

UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO
INSTITUTO DE QUÍMICA
Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas
(Bioquímica)

JOSÉ MATHEUS CAMARGO BONATTO

Caracterização da Proteína Quinase C Beta I nuclear em
células tronco embrionárias

Versão corrigida da Tese conforme Resolução CoPGr 5890
O original se encontra disponível na Secretaria de Pós-Graduação do IQ-USP

São Paulo

Data do Depósito na SPG:
18/08/2014

JOSÉ MATHEUS CAMARGO BONATTO

Caracterização da Proteína Quinase C Beta I nuclear em células tronco embrionárias

Tese apresentada ao Instituto de Química da Universidade de São Paulo para obtenção do Título de Doutor em Ciências (Bioquímica)

Orientadora: Prof^a. Dra^a. Deborah Schechtman

São Paulo

2014

Ficha Catalográfica
Elaborada pela Divisão de Biblioteca e
Documentação do Conjunto das Químicas da USP.

B699c Bonatto, José Matheus Camargo
Caracterização da proteína quinase C beta I nuclear em células
tronco embrionárias / José Matheus Camargo Bonatto. -- São
Paulo, 2014.
182p.

Tese (doutorado) - Instituto de Química da Universidade de
São Paulo. Departamento de Biquímica.
Orientador: Schechtman, Deborah

1. Macromolécula : Bioquímica 2. Sistemas do segundo mensageiro
I. T. II. Schechtman, Deborah, orientador.

574.192 CDD

À minha Família,
por me proporcionar ser quem eu sou,
Dedico...

AGRADECIMENTOS

À Dr^a. Deborah Schechtman, por ter me aceitado como aluno e por ser minha orientadora e me ensinado tanto, por ter me suportado durante esses quatros longos anos, e por nunca ter desistido de mim...

Ao Dr. Walter Colli e à Dr^a. Maria Julia Manso Alves, por terem me acolhido no laboratório, e por imensas ajudas nesses quatro anos. Vocês foram decisivos nos momentos mais difíceis desse doutoramento e me serviram de exemplo de Pessoa e de Cientista, o qual vou levar para toda minha vida.

À minha queridíssima Darlene Pena, a qual me ajudou a carregar esse difícil fardo por tantos anos. E se meus pais não me deram uma irmã, fico contente que a Vida tenha me dado, e espero que esses anos seja só o começo da nossa amizade!

Às minhas amigas de laboratório Maria Luíza Baldini, Gabriela Ávila, Laura Cardeal, Celia Lúdio, Robertinho e Chrislaine Oliveira, pelos nossos intermináveis cafés, e com estes não me sentir tão sozinho e desamparado nessa Cidade-Cinza. Vocês com esse ato tão simples de sentar junto e fazer companhia por alguns minutos, foram minha família por estes anos e me passaram energia que precisaria para terminar esse doutorado.

Ao Dr. Ivan Schumacher, por ser um grande Amigo e Guru Espiritual, aprendi tanto sobre Microscopia, Fotografia e Ciência, e me mostrou que ser um bom profissional é possível ser uma boa pessoa também!

À todos do laboratório do bloco 10 inferior, sala 1020, principalmente ao Carlos H. Gomes, Milton Pereira, Eliciane Matos, Jussara, Leia Magalhães e Fenny Tang e ao Professor Ricardo Giordano pelo excelente convívio, amizade e aprendizado durante todos esses anos.

À todos os docentes e funcionários do Instituto de Química, principalmente aos professores Dr. Mauricio Batista e Dr. Walter Terra que me aceitaram duas vezes como monitor, e se sei alguma coisa de bioquímica, aprendi com Vocês. Também, foi de fundamental importância nessa tese, os funcionários da Central Analítica, Alessandra Ramalho, Emerson Marques e Giovana Lemeszenski por me permitir o uso dos espectrometros de massas que foram de extrema importância para mim.

Aos meus grandes amigos de outrora, mas eternamente bons amigos, do Laboratório Max Feffer, ESALQ-USP, o qual sempre será a minha casa. Principalmente ao Professor Dr. Labate, meu eterno orientador e amigo, e à Thaís Regiani, a melhor espectrometrista de massas que já conheci, uma ótima profissional, pessoa e amiga e me ajudou tanto. Também, ao sempre meu pupilo de ouro, Felipe Garberini Marques que diversas vezes me abrigou em seu lar.

À Carol Akkari, por ter sido uma pessoa tão importante nesse momento tão delicado da minha vida. Muito Obrigado por tudo, por ter sido conselheira, amiga, companheira, e principalmente por você ter existido e fazer parte na minha vida. Muito de ter conseguido terminar essa tese, conseguido um bom emprego, e buscar voltar à USP para um grande centro de proteômica, devo unicamente à Você! Muito Obrigado!

À minha grande amiga Helena Giroud, por ser o melhor presente que poderia ter ganhado em 2013, por ser um ótimo ombro amigo, cupido, conselheira, Fada-Madrinha, e por ter me apresentado Alguém muito Especial. Você é uma irmã que sempre quis ter, e espero que nossa Amizade e Colaboração só cresça nos próximos anos! E ainda tenho o sonho de consumo de trabalhar junto de Você!

À minha amiga Mariana Carvalho, por esses anos de amizade, por ter me ensinado a palavra Resiliência e por ser crucial na execução dos experimentos de RT-PCR.

Aos meus amigos de casa, moradores do ilustre 83B, Valdir Blassios e Cicero Alves Lima Jr., o Batata, pela amizade, pela aprendizagem em viver Na Natureza Selvagem e por sermos o orgulho heterossexual do Instituto de Química.

À todos os colegas de pós-graduação pela amizade e convívio durante estes anos, principalmente ao meu grande amigo Gilberto Kaihami por ser sempre tão solista e com grande amizade.

Aos meus eternos Los Hermanos, Guilherme Moro e Fernando T. Zamunér, os quais sempre serão presentes na minha vida com essa nossa amizade que já dura mais de 10 anos e nunca diminui pelo tempo e pela distancia. E lembrem-se sempre, tudo acaba onde começou!

Ao meu Amigo Alexander de Andrade, meu eterno Chefe, pela tua amizade, paciência e orientação. E se sei algo de proteômica e espectrometria de massas, aprendi e devo tudo à você!

À todos os funcionários e novos amigos da JLA Brasil, Luis Henrique, Stephane e Gabriela, os quais sempre foram solistas nessa difícil etapa de termino de tese.

Aos Novos Amigos e colegas do CEFAP (ICB/USP), em especial ao Dr. Giuseppe Palmisano e Dr^a. Sirlei Daffre, por terem acreditado no meu potencial, e espero corresponder da melhor maneira possível!

À Fundação de Amparo a Pesquisa do Estado de São Paulo, processo 2010/08798-3, pelo apoio financeiro para o desenvolvimento desta tese.

À Deus, por me proporcionar tantas pessoas maravilhosas em meu caminho, para que possa Oferecer, Dedicar e Agradecer nesse momento.

Resiliência: Subs. femin. do latim Resiliens. Signif.: 1. Capacidade que um indivíduo ou população apresenta, após momento de adversidade conseguindo se adaptar ou evoluir positivamente frente à situação. 2. Flexibilidade ou capacidade para adaptar-se às mudanças. 3. Capacidade de se reerguer. 4. Da física, propriedade que alguns corpos apresentam de retornar à forma original após terem sido submetido a uma deformação elástica. 5. Capacidade que um corpo ou espírito possui de retornar ao seu estado original, que sofreu deformidades devido a um grande choque físico ou emocional. 6. Capacidade do indivíduo em recuperar seu estado psico-emocional diante de adversidades, estresses e outros destemperos.

