein alpha subunit, isoform D	0.004514817	0	0.003039953	0.001955802	0.003977107	0.003127867	0.002130047	0.003516649	0	0.001363709	0.001133612	0.002724207
sp|Q94522|SUCA_DROME	FBgn0004888	Succinate--CoA ligase [ADP/GDP-forming] subunit alpha, mitochondrial (EC 6.2.1.4) (EC 6.2.1.5) (Succinyl-CoA synthetase subunit alpha) (SCS-alpha) (Succinyl-coenzyme A synthetase alpha subunit 1)	0	0	0	0	0.000877065	0	0	0	0.001680829	0.001353315	0.001499962	0.00308965
sp|Q94523|SDHA_DROME	FBgn0261439	Succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial (EC 1.3.5.1) (Flavoprotein subunit of complex II) (FP) (Succinyl coenzyme A synthetase flavoprotein subunit)	0	0	0.000199598	0	0	0	0.000699274	0.001346896	0.002293658	0.000223846	0.000186077	0.000638808
sp|Q94915|REG2_DROME	FBgn0016715	Rhythmically expressed gene 2 protein (dREG-2)	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000530108	0	0.000473065	0.000324809
tr|M9PD75|M9PD75_DROME;sp|Q94920|VDAC_DROME	FBgn0004363	Porin, isoform D (Porin, isoform E)	0.018528895	0.020068913	0.017310485	0.01956496	0.013601769	0.019856963	0.00983447	0.014432393	0.034701372	0.019413511	0.022244119	0.016770296
tr|B5RJQ0|B5RJQ0_DROME;sp|Q95028|LDH_DROME	FBgn0001258	L-lactate dehydrogenase (EC 1.1.1.27)	0	0	0	0	0	0.001022209	0	0	0.001660578	0	0.000740945	0.000763106

sp|Q95029|CATL_DROME;tr|A0A0B4JD48|A0A0B4JD48_DROME	FBgn0013770	Cathepsin L (EC 3.4.22.15) (Cysteine proteinase 1) [Cleaved into: Cathepsin L heavy chain; Cathepsin L light chain]	0.004401237	0.002288181	0.003556172	0.0057198	0.003618584	0.005945898	0.001245876	0.002399726	0.001114512	0.003190565	0.005967504	0.003414437
sp|Q95083|PSA5_DROME	FBgn0016697	Proteasome subunit alpha type-5	0	0	0	0	0	0.000695438	0	0	0.001129738	0	0.000504086	0
sp|Q95RA9|GILT1_DROME	FBgn0038149	GILT-like protein 1	0.007837723	0.001131887	0.005277359	0.008488183	0.00038357	0.003393736	0.003697761	0.001017484	0.006615743	0	0.002951925	0.001351207
tr|Q59E30|Q59E30_DROME;sp|Q95RI5|FAXC_DROME;tr|M9PFH6|M9PFH6_DROME;tr|M9PFW1|M9PFW1_DROME;tr|Q59E29|Q59E29_DROME;tr|Q86BI4|Q86BI4_DROME	FBgn0014163	Failed axon connections, isoform C	0.015738399	0.002045578	0.010809048	0.017385435	0.009473714	0.011039862	0.0200481	0.007048833	0.014613088	0.008200328	0.008002208	0.00610485
sp|Q9GU68|IF5A_DROME	FBgn0285952	Eukaryotic translation initiation factor 5A (eIF-5A)	0.004107821	0.003559392	0.004148867	0	0.006030973	0.00426885	0.007267612	0.002399726	0	0.000930581	0.003094261	0.002655674
tr|A0A0B4JD11|A0A0B4JD11_DROME;sp|Q9NJH0|EF1G_DROME	FBgn0029176	Eukaryotic translation elongation factor 1 gamma, isoform C	0.003030829	0.000656547	0	0	0.000222488	0.000393705	0.000536218	0.000295094	0.005436371	0.000686601	0.001141502	0.001371585
tr|M9PGL7|M9PGL7_DROME;sp|Q9U4L6|TO401_DROME	FBgn0016041	Translocase of outer membrane 40, isoform C	0	0	0	0	0	0	0.002015495	0.00073945	0.000801326	0.000430123	0.000357549	0.000736486
sp|Q9U915|KAD2_DROME	FBgn0283494	Adenylate kinase (EC 2.7.4.3) (ATP-AMP transphosphorylase) (ATP:AMP phosphotransferase) (Adenylate kinase cytosolic and mitochondrial) (Adenylate monophosphate kinase)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00061651	0.001024974	0.000351877
tr|D4G7B1|D4G7B1_DROM	FBgn0020415	Imaginal disc growth factor	0.000887423	0	0.000717032	0.003459857	0.001563464	0	0	0.000345613	0.001872663	0	0	0

E;sp|Q9V3D4|IDGF2_DROME		2, isoform B (Imaginal disc growth factor 2, isoform C (EC 3.2.1.14)) (MIP18369p) (MIP21791p)												
sp|Q9V3G1|RL8_DROME	FBgn0261602	60S ribosomal protein L8	0.002551342	0.002210716	0.000515367	0	0.00037458	0.000662839	0	0.000496818	0	0	0	0.000329884
tr|X2JF59|X2JF59_DROME; sp|Q9V3P0|PRDX1_DROME	FBgn0040309	Thioredoxin peroxidase 1, isoform C (Thioredoxin peroxidase 1, isoform D (EC 1.11.1.-)) (Thioredoxin peroxidase 1, isoform E)	0	0	0.00340036	0.002187676	0.004942911	0	0	0	0	0.001525386	0	0.000435311
sp|Q9V3W0|UK114_DROME	FBgn0086691	RutC family protein UK114	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000998754	0	0.000891282	0.001223919
tr|E1JJF3|E1JJF3_DROME; sp|Q9V427|INX2_DROME	FBgn0027108	Innexin	0	0	0.001437972	0	0.00104515	0.000924724	0.000629728	0	0.003004425	0	0.000335141	0
sp|Q9V438|PDIA6_DROME	FBgn0025678	Protein disulfide-isomerase A6 homolog (EC 5.3.4.1) (Calcium-binding protein 1) (DmCaBP1)	0.000754207	0.002614057	0.001218789	0	0.001328764	0.001567545	0.001067483	0.001762385	0	0.000341715	0.000568115	0.000585107
tr|L0MPS3|L0MPS3_DROME;sp|Q9V496|APLP_DROME	FBgn0087002	Apolipophorin, isoform B (Apolipophorin, isoform C) (Apolipophorin, isoform D)	0.005554936	0.002871094	0.004606468	0.003799545	0.002890224	0.003544636	0.002827667	0.001821815	0.003825128	0.002516819	0.002532613	0.002520156
sp|Q9V4I1|CP9B2_DROME	FBgn0015039	Cytochrome P450 9b2 (EC 1.14.-.-) (CYPIXB2)	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00081878	0	0	0
sp|Q9V4N3|CYB5_DROME	FBgn0264294	Cytochrome b5 (CYTB5)	0	0.006335187	0	0	0.000715615	0	0	0	0	0	0	0.000630227
sp|Q9V4U9|C6A13_DROME	FBgn0033304	Probable cytochrome P450 6a13 (EC 1.14.-.-) (CYPVIA13)	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00111828	0	0	0
sp|Q9V521|PPO2_DROME	FBgn0033367	Phenoloxidase 2 (PO A3) (EC 1.14.18.1) (Phenoloxidase subunit A3) (Processed	0	0	0	0	0.000140194	0	0.00033788	0	0.001007515	0.000216319	0	0.000123466

		phenoloxidase A3) (Pro-phenoloxidase A3)												
sp|Q9V597|RL31_DROME	FBgn0285949	60S ribosomal protein L31	0	0	0	0	0.000773326	0.001368442	0	0	0	0	0	0.001362104
tr|A0A0B4JCU8|A0A0B4JCU8_DROME;sp|Q9V8M5|3HIDH_DROME	FBgn0034390	3-hydroxyisobutyrate dehydrogenase (HIBADH) (EC 1.1.1.31)	0	0	0	0	0	0	0	0.001177643	0	0.000913348	0.00113886	0.001563897
tr|A0A0B4LFX4|A0A0B4LFX4_DROME;tr|A0A0B4LG23|A0A0B4LG23_DROME;sp|Q9V8R9|41_DROME	FBgn0010434	Coracle, isoform F	0	0.000176857	0.000412294	0	0.000479462	0.000424217	0	0	0.000861425	0	0.000384365	0.000263908
sp|Q9V9S8|HEMH_DROME	FBgn0266268	Ferrochelatase, mitochondrial (EC 4.98.1.1) (Heme synthase) (Protoheme ferro-lyase)	0	0	0	0	0	0	0	0	0.001794635	0	0	0
tr|A0A0B4KHW3|A0A0B4KHW3_DROME;sp|Q9VA73|CMC_DROME;tr|A0A0B4K6V1|A0A0B4K6V1_DROME	FBgn0028646	Aralar1, isoform F	0	0	0	0	0	0	0.000333012	0	0.000198599	0	0	0
tr|Q8IMI7|Q8IMI7_DROME;sp|Q9VA91|RS7_DROME	FBgn0039757	40S ribosomal protein S7	0.00168336	0.007293084	0.002040216	0.002187676	0.002471455	0	0	0.00131119	0.006394082	0.001525386	0	0.003482492
tr|D1FYT3|D1FYT3_DROME;sp|Q9VAI6|OB99B_DROME	FBgn0039685	GEO09079p1 (Odorant-binding protein 99b) (Odorant-binding protein 99b, isoform B)	0	0.001899139	0	0.005696767	0.002574295	0.002277675	0	0	0.00740016	0.002979109	0.00330193	0.003400688
sp|Q9VEN1|FLNA_DROME;tr|A0A0B4JCY6|A0A0B4JCY6_DROME;tr|Q7KSF4|Q7KSF4_DROME;tr|A0A0B4KHN1|A0A0B4KHN1_DROME;tr|A0A0B4KGT8|A0A0B4KGT8_DROME;tr|A0A0B4KGB3|A0A0B4KGB3_DROM	FBgn0014141	Filamin-A (FLN-A) (Actin-binding protein 280) (ABP-280) (Filamin-1) (Filamin1)	0.00014777	0.000128041	5.96986E-05	0	0.000173561	7.67813E-05	0	0	0	0	0	0

E;tr|A4V310|A4V310_DROME;tr|B7Z0L2|B7Z0L2_DROME														
sp|Q9VEX6|ATD3A_DROME	FBgn0287225	ATPase family AAA domain-containing protein 3A homolog (Belphegor protein)	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000228192	0	0	0.000139819
sp|Q9VG98|GSTD2_DROME;sp|Q9VG95|GSTD5_DROME	FBgn0010038	Glutathione S-transferase D2 (EC 2.5.1.18)	0	0	0	0	0	0	0	0	0.001282121	0	0	0
sp|Q9VG96|GSTD4_DROME	FBgn0010040	Glutathione S-transferase D4 (EC 2.5.1.18)	0	0	0	0	0	0	0	0	0.004487423	0	0	0
tr|A0A126GUT1|A0A126GUT1_DROME;sp|Q9VGS2|TCTP_DROME	FBgn0037874	Translationally-controlled tumor protein homolog	0	0	0.005369405	0	0.003345086	0	0	0.002218351	0	0.003440987	0	0.001963963
sp|Q9VL86|CBPA1_DROME	FBgn0032144	Zinc carboxypeptidase A 1 (EC 3.4.17.-)	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00064106	0	0	0
sp|Q9VLL3|AK200_DROME;tr|Q86BM5|Q86BM5_DROME	FBgn0027932	A-kinase anchor protein 200	0.001301083	0.003382132	0.000525633	0.001127249	0.002419598	0.003154867	0.000613838	0.00067562	0.000915192	0.001964973	0.00196011	0.001794431
sp|Q9VLM5|DAD1_DROME	FBgn0263852	Dolichyl-diphosphooligosaccharide--protein glycosyltransferase subunit DAD1 (DAD-1) (Oligosaccharyl transferase subunit DAD1) (Defender against apoptotic cell death 1) (Defender against cell death 1)	0.005831639	0	0	0	0.000856183	0	0.002063483	0.004542338	0	0	0	0
sp|Q9VMN5|CH60C_DROME	FBgn0031728	60 kDa heat shock protein homolog 2, mitochondrial (60 kDa chaperonin) (CPN60) (Heat shock	0	0.000982541	0.002519572	0	0.00099888	0.001472975	0	0.000441616	0.006221402	0	0.001281218	0.000586461

		protein 60) (HSP-60) (Hsp60)												
tr|M9NCR7|M9NCR7_DROME;tr|M9ND31|M9ND31_DROME;tr|M9NE92|M9NE92_DROME;sp|Q9VMP9|GNPI_DROME	FBgn0031717	Glucosamine-6-phosphate isomerase (EC 3.5.99.6) (Glucosamine-6-phosphate deaminase)	0	0	0	0	0.000360498	0.00063792	0	0	0	0	0.000462394	0.000634966
sp|Q9VN13|SFXN1_DROME	FBgn0037239	Sideroflexin-1-3	0	0.000881532	0	0	0	0	0	0	0.002576224	0.000460942	0.000383168	0.001315427
sp|Q9VN14|CONT_DROME	FBgn0037240	Contactin	0.000704831	0	0.000474583	0	0.000551899	0.000122077	0.000166266	0	0.000198314	0	0.000176974	0.000182267
sp|Q9VN93|CPR1_DROME	FBgn0260462	Putative cysteine proteinase CG12163 (EC 3.4.22.-)	0	0	0.001504133	0.0034561	0.001093237	0.001105451	0	0	0	0.000481962	0	0.000137541
sp|Q9VPS5|CH60B_DROME	FBgn0011244	60 kDa heat shock protein homolog 1, mitochondrial (60 kDa chaperonin) (CPN60) (Heat shock protein 60) (HSP-60) (Hsp60)	0	0	0.000610805	0	0	0	0	0	0.00170158	0	0.00018981	0.000130325
sp|Q9VQ62|NPC2_DROME	FBgn0031381	NPC intracellular cholesterol transporter 2 homolog a (Niemann Pick type C2 protein homolog)	0	0	0.001782891	0	0.00323961	0.002293065	0	0	0	0.000999746	0.00083106	0
sp|Q9VQG4|COLT_DROME	FBgn0019830	Congested-like trachea protein	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000900837	0.000483537	0.001205852	0.000827945
tr|M9PHM6|M9PHM6_DROME;sp|Q9VS34|RL18_DROME	FBgn0035753	60S ribosomal protein L18	0	0.004515505	0.001403553	0	0.001530199	0.000902589	0	0.002029555	0.000733128	0	0	0
sp|Q9VSA3|ACADM_DROME	FBgn0035811	Probable medium-chain specific acyl-CoA dehydrogenase, mitochondrial (MCAD) (EC 1.3.8.7)	0	0.00067535	0	0.00101291	0.00022886	0.000809961	0.001103151	0.001821272	0.002960506	0.002471926	0.003522584	0.002217075
sp|Q9VTJ4|FUCO_DROME	FBgn0285958	Putative alpha-L-fucosidase (EC 3.2.1.51) (Alpha-L-fucoside	0	0	0	0	0	0	0	0	0.001116016	0	0	0

		fucohydrolase)												
sp|Q9VTP4|R10AB_DROME	FBgn0036213	60S ribosomal protein L10a-2	0	0.001304017	0.000607991	0	0.000441901	0	0	0.000586108	0.001905456	0	0.000566806	0.000389172
sp|Q9VW26|OAT_DROME	FBgn0022774	Ornithine aminotransferase, mitochondrial (EC 2.6.1.13) (Ornithine--oxo-acid aminotransferase)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000391881
tr|M9NEQ9|M9NEQ9_DROME;sp|Q9VWG3|RS10B_DROME;sp|Q9VB14|RS10A_DROME	FBgn0285947	Ribosomal protein S10b, isoform D (Ribosomal protein S10b, isoform E)	0.010205368	0.001768573	0.004947524	0.002652557	0.004195296	0.005302712	0.005777751	0.004769455	0.004307125	0.00184953	0.002306192	0.003694706
sp|Q9VWH4|IDH3A_DROME	FBgn0027291	Probable isocitrate dehydrogenase [NAD] subunit alpha, mitochondrial (EC 1.1.1.41) (Isocitric dehydrogenase subunit alpha) (NAD(+)-specific ICDH subunit alpha)	0.002598714	0	0.001749787	0.002251507	0.002034853	0.00180039	0	0.001012086	0.003290323	0.003139786	0.002283762	0.002688077
sp|Q9VXG4|ANX11_DROME	FBgn0030749	Annexin B11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000240698	0.00033053
tr|X2JFD6|X2JFD6_DROME;sp|Q9VXJ0|DHB4_DROME	FBgn0030731	Peroxisomal multifunctional enzyme type 2, isoform B (EC 1.1.1.35, EC 4.2.1.17)	0	0.000946394	0.001323752	0	0.000481066	0.001135029	0	0.001063424	0	0.000742286	0.00020568	0.000706107
sp|Q9VYV3|TXND5_DROME	FBgn0030329	Thioredoxin domain-containing protein 5 homolog (Protein pretaporter)	0.000785028	0.00068022	0.000317149	0	0.000230511	0.000407901	0.000555553	0.000305734	0	0	0	0
tr|D1Z3A1|D1Z3A1_DROME;sp|Q9VZS5|RL28_DROME	FBgn0035422	60S ribosomal protein L28	0.00226786	0.005895243	0.001832416	0	0.0033296	0	0	0	0	0.002055034	0	0.001172923
tr|M9PGX7|M9PGX7_DROME;sp|Q9W058|	FBgn0035298	Succinyl-CoA:3-ketoacid-coenzyme A	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000918853	0.000328805	0.000273326	0.000563003