“O mundo não é feito somente de raios de sol e arco-íris,
Na verdade, é um lugar duro e maldoso e não importa o quanto você ache que é forte, ele
sempre vai te deixar de joelhos e te deixar assim permanentemente se você consentir...
Mas, nem você, nem eu e nem ninguém vai bater tão forte como à Vida. Mas isso não é
sobre o quão forte você bate, é sobre o quão forte você aguenta ser golpeado, ficar de pé e
seguir adiante... É assim que se consegue vencer!

Agora que você sabe do teu valor, então vá atrás do que você merece, mas tem que estar
preparado para apanhar. E nada de apontar dedos, dizer que você não consegue por causa
dele ou dela, ou de quem quer que seja. Só covardes fazem isso e você não é covarde,
Você é Melhor que Isso!”

Rocky Balboa

RESUMO

Bonatto, J.M.C. **Caracterização da proteína quinase C Beta I nuclear em células tronco embrionárias**. 2014. 181p. Tese - Programa de Pós-Graduação em Bioquímica e Biologia Molecular. Instituto de Química, Universidade de São Paulo, São Paulo.

As proteínas quinases C (PKC) pertencem à família das serina/treonina quinases, que vem sendo apontadas como importantes enzimas para os processos de proliferação e diferenciação das células tronco embrionárias (CTE), todavia, a função exata de cada isoforma dessa família ainda não está clara. Dados anteriores do nosso laboratório indicam que dentre as PKCs expressas em CTE, formas cataliticamente ativas da PKC β I são altamente expressas no núcleo das CTE murinas. Estas ao se diferenciarem expressam essa quinase no seu citoplasma ou deixam de expressar a mesma, e que a maioria dos alvos da PKC β I em CTE indiferenciada estão envolvidos em processos de regulação da transcrição de proteínas envolvidas em processos de proliferação/ diferenciação. Dando continuidade aos resultados anteriores do laboratório, no presente trabalho, com técnicas de proteômica e fosfoproteômica identificamos outros alvos nucleares da PKC β I em CTE indiferenciadas. Vimos que de fato inibindo-se a PKC β I diminuiu-se a fosforilação de fatores envolvidos com a indiferenciação das CTE. Dentre os alvos da PKC β I encontramos a proteína adaptadora, TIF1, que recruta proteínas remodeladoras de cromatina. Essa proteína é essencial para a manutenção do estado indiferenciado das CTE. *In vitro* a PKC β I foi capaz de

fosforilar a TIF1 β e inibindo-se a PKC β I por RNAi vimos uma diminuição na expressão da TIF1 β e no fator de indiferenciação Nanog cuja expressão já foi demonstrada ser regulada pela TIF1 β . Além disso vimos que inibindo-se a PKC β I com o peptídeo inibidor da PKC β I aumentou a expressão de proteínas reguladas pelo c-Myc. E que o RNAi para a PKC β I aumentou a expressão de proteínas que regulam a expressão do c-Myc. Não vimos nenhum efeito na fosforilação ou expressão do c-Myc após a inibição da PKC β I o que sugere que a PKC β I ative proteínas repressoras do c-Myc.

Nossos estudos sugerem que a PKC β I regula a manutenção do estado indiferenciado das CTE regulando a expressão e atividade da Tif1 β um possível alvo direto da PKC β I. Levando a modificações da cromatina e regulação da expressão de genes que mantém as CTE indiferenciadas. Outro ponto de regulação da PKC β I parece ser a inibição da atividade de c-Myc o que seria importante para a manutenção do estado indiferenciado visto que o c-Myc é um amplificador das vias de sinalização que mantém as células proliferando. Desta forma a PKC β I parece ter um papel central na regulação da expressão gênica de CTE à nível de modificações epigenéticas e a nível transcricional mantendo as CTE indiferenciadas.

Palavras-chave: Célula tronco embrionária, PKC β I, auto-renovação, diferenciação, proteoma, espectrometria de massas

ABSTRACT

Bonatto, J.M.C. **Characterization of protein kinase C beta I in embryonic stem cell nucleus.** 2014.181p. PhD Thesis - Graduate Program in Biochemistry and Molecular Biology. Instituto de Química, Universidade de São Paulo, São Paulo.

The Protein kinase C (PKC) family of serine/threonine kinases, are being described as important enzymes for proliferation and differentiation of embryonic stem cells (ESC), however, the exact function of the different isoenzymes of this family still is unclear. Previous data from our laboratory indicates that amongst the PKCs expressed in ESC, catalytically active forms of PKC β I are highly expressed in nucleus of murine ESC. When these cells differentiate this kinase can be found in the cytoplasm or not expressed at all, and that the majority of PKC β I targets in undifferentiated ESC are involved in the regulation of proteins involved in transcription of proteins involved in proliferation/ differentiation. Continuing our previous work herewith using proteomics and phosphoproteomics techniques we identified other nuclear PKC β I targets in undifferentiated ESC. We indeed saw that inhibiting PKC β I decreased the phosphorylation of factors involved with maintenance of the undifferentiated state of ESC. Amongst the targets of PKC β I we found the adaptor protein, TIF1 β , that recruits chromatin remodeling proteins. This protein is essential for the maintenance of the undifferentiated state of ESC. *In vitro* PKC β I phosphorylated TIF1 β and inhibiting PKC β I with RNAi decreased the expression of TIF1 β and of the undifferentiation factor Nanog whose expression

has been shown to be regulated by TIF1 β . We also saw that inhibiting PKC β I with a peptide inhibitor increased the expression of proteins regulated by c-Myc, and that RNAi for PKC β I increased the expression of proteins that regulate the expression of c-Myc. We did not see any effect on the phosphorylation or expression of c-Myc after inhibition of PKC β I suggesting that PKC β I activates c-Myc repressor proteins.

Our studies suggest that PKC β I regulates the maintenance of the undifferentiated state of ESC regulating the expression and activity of Tif1 β a possibly a direct target of PKC β I, leading to chromatin modifications and regulation of genes that maintain ESC undifferentiated. Another form of regulation of PKC β I seems to be by inhibiting the activity of c-Myc which is important to maintain ESC undifferentiated since c-Myc is an amplifier of signaling pathways that maintain ESC proliferating. Together PKC β I has a central role in the regulation of the gene expression of ESC at the level of epigenetic modifications and transcriptional regulation.

Key-words: Embryonic stem cell, PKC β I, self-renewal, differentiation, proteomics, mass spectrometry