SCOT_DROME		transferase (EC 2.8.3.5)												
tr|D0IQG7|D0IQG7_DROME;sp|Q9W092|CHIT2_DROME	FBgn0022702	Chitinase 2, isoform B (Chitinase 2, isoform C (EC 3.2.1.14)) (MIP12852p)	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000854306	0	0	0
sp|Q9W0S7|SND1_DROME	FBgn0035121	Staphylococcal nuclease domain-containing protein 1 (EC 3.1.31.1) (Tudor staphylococcal nuclease)	0.000705339	0.00061117	0.000142477	0	0.000310667	0.000183247	0.000249579	0.000274699	0.000595369	0	0	0.000182398
sp|Q9W0Y1|TINA1_DROME	FBgn0035083	Troponin C-akin-1 protein (EC 2.3.2.-) (Putative gamma-glutamylcyclotransferase)	0	0	0.000790024	0	0.001148413	0	0.001383892	0.003046358	0	0	0	0.000505691
sp|Q9W141|ATPK_DROME	FBgn0035032	Putative ATP synthase subunit f, mitochondrial	0.006104145	0.00528919	0.004932111	0	0.008065722	0	0.010799535	0.013075141	0.001288112	0.011062612	0.011495037	0.007103306
tr|A0A0B4LG52|A0A0B4LG52_DROME;sp|Q9W237|RS16_DROME	FBgn0034743	GEO08239p1 (Ribosomal protein S16, isoform B)	0.013239396	0.022943649	0.00624012	0.008602888	0.008422987	0.020637581	0.003123109	0.008593612	0	0.004998731	0.00332424	0.007417942
sp|Q9W2N0|CAPZA_DROME	FBgn0034577	F-actin-capping protein subunit alpha	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000481916	0	0	0.000295281
tr|X2JEB6|X2JEB6_DROME;sp|Q9W303|IDGF4_DROME	FBgn0026415	Imaginal disc growth factor 4, isoform C (EC 3.2.1.14)	0.012560453	0.004481452	0.008357808	0.004801008	0.006508539	0.003071254	0.006797354	0.002589749	0.011225809	0.005356106	0.002782735	0.003248093
sp|Q9W332|CUBN_DROME	FBgn0052702	Cubilin homolog	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000110262	0	0	0
tr|X2JEM4|X2JEM4_DROME;sp|Q9W334|RS28_DROME	FBgn0030136	40S ribosomal protein S28	0	0	0.004059507	0	0.004425806	0	0	0.001956699	0.006361292	0.002276345	0.00189226	0
tr|S5WMX5|S5WMX5_DROME;sp|Q9W3C7|PPT1_DROME	FBgn0030057	Palmitoyl-protein thioesterase 1 (EC 3.1.2.22) (Palmitoyl-protein hydrolase 1)	0	0	0.000420172	0	0.00152695	0	0	0	0.000438943	0	0	0
tr|X2JIQ5|X2JIQ5_DROME;sp|Q9W3W8|RL17_DROME	FBgn0029897	60S ribosomal protein L17	0	0	0	0	0	0	0	0	0.004446064	0	0	0
sp|Q9W401|CISY_DROME	FBgn0261955	Probable citrate synthase,	0.002815274	0.002439411	0.005118128	0.005488049	0.004753291	0.005485564	0.004482738	0.006304452	0.000891129	0.005739922	0.005831749	0.005278151

		mitochondrial (EC 2.3.3.16) (Protein knockdown)												
tr|R9Q794|R9Q794_DROME;sp|Q9W5R8|RL5_DROME	FBgn0064225	60S ribosomal protein L5	0.001092213	0.000946394	0.001323752	0	0.001603553	0.002270057	0	0.001276108	0.000460963	0	0.001645443	0.001694657
sp|Q9XYZ5|DDB1_DROME	FBgn0260962	DNA damage-binding protein 1 (D-DDB1) (Damage-specific DNA-binding protein 1) (Protein piccolo)	0.000286466	0.001241104	0.000231463	0.000372289	8.41162E-05	0.000297696	0.000202728	0	0	0	0.000215784	0.000148159
tr|E1JGZ9|E1JGZ9_DROME;sp|Q9XZJ4|PSA6_DROME	FBgn0050382	Proteasome subunit alpha type	0	0	0.000540713	0	0.000393002	0	0	0	0	0	0	0
tr|A0A0B4JCW4|A0A0B4JCW4_DROME;tr|A0A126GUR6|A0A126GUR6_DROME;tr|Q9VHJ8|Q9VHJ8_DROME;tr|Q95U38|Q95U38_DROME	FBgn0037643	Succinate--CoA ligase [ADP-forming] subunit beta, mitochondrial (EC 6.2.1.5) (ATP-specific succinyl-CoA synthetase subunit beta) (A-SCS) (Succinyl-CoA synthetase beta-A chain) (SCS-betaA)	0.002172318	0.000627432	0.001462683	0	0.001913597	0	0.003074635	0.002256061	0.001833632	0.002624611	0.002454483	0.002247018
tr|A0A0B4KG68|A0A0B4KG68_DROME;tr|A0A0B4K661|A0A0B4K661_DROME;tr|Q6NN28|Q6NN28_DROME;tr|A0A0B4KG06|A0A0B4KG06_DROME;sp|P06754|TPM1_DROME;tr|A0A0B4K6Y8|A0A0B4K6Y8_DROME;tr|Q95TA3|Q95TA3_DROME;sp|P49455|TPM4_DROME;tr|Q8IG84|Q8IG84_DROME;tr|Q8IGY1|Q8IGY1_DROME	FBgn0003721	Tropomyosin 1, isoform R	0	0.001131887	0	0.001697637	0.002684989	0.000678747	0.00092444	0	0	0.002367399	0.000491988	0.001351207

tr|A1ZB77|A1ZB77_DROME;tr|A1ZB80|A1ZB80_DROME;tr|E1JGL5|E1JGL5_DROME;tr|A0A0B4K7G1|A0A0B4K7G1_DROME;tr|A1ZB83|A1ZB83_DROME;tr|A0A0B4LGX1|A0A0B4LGX1_DROME;tr|A0A0B4K897|A0A0B4K897_DROME;tr|A1ZB78|A1ZB78_DROME;tr|Q7JRI6|Q7JRI6_DROME;tr|A1ZB79|A1ZB79_DROME	FBgn0034345	Uncharacterized protein, isoform J	0	0.001521353	0	0	0.001031102	0	0	0	0	0	0	0.000908069
tr|A1Z6Z3|A1Z6Z3_DROME;tr|A0A0B4KEE1|A0A0B4KEE1_DROME;tr|Q7JR61|Q7JR61_DROME;tr|A0A0B4KEL0|A0A0B4KEL0_DROME;tr|A0A0B4KF99|A0A0B4KF99_DROME;tr|A4UZ69|A4UZ69_DROME;tr|A1Z6Z4|A1Z6Z4_DROME;tr|A0A0C4FEI5|A0A0C4FEI5_DROME;tr|A0A0C4DHC8|A0A0C4DHC8_DROME	FBgn0010548	Aldehyde dehydrogenase	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00055464	0	0	0
tr|A0A0B4KF46|A0A0B4KF46_DROME;tr|Q8T0L3|Q8T0L3_DROME	FBgn0023143	E1 ubiquitin-activating enzyme (EC 6.2.1.45) (Ubiquitin-activating enzyme E1)	0	0.000280726	0	0	9.51314E-05	0	0	0	0.001230607	0	0	8.37802E-05
tr|Q9VHX9|Q9VHX9_DROME;tr|A0A0B4KFA6|A0A0B4KFA6_DROME	FBgn0037533	alpha-glucosidase (EC 3.2.1.20)	0.000578003	0	0	0	0.000339442	0.000300331	0	0.000225107	0.001219717	0	0	0.00014947
tr|C1C529|C1C529_DROME;tr|Q9VFC6|Q9VFC6_DROME;tr|Q8INF1|Q8INF1_DROM	FBgn0038294	MIP03096p (Myofilin, isoform K) (Myofilin, isoform P)	0.002744301	0.009511653	0	0	0.000805819	0	0.003884202	0.001068785	0	0	0	0

E;tr|Q8I062|Q8I062_DROME;tr|E1JIK9|E1JIK9_DROME;tr|E1JIK6|E1JIK6_DROME;tr|A0A0B4KG65|A0A0B4KG65_DROME;tr|Q95U15|Q95U15_DROME;tr|C1C553|C1C553_DROME;tr|Q70VI1|Q70VI1_DROME;tr|Q9VFC7|Q9VFC7_DROME														
tr|Q8IN96|Q8IN96_DROME;tr|A0A0B4KGC5|A0A0B4KGC5_DROME;tr|Q9VEJ3|Q9VEJ3_DROME	FBgn0038516	pyrroline-5-carboxylate reductase (EC 1.5.1.2)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.001413757	0.001456042
tr|A4V364|A4V364_DROME;tr|A8JR54|A8JR54_DROME;tr|Q8IN47|Q8IN47_DROME;tr|A0A0B4KGK8|A0A0B4KGK8_DROME;tr|Q8IN48|Q8IN48_DROME;tr|A0A0B4KH21|A0A0B4KH21_DROME;tr|A0A0B4KH24|A0A0B4KH24_DROME;tr|A0A0B4KGF9|A0A0B4KGF9_DROME;tr|A0A4D6K1Z7|A0A4D6K1Z7_DROME;tr|A0A4D6K3P4|A0A4D6K3P4_DROME;tr|A0A4D6K4U6|A0A4D6K4U6_DROME;tr|Q9VDI8|Q9VDI8_DROME;tr|Q7KSA0|Q7KSA0_DROME;tr|A0A0B4KHH8|A0A0B4KHH8_DROME;tr|A0A0B4KHI4|A0A0B4KHI4_DROME;tr|Q95TW4|Q95TW4_DROME;tr|A0	FBgn0038826	Syncrip, isoform F	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000260544	0.000279702	0	0.000159642

A0B4KGK5|A0A0B4KGK5_DROME;tr|A0A0B4KHT5|A0A0B4KHT5_DROME														
tr|Q9VA83|Q9VA83_DROME;tr|A0A0B4KHF0|A0A0B4KHF0_DROME	FBgn0015221	Ferritin (EC 1.16.3.1)	0	0.00997257	0.002906034	0	0.003801904	0.004485113	0	0.00336173	0.008500404	0.001303634	0.003792856	0.004092311
tr|Q8IMU2|Q8IMU2_DROME;tr|A0A0B4KHU4|A0A0B4KHU4_DROME;tr|Q8SWX6|Q8SWX6_DROME	FBgn0039265	RE10237p (Uncharacterized protein, isoform B)	0	0	0	0	0	0	0.004716532	0	0.002250253	0	0	0
tr|H1UUD2|H1UUD2_DROME;tr|Q7KRU8|Q7KRU8_DROME;tr|B8A405|B8A405_DROME;tr|A0A0B4KI27|A0A0B4KI27_DROME;tr|Q8I0T0|Q8I0T0_DROME	FBgn0015222	Ferritin (EC 1.16.3.1)	0	0	0.003903372	0	0.001134822	0	0	0.000752577	0.0016311	0	0	0.000499707
tr|E2QCF1|E2QCF1_DROME;tr|A0A0B4LFH8|A0A0B4LFH8_DROME;tr|Q7KN85|Q7KN85_DROME	FBgn0020236	ATP-citrate synthase (EC 2.3.3.8) (ATP-citrate (pro-S-)-lyase) (Citrate cleavage enzyme)	0	0.000258422	0	0	0	0	0	0	0.000377611	0	0	7.71237E-05
tr|A0A0B4LFR4|A0A0B4LFR4_DROME;tr|Q7K110|Q7K110_DROME	FBgn0034277	Dolichyl-diphosphooligosaccharide--protein glycosyltransferase subunit 2 (Ribophorin-2)	0	0.000447033	0	0	0	0	0	0	0.000217738	0	0	0
tr|Q8MKK5|Q8MKK5_DROME;tr|Q9W1G6|Q9W1G6_DROME;tr|Q9W1G5|Q9W1G5_DROME;tr|A0A0B4LHE0|A0A0B4LHE0_DROME;tr|Q8MLQ5|Q8MLQ5_DROME;tr|A0A0B4LGD3|A0A0B4LGD3_DROME	FBgn0261794	GH09271p (Kazachoc, isoform B)	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000402222	0	0	0

tr|Q9W1I7|Q9W1I7_DROME;tr|A0A0B4LHC9|A0A0B4LHC9_DROME	FBgn0034914	GH07506p (Uncharacterized protein, isoform A)	0.006066349	0.001752147	0.002450786	0.00131396	0.001484404	0.003677422	0.002862044	0.002362578	0	0.001832352	0.002665567	0.001830195
tr|A0A0C4DHE7|A0A0C4DHE7_DROME	FBgn0001098	Glutamate dehydrogenase	0	0	0.000674854	0	0.000245249	0.001735926	0.002955371	0.00260226	0.000352501	0.003784206	0.00157285	0.002159857
tr|A1ZA89|A1ZA89_DROME;tr|Q8STB9|Q8STB9_DROME;tr|Q8WR08|Q8WR08_DROME;tr|A0A0C4DHF6|A0A0C4DHF6_DROME	FBgn0034072	Dystroglycan 1 (Dystroglycan) (Dystrophin-associated glycoprotein 1)	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000603186	0	0	0
tr|A1Z6L9|A1Z6L9_DROME	FBgn0026761	FI21274p1 (Trap1, isoform A) (Trap1, isoform B (EC 3.6.1.3))	0.000472607	0.00040951	0.000381864	0	0.000693867	0	0	0.00018406	0	0	0.000533995	0.00024443
tr|Q7JX87|Q7JX87_DROME;tr|A1Z893|A1Z893_DROME;tr|A1Z892|A1Z892_DROME	FBgn0033518	Peroxiredoxin 2540-2 (EC 1.11.1.15, EC 1.11.1.7) (RE05093p) (RH69586p)	0	0	0.0005997	0	0.002179374	0.001542607	0	0.000578116	0	0	0.00167723	0.003070924
tr|A1Z9E3|A1Z9E3_DROME	FBgn0024556	Elongation factor Tu	0	0	0.000809411	0	0	0	0	0.000260093	0.003382282	0	0.000503055	0.001381602
tr|A1ZBJ2|A1ZBJ2_DROME	FBgn0034432	Uncharacterized protein, isoform B (Uncharacterized protein, isoform C (EC 1.3.99.-))	0	0	0	0	0	0	0	0.000202848	0.001099107	0.000235985	0	0.000269379
tr|A4V0U4|A4V0U4_DROME;tr|Q9VJ39|Q9VJ39_DROME	FBgn0032721	Leukotriene A(4) hydrolase (LTA-4 hydrolase) (EC 3.3.2.6)	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00134905	0	0	0
tr|A8DYI3|A8DYI3_DROME;tr|Q7JXB5|Q7JXB5_DROME	FBgn0034356	phosphoenolpyruvate carboxykinase (GTP) (EC 4.1.1.32)	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00073443	0	0	0.000450002
tr|Q0E924|Q0E924_DROME;tr|A8DYI7|A8DYI7_DROME;tr|A8DYI6|A8DYI6_DROME	FBgn0010551	Prohibitin	0	0	0.001765003	0.001419429	0.002565685	0.001135029	0.010048263	0.00765665	0.005992521	0.006928007	0.006993134	0.007908401
tr|Q9VVC5|Q9VVC5_DROME;tr|Q8IQQ0|Q8IQQ0_DROME;tr|A8JNU6|A8JNU6_DROME	FBgn0010352	oxoglutarate dehydrogenase (succinyl-transferring) (EC 1.2.4.2)	0	0	0	0	0	0	0	0.000126176	0.000820405	0.000293576	0.000122021	0.000251341