LISTA DE FIGURAS & TABELAS

| | |
|---|----|
| Figura 1: Classificação das três subfamílias das PKCs, com os Domínios e Requisitos para Ativação das Mesmas. PS- Região de Pseudo-Substrato, região das PKCs que está ligada ao sítio catalítico no domínio C4, quando a PKC está inativada. DAG- Diacilglicerol. PMA- Éster de forbol. P-Fosforilações necessárias para Maturação e Ativação das PKCs. Entre as regiões Catalíticas, há Regiões Variáveis, denominadas V1, V2, V3, V4 e V5, não representada no esquema. Adaptado de Nishizuka (1988) e Berridge (2012)..... | 32 |
| Tabela 1: Iniciadores utilizados para o silenciamento da PKC β I. Identificação do Gene, nomes dos iniciadores, seqüência e tamanho em pares de bases. | 60 |
| Tabela 2: Genes analisados por PCR em tempo real de amostras de CTE com o silenciamento ou Inibição da PKC β I. Identificação do Gene. Seqüência dos iniciadores e tamanho dos produtos resultantes das amplificações, em pares de bases. | 62 |
| Figura 2: Fracionamento nuclear de CTE indiferenciadas. <i>Immunoblotting</i> de lisados proteicos das frações enriquecidas de Citoplasma (Cito) e Núcleo (Nuc) de CTE. Imagem de duas amostras. PKC β I Rec corresponde à proteínas PKC β I recombinante comercial Utilizamos Anti-Oct 3/4 e Anti- α Tubulina como marcadores de Núcleo e citoplasma, respectivamente. O anti PKC β I foi utilizado para confirmar a presença da PKC β I no núcleo das CTE..... | 64 |
| Figura 3: Fluxograma do método de fracionamento citoplasma/núcleo em CTE. Além das etapas necessárias para realização do enriquecimento proteico, há o rendimento médio de cada fração.66 | |
| Figura 4: Padronização da eletroforese bidimensional de núcleo de CTE. Foram testadas as três possíveis formas de <i>carregamento</i> proteico no <i>IPGstrip</i> . Na área delimitada em Branco, os <i>spots</i> de referencia utilizados para a análise de imagem e alinhamento dos <i>spots</i> . A numeração de <i>spots</i> designa os que foram selecionados e identificados os quais são exclusivos do <i>carregamento</i> pelo Ânodo ou pelo Cátodo, conforme a tabela 3. | 68 |
| Figura 5: Contagem e distribuição dos <i>spots</i> dos diferentes métodos de <i>loading</i> proteico em eletroforese bidimensional de núcleo de CTE. | 69 |
| Tabela 3: Identificação por espectrometria de massas dos <i>spots</i> exclusivos do carregamento pelo Cátodo de lisados nucleares de CTE. Numeração dos <i>spots</i> conforme a figura 3. | 71 |
| Tabela 4: Identificação por espectrometria de massas dos <i>spots</i> exclusivos do carregamento pelo Ânodo de lisados nucleares de CTE. Numeração dos <i>spots</i> conforme a figura 3. | 71 |
| Figura 6: Comparação dos <i>spots</i> referentes à isoformas de Histonas H2A/B nos distintos métodos de <i>loading</i> proteico em eletroforese bidimensional de núcleo de CTE. | 72 |
| Figura 7: Comparação por <i>immunoblotting</i> na diferença de resolução dos <i>spots</i> referentes à isoformas de Histona entre o <i>loading</i> por Cátodo e por Reidratação, por eletroforese bidimensional de núcleo de CTE. | 73 |
| Figura 8: Eletroforese bidimensional de núcleo de CTE, tratadas por 15 minutos com o peptídeo carreador Tat ₄₇₋₅₇ e pelo peptídeo inibidor β IV5-3. Imagens representativa de uma tetraplicata, coradas com o fosfo-corante e pelo Coomassie G-250. | 75 |
| Figura 9: Numeração dos <i>spots</i> diferencialmente fosforilados, os quais a fosforilação diminuiu vista por uma redução no seu volume com o tratamento por β IV5-3. Em vermelho, 16 <i>spots</i> exclusivos de Tat ₄₇₋₅₇ , em verde, 27 <i>spots</i> cuja fosforilação diminuiu significativamente após o tratamento com o inibidor da PKC β I (ANOVA, $p \leq 0,05$), visto pela redução no volume do <i>spot</i> corado com o fosfo-corante e em azul, 32 <i>spots</i> os quais tiveram uma redução de volume superior à 50%. | 76 |
| Tabela 5: Identificação de proteínas por espectrometria de massas de <i>spots</i> que tiveram sua fosforilação diminuída após o tratamento com o peptídeo inibidor da PKC β I. | 78 |

| | |
|---|----|
| Continuação Tabela 5: Identificação de proteínas por espectrometria de massas de <i>spots</i> que tiveram sua fosforilação diminuída após o tratamento com o peptídeo inibidor da PKC β I. | 79 |
| Continuação Tabela 5: Identificação de proteínas por espectrometria de massas de <i>spots</i> que tiveram sua fosforilação diminuída após o tratamento com o peptídeo inibidor da PKC β I. | 80 |
| Figura 10: Classificação por localização sub-celular A. e por função biológica B. das proteínas alvos da PKC β I em núcleos de células tronco indiferenciadas. Os números correspondem à porcentagem desta classe em relação ao total encontrado de acordo com a tabela 5..... | 81 |
| Figura 11: Caracterização do alvo <i>Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein C1/C2</i> , por <i>immunoblotting</i> de eletroforese bidimensional, de lisados de CTE tratados com peptídeo carreador Tat ₄₇₋₅₇ ou β IV5-3 durante 15 minutos. Quantificação relativa da intensidade dos spots numerados de acordo com figura. Teste estatístico <i>t de Student</i> ($p \leq 0,05$) da quantificação da intensidade <i>spots</i> | 84 |
| Figura 12: Caracterização do alvo <i>Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein K</i> por <i>immunoblotting</i> de eletroforese bidimensional de lisados de CTE tratados com peptídeo carreador Tat ₄₇₋₅₇ ou β IV5-3 durante 15 minutos. Quantificação relativa da intensidade dos spots numerados de acordo com figura. Teste estatístico <i>t de Student</i> ($p \leq 0,05$) da quantificação da intensidade <i>spots</i> | 84 |
| Figura 13: Caracterização do alvo <i>TIF1β</i> por <i>immunoblotting</i> de eletroforese bidimensional, de lisados de CTE tratados com peptídeo carreador Tat ₄₇₋₅₇ ou β IV5-3 durante 15 minutos. Quantificação relativa da intensidade dos spots numerados de acordo com figura. Teste estatístico <i>t de Student</i> ($p \leq 0,05$) da quantificação da intensidade <i>spots</i> | 85 |
| Figura 14: Caracterização do alvo <i>Jagged protein</i> por <i>immunoblotting</i> de eletroforese bidimensional, tratados com peptídeo carreador Tat ₄₇₋₅₇ ou β IV5-3 durante 15 minutos. . Quantificação relativa da intensidade dos spots numerados de acordo com figura. Teste estatístico <i>t de Student</i> ($p \leq 0,05$) da quantificação da intensidade <i>spots</i> | 85 |
| Figura 15: SDS-PAGE de fosforilação <i>in vitro</i> do substrato Histona H3 e TIF1 β pela PKC β I. 5 μ g de lisado por poço. Substratos tratados na presença e ausência de PKC β I e seus ativadores cálcio e fosfolípido <i>in vitro</i> , e reação parada por tampão de amostra Laemli , e resolvido em eletroforese, corado tanto com Pro-Q Diamont e por Coomassie G-250. | 86 |
| Figura 16: <i>Immunoblotting</i> do silenciamento da PKC β I por siRNA e seu efeito na expressão de fatores de indiferenciação como o TIF1, e Nanog. Análise individual dos oligos de siRNA (T1, T2 e T3), ou combinados Teste estatístico <i>t de Student</i> ($p \leq 0,05$) da quantificação da intensidade das bandas em relação ao Controle. Dados de intensidade normalizado em relação a expressão de α Tubulina, n=3 | 88 |
| Figura 17: Eletroforese Bidimensional com a Inibição da PKC β I por β IV5-3 durante 1 e 3 horas. Spots significativos em relação ao controle Tat ₄₇₋₅₇ no respectivo tempo marcados em Vermelho (87 <i>spots</i>) ou Azul (65 <i>spots</i>). Identificação dos mesmos segundo tabela 6 e 7..... | 91 |
| Tabela 6: Identificação por espectrometria de massas de <i>spots</i> que diminuíram sua expressão com a inibição da PKC β I por β IV5-3 durante 1 hora. Com marcação em vermelho, proteínas chave das redes de de biologia de sistemas das figuras 19, 20 e 21. | 92 |
| Tabela 7: Identificação por espectrometria de massas de <i>spots</i> que diminuíram sua expressão com a inibição da PKC β I por β IV5-3 durante 3 horas. Com marcação em vermelho, proteínas chave das redes de de biologia de sistemas das figuras 19, 20 e 21. | 93 |
| Figura 18: Classificação por localização sub-celular (A) e por função biológica (B) das proteínas que reduziram expressão com a inibição de PKC β I em CTE. Os números correspondem à porcentagem desta classe em relação ao total encontrado de acordo com a tabela 6 e 7..... | 95 |
| Figura 19: Análise de Biologia de Sistemas de possíveis redes influenciadas pela inibição da PKC β I por β IV5-3 durante 1 e 3 horas. Proteínas com esfera vermelha representam proteínas | |

| | |
|--|-----|
| encontradas na Tabela 6 e 7. As setas representam interações confirmadas pela literatura. As cores demais representam distintas classes de proteínas. Em quadrado verde, genes que iremos abordar por PCR quantitativo. | 97 |
| Figura 20: Análise de Biologia de Sistemas de possíveis redes influenciadas pela inibição da PKC β 1 por β IV5-3 durante 1 e 3 horas. Proteínas com esfera vermelha representam proteínas encontradas na Tabela 6 e 7. As setas representam interações confirmadas pela literatura. As cores demais representam distintas classes de proteínas. Em quadrado verde, genes que iremos abordar por PCR quantitativo. | 98 |
| Figura 21: Análise de Biologia de Sistemas de possíveis redes influenciadas pela inibição da PKC β 1 por β IV5-3 durante 1 e 3 horas. Proteínas com esfera vermelha representam proteínas encontradas na Tabela 6 e 7. As setas representam interações confirmadas pela literatura. As cores demais representam distintas classes de proteínas. Em quadrado verde, genes que iremos abordar por PCR quantitativo. | 99 |
| Figura 22: <i>Immunoblotting</i> do silenciamento / inibição da PKC β 1 por siRNA e por ação de β IV5-3, e suas consequências na expressão do fator de transcrição C-myc. Teste estatístico <i>t de Student</i> ($p \leq 0,05$) da quantificação da intensidade das bandas em relação ao Controle. Dados de intensidade normalizado em relação ao Coloração de Ponceau. | 101 |
| Figura 23: A. SDS-PAGE de fosforilação <i>in vitro</i> de C-myc pela PKC β 1. 2 μ g de lisado por poço. Substratos tartados na presença e ausência de PKC β 1 <i>in vitro</i> , e reação parada por LB Buffer, e resolvido em eletroforese, corado com Pro-Q Diamont e por Coomassie G-250. B. <i>Imuno-bloting</i> de eletroforese bidimensional Anti-C-myc com o silenciamento / inibição da PKC β 1 por siRNA e por ação de β IV5-3 durante 3 horas. Em vermelho, linha com o ponto isoelétrico exato de C-myc. ... | 103 |
| Figura 24: Análise de PCR quantitativo por Real Time de genes relacionados ao silenciamento / inibição da PKC β 1 por siRNA ou β IV5-3. Dados normalizados pela expressão relativa ao GAPDH. <i>Imuno-bloting</i> ilustrativo com os mesmos tratamentos para visualização à nível traducional..... | 105 |
| Figura 25: Análise de PCR quantitativo por Real Time de genes relacionados ao silenciamento / inibição da PKC β 1 por siRNA ou β IV5-3. Dados normalizados pela expressão relativa ao GAPDH. | 106 |
| Figura 26: Análise de PCR quantitativo por Real Time de genes relacionados ao silenciamento / inibição da PKC β 1 por siRNA ou β IV5-3. Dados normalizados pela expressão relativa ao GAPDH. | 107 |
| Figura 27: Análise de PCR quantitativo por Real Time de genes relacionados ao silenciamento / inibição da PKC β 1 por siRNA ou β IV5-3. Dados normalizados pela expressão relativa ao GAPDH. | 108 |
| Tabela 8: Proteínas cuja expressão é regulada pelo C-myc encontradas exclusivamente nas células tratadas com Tat ₄₇₋₅₇ por 3 horas. | 111 |
| Tabela 9: Proteínas cuja expressão é regulada pelo C-myc encontradas exclusivamente nas células tratadas com β IV5-3 por 3 horas. | 112 |
| ANEXO: Tabela 1: Proteínas identificadas por proteômica em larga escala, exclusivas de Tat ₄₇₋₅₇ , em 3 horas. | 140 |
| ANEXO: Tabela 2: Proteínas identificadas por proteômica em larga escala, exclusivas de β IV5-3, em 3 horas. | 151 |

SUMÁRIO

| | |
|--|-----|
| LISTA DE FIGURAS & TABELAS..... | 13 |
| SUMÁRIO..... | 16 |
| INTRODUÇÃO..... | 18 |
| Células tronco..... | 18 |
| Vias de sinalização em CTE Indiferenciadas..... | 21 |
| Regulação Gênica e sua importância em CTE..... | 25 |
| A fosforilação e o controle da expressão gênica..... | 28 |
| As proteína quinases C..... | 31 |
| Proteínas Quinases C em CTE..... | 36 |
| OBJETIVOS..... | 38 |
| OBJETIVOS ESPECÍFICOS..... | 38 |
| MATERIAL & MÉTODOS..... | 39 |
| Cultura de células..... | 39 |
| β IV5-3, o peptídeo Inibidor da PKC β I..... | 40 |
| Preparação de extratos proteicos para eletroforese bidimensional..... | 40 |
| Eletroforese Bidimensional..... | 43 |
| Coloração dos géis bidimensionais..... | 44 |
| Análise dos géis 2D-PAGE..... | 45 |
| Digestão dos <i>spots</i> | 47 |
| Sequenciamento por Espectrometria de Massas..... | 49 |
| Identificação de Proteínas em larga escala utilizando a metodologia de LC-MS ^e | 51 |
| Predição de interações entre alvos das PKC β I..... | 56 |
| Ensaio de fosforilação <i>in vitro</i> | 56 |
| <i>Imunoblotting</i> | 57 |
| Silenciamento da PKC β I por siRNA..... | 59 |
| PCR quantitativo..... | 60 |
| RESULTADOS..... | 63 |
| Padronização do Fracionamento Celular Citoplasma/Núcleo para os estudos de Proteômica..... | 63 |
| Identificação de substratos diretos/indiretos da PKC β I em núcleo de CTE indiferenciadas..... | 74 |
| Identificação das proteínas que tem alterações de expressão por inibição da PKC β I..... | 90 |
| Identificação proteínas que tem alterações de expressão por inibição da PKC β I pelo proteômica em larga escala..... | 110 |
| DISCUSSÃO..... | 114 |

| | |
|---------------------------------|-----|
| CONCLUSAO | 124 |
| REFERÊNCIAS BIBIOGRÁFICAS | 125 |
| ANEXOS | 139 |
| SÚMULA CURRICULAR..... | 181 |

INTRODUÇÃO

Células tronco

As células tronco embrionárias (CTE) são células pluripotentes que proliferam indefinidamente *in vitro* mantendo a sua capacidade de diferenciação em diversos tipos celulares (Ying, *et al.*, 2008). Essa propriedade de se dividir mantendo a pluripotência define-se como auto-renovação (Ahn *et al.*, 2008). As CTE possuem grande interesse para terapias de reposição celular, porém é essencial compreendermos os processos moleculares que levam à manutenção das CTE no estado indiferenciado e as vias de sinalização que resultam na diferenciação das mesmas em distintos tipos celulares para o seu uso terapêutico (Zhang & Pasumarthi, 2008).