tr|A8JRB8|A8JRB8_DROME;tr|A8JRC1|A8JRC1_DROME;tr|Q8MT18|Q8MT18_DROME	FBgn0039358	MIP04243p (Uncharacterized protein, isoform C (EC 1.1.1.41))	0	0	0	0	0	0	0	0	0.002461214	0	0.000313768	0.000861739
tr|Q9W3F6|Q9W3F6_DROME;tr|A8JV22|A8JV22_DROME;tr|X2JEJ0|X2JEJ0_DROME;tr|A8JV24|A8JV24_DROME	FBgn0030038	Bleomycin hydrolase (EC 3.4.22.40)	0	0	0.001622139	0	0.002554513	0.000347719	0.000473586	0	0	0	0.000756128	0
tr|Q7KUB0|Q7KUB0_DROME;tr|Q8IQA7|Q8IQA7_DROME;tr|Q9VSI6|Q9VSI6_DROME;tr|Q7KUB1|Q7KUB1_DROME;tr|B7Z0E0|B7Z0E0_DROME	FBgn0001248	Isocitrate dehydrogenase [NADP] (EC 1.1.1.42)	0.001570057	0.001360441	0.000951447	0.002040429	0.002535618	0.003671108	0.003888871	0.001222937	0.004638442	0.002489753	0.002069659	0.003451099
tr|B7Z0X1|B7Z0X1_DROME;tr|Q9W457|Q9W457_DROME	FBgn0029823	Serine hydroxymethyltransferase (EC 2.1.2.1)	0	0.00121187	0	0	0	0	0	0.000272346	0.00059027	0	0.00079013	0.000361672
tr|Q9VMV9|Q9VMV9_DROME;tr|E1JHT6|E1JHT6_DROME;tr|Q9VMW2|Q9VMW2_DROME;tr|Q9VMW4|Q9VMW4_DROME;tr|E1JHT9|E1JHT9_DROME;tr|Q9VMW1|Q9VMW1_DROME;tr|Q7KTP4|Q7KTP4_DROME	FBgn0053113	Reticulon-like protein	0.002195441	0.000951165	0.000443476	0	0.001128147	0.000855564	0	0.000427514	0	0	0.000620152	0.000567734
tr|Q9W3F3|Q9W3F3_DROME;tr|F0JAP7|F0JAP7_DROME	FBgn0030040	RH03540p (Uncharacterized protein, isoform A)	0	0	0.000616514	0	0.000448096	0	0	0	0	0	0	0
tr|L0MLQ9|L0MLQ9_DROME;tr|Q8IH18|Q8IH18_DROME	FBgn0052016	Eukaryotic translation initiation factor 4E transporter (4E-T) (Dm4E-T) (eIF4E transporter)	0	0	0	0	0	0	0.001180337	0.00142905	0.001689414	0.001964772	0.001507623	0.001293929
tr|M9PH39|M9PH39_DROME;tr|Q9W321|	FBgn0261617	histone acetyltransfer	0	0	0	0	0	0	0	3.89423E-05	4.22009E-05	0	0	0

Q9W321_DROME;tr|M9MS40|M9MS40_DROME		ase (EC 2.3.1.48)												
tr|Q9VUC1|Q9VUC1_DROME;tr|M9MSL3|M9MSL3_DROME	FBgn0026418	Hsc70Cb, isoform A (Hsc70Cb, isoform B) (Hsc70Cb, isoform C) (Hsc70Cb, isoform E) (Hsc70Cb, isoform F) (Hsc70Cb, isoform I) (LD32979p)	0	0	0.000164097	0	0.000238538	0.000211053	0	0	0.000171428	0.000184033	0	0.000315114
tr|M9ND95|M9ND95_DROME;tr|E1JHJ4|E1JHJ4_DROME;tr|M9NEP1|M9NEP1_DROME;tr|E1JHJ5|E1JHJ5_DROME;tr|M9NF46|M9NF46_DROME;tr|E1JHJ3|E1JHJ3_DROME;tr|M9NCU7|M9NCU7_DROME;tr|A0A0S0WIH4|A0A0S0WIH4_DROME;sp|P05661|MYSA_DROME	FBgn0264695	Myosin heavy chain, isoform U	0.010221077	0.013792873	0.004873907	0.001306544	0.00403447	0.003830794	0.005098888	0.004241691	0.004667341	0.00235343	0.001767015	0.001603215
tr|Q8SY77|Q8SY77_DROME;tr|M9NEX3|M9NEX3_DROME;tr|Q8IRR0|Q8IRR0_DROME	FBgn0029854	GEO11431p1 (RH45308p) (Uncharacterized protein, isoform C)	0	0	0	0	0.001077443	0	0	0.00428715	0	0	0.001381988	0.002846643
tr|M9PFU6|M9PFU6_DROME;tr|M9PCX0|M9PCX0_DROME;tr|M9PBB3|M9PBB3_DROME;tr|Q9VJW7|Q9VJW7_DROME	FBgn0028527	Uncharacterized protein, isoform C	0	0.001134155	0.00079319	0	0.000576508	0.000340054	0	0.000764642	0	0	0.000492974	0.000676957
tr|M9PCA6|M9PCA6_DROME;tr|Q9VMJ5|Q9VMJ5_DROME	FBgn0001089	Beta-galactosidase (EC 3.2.1.23) (Acid beta-galactosidase)	0.005361626	0.00295642	0.004922909	0.003800679	0.004007447	0.004305485	0.001379761	0.00208812	0.004319982	0.002429234	0.003120817	0.002016726
tr|Q7KTK9|Q7KTK9_DROME;tr|M9PCG1|M9PCG1_DR	FBgn0283658	Dihydrolipoyllysine-residue acetyltransferase	0	0	0.000313382	0	0	0	0	0.000604206	0	0.000702909	0	0.000200595

OME;tr|Q9VM14|Q9VM14_DROME;tr|M9PCA2|M9PCA2_DROME;tr|M9PCU4|M9PCU4_DROME		component of pyruvate dehydrogenase complex, mitochondrial (EC 2.3.1.12) (Dihydrolipoamide acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase complex) (Pyruvate dehydrogenase complex component E2)												
tr|Q8IPG9|Q8IPG9_DROME;tr|M9PCW5|M9PCW5_DROME;tr|Q7KTJ7|Q7KTJ7_DROME	FBgn0261822	Basigin, isoform A (Basigin, isoform B) (Basigin, isoform C) (Basigin, isoform D) (Basigin, isoform E) (Basigin, isoform F) (Basigin, isoform H) (Basigin, isoform I) (LD05560p) (LD19437p)	0	0	0	0.001601544	0.000361858	0	0	0	0	0.000558349	0.000928278	0.000637362
tr|M9PE30|M9PE30_DROME;tr|Q9VZI1|Q9VZI1_DROME	FBgn0035499	Transgelin	0	0	0	0	0.002191828	0.001939277	0	0	0	0	0	0.000965148
tr|Q9VTK9|Q9VTK9_DROME;tr|M9PI17|M9PI17_DROME;tr|Q8IQF8|Q8IQF8_DROME;tr|M9PF61|M9PF61_DROME	FBgn0086254	Aldo-keto reductase 1B, isoform A (EC 1.-.-.-, EC 1.1.1.112, EC 1.1.1.2, EC 1.1.1.21) (LD06393p)	0	0	0.00167005	0	0.000910372	0	0	0	0	0.000468236	0	0.000267248
tr|O18332|O18332_DROME	FBgn0285937	FI01544p (Rab1)	0	0	0	0	0	0	0	0	0.001344663	0	0	0.000411953
tr|O18335|O18335_DROME	FBgn0015790	Drab11 (GM06568p) (RE11886p) (Rab11) (Rab11, isoform A) (Rab11, isoform B)	0.001526036	0	0.000616514	0	0.001792383	0	0.001079953	0.000594325	0	0	0.002299007	0.000789256
tr|O46067|O46067_DROME	FBgn0023529	EG:25E8.1 protein (GH11566p)	0	0	0.000428821	0	0	0	0	0	0	0	0	0

		(Uncharacterized protein, isoform A) (Uncharacterized protein, isoform B)												
tr|O77134|O77134_DROME	FBgn0038224	ATP synthase subunit e, mitochondrial	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00170158	0.001826697	0.00151848	0.001042598
tr|Q8IRS7|Q8IRS7_DROME; tr|O97428|O97428_DROME	FBgn0026084	Ciboulot, isoform C (GEO02096p1) (RE37354p)	0	0	0	0	0.003954329	0	0	0	0	0	0	0.001741246
tr|Q0E8E8|Q0E8E8_DROME	FBgn0026409	Phosphate carrier protein, mitochondrial	0	0	0.000370601	0	0.000538722	0	0	0.000357263	0.005033044	0.002078124	0.000690994	0.000711661
tr|Q7KN97|Q7KN97_DROME;tr|Q0E9E2|Q0E9E2_DROME	FBgn0027580	Pyruvate carboxylase (EC 6.4.1.1)	0.000553043	0	0	0.000359364	0.000649568	0.000431042	0.001369831	0.002046167	0.000116704	0.002380429	0.001978782	0.001644674
tr|Q0KHZ6|Q0KHZ6_DROME	FBgn0039697	Electron transfer flavoprotein subunit beta (Beta-ETF)	0	0.003355395	0	0	0.001137065	0.001341397	0.001826957	0.002513547	0	0.003508991	0.004861537	0.003337961
tr|Q0KHZ9|Q0KHZ9_DROME;tr|Q9VAL7|Q9VAL7_DROME;tr|Q9VXF6|Q9VXF6_DROME	FBgn0015622	Calnexin 99A, isoform E	0.000540682	0	0.000436867	0	0	0.000280938	0	0	0	0	0.000407274	0.000139819
tr|Q24253|Q24253_DROME	FBgn0010380	AP complex subunit beta	0	0	0	0	0.000312353	0	0	0	0.000299301	0	0	0
tr|Q27241|Q27241_DROME	FBgn0004591	Ecdysone-induced gene 71Ed (GEO09060p1) (L71-4) (L71-4 protein) (LP04160p)	0	0.0028583	0	0	0.001937222	0.003428016	0	0	0	0	0	0
tr|Q2QBM1|Q2QBM1_DROME;tr|Q9VG32|Q9VG32_DROME;tr|Q9VG31|Q9VG31_DROME	FBgn0002719	Malic enzyme	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000238457	0	0	0.000292216
tr|Q3YMU0|Q3YMU0_DROME	FBgn0033663	Protein disulfide-isomerase (EC 5.3.4.1)	0.008014031	0.011573483	0.009443126	0.003471649	0.005686875	0.010063224	0.00614403	0.007282603	0.005918993	0.005143888	0.006539712	0.005181007
tr|Q59E58|Q59E58_DROME;tr|Q59E59|Q59E59_DROME;tr|A0A0B4JD95|A0A0B4JD95	FBgn0287873	Zipper, isoform C (Zipper, isoform E) (Zipper, isoform G)	0	0.000143568	0.000535501	0.000215327	0.000389213	0.000344367	0.000117255	0.000129057	0.000699279	0.000375349	0.000312016	0.000599851

_DROME;tr|A0A0B4JD57|A0A0B4JD57_DROME;tr|A0A0B4K7Q4|A0A0B4K7Q4_DROME;sp|Q99323|MYSN_DROME														
tr|Q8T0N3|Q8T0N3_DROME;tr|Q5U124|Q5U124_DROME;tr|A0A0B4LEU9|A0A0B4LEU9_DROME	FBgn0050359	alpha-glucosidase (EC 3.2.1.20)	0	0	0.000247067	0	0.000718296	0.000317765	0	0	0	0	0	0
tr|Q6IDF5|Q6IDF5_DROME	FBgn0033961	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 beta subcomplex subunit 4 (Complex I-B15) (NADH-ubiquinone oxidoreductase B15 subunit)	0	0	0	0	0	0	0	0.00225107	0	0	0.001088468	0.000747349
tr|Q6NP72|Q6NP72_DROME	FBgn0033608	GEO09659p1 (RE35907p) (Uncharacterized protein, isoform A) (Uncharacterized protein, isoform B)	0	0	0	0	0	0	0.003021046	0	0.005405019	0	0	0
tr|Q76NQ0|Q76NQ0_DROME	FBgn0053303	Dolichyl-diphosphooligosaccharide--protein glycosyltransferase subunit 1	0.003565194	0.001235684	0.000864196	0	0	0.001111485	0.001009214	0.001666185	0	0.000323062	0.000268552	0.000737558
tr|Q9VYR1|Q9VYR1_DROME;tr|Q76NR6|Q76NR6_DROME	FBgn0030362	Regucalcin homologue (Regucalcin, isoform A (EC 3.1.1.17)) (Regucalcin, isoform B) (Regucalcin, isoform C) (SD03837p)	0.001077795	0.0037356	0.018723302	0.025212424	0.022469853	0.020720827	0	0.010074096	0.015010969	0.019532995	0.014207562	0.017280284
tr|Q7JR58|Q7JR58_DROME	FBgn0033879	Enoyl-CoA hydratase, short chain 1, isoform A (EC 4.2.1.17) (Enoyl-CoA hydratase, short chain 1,	0.002214046	0.002877678	0.006261273	0.015825425	0.010076836	0.009203351	0.007050815	0.015520938	0.000467214	0.019561136	0.017928361	0.016603811

		isoform B) (LD24265p)												
tr|Q7JWF1|Q7JWF1_DROME	FBgn0286783	Electron transfer flavoprotein-ubiquinone oxidoreductase (ETF-QO) (EC 1.5.5.1)	0	0	0	0	0	0	0.000765265	0.000631716	0.001825536	0	0.000407274	0.000699093
tr|Q7JXC4|Q7JXC4_DROME	FBgn0034259	CG6459 protein (CG6459-PA) (LD29590p) (P32)	0	0	0	0	0.00036461	0	0.001757491	0	0	0.001687784	0.000467669	0.001605521
tr|Q7K084|Q7K084_DROME	FBgn0033268	Odorant-binding protein 44a, isoform A (Odorant-binding protein 44a, isoform B) (RH04549p)	0	0	0.000922615	0	0.00201173	0	0	0	0	0	0	0
tr|Q7K0B6|Q7K0B6_DROME	FBgn0050000	Glutathione S transferase T1 (EC 1.11.1.9, EC 2.5.1.18) (RE63575p)	0	0	0.000578658	0	0	0	0	0.002789155	0.000604509	0.001946874	0.00107892	0.002592776
tr|Q7K127|Q7K127_DROME	FBgn0034117	Alpha-galactosidase (EC 3.2.1.-)	0.001566291	0.000678589	0.001581942	0.002035535	0.001379748	0.001220768	0.000554221	0.000305001	0.000330523	0.000709652	0.001474783	0.001215114
tr|Q7K2W6|Q7K2W6_DROME	FBgn0283437	GH04080p (Prophenoloxidase 1 (EC 1.10.3.1, EC 1.14.18.1))	0.000473292	0.003280831	0.00286813	0.0043056	0.002084619	0.004180689	0.007368726	0.004792496	0.003795263	0.002144383	0.001604307	0.002815014
tr|Q7K485|Q7K485_DROME	FBgn0029093	Cathepsin D (Cathepsin D, isoform A) (Cathepsin D, isoform B (EC 3.4.23.-)) (Cathepsin D, isoform C) (SD07085p)	0.00666473	0	0.019184275	0.02381888	0.014922043	0.012986233	0.005895664	0.006164602	0.01933811	0.00868147	0.01035433	0.009694564
tr|Q7K569|Q7K569_DROME	FBgn0022160	Glycerol-3-phosphate dehydrogenase (EC 1.1.5.3)	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00057111	0	0	0
tr|Q7K5K3|Q7K5K3_DROME;tr|Q8IML6|Q8IML6_DROME	FBgn0039635	Pyruvate dehydrogenase E1 component subunit beta, mitochondrial (EC 1.2.4.1)	0.000894717	0	0.001445852	0	0.001839034	0.001394686	0.001899535	0.004878347	0.000755222	0.002432259	0.0030328	0.001850968
tr|Q7KMM4|Q7KMM4_DROME	FBgn0027588	BcDNA.GH04962 (Glucosidase 2 alpha	0	0	0	0	0.00010378	0	0	0	0.000298329	0	0	0

		subunit, isoform A) (Glucosidase 2 alpha subunit, isoform B) (Glucosidase 2 alpha subunit, isoform C (EC 3.2.1.-)) (Glucosidase 2 alpha subunit, isoform D) (Glucosidase 2 alpha subunit, isoform E)												
tr|Q7KN75|Q7KN75_DROME	FBgn0027835	Dodeca-satellite-binding protein 1, isoform A (Dodeca-satellite-binding protein 1, isoform B) (Dodeca-satellite-binding protein 1, isoform D) (Dodeca-satellite-binding protein 1, isoform E) (Dodeca-satellite-binding protein 1, isoform F) (Dodeca-satellite-binding protein 1, isoform G) (Dodeca-satellite-binding protein 1, isoform H)	0.000251016	0	0	0	0	0	0.000355281	0.00019552	0	0	0	6.49119E-05
tr|Q7KN94|Q7KN94_DROME	FBgn0010516	Electron transfer flavoprotein subunit alpha (Alpha-ETF)	0	0	0.0011994	0	0.001743499	0	0.000700333	0.005395747	0.008353211	0.002241855	0.004099896	0.005374118
tr|Q7KSU6|Q7KSU6_DROME;tr|Q9VHN7|Q9VHN7_DROME	FBgn0037607	Uncharacterized protein, isoform D (EC 2.2.1.1)	0	0	0.000227472	0	0	0	0	0	0.000475269	0	0	0

tr|Q7KUC2|Q7KUC2_DROME	FBgn0085484	Pyridoxal kinase (EC 2.7.1.35) (Pyridoxine kinase)	0	0	0.001735973	0.001396083	0.001577179	0.00055818	0	0.000418373	0	0	0.000404595	0.000277797
tr|Q7KV27|Q7KV27_DROME;tr|Q9VYD9|Q9VYD9_DROME	FBgn0030478	alanine transaminase (EC 2.6.1.2)	0	0	0	0.002241598	0.00033765	0.001194977	0.000406884	0.000895672	0	0.001302486	0.000866175	0.001040762
tr|Q7YU05|Q7YU05_DROME;tr|Q9W4H6|Q9W4H6_DROME;tr|Q7KVX1|Q7KVX1_DROME	FBgn0028325	Pyruvate dehydrogenase E1 component subunit alpha (EC 1.2.4.1)	0	0	0	0	0.00058471	0	0	0.000387761	0.000420207	0.000451105	0.000374991	0.001029883
tr|Q7KVX5|Q7KVX5_DROME;tr|Q9W4N8|Q9W4N8_DROME	FBgn0029687	VAMP-associated protein 33kDa, isoform A	0	0	0	0	0	0	0	0	0.001173004	0	0	0
tr|Q7PLE6|Q7PLE6_DROME	FBgn0039993	Uncharacterized protein, isoform C (Uncharacterized protein, isoform E)	0	0	0	0	0	0	0	0	0.001514593	0	0	0
tr|Q9VDL2|Q9VDL2_DROME;tr|Q86BR8|Q86BR8_DROME	FBgn0038805	LD40493p (Mitochondrial transcription factor A) (Mitochondrial transcription factor A, isoform A)	0	0	0	0	0.000746245	0	0.004496304	0.001484655	0	0.000575729	0.001914349	0.001314403
tr|Q86PD3|Q86PD3_DROME	FBgn0050022	RE56416p (RE65279p) (RE65881p)	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000988014	0	0	0
tr|Q8IN49|Q8IN49_DROME	FBgn0051195	MIP05539p	0.000404674	0	0.000163487	0	0.000237652	0	0	0	0	0	0	0
tr|Q9VKV1|Q9VKV1_DROME;tr|Q8IPB7|Q8IPB7_DROME	FBgn0027611	Alpha-mannosidase (EC 3.2.1.-)	0.000907144	0.001048043	0.003298349	0.002357829	0.002308522	0.002199643	0.000427982	0.000235529	0.000638093	0.000274005	0.00113886	0.001016533
tr|Q8IPE8|Q8IPE8_DROME;tr|Q9V397|Q9V397_DROME	FBgn0028479	enoyl-CoA hydratase (EC 4.2.1.17)	0.002633643	0.002662368	0.001595975	0.001711327	0.001288877	0.001368442	0.003727581	0.003248016	0.001852527	0.002983114	0.002645094	0.002610698
tr|Q9VQ61|Q9VQ61_DROME;tr|Q8IPY3|Q8IPY3_DROME	FBgn0001125	Aspartate aminotransferase (EC 2.6.1.1)	0	0	0.00062233	0	0.000904646	0.000400205	0.003270425	0.00419952	0.00325066	0.004187616	0.008122436	0.006771968
tr|Q9VZQ8|Q9VZQ8_DROME;tr|Q8IRD4|Q8IRD4_DROME;tr|Q8IRD3|Q	FBgn0035438	Glutathione peroxidase	0	0.001674389	0.001561349	0	0.001702233	0.001004064	0.00273503	0.000752577	0	0	0	0.000999413

8IRD3_DROME														
tr|Q8IRQ5|Q8IRQ5_DROME;tr|Q9W3X6|Q9W3X6_DROME;tr|Q9W3X5|Q9W3X5_DROME	FBgn0286222	fumarate hydratase (EC 4.2.1.2)	0	0	0	0	0	0	0	0.000272346	0.001770809	0.000316836	0.000526753	0.001085016
tr|Q8MLN4|Q8MLN4_DROME;tr|Q0E8V8|Q0E8V8_DROME	FBgn0035094	Uncharacterized protein, isoform D (Uncharacterized protein, isoform E) (Uncharacterized protein, isoform F)	0	0.001010613	0	0	0.000342473	0.000808032	0	0	0.000492243	0	0	0
tr|Q8MT58|Q8MT58_DROME;tr|A0A0B4LEQ0|A0A0B4LEQ0_DROME	FBgn0287767	Carnosine dipeptidase 2, isoform A (EC 3.4.13.-) (RE11562p)	0	0	0	0	0.000200612	0	0	0.000266078	0.000288343	0	0	0
tr|Q8SXQ1|Q8SXQ1_DROME	FBgn0036857	aldehyde dehydrogenase (NAD(+)) (EC 1.2.1.3)	0.000604763	0	0.000488644	0	0.000887893	0.000314235	0.000427982	0.000942115	0.003318081	0.001644027	0.00341658	0.002189455
tr|Q8SY19|Q8SY19_DROME	FBgn0025814	glutathione transferase (EC 2.5.1.18)	0.002148499	0.001861656	0	0	0.001892615	0	0.001520461	0.000836746	0.001813526	0	0	0
tr|Q8T0J5|Q8T0J5_DROME;tr|Q9VE80|Q9VE80_DROME	FBgn0038610	GH26851p (Uncharacterized protein, isoform A) (Uncharacterized protein, isoform C (EC 1.1.1.300)) (Uncharacterized protein, isoform E)	0.005689404	0.000985964	0.001838801	0	0.003675321	0.001773729	0.002415784	0.002215775	0	0	0.001285682	0.001471262
tr|Q8T4C4|Q8T4C4_DROME	FBgn0036568	ATP synthase subunit beta (EC 7.1.2.2)	0	0	0	0	0	0	0	0	0.002215884	0	0	0
tr|Q8T4D6|Q8T4D6_DROME	FBgn0037862	Aconitate hydratase, mitochondrial (Aconitase) (EC 4.2.1.3)	0.000417078	0	0	0	0	0	0.000885479	0	0	0.000566906	0	0
tr|Q8T6I0|Q8T6I0_DROME;tr|Q8T8W3|Q8T8W3_DROME	FBgn0016693	EH domain containing protein (Putative achaete scute target 1, isoform B)	0	0	0.000741202	0	0.000718296	0.000317765	0	0.000238175	0.00051621	0	0.000230331	0.000316294
tr|Q960M4|Q960M4_DROME	FBgn0038570	Peroxiredoxin-5 (EC 1.11.1.24)	0	0	0.000694389	0	0.002523486	0	0.002432737	0.002008192	0	0.001557499	0.00323676	0.002222379
tr|Q9VEH0|Q9VEH0_DROM	FBgn0038535	Aluminum tubes,	0.000775705	0	0	0	0.00034166	0.000201528	0.000548955	0.000453155	0	0	0	0.000100297

E;tr|Q960Y8|Q960Y8_DROME		isoform A (Aluminum tubes, isoform B) (Aluminum tubes, isoform D) (Aluminum tubes, isoform E) (Aluminum tubes, isoform F) (Aluminum tubes, isoform H)												
tr|Q961R8|Q961R8_DROME;tr|Q9VUK8|Q9VUK8_DROME	FBgn0027088	Glycine--tRNA ligase (EC 6.1.1.14) (Diadenosine tetraphosphate synthetase) (EC 2.7.7.-) (Glycyl-tRNA synthetase)	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00060896	0	0	0
tr|Q961W5|Q961W5_DROME	FBgn0045770	Cytosol aminopeptidase (EC 3.4.13.23) (Cysteinylglycine-S-conjugate dipeptidase) (Leucine aminopeptidase 3) (Leucyl aminopeptidase) (Proline aminopeptidase) (Prolyl aminopeptidase)	0	0	0.000986422	0	0.000179238	0	0	0	0.000515245	0	0	0
tr|Q9V3U6|Q9V3U6_DROME	FBgn0250848	26-29kD-proteinase (EC 3.4.22.-) (Homologue of Sarcophaga 26,29kDa proteinase) (RE18380p)	0.00356909	0.00463888	0.007930457	0.008503644	0.007161368	0.008345251	0.003367724	0.002548343	0.007531584	0.003773177	0.003360571	0.003230344
tr|Q9V3Y4|Q9V3Y4_DROME	FBgn0027786	LD43650p (Mitochondrial carrier homolog) (Mitochondrial carrier homolog 1, isoform A) (Mitochondrial carrier homolog 1, isoform B)	0	0	0	0	0	0	0.000731361	0	0.001744658	0	0	0

		(Mitochondrial carrier homolog 1, isoform C) (Mitochondrial carrier homolog 1, isoform E) (Mitochondrial carrier homolog 1, isoform F) (Mitochondrial carrier homolog 1, isoform G) (RE29058p)												
tr|Q9V470|Q9V470_DROME	FBgn0029118	Succinate--CoA ligase [GDP-forming] subunit beta, mitochondrial (EC 6.2.1.4) (GTP-specific succinyl-CoA synthetase subunit beta) (G-SCS) (GTPSCS) (Succinyl-CoA synthetase beta-G chain) (SCS-betaG)	0	0	0	0	0.000230511	0	0	0.001222937	0	0	0.001182662	0.001421041
tr|Q9V4E0|Q9V4E0_DROME	FBgn0039909	Complex I-49kD (NADH-ubiquinone oxidoreductase 49 kDa subunit)	0	0	0.00056382	0	0.000204898	0	0	0.001087055	0	0.000316159	0.000262814	0.000721798
tr|Q9V9M7|Q9V9M7_DROME	FBgn0032987	60S ribosomal protein L21	0.002053911	0	0	0	0	0	0.004360567	0	0	0	0	0
tr|Q9V9W2|Q9V9W2_DROME;tr|Q9V9W3|Q9V9W3_DROME	FBgn0039857	60S ribosomal protein L6	0.006719584	0.00465797	0.002714691	0	0.001578477	0.000698299	0.013314982	0.002093588	0.002268773	0.003653394	0.00202464	0.005212989
tr|Q9VAC1|Q9VAC1_DROME	FBgn0039737	Acetyl-CoA hydrolase (EC 3.1.2.1) (Acetyl-CoA deacylase)	0.002053911	0	0.003319093	0	0.002010324	0.002490162	0.004360567	0.004532815	0.003178423	0.007444651	0.005414958	0.005134302
tr|Q9VAI9|Q9VAI9_DROME	FBgn0039682	GEO07291p1 (Odorant-binding protein 99c, isoform A) (RE07893p)	0.002162727	0	0.006116144	0	0.006350495	0.001123753	0	0.001684576	0	0.004899418	0	0.002237097

tr|Q9VAJ9|Q9VAJ9_DROME	FBgn0039674	SD09259p	0.00206039	0	0.000416195	0	0.0015125	0.00053529	0.01166486	0.00200608	0	0.002800551	0.001940014	0.001332026
tr|Q9VAY2|Q9VAY2_DROME	FBgn0039562	Heat shock protein 83 (HSP 82)	0.003319662	0.004314689	0.001676416	0.000539275	0.002558757	0.002802958	0.000587319	0.001292864	0.001576178	0.000752033	0.001094	0.001609601
tr|Q9VB10|Q9VB10_DROME	FBgn0039537	GH01709p	0	0	0.000640456	0	0.000698246	0	0	0.000926108	0	0.000718264	0.001492681	0.001434837
tr|Q9VB46|Q9VB46_DROME	FBgn0015737	Adipocyte plasma membrane-associated protein Hemomucin (Protein Hemomucin)	0	0	0	0	0	0.000293069	0	0.000219664	0	0	0	0
tr|Q9VD58|Q9VD58_DROME	FBgn0038922	GH26270p (Isocitrate dehydrogenase 3b, isoform A (EC 1.1.1.41)) (Isocitrate dehydrogenase 3b, isoform B)	0	0	0.000713157	0	0.000518338	0.000458613	0.001249243	0.000687489	0.000745016	0	0.00166212	0.000456489
tr|Q9VDT1|Q9VDT1_DROME	FBgn0038742	Arc42 (EC 1.3.8.1) (SD24551p)	0.00080635	0	0	0	0.000236772	0	0.000570642	0.000628076	0.000340316	0.000365339	0.001822176	0.000417039
tr|Q9VDT5|Q9VDT5_DROME	FBgn0038738	Carboxypeptidase (EC 3.4.16.-)	0	0	0.000821166	0	0.000596841	0.000352047	0	0	0	0	0	0
tr|Q9VE24|Q9VE24_DROME	FBgn0038660	N-sulfoglucosamine sulfohydrolase (EC 3.1.6.-, EC 3.1.6.14, EC 3.10.1.1) (RE63280p)	0	0	0.000251782	0	0	0	0	0	0.000789092	0	0	0
tr|Q9VE75|Q9VE75_DROME	FBgn0028670	V-type proton ATPase subunit a	0	0	0.000316388	0	0	0	0	0	0.000495784	0	0	0
tr|Q9VEB1|Q9VEB1_DROME	FBgn0262559	Malate dehydrogenase, mitochondrial (EC 1.1.1.37)	0	0	0.010601836	0.017683714	0.006849462	0.009595383	0.00825393	0.009463204	0.008614249	0.01497239	0.010981866	0.00955094
tr|Q9VED8|Q9VED8_DROME	FBgn0000477	Deoxyribonuclease II (EC 3.1.22.1)	0	0	0	0	0.001572008	0.00092725	0	0	0	0	0	0
tr|Q9VEK7|Q9VEK7_DROME;tr|Q8IN97|Q8IN97_DROME	FBgn0025456	Cellular repressor of E1A-stimulated genes, isoform A (Cellular repressor of E1A-stimulated genes,	0.004643201	0	0.003751677	0	0.001817867	0	0.004381233	0	0.01437069	0	0	0.000800478