Diferentemente das CTE as quais são derivadas da massa interna de blastocistos (Spradling, *et al.*, 2001), as chamadas células tronco adultas tem uma menor capacidade de diferenciação podendo se diferenciar em apenas alguns tipos celulares. Estas são encontradas em diversos tipos de tecidos. Por exemplo, as células tronco do sistema hematopoiéticas que originam os componentes do sistema hematopoiético, e as células tronco mesenquimais que originam ossos e adipócitos (Spradling *et al.*, 2001). A principal diferença entre as CTE e as células tronco adultas está na sua capacidade de diferenciação, já que, enquanto as CTE

são capazes de diferenciar em todos os tipos celulares do organismo com exceção de algumas células que formam a placenta e apêndices embrionários, as células tronco adultas são capazes de se diferenciar em um número limitado de tipos celulares (Zhao W. *et al.*, 2012).

Durante a última década, houve um grande interesse da medicina regenerativa no estudo da biologia de células tronco embrionárias devido a sua pluripotência. O processo de diferenciação de CTE a outra linhagem celular de interesse médico/clinico necessita de mais estudos para viabilizar a sua utilização para fins terapêuticos. Assim, há uma área importante de investigação envolvendo a diferenciação dirigida das CTE *in vitro*. Estudam-se várias estratégias para conduzir a diferenciação das CTE a tipos celulares desejados. Dentre elas estratégias que envolvem o uso de fatores de crescimento para suplementação, co-culturas celulares, e mais recentemente a transfecção de genes (Boiani M., Scholer H.R., 2005)

Além do estudo de uma diferenciação dirigida, recentemente, demonstrou-se que é possível “reprogramar” células somáticas para terem características de CTE (auto-renovação). Takahashi e colaboradores (2006) foram capazes de desenvolver células tronco pluripotentes induzidas – IPSC, do inglês *induced pluripotent stem cells* - a partir de células somáticas já diferenciadas, como fibroblastos (Takahashi & Yamanaka, 2006). Esta reprogramação foi possível a partir da transfecção de apenas quatro genes que codificam fatores de transcrição: Oct 4, c-Myc, Sox-2, Klf4. Nos anos seguintes, o sucesso inicial de Takahashi e

Yamanaka em reprogramar células de camundongo, foi reproduzido por diversos grupos. A capacidade de usar o mesmo conjunto de fatores de transcrição para reprogramar células somáticas de camundongo e somáticas humanas reforça a natureza conservada das redes de fatores de transcrição nestas duas espécies no controle da auto-renovação e pluripotência (Yee, J. 2010).

Trabalhos subsequentes demonstraram que a transfecção de c-Myc era dispensável para a reprogramação, e que a presença do mesmo pode-se gerar tumores nos camundongos quimeras gerados a partir de iPSC (Isokawa, *et al.*, 2014). De fato, dois desses quatro fatores de transfecção utilizados inicialmente (c-Myc e klf4) são classificados como oncogenes, e aproximadamente 20% dos camundongos quimeras gerados a partir de iPSC, desenvolveram tumores, assim Yamanaka relatou gerar iPSC mesmo sem c-Myc, porém o processo levou mais tempo e não foi tão eficiente, porém a probabilidade de gerar tumores foi menor (Nakagawa, *et al.*, 2007). Há outros trabalhos que geram iPSC com outros fatores de transcrição. Por exemplo, Yu e colaboradores (2007) geraram iPSC humana transfectando Oct4, Sox2, Nanog e Lin28 – proteína de ligação à microRNAs regulatórios. Portanto, iPSC são células tronco pluripotentes obtidas de células somáticas diferenciadas e podem ser utilizadas para fins terapêuticos sem apresentarem rejeições do sistema imune pois estas seriam retiradas do mesmo paciente (Takahashi K. *et al.*, 2007).

Segundo este trabalho pioneiro de Takahashi e estudos anteriores, há diversas vias de sinalização que convergem para a indução de fatores de

transcrição fundamentais para o controle da auto-renovação e diferenciação celular. Sendo os fatores de transcrição Oct4, Nanog, STAT3, Smad1, SOX2, c-Myc e Klf4, os principais responsáveis pela manutenção da auto-renovação das CTE além disso observa-se a inibição de fatores de diferenciação (Chen *et al.*, 2008). Porém resta ainda elucidar as diferentes vias que levam à ativação destes fatores de transcrição nas CTE para a manutenção da auto-renovação ou a diferenciação celular.

Vias de sinalização em CTE Indiferenciadas

É essencial compreender a regulação das vias de sinalização envolvidas na manutenção da auto-renovação e das vias que levam à diferenciação específica das CTE para o uso das mesmas terapêuticamente. Conforme discutido acima, conhecem-se os fatores de transcrição primordiais para a auto-renovação porém ainda não se conhece a regulação que leva à ativação dessas vias.

Dentre estas vias de sinalização que levam ao estado indiferenciado, a via do LIF (*Leukemia Inhibitory Factor*) é uma das essenciais para a manutenção do estado indiferenciado. O LIF ao se ligar ao seu respectivo receptor – LIFR (*LIF receptor*), provoca a dimerização do receptor com a proteína membrana Gp130, ativando a quinase JAK (*Janus-Associated Tyrosine Kinase*) e o fator da transcrição STAT-3 (*Signal Transducer and Activation of Transcription*). A translocação do fator STAT-3 do citoplasma para o núcleo promove a transcrição

gênica de fatores que mantêm as CTE indiferenciadas (Okita e Yamanaka, 2007), tais como Oct 4, STAT3, Smad1, Sox2, Zfx, c-Myc, n-Myc, Klf4, responsáveis pela manutenção das CTEs no seu estado indiferenciado (Chen *et al.*, 2008). Conforme discutido acima.

O LIF também ativa a via das MAPK (*Mitogen Activated Protein Kinase*) especificamente as ERK 1/2. Esta via é necessária para a proliferação celular das CTE (Zhang & Liu, 2002). Porém, destacamos que, dependendo da intensidade, da duração da ativação e da localização sub-celular da ERK1/2 ativa, pode-se observar a diferenciação celular ao invés da proliferação celular (Ebisuya, *et al.*, 2005).

De fato, a ativação constante das ERK1/ 2 é responsável pela diferenciação celular em um amplo espectro de tecidos, como por exemplo, a indução da formação de células neuronais e adipócitos (Binétruy B. *et al.*, 2007). Dentre os alvos da cascata das MAPKs, a redução da expressão do Nanog e a inibição da atividade de Klf4 (*Krüepel-like factor 4*) são dois eventos bem caracterizados por serem responsáveis por induzir a diferenciação celular das CTE (Kim, *et al.*, 2012). Assim, o equilíbrio e a sinergia entre a cascata da MAPK e da STAT-3 são responsáveis pela manutenção das CTEs indiferenciadas (Boiani e Scholer, 2005, Alberti *et al.*, 2008).

Outro fator de transcrição importante para a manutenção do estado indiferenciado das CTE, também ativado pelo LIF, é o fator de transcrição Nanog. Esse fator destaca-se por ter sua expressão observada durante as primeiras

etapas da embriogênese, da mórula até a formação do blastocisto (Mitsui *et al.*, 2003). Ainda, sabe-se que embriões de camundongos *knockout* para este gene não são viáveis após a implantação (Mitsui *et al.* 2003). Em adição, sítios de ligação para os fatores Oct 4 e SOX2 foram identificados na região do promotor deste gene (Pan e Thomson, 2007) indicando que os fatores de transcrição envolvidos na auto-renovação são capazes de se inter-regular (Navarro *et al.*, 2012).