		isoform B) (Cellular repressor of E1A-stimulated genes, isoform D) (GH28782p)												
tr|Q9VF23|Q9VF23_DROME	FBgn0038373	arginine kinase (EC 2.7.3.3)	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000603186	0	0	0
tr|Q9VF46|Q9VF46_DROME	FBgn0038353	GH25158p (Uncharacterized protein, isoform A) (Uncharacterized protein, isoform B)	0	0	0.000605202	0	0.001319621	0.001556759	0	0	0.000632238	0.000678727	0.001692618	0
tr|Q9VFF0|Q9VFF0_DROME	FBgn0038271	GH01077p (Ubiquinol-cytochrome c reductase core protein 1, isoform A (EC 3.4.24.-)) (Ubiquinol-cytochrome c reductase core protein 1, isoform B)	0.002779334	0.003612404	0.001684263	0.000902998	0.002244292	0.003610357	0.001475171	0.002976681	0.000879753	0.001259255	0.003140346	0.003234271
tr|Q9VFN5|Q9VFN5_DROME	FBgn0038200	AT30951p	0.006403368	0.008322696	0.012934702	0.012482622	0.015041956	0.018299554	0.006797354	0.008728414	0	0.007253061	0.013264371	0.009935344
tr|Q9VFQ9|Q9VFQ9_DROME	FBgn0000454	Dipeptidase B, isoform A (Dipeptidase B, isoform B) (Dipeptidase B, isoform C) (Dipeptidase B, isoform D (EC 3.4.14.-)) (LD41062p)	0	0	0.000779138	0	0.000943824	0.001002087	0	0	0.001899205	0	0.00024212	0.000997446
tr|Q9VFV9|Q9VFV9_DROME	FBgn0038145	DnaJ-like-2, isoform A (DnaJ-like-2, isoform B) (DnaJ-like-2, isoform C) (DnaJ-like-2, isoform D) (DnaJ-like-2, isoform E) (GM13664p)	0	0	0.000654759	0	0.000475893	0.000421059	0	0.000315597	0.000342005	0	0	0
tr|Q9VGE7|Q9VGE7_DROME	FBgn0260746	Beta-galactosidase (EC 3.2.1.23)	0	0	0.001864059	0	0.002107527	0.001065537	0	0	0.001298223	0.00023228	0	0
tr|Q9VGF7|Q9VGF7_DROME	FBgn0260743	Glutamate carrier 1, isoform A (Glutamate carrier 1,	0	0	0	0	0	0	0	0.001584866	0	0.000460942	0.000766336	0.000526171

		isoform B) (SD15982p)												
tr|Q9VGM2|Q9VGM2_DROME;tr|Q8INK2|Q8INK2_DROME;tr|Q8INK3|Q8INK3_DROME	FBgn0037913	Fatty acid binding protein, isoform B (GEO09480p1) (RH06221p) (RH49003p)	0.005024181	0.008706821	0.010148766	0.019588114	0.014015053	0.01827396	0.003555539	0.010761847	0	0.010243553	0.00473065	0.007795423
tr|Q9VGQ1|Q9VGQ1_DROME	FBgn0037891	Dihydrolipoyllysine-residue succinyltransferase component of 2-oxoglutarate dehydrogenase complex, mitochondrial (EC 2.3.1.61) (E2K)	0	0	0	0.000906857	0.000819594	0.000725157	0.0019753	0.001087055	0.003828555	0.000948477	0.000788442	0.001804496
tr|Q9VGU6|Q9VGU6_DROME	FBgn0042094	GTP:AMP phosphotransferase, mitochondrial (EC 2.7.4.10) (Adenylate kinase 3) (AK 3)	0	0	0	0	0	0	0.002139908	0.001177643	0	0.002740045	0.00227772	0.003127793
tr|Q9VGZ3|Q9VGZ3_DROME;tr|Q9VCV4|Q9VCV4_DROME	FBgn0024957	Cytoplasmic aconitate hydratase (EC 4.2.1.3) (Citrate hydro-lyase) (Iron-responsive element-binding protein 1)	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00061325	0	0	0
tr|Q9VH26|Q9VH26_DROME	FBgn0037788	Carbonic anhydrase (EC 4.2.1.1)	0.010742493	0.006515795	0.003471946	0.009772579	0.004100665	0.005581802	0.006842074	0.001673493	0	0.004380467	0.00404595	0.003055772
tr|Q9VHL2|Q9VHL2_DROME	FBgn0037632	T-complex protein 1 subunit eta (TCP-1-eta) (CCT-eta)	0	0	0	0	0	0	0	0	0.001520162	0	0	0
tr|Q9VIE8|Q9VIE8_DROME	FBgn0010100	Aconitate hydratase, mitochondrial (Aconitase) (EC 4.2.1.3)	0.000414958	0	0.000502925	0	0.000609228	0	0.001761957	0.001939295	0.004728533	0.000940041	0.002344286	0.001394988
tr|Q9VIF2|Q9VIF2_DROME	FBgn0032923	GM01519p (Phospholipase D family member 3, isoform A) (Phospholipase D family member 3, isoform B)	0.001322153	0.000572817	0.000801218	0	0	0.001030486	0	0.000514921	0.000279004	0.000599038	0.000995926	0.000512857

		(Phospholipase D family member 3, isoform C)												
tr|Q9VIH9|Q9VIH9_DROME	FBgn0032899	Protein quiver (Protein sleepless)	0	0.003849955	0.00269253	0	0.009784946	0	0	0	0	0	0	0.002297971
tr|Q9VIM0|Q9VIM0_DROME	FBgn0032864	GH14278p (Uncharacterized protein, isoform A) (Uncharacterized protein, isoform B)	0	0	0	0.000893493	0.000403758	0	0	0	0	0	0	0
tr|Q9VIQ8|Q9VIQ8_DROME	FBgn0032833	Cytochrome c oxidase subunit 4	0.016149154	0.004664368	0.010148766	0.006995755	0.005795699	0.004661725	0.010158683	0.013976424	0.000757297	0.008942785	0.010812914	0.008352239
tr|Q9VJ19|Q9VJ19_DROME	FBgn0086710	60S ribosomal protein L30	0.008826264	0.005098589	0.013074537	0.02676454	0.008638961	0.012229677	0.006246217	0.005729075	0	0.00799797	0.006648481	0.006847331
tr|Q9VJ28|Q9VJ28_DROME	FBgn0032729	FI05204p (L-2-hydroxyglutarate dehydrogenase, isoform A) (L-2-hydroxyglutarate dehydrogenase, isoform B) (L-2-hydroxyglutarate dehydrogenase, isoform C (EC 1.1.3.15, EC 1.1.99.2))	0	0	0	0	0	0	0	0.000559057	0	0	0	0.000371211
tr|Q9VJ44|Q9VJ44_DROME;tr|Q9VJ43|Q9VJ43_DROME	FBgn0032715	SD06839p (Uncharacterized protein, isoform A (EC 2.3.1.-)) (Uncharacterized protein, isoform B)	0.000802388	0	0.000648324	0	0.001413648	0	0	0.000937485	0	0.000363544	0.000604407	0.000207495
tr|Q9VJ86|Q9VJ86_DROME	FBgn0284256	Bicoid stability factor (FI21091p1)	0	0	0	0	0	0	0	9.00747E-05	0.000195224	0	8.71083E-05	0
tr|Q9VJD1|Q9VJD1_DROME	FBgn0032643	Glucosidase 2 subunit beta	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000503022	0	0	0
tr|Q9VJZ4|Q9VJZ4_DROME	FBgn0032511	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 beta subcomplex subunit 9	0	0	0	0	0.00066592	0	0.004814793	0.001766465	0	0	0.00170829	0.000586461

tr|Q9VK69|Q9VK69_DROME	FBgn0032444	T-complex protein 1 subunit delta	0	0	0	0	0	0	0	0	0.002327302	0	0	0
tr|Q9VKC8|Q9VKC8_DROME	FBgn0032397	FI03495p (Translocase of outer membrane 70, isoform A) (Translocase of outer membrane 70, isoform B) (Translocase of outer membrane 70, isoform C)	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000468007	0	0	0
tr|Q9VKM3|Q9VKM3_DROME	FBgn0010612	ATP synthase subunit	0.003298705	0.0028583	0.014659329	0.021434805	0.004843054	0.010284047	0.025678894	0.012847016	0	0.020923981	0.012423929	0.011942484
tr|Q9VKM8|Q9VKM8_DROME;tr|Q9VKM7|Q9VKM7_DROME	FBgn0053129	RH51633p (Uncharacterized protein, isoform A) (Uncharacterized protein, isoform B) (Uncharacterized protein, isoform C) (Uncharacterized protein, isoform G) (Uncharacterized protein, isoform H)	0.00964558	0.005969866	0.003896784	0	0.004450705	0.00357989	0.003900591	0.004829828	0	0.001248628	0.001556923	0.002137985
tr|Q9VKR4|Q9VKR4_DROME	FBgn0032287	Aminomethyl transferase (EC 2.1.2.10) (Glycine cleavage system T protein)	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00170158	0	0.000303696	0.00020852
tr|Q9VKX2|Q9VKX2_DROME	FBgn0262782	Malate dehydrogenase (EC 1.1.1.37)	0	0	0	0	0.000284547	0	0	0	0.00163594	0	0	0
tr|Q9VL01|Q9VL01_DROME	FBgn0032213	FI06461p (Uncharacterized protein, isoform A) (Uncharacterized protein, isoform B)	0.000804364	0	0	0	0.000472377	0	0.001138473	0.000626529	0	0	0	0
tr|Q9VL68|Q9VL68_DROME	FBgn0032160	RH73277p (SD13345p) (Uncharacterized protein, isoform A (EC 4.2.1.17, EC 5.3.3.8)) (Uncharacteri	0	0	0	0	0.000341254	0	0	0.000905235	0	0	0.000875423	0.001202141

		zed protein, isoform B)												
tr|Q9VL69|Q9VL69_DROME	FBgn0025700	Translocon-associated protein subunit gamma (Signal sequence receptor subunit gamma)	0	0	0.001388779	0	0.001514092	0	0	0.002008192	0.005803284	0	0	0
tr|Q9VL70|Q9VL70_DROME	FBgn0040064	HL08109p (Yippee interacting protein 2 (EC 2.3.1.16, EC 2.3.1.9))	0	0.000710984	0	0	0.000722808	0.001279046	0	0.000319561	0.00935014	0.001858825	0.002781337	0.001909683
tr|Q9VL89|Q9VL89_DROME	FBgn0283478	Methionine aminopeptidase 2 (MAP 2) (MetAP 2) (EC 3.4.11.18) (Peptidase M)	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000615304	0	0	0
tr|Q9VLB7|Q9VLB7_DROME	FBgn0004868	Rab GDP dissociation inhibitor	0	0	0	0	0.000216462	0	0	0	0.000622248	0	0.000277645	0.000190633
tr|Q9VLC4|Q9VLC4_DROME	FBgn0032115	IP07252p (Uncharacterized protein, isoform A) (Uncharacterized protein, isoform B)	0	0	0	0	0	0	0	0.000672939	0	0	0.000650777	0
tr|Q9VLC5|Q9VLC5_DROME	FBgn0012036	Aldehyde dehydrogenase (Aldehyde dehydrogenase, isoform A (EC 1.2.1.10, EC 1.2.1.3)) (Aldehyde dehydrogenase, isoform B)	0.003768136	0.000544176	0.003805787	0.004080857	0.004979032	0.002610566	0.007999963	0.006603861	0.007951615	0.006259949	0.007805572	0.005034544
tr|Q9VLT3|Q9VLT3_DROME	FBgn0267488	LD23292p (Macroglobulin complement-related)	0	0	0.000149925	0	0	9.64129E-05	0	0	0	0	0	0
tr|Q9VMI3|Q9VMI3_DROME;tr|A1ZAW7|A1ZAW7_DROME	FBgn0031771	NADH dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein 1, mitochondrial (EC 7.1.1.2)	0	0	0	0	0	0	0.000487574	0	0.000581553	0	0	0.000178165
tr|Q9VN21|Q9VN21_DROME	FBgn0263594	LD30155p (Lost)	0	0	0	0	0	0	0	0	0.001517372	0	0	0

tr|Q9VNW6|Q9VNW6_DROME	FBgn0037146	Delta-1-pyrroline-5-carboxylate synthase [Includes: Glutamate 5-kinase (GK) (EC 2.7.2.11) (Gamma-glutamyl kinase); Gamma-glutamyl phosphate reductase (GPR) (EC 1.2.1.41) (Glutamate-5-semialdehyde dehydrogenase) (Glutamyl-gamma-semialdehyde dehydrogenase)]	0	0	0.000170018	0	0.000494291	0	0.000595644	0.001802887	0.001243294	0.00057202	0.001268009	0.002720697
tr|Q9VNX4|Q9VNX4_DROME	FBgn0037138	Multifunctional fusion protein [Includes: L-glutamate gamma-semialdehyde dehydrogenase (EC 1.2.1.88) (L-glutamate gamma-semialdehyde dehydrogenase); Delta-1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase (P5C dehydrogenase)]	0.00056894	0	0.00022985	0	0.0008353	0	0.002013154	0.001107887	0.005042487	0	0.001714242	0.001177009
tr|Q9VPE2|Q9VPE2_DROME	FBgn0037001	NADH dehydrogenase (Ubiquinone) 39 kDa subunit, isoform A (NADH dehydrogenase (Ubiquinone) 39 kDa	0	0	0	0	0	0	0	0	0.001325269	0	0	0

		subunit, isoform B (EC 1.6.99.3)) (TB01457p1)												
tr|Q9VPR1|Q9VPR1_DROME	FBgn0031263	GH02075p (Translocator protein)	0	0	0.00213947	0	0	0	0	0.001374978	0	0.001599594	0.000664848	0.000912978
tr|Q9VQ29|Q9VQ29_DROME	FBgn0021906	Cytochrome b-c1 complex subunit Rieske, mitochondrial (EC 7.1.1.8)	0	0	0	0	0	0.000737769	0	0.00055298	0.001198504	0	0.000534769	0.000367176
tr|Q9VRL0|Q9VRL0_DROME	FBgn0035600	Cytochrome c1, isoform A (Cytochrome c1, isoform B) (GM14501p)	0	0	0.000429752	0	0	0.000552726	0	0.00082857	0	0.000481962	0.000400641	0.001100331
tr|Q9VS02|Q9VS02_DROME	FBgn0035726	Serine protease K12H4.7	0.001285716	0.002228123	0.00103885	0	0.001321353	0.001002087	0.000454941	0.00050073	0.000271315	0	0	0.000332482
tr|Q9VSL4|Q9VSL4_DROME	FBgn0035906	Glutathione S transferase O2, isoform B (EC 1.8.5.1, EC 2.5.1.18, EC 2.8.-.-) (Glutathione S-transferase omega class)	0	0	0	0	0	0	0	0	0.001102624	0	0	0
tr|Q9VSM7|Q9VSM7_DROME	FBgn0052351	Cytosol aminopeptidase (EC 3.4.13.23) (Cysteinylglycine-S-conjugate dipeptidase) (Leucine aminopeptidase 3) (Leucyl aminopeptidase) (Proline aminopeptidase) (Prolyl aminopeptidase)	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000749065	0	0	0
tr|Q9VST4|Q9VST4_DROME	FBgn0035957	arginine kinase (EC 2.7.3.3)	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00106568	0	0	0
tr|Q9VTY2|Q9VTY2_DROME	FBgn0036290	Uncharacterized protein, isoform A (EC 1.-.-.-, EC 1.1.1.2, EC 1.1.1.21) (Uncharacterized protein, isoform D)	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000869577	0	0	0
tr|Q9VTZ5|Q9VTZ5_DROME	FBgn0036299	LD22449p (Transferrin 2)	0	0	0	0	0	0	0	0	0.001009729	0	0	0

tr|Q9VU28|Q9VU28_DROME	FBgn0036327	Malate dehydrogenase (EC 1.1.1.37)	0	0	0	0	0	0	0	0	0.002764458	0	0	0
tr|Q9VU35|Q9VU35_DROME	FBgn0036334	RH34413p	0	0	0.001280912	0.004120477	0.006516964	0.003294889	0	0.007408862	0	0.011492228	0.010747301	0.006559256
tr|Q9VUS6|Q9VUS6_DROME	FBgn0004590	Ecdysone-induced gene 71Ec	0	0.001635674	0	0	0.000554292	0.001961697	0	0	0	0	0	0
tr|Q9VUZ0|Q9VUZ0_DROME	FBgn0011016	Translocon-associated protein subunit beta (TRAP-beta) (Signal sequence receptor subunit beta)	0	0.001489325	0.004166336	0.004467465	0.004542275	0.003572353	0.004865475	0.004016383	0.002176231	0.004672498	0.002589408	0.002666855
tr|Q9VV75|Q9VV75_DROME	FBgn0250814	AT02348p (Ubiquinol-cytochrome c reductase core protein 2, isoform A) (Ubiquinol-cytochrome c reductase core protein 2, isoform B)	0.00519546	0.003858705	0.001799099	0.003858265	0.002615249	0.003470866	0.008404002	0.005781157	0.011903326	0.003699061	0.004752153	0.005374118
tr|Q9VVK5|Q9VVK5_DROME	FBgn0036752	adenosine deaminase (EC 3.5.4.4)	0	0.000511703	0	0	0.000346808	0.000306848	0	0	0	0	0	0.000305426
tr|Q9VVL7|Q9VVL7_DROME	FBgn0036762	Dihydrolipoyl dehydrogenase (EC 1.8.1.4)	0	0.001122903	0.000261774	0	0.000570789	0.00033668	0	0	0.000820405	0.000880729	0.000976166	0.000670241
tr|Q9VVU1|Q9VVU1_DROME	FBgn0036824	FI09602p	0.003944104	0.000683506	0.001274724	0.002050286	0.006253857	0.004918457	0.01228121	0.007065859	0.001664589	0.012866299	0.013072134	0.010199326
tr|Q9VVU2|Q9VVU2_DROME	FBgn0036825	GEO07453p1 (RE17611p) (Ribosomal protein L26, isoform A) (Ribosomal protein L26, isoform B) (Ribosomal protein L26, isoform C)	0	0.011394832	0	0	0.002574295	0.002277675	0	0	0.00092502	0	0	0.001700344
tr|Q9VW68|Q9VW68_DROME	FBgn0036927	(S)-3-amino-2-methylpropionate transaminase (EC 2.6.1.19) (EC 2.6.1.22) (GABA aminotransferase) (Gamma-amino-N-	0	0	0	0	0	0	0	0	0.002268773	0	0.00025308	0

		butyrate transaminase) (L-AIBAT)												
tr|Q9VWV6|Q9VWV6_DROME	FBgn0022355	Transferrin	0	0	0.00041165	0	0.000448795	0	0	0	0.000860081	0	0	0
tr|Q9VY87|Q9VY87_DROME	FBgn0030521	Cathepsin B1, isoform A (Cathepsin B1, isoform C (EC 3.4.-.-, EC 3.4.22.-)) (GH06546p)	0.000960505	0	0.000776082	0	0.00169222	0	0	0.000374075	0	0	0	0
tr|Q9VZ58|Q9VZ58_DROME	FBgn0030245	Purple acid phosphatase (EC 3.1.3.2)	0.000725715	0	0.000586373	0	0.000639283	0.000377082	0.000513578	0	0	0	0	0.000187668
tr|Q9VZF6|Q9VZF6_DROME	FBgn0035515	GH04863p (Uncharacterized protein, isoform A) (Uncharacterized protein, isoform B)	0	0	0	0	0	0	0	0.000278305	0.000301593	0	0	0
tr|Q9VZU4|Q9VZU4_DROME	FBgn0266582	NADH dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfur protein 3, mitochondrial (EC 7.1.1.2) (NADH dehydrogenase (Ubiquinone) 30 kDa subunit)	0	0	0.000497864	0	0	0	0.00261634	0.00095989	0.003640739	0	0	0.000956042
tr|Q9W022|Q9W022_DROME	FBgn0035334	GEO01508p1 (RE49388p)	0	0	0.000929112	0	0.001350598	0	0.003255071	0.000895672	0	0.002083978	0.001732351	0.001189443
tr|Q9W0A8|Q9W0A8_DROME	FBgn0026372	FI01658p (Ribosomal protein L23A, isoform A) (Ribosomal protein L23A, isoform B) (Rpl23A)	0	0.002043117	0	0	0	0.000612588	0.000834332	0	0	0	0	0.00060975
tr|Q9W0L3|Q9W0L3_DROME	FBgn0035176	DUF2059 domain-containing protein	0	0	0	0	0.002417457	0	0	0	0	0	0	0.000709667
tr|Q9W1B9|Q9W1B9_DROME	FBgn0034968	60S ribosomal protein L12	0.009896114	0.006859919	0.006396798	0	0.003486999	0.011312452	0.007003335	0.005395747	0	0.002690226	0.002981743	0.004094566
tr|Q9W1H8|Q9W1H8_DROME	FBgn0025352	GH13256p (Mitochondrial trifunctional protein beta subunit (EC 1.1.1.211, EC 2.3.1.16))	0.006963151	0.004223458	0.0030944	0.000904924	0.003475846	0.003256249	0.006406035	0.004610134	0.008816289	0.003154849	0.006031831	0.003241168

tr|Q9W227|Q9W227_DROME	FBgn0034753	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase (PPIase) (EC 5.2.1.8)	0	0.011042797	0.00064358	0	0.000935536	0.002483221	0	0.001240834	0.001344663	0	0.00119997	0.000823907
tr|Q9W229|Q9W229_DROME	FBgn0261596	40S ribosomal protein S24	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00526061	0	0	0
tr|Q9W2M4|Q9W2M4_DROME	FBgn0034583	Methyltransf_FA domain-containing protein	0	0	0.000891446	0	0.001295844	0.000573266	0	0.000429681	0	0.002499366	0	0.001141222
tr|Q9W2X6|Q9W2X6_DROME	FBgn0028342	ATP synthase, delta subunit, isoform A (ATP synthase, delta subunit, isoform B) (ATP synthase, delta subunit, isoform C) (RE24457p)	0	0.001802367	0.001680687	0	0.00366468	0.001080807	0.011776308	0.008100985	0	0.005654615	0.006267358	0.006454809
tr|Q9W335|Q9W335_DROME	FBgn0028327	Translocon-associated protein subunit alpha (Signal sequence receptor subunit alpha)	0	0	0	0	0	0	0.00153053	0	0.011409601	0	0	0
tr|Q9W392|Q9W392_DROME	FBgn0030086	T-complex protein 1 subunit beta (CCT-beta)	0	0.001057838	0.000739817	0	0.000358477	0.000634343	0	0.00071319	0.000772867	0.000276565	0.000689702	0.000315703
tr|Q9W3C4|Q9W3C4_DROME	FBgn0041629	beta-N-acetylhexosaminidase (EC 3.2.1.52)	0	0	0.000424225	0.00068233	0.000925008	0.000818425	0	0.000204478	0	0	0.000197744	0.000135772
tr|Q9W3N9|Q9W3N9_DROME	FBgn0029969	LD24105p (Uncharacterized protein, isoform A) (Uncharacterized protein, isoform B (EC 2.3.1.16, EC 2.3.1.9))	0.000796517	0	0	0	0.000701652	0.00041387	0.002818415	0.003722501	0.002689327	0.002526188	0.002399939	0.002883673
tr|Q9W3U0|Q9W3U0_DROME	FBgn0029924	Acyl-coenzyme A oxidase	0.000482381	0.000835958	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
tr|Q9W402|Q9W402_DROME	FBgn0029868	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha subcomplex subunit 13	0	0	0.001713428	0	0	0	0	0.001651759	0	0	0	0.001096759

tr|Q9W414|Q9W414_DROME	FBgn0028685	Regulatory particle triple-A ATPase 4 (EC 3.6.1.3)	0	0	0	0	0	0	0	0	0.001041521	0	0	0
tr|Q9W4B7|Q9W4B7_DROME	FBgn0029770	LP05252p (Uncharacterized protein, isoform A) (Uncharacterized protein, isoform B)	0.007177402	0.001554789	0	0	0.001580645	0.00186469	0.001269835	0	0	0	0	0.000464013
tr|Q9W4U2|Q9W4U2_DROME	FBgn0029648	RH09070p (Uncharacterized protein, isoform A) (Uncharacterized protein, isoform B (EC 1.1.1.-, EC 1.1.1.35, EC 1.1.1.62))	0	0	0	0	0	0	0.000928153	0	0	0	0.002963781	0.00203495
tr|Q9W5W8|Q9W5W8_DROME	FBgn0031092	RE22677p	0	0	0	0	0.000614695	0	0.001481475	0.000407646	0.008835127	0.000474239	0.000394221	0.000541349
tr|Q9Y125|Q9Y125_DROME;tr|Q8IMH4|Q8IMH4_DROME	FBgn0000416	BcDNA.GH08312 (Saposin-related protein) (Saposin-related, isoform A)	0	0	0	0	0.000100622	0	0	0	0	0	0	0.000177231
tr|Q9Y171|Q9Y171_DROME	FBgn0027615	BcDNA.GH02220 (OXA1L mitochondrial inner membrane protein, isoform A) (OXA1L mitochondrial inner membrane protein, isoform B)	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00062507	0	0	0
tr|X2JB48|X2JB48_DROME;sp|Q26365|ADT_DROME;tr|O62526|O62526_DROME	FBgn0003360	ADP/ATP translocase (ADP,ATP carrier protein)	0.00655328	0.01324951	0.012796271	0.014194285	0.013790556	0.011350286	0.018550639	0.021693841	0.021665269	0.020784021	0.022213486	0.016946573

APÊNDICE B - Tabela suplementar 2

DIETA - LN			
Uniprot IDs	**Flybase IDs**	**Protein names**	***p-value***
A0A023GQA5	FBgn0002031	Prohibitin	0.030494
A0A0B4KEH0	FBgn0004907	14-3-3zeta, isoform K (14-3-3zeta, isoform L)	0.028813
A0A0B4KFZ9	FBgn0013981	Histone H4	0.04534
A0A0B4KG68	FBgn0003721	Tropomyosin 1, isoform R	0.034353
A0A0B4KI71	FBgn0002645	Microtubule-associated protein205, isoform C	0.000335
A0A0B4LEY6	FBgn0086904	Nascent polypeptide associatedcomplex protein alpha subunit, isoform D	0.010033
A0A0B4LFB3	FBgn0033902	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit M (eIF3m) (Transport and Golgi organizationprotein 7) (Tango-7)	0.04423
A0A0B4LGB7	FBgn0263006	Calcium-transporting ATPase (EC7.2.2.10)	0.044922
A0A0B4LGS4	FBgn0015324	Vacuolar H[+]-ATPase 26kDsubunit, isoform C	0.026098
B5RJQ0	FBgn0001258	L-lactate dehydrogenase (EC1.1.1.27)	0.049492
E1JJM9	FBgn0010198	GEO07866p1 (Ribosomal proteinS15Aa, isoform F)	0.04772
G3JX29	FBgn0265991	Z band alternatively spliced PDZ-motif protein 52, isoform T (Z- band PDZ-motif protein 52 isoform 6)	0.037532
H9XVL5	FBgn0025740	Plexin B, isoform B	0.042064
M9NCR7	FBgn0031717	Glucosamine-6-phosphate isomerase (EC 3.5.99.6) (Glucosamine-6-phosphate deaminase)	0.017264
M9ND95	FBgn0264695	Myosin heavy chain, isoform U	0.00956
M9PD73	FBgn0041180	Thioester-containing protein 4,isoform B	0.016832
M9PDK5	FBgn0027779	V-type proton ATPase subunit H	0.032874
M9PE30	FBgn0035499	Transgelin	0.046783
M9PET0	FBgn0001128	Glycerol-3-phosphate dehydrogenase [NAD(+)] (EC1.1.1.8)	0.002856
M9PGA7	FBgn0000667	Alpha actinin, isoform G (Alpha actinin, isoform H) (Alpha actinin,isoform J)	0.0142
M9PH39	FBgn0261617	histone acetyltransferase (EC2.3.1.48)	7.84E-10

M9PIM0	FBgn0024733	Ribosomal protein L10, isoform E	0.004546
O16797	FBgn0020910	60S ribosomal protein L3	0.036109
O18404	FBGN0021765	3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase type-2 (EC 1.1.1.35) (17-beta-hydroxysteroid dehydrogenase 10) (17-beta-HSD 10) (EC 1.1.1.51, EC 1.1.1.62) (3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase type II) (Hydroxysteroid dehydrogenase) (EC 1.1.1.-, EC 1.1.1.53) (Mitochondrial ribonuclease P protein 2) (Mitochondrial RNase P protein 2) (Scully protein) (TypeII HADH)	0.005459
P00408	FBgn0013675	Cytochrome c oxidase subunit 2(EC 7.1.1.9) (Cytochrome c oxidase polypeptide II)	0.012651
P07486	FBgn0001091	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 1 (EC 1.2.1.12)(Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase I) (GAPDH I)	0.046589
P11997	FBgn0002564	Larval serum protein 1 gammachain (Hexamerin-1-gamma)	0.032989
P21187	FBgn0265297	Polyadenylate-binding protein (PABP) (Poly(A)-binding protein)	0.019317
P23779	FBgn0004629	Cystatin-like protein	0.015299
P29681	FBgn0001254	20-hydroxyecdysone protein (20-HE)	0.003892
P29746	FBgn0001090	Protein bangles and beads	0.003003
P41094	FBgn0010411	40S ribosomal protein S18	0.017705
P53501	FBgn0000044	Actin-57B (EC 3.6.4.-)	0.039737
P80455	FBgn0260441	40S ribosomal protein S12	0.038189
P91938	FBgn0020653	Thioredoxin reductase 1, mitochondrial (EC 1.8.1.9)	0.014301
P98159	FBgn0002926	Serine protease nudel (EC3.4.21.-)	0.018862
Q0E924	FBgn0010551	Prohibitin	0.002213
Q0KHS6	FBgn0030608	Lipid storage droplet-2, isoform D	3.24E-10
Q6NP72	FBgn0033608	GEO09659p1 (RE35907p) (Uncharacterized protein, isoformA) (Uncharacterized protein, isoform B)	0.013778
Q7JR58	FBgn0033879	Enoyl-CoA hydratase, short chain1, isoform A (EC 4.2.1.17) (Enoyl-CoA hydratase, short chain 1, isoform B) (LD24265p)	0.006874
Q7JX87	FBgn0033518	Peroxiredoxin 2540-2 (EC 1.11.1.15, EC 1.11.1.7) (RE05093p) (RH69586p)	0.023162
Q7JXZ2	FBgn0000566	cystathionine gamma-lyase (EC4.4.1.1) (Gamma-cystathionase)	0.011966