Também podemos destacar a via da PI3K/AKT como importante na proliferação e na manutenção da pluripotência das CTE. Segundo Kimura (2009), a PI3K – *phosphoinositide-3 kinase* – é uma serina/treonina quinase importante para a ativação transcricional de fatores que levam a indiferenciação das CTE como o Nanog.

Alguns estudos indicam que a via da ERK e da PI3K se regulam e que um desbalanço das mesmas pode levar à diferenciação de CTE. Segundo Li e colaboradores (2007), a sinalização de MEK/ERK em CTE humana, coopera com a via da PI3K/AKT na manutenção da pluripotência, e o desbalanço entre essas duas vias distintas, por ação de inibidores específicos para MEK ou por RNA de interferência, resulta em decréscimo de proliferação celular e o aumento da diferenciação.

Além das vias de sinalização ativadas pelo LIF outro fator de transcrição importante para a pluripotência é o BMP4 (*Bone Morphogenetic Protein 4*) que atua em conjunto com a cascata do LIF em CTE. As proteínas BMP são membros

da família TGF β (*Transforming Growth Factor β*), capazes de ativar o fator de transcrição SMAD4, que, por sua vez, induz a transcrição de genes responsáveis pela manutenção das CTE no seu estado indiferenciado (Yang S.M. *et al.*, 2011). Já na ausência do LIF, BMP4 é capaz de ativar outros membros da família SMAD, responsáveis por reprimir genes de indiferenciação e conseqüentemente induzir a diferenciação celular (Liu *et al.*, 2007).

Assim, vias de sinalização ativadas por BMP4 e LIF são essenciais na manutenção da auto-renovação das CTE, porém estas vias não parecem ser as únicas que atuam no controle do balanço entre auto-renovação e diferenciação. A família de proteínas agonistas Wnt (*Wingless-type MMTV integration site family*) ativa uma via independente da via do LIF (Moon *et al.*, 2004). Com a ligação a receptores do tipo Frizzled, há o acúmulo de β -catenina no núcleo de CTE, além de aumentar a expressão dos fatores de transcrição como Oct 4, REX-1 (*Reduced expression protein 1*), FoxD3 (*Forkhead box protein D3*) e SOX-2, responsáveis por manter a autor-renovação e inibir a diferenciação celular (Simcha *et al.*, 1998).

Assim, conhecem-se os fatores principais que levam à manutenção do estado indiferenciado das CTE, porém, o que faz o ajuste fino necessário para a manutenção do estado indiferenciado ou leva à diferenciação celular ainda não está bem estabelecido. A compreensão dos fatores que levam ao ajuste fino das vias de sinalização em CTE poderá contribuir para a aplicação dessas células na terapia celular.

Regulação Gênica e sua importância em CTE

Conforme discutido acima a ativação e inativação de diversos fatores de transcrição são essenciais para a auto-renovação ou diferenciação da CTE. A compreensão dos mecanismos da regulação da expressão gênica das CTE poderá nos auxiliar a entender como as CTE se mantêm indiferenciadas ou se diferenciam em tipos celulares específicos. Existem diversos mecanismos de controle da expressão gênica, pode-se classificar o controle da expressão gênica em temporal ou espacial por exemplo. Temporal, quando um gene é expresso em determinado período do ciclo celular, e espacial, quando a expressão de determinado gene é diferencial dependendo do tipo celular em questão. A expressão gênica pode ainda ser classificada em genes constitutivos (*housekeeping*), ou seja, que são transcritos de forma aproximadamente constante em todos os tipos celulares, ou genes regulados, a nível transcricional ou traducional (Lenhinger, 2013).

Do ponto de vista de controle da expressão genética à nível transcricional em eucariotos, podemos destacar dois mecanismos centrais. O primeiro trata-se do fato de que o início da transcrição e sua alongação é um ponto extremamente crítico de controle, já que genes eucariotos possuem diversas regiões regulatórias a montante do início da transcrição. Estas regiões são passíveis de ligação de fatores de transcrição, que geram conformações específicas no DNA podendo favorecer a ação da RNA polimerase II, aumentando assim a transcrição de

genes, ou dificultando a mesma, e assim diminuindo a quantidade de RNA mensageiros. Já o segundo mecanismo compreende-se como modificações epigenéticas das histonas componentes do nucleossomo, o qual acarreta o remodelamento de cromatina e alternância de formas de heterocromatina, e eucromatina, forma da cromatina em que ocorre uma intensa expressão gênica (Lodish, 2013, Benjamin *et al.*, 2012).

Em CTE, o estado de pluripotência é mantido principalmente por um trio de fatores de transcrição já descrito anteriormente, Oct 4, Sox2 e Nanog. Para se entender a importância desses fatores de transcrição para a manutenção da pluripotência e destino das CTE, através de experimentos de imunoprecipitação da cromatina com posterior sequenciamento genético, demonstrou-se que estes três fatores atuam de forma conjunta em regiões alvo do genoma, ativando genes-chaves neste processo de auto-renovação e reprimindo genes específicos de linhagens celulares diferenciadas (Yeo, *et al.*, 2013). Além disto, com o uso em larga escala da técnica de RNA de interferência para *knockdown* de diversos genes e posterior perda de pluripotência em CTE, descobriram-se outros fatores de transcrição importantes para a manutenção de pluripotência, tais como os *Esrrb*, *Tbx3* e *Tcl1* (Ivanova, *et al.*, 2006), os reguladores de cromatina Tip60-p400 (Fazio, *et al.*, 2008), e a proteína adaptadora TIF1 β (Hu, *et al.*, 2009).

Segundo Seki e colaboradores (2010), a proteína TIF1 β , *Transcriptional intermediary factor 1 β* , também conhecida como *KRAB-associated protein 1* (KAP1) ou *Tripartite motif protein 28* (TRIM28), é uma importante proteína

adaptadora que recruta proteínas remodeladoras de cromatina como a proteína repressora *Heterochromatin protein 1* (HP1) capaz de acetilar histonas e promover a formação de heterocromatina facultativa e assim o silenciamento gênico (Cammass, 2002). Porém, neste trabalho de Seki (2010) em CTE, foi observado que a TIF1 β quando fosforilada, ativa a transcrição por ligação à proteína Oct 4. Diferentemente desse cerne dos fatores de transcrição Oct 4, Nanog e Sox2, há um outro cerne paralelo e independente regido pelos fatores de transcrição da família de Myc, discutida acima, que também contribuem para a proliferação e auto-renovação das CTE (Hu, *et al.*, 2009).

A família de fatores de transcrição Myc é composta pelas proteínas c-Myc, n-Myc, Rex1, Zfx e E2F1, que são bem estudadas pelo seu envolvimento com a auto renovação e metabolismo celular (Chen, *et al.*, 2008, Kim, *et al.*, 2008, Kidder, *et al.*, 2008). Em CTE murina, aproximadamente 30% de todos seus genes ativados são controlados por c-Myc, sendo assim um fator de transcrição de vital importância (Kidder, *et al.*, 2008). Diferentemente do cerne central composto por Oct 4, Sox2 e Nanog, os quais tem a capacidade de recrutar a RNA polimerase II e iniciar a transcrição de genes alvo, c-Myc atua a outro nível de maneira independente, já que este controla o alongamento da transcrição por meio de uma pausa da RNA polimerase II através da CDK (quinase dependente de ciclina) e p-TEFb (Rahl, *et al.*, 2010), o qual está intimamente relacionado à proliferação celular (Kanazawa, S, *et al.*, 2003).

Assim, possivelmente o cerne central composto por Oct 4, Sox2 e Nanog, recruta a expressão de genes ligados à indiferenciação em CTE, enquanto que c-Myc atua no controle destes genes (Young, 2011). Segundo Nie e colaboradores (2012), c-Myc atua como um amplificador de sinal da expressão de fatores de indiferenciação em CTE.