Q7K127	FBgn0034117	Alpha-galactosidase (EC 3.2.1.-)	0.005434
Q7K2W6	FBgn0283437	GH04080p (Prophenoloxidase 1 (EC 1.10.3.1, EC 1.14.18.1))	0.003335
Q7K569	FBgn0022160	Glycerol-3-phosphate dehydrogenase (EC 1.1.5.3)	0.002821
Q7KN62	FBgn0261014	Transitional endoplasmic reticulum ATPase TER94 (EC3.6.4.6) (Valosin-containing protein homolog)	0.01303
Q7KUA4	FBgn0029113	SUMO-activating enzyme subunit	0.004061
Q7KV27	FBgn0030478	alanine transaminase (EC2.6.1.2)	0.015869
Q8IMU2	FBgn0039265	RE10237p (Uncharacterizedprotein, isoform B)	0.022468
Q8IPG9	FBgn0261822	Basigin, isoform A (Basigin, isoform B) (Basigin, isoform C)(Basigin, isoform D) (Basigin, isoform E) (Basigin, isoform F)(Basigin, isoform H) (Basigin, isoform I) (LD05560p) (LD19437p)	0.023504
Q8IQZ1	FBgn0030882	Glutathione synthetase (GSH-S)(EC 6.3.2.3)	0.006592
Q8IRN0	FBgn0030073	FI06485p	0.038907
Q94522	FBgn0004888	Succinate--CoA ligase [ADP/GDP-forming] subunit alpha, mitochondrial (EC 6.2.1.4)(EC 6.2.1.5) (Succinyl-CoA synthetase subunit alpha) (SCS-alpha) (Succinyl-coenzyme A synthetase alpha subunit 1)	0.007598
Q94523	FBgn0261439	Succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit,mitochondrial (EC 1.3.5.1) (Flavoprotein subunit of complexII) (FP) (Succinyl coenzyme A synthetase flavoprotein subunit)	0.038765
Q94915	FBgn0016715	Rhythmically expressed gene 2protein (dREG-2)	0.016641
Q95029	FBgn0013770	Cathepsin L (EC 3.4.22.15) (Cysteine proteinase 1) [Cleavedinto: Cathepsin L heavy chain; Cathepsin L light chain]	0.014247
Q960M4	FBgn0038570	Peroxiredoxin-5 (EC 1.11.1.24)	0.013052
Q9I7J0	FBgn0038774	GH21596p (RE39031p)	0.002237
Q9U915	FBgn0283494	Adenylate kinase (EC 2.7.4.3) (ATP-AMP transphosphorylase)(ATP:AMP phosphotransferase)(Adenylate kinase cytosolic andmitochondrial) (Adenylate monophosphate kinase)	0.009445
Q9V3W0	FBgn0086691	RutC family protein UK114	0.011464
Q9V9W2	FBgn0039857	60S ribosomal protein L6	0.017772

Q9VC18	FBgn0039241	Bifunctional purine biosynthesisprotein ATIC (EC 2.1.2.3) (EC 3.5.4.10) (AICAR	0.024526
		transformylase/inosine monophosphate cyclohydrolase)	
Q9VDH8	FBgn0038834	Ribosomal protein S30, isoform A(Ribosomal protein S30, isoform B) (Ribosomal protein S30, isoform C)	0.043544
Q9VFN5	FBgn0038200	AT30951p	0.026744
Q9VFR3	FBgn0038180	Chitinase 5 (EC 3.2.1.14)(LP08894p)	0.041574
Q9VGF1	FBgn0037975	GH17980p	0.009912
Q9VGK3	FBgn0037930	peptidylprolyl isomerase (EC5.2.1.8)	2.79E-05
Q9VGM2	FBgn0037913	Fatty acid binding protein, isoform B (GEO09480p1)(RH06221p) (RH49003p)	0.02026
Q9VGU6	FBgn0042094	GTP:AMP phosphotransferase,mitochondrial (EC 2.7.4.10) (Adenylate kinase 3) (AK 3)	0.040773
Q9VGZ3	FBgn0024957	Cytoplasmic aconitate hydratase (EC 4.2.1.3) (Citrate hydro-lyase)(Iron-responsive element-bindingprotein 1)	0.029121
Q9VJ44	FBgn0032715	SD06839p (Uncharacterized protein, isoform A (EC 2.3.1.-)) (Uncharacterized protein, isoformB)	0.020951
Q9VLL3	FBgn0027932	A-kinase anchor protein 200	0.013032
Q9VNW6	FBgn0037146	Delta-1-pyrroline-5-carboxylate synthase [Includes: Glutamate 5-kinase (GK) (EC 2.7.2.11) (Gamma-glutamyl kinase); Gamma-glutamyl phosphate reductase (GPR) (EC 1.2.1.41)(Glutamate-5-semialdehyde dehydrogenase) (Glutamyl- gamma-semialdehyde dehydrogenase)]	0.011859
Q9VQ61	FBgn0001125	Aspartate aminotransferase (EC2.6.1.1)	0.010466
Q9VQL1	FBgn0031497	serine--tRNA ligase (EC 6.1.1.11)(Seryl-tRNA synthetase)	0.048538
Q9VQL7	FBgn0283427	Fatty acid synthase 1, isoform A (EC 1.-.-.-, EC 2.3.1.85, EC 3.1.- .-)	0.024785
Q9VRD4	FBgn0031143	Uncharacterized protein, isoformA (Uncharacterized protein, isoform B)	0.035041
Q9VTY2	FBgn0036290	Uncharacterized protein, isoformA (EC 1.-.-.-, EC 1.1.1.2, EC 1.1.1.21) (Uncharacterizedprotein, isoform D)	0.019609
Q9VU35	FBgn0036334	RH34413p	0.006386

Q9VUZ0	FBgn0011016	Translocon-associated protein subunit beta (TRAP-beta) (Signalsequence receptor subunit beta)	0.025548
Q9VVU1	FBgn0036824	FI09602p	0.000909
Q9VXG4	FBgn0030749	Annexin B11	0.026314
Q9VXM4	FBgn0030703	LD12946p (Membrane steroid binding protein, isoform A) (Membrane steroid binding protein, isoform B) (Membranesteroid binding protein, isoform C) (Steroid membrane bindingprotein)	0.000215
Q9VYG8	FBgn0030451	CG15717-PA (RE15818p) (RE20610p) (Uncharacterized protein, isoform A (EC 1.-.-.-)) (Uncharacterized protein, isoformC) (Uncharacterized protein, isoform E)	0.006879
Q9VYR1	FBgn0030362	Regucalcin homologue (Regucalcin, isoform A (EC 3.1.1.17)) (Regucalcin, isoform B)(Regucalcin, isoform C) (SD03837p)	0.01224
Q9VYV3	FBgn0030329	Thioredoxin domain-containingprotein 5 homolog (Protein pretaporter)	0.020523
Q9VZ64	FBgn0030239	Probable 6- phosphogluconolactonase (6PGL) (EC 3.1.1.31)	0.011993
Q9VZF6	FBgn0035515	GH04863p (Uncharacterized protein, isoform A) (Uncharacterized protein, isoformB)	0.040018
Q9VZU4	FBgn0266582	NADH dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfur protein 3,mitochondrial (EC 7.1.1.2) (NADH dehydrogenase (Ubiquinone) 30 kDa subunit)	0.029175
Q9W0S7	FBgn0035121	Staphylococcal nuclease domain-containing protein 1 (EC 3.1.31.1)(Tudor staphylococcal nuclease)	0.032759
Q9W1G0	FBgn0023477	Probable transaldolase (EC2.2.1.2)	0.02402
Q9W1H8	FBgn0025352	GH13256p (Mitochondrial trifunctional protein beta subunit(EC 1.1.1.211, EC 2.3.1.16))	0.043645
Q9W332	FBgn0052702	Cubilin homolog	0.03179
Q9W335	FBgn0028327	Translocon-associated protein subunit alpha (Signal sequencereceptor subunit alpha)	0.000868
Q9W374	FBgn0086450	Dihydropyrimidine dehydrogenase [NADP(+)] (DHPDHase) (DPD) (EC 1.3.1.2) (Dihydrothymine dehydrogenase)(Dihydrouracil dehydrogenase)	0.045414

Q9W392	FBgn0030086	T-complex protein 1 subunit beta(CCT-beta)	0.017317
Q9W3C4	FBgn0041629	beta-N-acetylhexosaminidase(EC 3.2.1.52)	0.002683
Q9W5W8	FBgn0031092	RE22677p	0.031669
Q9Y125	FBgn0000416	BcDNA.GH08312 (Saposin- related protein) (Saposin-related,isoform A)	0.008173
R9Q794	FBgn0064225	60S ribosomal protein L5	0.030768
X2J6D4	FBgn0000409	Cytochrome c proximal, isoformB (GEO08274p1)	0.03537
X2JAC7	FBgn0267911	Terribly reduced optic lobes,isoform AX	0.004894
X2JCP8	FBgn0000042	Actin 5C, isoform E	0.048629
X2JF40	FBgn0014455	Adenosylhomocysteinase,isoform C (EC 3.3.1.1)	0.013338
X2JGM9	FBgn0011284	40S ribosomal protein S4	0.027201
X2JGP4	FBgn0014002	Protein disulfide-isomerase (EC5.3.4.1)	0.048609

LINHAGEM - AOX				
Uniprot IDs	**Flybase IDs**	**Protein names**	**Aparece na Figura6 como**	***p-value***
AOX	AOX	AOX	.	1.8E-07
A0A023GQA5	FBgn0002031	Prohibitin	.	0.005583
A0A0B4JCU8	FBgn0034390	3-hydroxyisobutyrate dehydrogenase (HIBADH)(EC 1.1.1.31)	β-Hbdh	0.005089
A0A0B4JCW4	FBgn0037643	Succinate--CoA ligase [ADP-forming] subunit beta, mitochondrial (EC 6.2.1.5) (ATP-specific succinyl-CoA synthetase subunit beta) (A-SCS) (Succinyl-CoA synthetase beta-A chain) (SCS- betaA)	SCS-α	0.012568
A0A0B4KEH0	FBgn0004907	14-3-3zeta, isoform K (14-3-3zeta, isoform L)	.	0.026381
A0A0B4KI24	FBgn0016685	Nucleoplasmin, isoform B	.	0.044334
A0A0B4LFD9	FBgn0033912	40S ribosomal proteinS23	.	0.032929
A0A0B4LFJ1	FBgn0013763	Imaginal disc growthfactor 6, isoform B	.	0.047069
A0A0B4LG52	FBgn0034743	GEO08239p1 (Ribosomal protein S16, isoform B)	.	0.034462

A0A0B4LHL7	FBgn0016120	ATP synthase subunit d, mitochondrial	.	0.032504
A0A0C4DHE7	FBgn0001098	Glutamate dehydrogenase	.	0.018171
A4V364	FBgn0038826	Syncrip, isoform F	.	0.019879
E1JHA4	FBgn0004838	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein at 27C, isoform D (Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein at 27C, isoform E) (Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein at 27C, isoform F) (Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein at 27C, isoform G) (Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein at 27C, isoform H)	.	0.046274
F3YDH0	FBgn0001218	Heat shock 70-kDa protein cognate 3, isoformE (EC 3.6.1.3) (LD03228p1)	.	0.021098
L0MLQ9	FBgn0052016	Eukaryotic translation initiation factor 4E transporter (4E-T) (Dm4E-T) (eIF4E transporter)	.	1.82E-06
L0MPS3	FBgn0087002	Apolipophorin, isoform B (Apolipophorin, isoform C) (Apolipophorin, isoform D)	.	0.044704
M9PBL3	FBgn0001233	Heat shock protein 83(HSP 82)	.	0.000906
M9PCA6	FBgn0001089	Beta-galactosidase (EC 3.2.1.23) (Acid beta-galactosidase)	.	0.024618
M9PD75	FBgn0004363	Porin, isoform D (Porin, isoform E)	.	0.003575
M9PFF0	FBgn0011272	60S ribosomal protein L13	.	0.049296
M9PGL7	FBgn0016041	Translocase of outer membrane 40, isoform C	.	0.004381
M9PGX7	FBgn0035298	Succinyl-CoA:3-ketoacid-coenzyme A transferase (EC 2.8.3.5)	SCOT	0.046783
M9PH39	FBgn0261617	histone acetyltransferase(EC 2.3.1.48)	.	7.84E-10
M9PIM0	FBgn0024733	Ribosomal protein L10, isoform E	.	0.039969
M9PJN8	FBgn0001092	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (EC 1.2.1.12)	.	0.023108
O01666	FBgn0020235	ATP synthase subunit gamma, mitochondrial (F-ATPase gamma subunit)	ATP synthase	0.000243
O02649	FBgn0015245	Heat shock protein 60A	.	0.011141

O18404	FBgn0021765	3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase type-2 (EC 1.1.1.35) (17-beta-hydroxysteroid dehydrogenase 10) (17-beta-HSD 10) (EC 1.1.1.51, EC 1.1.1.62) (3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase type II)	β-Had	0.000601
		(Hydroxysteroid dehydrogenase) (EC1.1.1.-, EC 1.1.1.53) (Mitochondrial ribonuclease P protein 2)(Mitochondrial RNase P protein 2) (Scully protein) (Type II HADH)		
O77134	FBgn0038224	ATP synthase subunit e, mitochondrial	ATP synthase	0.008977
P07701	FBgn0003375	Salivary glue protein Sgs-5	.	0.030718
P08120	FBgn0000299	Collagen alpha-1(IV) chain (Collagen type IValpha 1)	.	0.024138
P11995	FBgn0002562	Larval serum protein 1 alpha chain (Hexamerin-1-alpha)	.	0.018801
P17336	FBgn0000261	Catalase (EC 1.11.1.6)	.	0.048349
P18053	FBgn0261394	Proteasome subunit alphatype-4 (PROS-Dm29) (Proteasome 29 kDa subunit)	.	0.021112
P20007	FBgn0003067	Phosphoenolpyruvate carboxykinase [GTP] (EC 4.1.1.32) (Phosphoenolpyruvate carboxykinase 1)	.	0.025305
P21187	FBgn0265297	Polyadenylate-binding protein (PABP) (Poly(A)-binding protein)	.	0.01628
P23779	FBgn0004629	Cystatin-like protein	.	0.043162
P35381	FBgn0011211	ATP synthase subunitalpha, mitochondrial (Protein bellwether)	ATP synthase	0.004237
P61851	FBgn0003462	Superoxide dismutase[Cu-Zn] (EC 1.15.1.1) (Superoxide dismutase 1)	.	0.041794
Q0E924	FBgn0010551	Prohibitin	.	1.74E-05
Q0KHS6	FBgn0030608	Lipid storage droplet-2, isoform D	.	3.24E-10
Q24439	FBgn0016691	ATP synthase subunit O, mitochondrial (Oligomycin sensitivity conferral protein) (OSCP)	.	0.011413

Q27241	FBgn0004591	Ecdysone-induced gene71Ed (GEO09060p1) (L71-4) (L71-4 protein) (LP04160p)	.	0.013759
Q2QBM1	FBgn0002719	Malic enzyme	ME	0.040967
Q7JR58	FBgn0033879	Enoyl-CoA hydratase, short chain 1, isoform A (EC 4.2.1.17) (Enoyl-CoA hydratase, short chain 1, isoform B) (LD24265p)	ECH	0.010531
Q7JWF1	FBgn0033465	Electron transfer flavoprotein-ubiquinone oxidoreductase (ETF-QO)(EC 1.5.5.1)	ETF:QO	0.00821
Q7JX87	FBgn0033518	Peroxiredoxin 2540-2 (EC 1.11.1.15, EC 1.11.1.7) (RE05093p) (RH69586p)	.	0.007205
Q7JXC4	FBgn0034259	CG6459 protein (CG6459-PA) (LD29590p) (P32)	.	0.040036
Q7K0B6	FBgn0050000	Glutathione S transferaseT1 (EC 1.11.1.9, EC 2.5.1.18) (RE63575p)	.	0.020081
Q7K127	FBgn0034117	Alpha-galactosidase (EC3.2.1.-)	.	0.005434
Q7KMQ0	FBgn0028687	26S proteasome regulatory subunit 7 (Proteasome 26S subunitATPase 2)	.	0.030269
Q7KN94	FBgn0010516	Electron transfer flavoprotein subunit alpha(Alpha-ETF)	.	0.015357
Q7KN97	FBgn0027580	Pyruvate carboxylase (EC 6.4.1.1)	PC	0.004444
Q8IN49	FBgn0051195	MIP05539p	.	0.037565
Q8IPE8	FBgn0028479	enoyl-CoA hydratase (EC 4.2.1.17)	.	0.02241
Q8SXQ1	FBgn0036857	aldehyde dehydrogenase (NAD(+)) (EC 1.2.1.3)	.	0.018173
Q94516	FBgn0019644	ATP synthase subunit b, mitochondrial (ATPase subunit b) (FO-ATP synthase subunit b)	.	0.014642
Q94522	FBgn0004888	Succinate--CoA ligase [ADP/GDP-forming] subunit alpha, mitochondrial (EC 6.2.1.4) (EC 6.2.1.5) (Succinyl- CoA synthetase subunit alpha) (SCS-alpha) (Succinyl-coenzyme A synthetase alpha subunit1)	.	0.013589

Q94523	FBgn0261439	Succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial (EC 1.3.5.1) (Flavoprotein subunit of complex II) (FP)(Succinyl coenzyme A synthetase flavoprotein subunit)	Sdh	0.008477
Q94915	FBgn0016715	Rhythmically expressed gene 2 protein (dREG-2)	.	0.04211
Q95029	FBgn0013770	Cathepsin L (EC 3.4.22.15) (Cysteine proteinase 1) [Cleaved into: Cathepsin L heavychain; Cathepsin L lightchain]	.	0.016118
Q9U915	FBgn0283494	Adenylate kinase (EC 2.7.4.3) (ATP-AMP transphosphorylase) (ATP:AMP phosphotransferase) (Adenylate kinase cytosolic and mitochondrial) (Adenylate monophosphate kinase)	.	0.009445
Q9V3G1	FBgn0261602	60S ribosomal protein L8	.	0.031289
Q9V3U6	FBgn0250848	26-29kD-proteinase (EC 3.4.22.-) (Homologue of Sarcophaga 26,29kDa proteinase) (RE18380p)	.	0.030482
Q9V3W0	FBgn0086691	RutC family protein UK114	.	0.049905
Q9V597	FBgn0025286	60S ribosomal protein L31	.	0.047942
Q9VAC1	FBgn0039737	Acetyl-CoA hydrolase (EC 3.1.2.1) (Acetyl-CoA deacylase)	.	0.001899
Q9VAN7	FBgn0014869	Phosphoglycerate mutase(EC 5.4.2.11) (EC 5.4.2.4)	.	0.021826
Q9VAY2	FBgn0039562	Heat shock protein 83(HSP 82)	.	0.038727
Q9VCG4	FBgn0039125	Nucleoporin Ndc1	.	0.038425
Q9VEN1	FBgn0014141	Filamin-A (FLN-A) (Actin-binding protein 280) (ABP-280) (Filamin-1) (Filamin1)	.	0.003536
Q9VEX6	FBgn0040237	ATPase family AAA domain-containing protein3A homolog (Belphegor protein)	.	0.022704
Q9VGK3	FBgn0037930	peptidylprolyl isomerase(EC 5.2.1.8)	.	2.79E-05
Q9VGM2	FBgn0037913	Fatty acid binding protein, isoform B (GEO09480p1) (RH06221p) (RH49003p)	.	0.015485

Q9VGQ1	FBgn0037891	Dihydrolipoyllysine- residue succinyltransferase component of 2- oxoglutarate dehydrogenase complex, mitochondrial (EC 2.3.1.61) (E2K)	.	0.015518
Q9VGU6	FBgn0042094	GTP:AMP phosphotransferase, mitochondrial (EC 2.7.4.10) (Adenylate kinase 3) (AK 3)	.	0.000382
Q9VIE8	FBgn0010100	Aconitate hydratase, mitochondrial (Aconitase)(EC 4.2.1.3)	Aco	0.007358
Q9VJ86	FBgn0032679	Bicoid stability factor (FI21091p1)	.	0.004853
Q9VKV1	FBgn0027611	Alpha-mannosidase (EC 3.2.1.-)	.	0.009798
Q9VLB7	FBgn0004868	Rab GDP dissociation inhibitor	.	0.014151
Q9VLC5	FBgn0012036	Aldehyde dehydrogenase (Aldehyde dehydrogenase, isoform A(EC 1.2.1.10, EC 1.2.1.3)) (Aldehyde dehydrogenase, isoformB)	.	0.001727
Q9VLT3	FBgn0267488	LD23292p (Macroglobulin complement-related)	.	0.005564
Q9VMI3	FBgn0031771	NADH dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein1, mitochondrial (EC 7.1.1.2)	.	0.025224
Q9VN93	FBgn0260462	Putative cysteine proteinase CG12163 (EC3.4.22.-)	.	0.045775
Q9VNW6	FBgn0037146	Delta-1-pyrroline-5- carboxylate synthase [Includes: Glutamate 5- kinase (GK) (EC 2.7.2.11) (Gamma-glutamyl kinase); Gamma-glutamyl phosphate reductase (GPR) (EC 1.2.1.41) (Glutamate-5-semialdehyde dehydrogenase) (Glutamyl-gamma-semialdehyde dehydrogenase)]	.	0.010612

Q9VNX4	FBgn0037138	Multifunctional fusion protein [Includes: L- glutamate gamma-semialdehyde dehydrogenase (EC 1.2.1.88) (L-glutamate gamma-semialdehyde dehydrogenase); Delta-1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase (P5C dehydrogenase)]	.	0.045723
Q9VQ61	FBgn0001125	Aspartate aminotransferase (EC2.6.1.1)	.	7.12E-05
Q9VQG4	FBgn0019830	Congested-like trachea protein	.	0.011195
Q9VS02	FBgn0035726	Serine protease K12H4.7	.	0.012621
Q9VSA3	FBgn0035811	Probable medium-chain specific acyl-CoA dehydrogenase, mitochondrial (MCAD) (EC 1.3.8.7)	ACAD	0.000978
Q9VTK9	FBgn0086254	Aldo-keto reductase 1B, isoform A (EC 1.-.-.-, EC 1.1.1.112, EC 1.1.1.2, EC 1.1.1.21) (LD06393p)	.	0.0097
Q9VU35	FBgn0036334	RH34413p	.	0.008458
Q9VV75	FBgn0250814	AT02348p (Ubiquinol-cytochrome c reductase core protein 2, isoform A)(Ubiquinol-cytochrome c reductase core protein 2,isoform B)	CIII	0.016924
Q9VVU1	FBgn0036824	FI09602p	ACAD	0.007579
Q9VWH4	FBgn0027291	Probable isocitrate dehydrogenase [NAD] subunit alpha, mitochondrial (EC 1.1.1.41) (Isocitric dehydrogenase subunitalpha) (NAD(+)-specificICDH subunit alpha)	.	0.034708
Q9VWN4	FBgn0030974	Fl(2)d-associated complex component (Protein Xiong)	.	0.004625
Q9VXG4	FBgn0030749	Annexin B11	.	0.026314
Q9VXM4	FBgn0030703	LD12946p (Membranesteroid binding protein,isoform A) (Membranesteroid binding protein,isoform B) (Membranesteroid binding protein,isoform C) (Steroid membrane binding protein)	.	0.021653

Q9VZF6	FBgn0035515	GH04863p (Uncharacterized protein, isoform A) (Uncharacterized protein,isoform B)	.	0.040018
Q9VZU4	FBgn0266582	NADH dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfurprotein 3, mitochondrial (EC 7.1.1.2) (NADH dehydrogenase (Ubiquinone) 30 kDa subunit)	.	0.016558
Q9W0S7	FBgn0035121	Staphylococcal nuclease domain-containing protein1 (EC 3.1.31.1) (Tudor staphylococcal nuclease)	.	0.001114
Q9W1B9	FBgn0034968	60S ribosomal protein L12	.	0.025684
Q9W2X6	FBgn0028342	ATP synthase, delta subunit, isoform A (ATP synthase, delta subunit, isoform B) (ATP synthase,delta subunit, isoform C) (RE24457p)	ATP synthase	0.026507
Q9W332	FBgn0052702	Cubilin homolog	.	0.03179
Q9W3C4	FBgn0041629	beta-N- acetylhexosaminidase (EC 3.2.1.52)	.	0.001189
Q9W3N9	FBgn0029969	LD24105p (Uncharacterized protein, isoform A) (Uncharacterized protein,	ACAT	5.77E-06
		isoform B (EC 2.3.1.16,EC 2.3.1.9))		
Q9XZ34	FBgn0050085	Telomere-associated protein RIF1 (Rap1 interacting factor 1)	.	0.029811
X2J5G6	FBgn0005593	Ribosomal protein L7, isoform B	.	0.026804
X2J8F5	FBgn0002563	Larval serum protein 1beta, isoform B	.	0.02962
X2J950	FBgn0010265	40S ribosomal proteinS13	.	0.03602
X2JAC7	FBgn0267911	Terribly reduced opticlobes, isoform AX	.	0.002845
X2JB48	FBgn0003360	ADP/ATP translocase (ADP,ATP carrier protein)	ANT	0.000547
X2JCX8	FBgn0004403	GEO12513p1 (Ribosomal protein S14b, isoform B)	.	0.041607
X2JDD7	FBgn0011722	Tiggrin, isoform B	.	4.45E-05
X2JE06	FBgn0032518	GEO07624p1 (Ribosomal protein L24, isoform B) (Ribosomal protein L24, isoform C)	.	0.001214
X2JH42	FBgn0010217	ATP synthase subunitbeta (EC 7.1.2.2)	ATP synthase	0.032141

INTERAÇÃO			
Uniprot IDs	**Flybase IDs**	**Protein names**	***p-value***
A0A023GQA5	FBgn0002031	Prohibitin	0.046629
A0A0B4KEH0	FBgn0004907	14-3-3zeta, isoform K (14-3-3zeta, isoform L)	0.049846
A0A0B4LEY6	FBgn0086904	Nascent polypeptide associatedcomplex protein alpha subunit, isoform D	0.007836
F3YDH0	FBgn0001218	Heat shock 70-kDa protein cognate 3, isoform E (EC 3.6.1.3)(LD03228p1)	0.013576
M9MS72	FBgn0259243	Protein kinase, cAMP-dependent,regulatory subunit type 1, isoformX (EC 3.1.4.35)	0.040892
M9NCS8	FBgn0001114	Glutactin, isoform D	0.013016
M9PB84	FBgn0004867	40S ribosomal protein S2	0.014175
M9PCE0	FBgn0250906	Phosphoglycerate kinase (EC2.7.2.3)	0.022127
M9PD65	FBgn0003346	Ran GTPase activating protein,isoform C	0.044719
M9PGG4	FBgn0000117	Armadillo segment polarityprotein	0.026203
M9PH39	FBgn0261617	histone acetyltransferase (EC2.3.1.48)	7.84E-10
M9PIM0	FBgn0024733	Ribosomal protein L10, isoform E	0.00719
P07486	FBgn0001091	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 1 (EC 1.2.1.12)(Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase I) (GAPDH I)	0.009905
P20432	FBgn0001149	Glutathione S-transferase D1 (EC 2.5.1.18) (EC 4.5.1.1) (DDT-dehydrochlorinase)	0.015877
P53501	FBgn0000044	Actin-57B (EC 3.6.4.-)	0.008872
P61851	FBgn0003462	Superoxide dismutase [Cu-Zn](EC 1.15.1.1) (Superoxide dismutase 1)	0.005688
Q0E924	FBgn0010551	Prohibitin	0.039428
Q0KHS6	FBgn0030608	Lipid storage droplet-2, isoform D	3.24E-10
Q24439	FBgn0016691	ATP synthase subunit O, mitochondrial (Oligomycin sensitivity conferral protein) (OSCP)	0.040758
Q7K127	FBgn0034117	Alpha-galactosidase (EC 3.2.1.-)	0.000788
Q7K2W6	FBgn0283437	GH04080p (Prophenoloxidase 1 (EC 1.10.3.1, EC 1.14.18.1))	0.023564
Q7K3J0	FBgn0033342	T-complex protein 1 subunit theta(CCT-theta)	0.020849

Q7K569	FBgn0022160	Glycerol-3-phosphate dehydrogenase (EC 1.1.5.3)	0.012796
Q7KTK9	FBgn0031912	Dihydrolipoyllysine-residue acetyltransferase component ofpyruvate dehydrogenase complex, mitochondrial (EC 2.3.1.12) (Dihydrolipoamide acetyltransferase component ofpyruvate dehydrogenase complex) (Pyruvate dehydrogenase complex component E2)	0.042457
Q8MT58	FBgn0259979	Carnosine dipeptidase 2, isoformA (EC 3.4.13.-) (RE11562p)	0.020313
Q95RA9	FBgn0038149	GILT-like protein 1	0.040934
Q95SI7	FBgn0038924	GH23390p	0.013544
Q961R8	FBgn0027088	Glycine--tRNA ligase (EC 6.1.1.14) (Diadenosine tetraphosphate synthetase) (EC 2.7.7.-) (Glycyl-tRNA synthetase)	0.035587
Q9GU68	FBgn0034967	Eukaryotic translation initiationfactor 5A (eIF-5A)	0.026928
Q9U915	FBgn0283494	Adenylate kinase (EC 2.7.4.3) (ATP-AMP transphosphorylase)(ATP:AMP phosphotransferase)(Adenylate kinase cytosolic andmitochondrial) (Adenylate monophosphate kinase)	0.009445
Q9V597	FBgn0025286	60S ribosomal protein L31	0.003762
Q9V9W2	FBgn0039857	60S ribosomal protein L6	0.047245
Q9VAC1	FBgn0039737	Acetyl-CoA hydrolase (EC 3.1.2.1) (Acetyl-CoA deacylase)	0.038378
Q9VEB1	FBgn0262559	Malate dehydrogenase, mitochondrial (EC 1.1.1.37)	0.001989
Q9VFQ9	FBgn0000454	Dipeptidase B, isoform A (Dipeptidase B, isoform B) (Dipeptidase B, isoform C) (Dipeptidase B, isoform D (EC3.4.14.-)) (LD41062p)	0.044405
Q9VFZ4	FBgn0038115	Methanethiol oxidase	0.038068
Q9VGK3	FBgn0037930	peptidylprolyl isomerase (EC5.2.1.8)	2.79E-05
Q9VGU6	FBgn0042094	GTP:AMP phosphotransferase,mitochondrial (EC 2.7.4.10) (Adenylate kinase 3) (AK 3)	0.040773
Q9VKR4	FBgn0032287	Aminomethyltransferase (EC2.1.2.10) (Glycine cleavage system T protein)	0.032798
Q9VN50	FBgn0037270	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit F-1 (eIF3f-1) (Eukaryotic translation initiationfactor 3 subunit 5-1)	0.028942
Q9VN93	FBgn0260462	Putative cysteine proteinaseCG12163 (EC 3.4.22.-)	0.040593

Q9VRD6	FBgn0031145	NTF2-related export protein	0.013748
Q9VSL4	FBgn0035906	Glutathione S transferase O2, isoform B (EC 1.8.5.1, EC 2.5.1.18, EC 2.8.-.-) (GlutathioneS-transferase omega class)	0.034586
Q9VWH4	FBgn0027291	Probable isocitrate dehydrogenase [NAD] subunit alpha, mitochondrial (EC 1.1.1.41) (Isocitric dehydrogenase subunit alpha)(NAD(+)-specific ICDH subunitalpha)	0.012384
Q9VXG4	FBgn0030749	Annexin B11	0.026314
Q9VYR1	FBgn0030362	Regucalcin homologue (Regucalcin, isoform A (EC 3.1.1.17)) (Regucalcin, isoformB) (Regucalcin, isoform C) (SD03837p)	0.03339
Q9VZF6	FBgn0035515	GH04863p (Uncharacterized protein, isoform A) (Uncharacterized protein, isoformB)	0.040018
Q9W332	FBgn0052702	Cubilin homolog	0.03179
Q9W3C4	FBgn0041629	beta-N-acetylhexosaminidase(EC 3.2.1.52)	0.005399
X2J6D4	FBgn0000409	Cytochrome c proximal, isoformB (GEO08274p1)	0.005881
X2J8C3	FBgn0012037	Angiotensin-converting enzyme(EC 3.4.-.-)	0.017003
X2JC31	FBgn0000319	Clathrin heavy chain	0.015283
X2JCP8	FBgn0000042	Actin 5C, isoform E	0.007517
X2JCV2	FBgn0002565	Larval serum protein 2, isoform B	0.004042
X2JDI1	FBgn0004177	Serine/threonine-protein phosphatase (EC 3.1.3.16)	0.028696
X2JE06	FBgn0032518	GEO07624p1 (Ribosomal proteinL24, isoform B) (Ribosomal protein L24, isoform C)	0.023065