O controle da atividade dos fatores de transcrição se dá por diversos mecanismos dentre eles: a translocação para o núcleo, dimerização e ativação de alguns fatores de transcrição, e por modificações pós-traducionais como fosforilação. Assim, existem diversos exemplos clássicos na literatura que descrevem a atividade dos fatores de transcrição modulada por diferentes fosforilações em sítios específicos. Como por exemplo, a fosforilação da Serina 62 em c-Myc estimula a ativação desse fator, já a fosforilação de Oct 4 na Serina 365 diminui a afinidade pelos sítios específicos no DNA (Hunter, T, Karin, M., 1992).

A fosforilação e o controle da expressão gênica

A fosforilação é a principal modificação pós-traducional de proteínas a qual é apontada como responsável por conectar e interagir distintas proteínas de diversas redes de sinalização celular (Hunter, T, 1995). Também, possui fundamental importância para regular a atividade e função de algumas proteínas, localização sub-celular e interações físicas proteína-proteína. Em células de mamíferos, entende-se por fosforilação a transferência do grupo fosforila

localizado na posição gama do ATP para resíduos de serina, treonina ou tirosina presente em substratos proteicos (Prabakaran S. *et al.*, 2012, Lenhinger, 2013).

A importância da fosforilação de proteínas é evidenciada pelo fato que aproximadamente 540 genes em humanos codificam proteínas quinases, equivalendo à cerca de 2% do total do genoma humano (Ubersax, Ferrell, 2007). Ainda, segundo estimativas de proteômica em larga escala, aproximadamente 700.000 resíduos de proteínas são potencialmente fosforilados em todas as proteínas do genoma humano, porém somente uma pequena parte foi validada (Ubersax, Ferrell, 2007).

Em CTE, algumas proteínas quinases são essenciais para a manutenção do estado de auto-renovação. Como ocorre com a quinase *Src*, uma importante tirosina quinase capaz de regular o citoesqueleto durante a diferenciação celular. Inibidores dessa quinase foram capazes de induzir a diferenciação das CTE (Kristensen *et al.*, 2005), porém os substratos específicos não foram ainda caracterizados. Ou ainda, a inibição da ERK conforme citado acima contribui para a manutenção da auto-renovação em CTE (Zhang, *et al.*, 2002)

Nasrabadi e colaboradores (2010) mostraram que ocorria um aumento na fosforilação de diversos fatores de transcrição, particularmente envolvidos com *c-Myc* e *p53*, em experimentos de diferenciação de células tronco de macaco. Outros trabalhos mostram essa importância, porém nenhum com célula tronco murina (Van Hoof *et al.*, 2009, Brill *et al.*, 2009).

Assim, segundo Whitmarsh e Davis (2000), as mudanças na fosforilação de proteínas representam um mecanismo o qual é frequentemente utilizado pelas células para regular a atividade de um fator de transcrição. Em resposta à estímulos do ambiente extracelular, as vias de transdução levam à modificações pós-traducionais, principalmente de fosforilações, de fatores de transcrição e proteínas modificadoras de cromatina. Estas modificações atuam de forma positiva ou negativa na atividade desta proteína em questão, resultando por consequência em alterações da expressão gênica. Ainda, a fosforilação de fatores de transcrição podem regular diretamente aspectos envolvidos com a sua função, tais como a localização celular, a estabilidade da proteína, a afinidade entre esta e o DNA e por fim a interação proteína-proteína e assim a interação com outros fatores de transcrição, controlando a transcrição gênica. Por exemplo, o aumento da fosforilação da Serina 373 de c-Myc, pela super-expressão de PKC ζ , ocasiona uma diminuição da proliferação e invasão de tumor em cânceres de próstata (Kim, JY, *et al.*, 2013). E segundo o trabalho de Seki e colaboradores (2010) a fosforilação da Serina 824 de TIF1 β (proteína adaptadora que recruta proteínas remodeladoras de cromatina discutida acima), como fica demonstrado é extremamente importante na manutenção da auto-renovação em CTE, esta fosforilação ocasiona um aumento de interação desta com Oct 4, ativando assim genes relacionados à pluripotência, favorecendo assim a auto-renovação. Também, a fosforilação da Serina 473 de TIF1 β por PKC δ regula a ligação com a *heterochromatin protein 1* e influencia o controle da expressão gênica (Chang, *et*

al., 2008). Assim, conhecem-se algumas proteínas quinases que fosforilam fatores importantes para a manutenção do estado indiferenciado. As proteína quinases C (PKC) parecem contribuir para esta regulação, fosforilando alguns fatores de transcrição (Okamoto, *et al.*, 1990), proteínas adaptadoras (Schullery, *et al.*, 1999) e mesmo histonas (Metzger, *et al.*, 2010). fazendo o ajuste fino que mantém as CTE indiferenciadas ou as leva à diferenciação.

As proteína quinases C

As proteína quinases C (PKC) constituem uma família de quinases capazes de fosforilar resíduos de serina e treonina. Esta família é composta por dez isoenzimas (Nishizuka, 1988), subdivididas em três subfamílias de acordo com os requisitos de ativação das mesmas:

1. PKCs clássicas (cPKC) incluem as PKC α , PKC β I, PKC β II e PKC γ , que são ativadas por cálcio, éster de forbol [ou seu análogo o diacilglicerol (DAG)] e fostatidilserina.
2. PKCs novas ou nóveis (nPKC) incluem as PKC δ , PKC ϵ , PKC η e PKC θ , ativadas por éster de forbol e fostatidilserina.
3. PKC atípicas (aPKC) as PKC ζ , e PKC ι/λ , as quais são independentes de cálcio e insensíveis ao éster de forbol / DAG (Newton, 2010) sendo ativadas por outros tipos de lipídios como

ceramida. Na figura 1, há a representação esquemática das famílias da PKC.

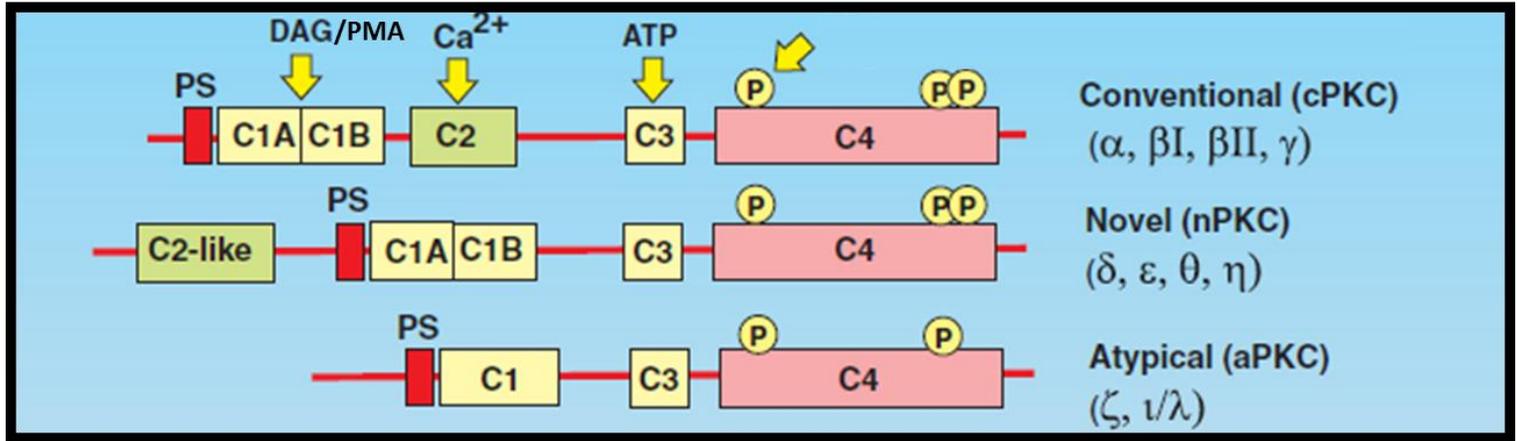


Figura 1: Classificação das três subfamílias das PKCs, com os Domínios e Requisitos para Ativação das Mesmas. PS- Região de Pseudo-Substrato, região das PKCs que está ligada ao sítio catalítico no domínio C4, quando a PKC está inativada. DAG- Diacilglicerol. PMA- Éster de forbol. P- Fosforilações necessárias para Maturação e Ativação das PKCs. Entre as regiões Catalíticas, há Regiões Variáveis, denominadas V1, V2, V3, V4 e V5, não representada no esquema. Adaptado de Nishizuka (1988) e Berridge (2012).

Cada isoenzima desempenha uma função única e exclusiva, fosforilando um grupo específico de substratos, os quais determinarão efeitos fisiológicos distintos. Chen e colaboradores (2001) demonstraram que a ativação da PKC ε protege os cardiomiócitos da morte celular decorrente da isquemia, entretanto, a ativação da PKC δ aumenta a porcentagem de células mortas por isquemia.

A ativação da PKC geralmente é acompanhada pela translocação da enzima do citosol para as membranas das células (Keranen *et al.*, 1995), e sua ativação envolve também a auto-fosforilação da enzima em sítios específicos

(Schechtman *et al.*, 2004) e mudanças conformacionais as quais levam a exposição de regiões necessárias para a interação com substratos, proteínas adaptadoras e para a ancoragem da enzima à fração membranar da célula (Mochly-Rosen & Gordon, 1998).

Ainda não se conhecem os mecanismos moleculares que coordenam a translocação das PKCs, nem tão pouco a especificidade de cada isoenzima. A localização sub-celular das diferentes PKCs é regida pela ligação específica com seus “Receptores da Proteína Kinase C Ativada” – RACKs – (Mochly-Rosen *et al.*, 1991, Schechtman & Mochly-Rosen, 2001). Cada isoenzima liga uma RACK em particular e as RACKs ligam apenas as PKCs ativas. As RACKs são proteínas adaptadoras, as quais facilitam a interação de diversas proteínas participantes de processos de transdução de sinal. Assim, demonstrou-se que a RACK para a PKC β II (RACK1) pode se ligar, concomitantemente, à PKC β II e à dinamina-1, um substrato da PKC β II, aumentando a fosforilação deste substrato por esta PKC (Rodriguez *et al.*, 1999).

Modulando-se seletivamente a interação entre diferentes isoenzimas das PKCs e suas respectivas RACKs, é possível a confecção de peptídeos inibidores e ativadores específicos para as diferentes isoenzimas da PKC. Estes peptídeos são compostos de seis a dez aminoácidos que modulam, especificamente e pontualmente, a translocação e função de uma única isoenzima da PKC (Schechtman & Mochly-Rosen, 2002).

Tal como ocorre com outras proteínas quinases, as PKCs possuem uma região regulatória e uma região catalítica. A região catalítica da enzima, localizada na metade C-terminal da proteína, possui os Domínios Catalíticos C3 e C4, sendo que C3 contém o domínio de ligação de ATP e C4 é o de ligação ao seu substrato. Já na outra metade das PKCs, compreendida no N-terminal há os Domínios Regulatórios, denominados de C1 e C2, e a presença/ ausência destes discrimina as diferentes famílias das PKCs. O domínio C1 presente nas PKCs clássicas e nóveis consiste num domínio duplo *in tandem* o qual é sensível à éster de forbol [ou seu análogo o diacilglicerol (DAG)] e fostatidilserina, já o domínio C2 também ocorre nas PKCs clássicas e nóveis e consiste num domínio específico de ligação ao íon cálcio, e também está presente em outras proteínas, apesar de sua presença nas PKCs nóveis, esse domínio é insensível ao cálcio. Diferentemente destas PKCs, as chamadas atípicas não possuem esses dois domínios C1 e C2, apenas um pequeno C1 modificado que é insensível ao éster de forbol e à fosfatidilserina. Entre as regiões catalíticas das PKCs, há regiões Variáveis, (V), que contendo as maiores diferenças e especificidades das diferentes isoenzimas V (Mochly-Rosen, 2012), conforme demonstrado no esquema representado na figura 1.

A alta conservação do domínio catalítico entre as isoenzimas das PKCs dificulta o desenvolvimento de inibidores específicos para cada isoenzima (Costa-Junior H.M. *et al.*, 2009). Entretanto, a estratégia encontrada para o desenvolvimento de moduladores específicos das diferentes isoenzimas tem como

o principal racional as diferenças nas sequências peptídicas variáveis entre as isoenzimas, as quais irão ser responsáveis pela interação com as proteínas ancoradoras RACKs e com os diferentes substratos específicos. Assim, como exemplo, o peptídeo inibidor da PKC β I, β IV5-3 foi desenvolvido a partir da determinação experimental que dois domínios das PKCs se ligam à RACK (C2/ V1 e V5), , a utilização deste peptídeo bloqueia o ancoramento da PKC β I à sua RACK e sua consequente atividade (Stebbins & Mochly-Rosen, 2001).

As PKCs parecem ter um papel importante na tumorigenese tanto na regulação de fatores de transcrição quanto de modificações de histonas. Há diversos trabalhos na literatura demonstrando a relação direta entre a PKC e o controle de expressão gênica (Ventura, C., Maiolo, M., 2001, Rossé, C., *et al.*, 2014). Dentre estes, Chu e colaboradores (2013) demonstraram que a expressão e atividade de Nanog é regulada negativamente por PKC, principalmente pela PKC α , em linhagens de tumores humanos. Também, Metzger e colaboradores (2010) demonstram que a PKC β I fosforila a treonina 6 da histona H3 (H3T6) controlando a dimetilação da lisina 4 da histona H3 (H3K4). Esta assinatura em histona leva a alterações nos nucleossomos, com o relaxamento destes, o qual por sua vez acarreta o aumento da expressão gênica pela formação de eucromatina. Neste trabalho, demonstrou-se que o aumento nos níveis de PKC β I e por consequência a fosforilação de H3T6 possui uma alta correlação positiva com carcinoma de próstata. Também foi observado que a inibição dessa quinase por RNA de interferência é capaz de bloquear a proliferação de células tumorais e a

progressão desse câncer. Ainda, detecta-se a fosforilação de proteínas adaptadores como Trim28 pela PKC δ conforme citado acima (Chang, *et al.*, 2008). Entretanto apesar de se saber que essas quinases tem um papel chave nas CTE conhece-se pouco a respeito das mesmas nessas células.

Proteínas Quinases C em CTE

Com relação ao papel das PKCs nas CTE Quinlan e colaboradores (2003), demonstraram a importância da fosfolipase C e das PKCs na proliferação de CTE murinas. Através dos ativadores globais da PKC e um análogo do DAG 1,2 dioctanoyl-sn-glycerol (DOG), assim como éster de forbol 12-tetra-decanoyl forbol 13-acetato (TPA), foram capazes de induzir a proliferação das CTEs. No entanto, o inibidor global das PKCs, bisindolylmaleimide (Bis II) diminuiu significativamente o número total das CTEs, sendo assim, é notório que as PKCs estejam envolvidas no processo de proliferação das CTEs. Apesar disto, sabe-se pouco sobre o envolvimento das diferentes isoformas da PKC nas diversas vias de sinalização que levam à manutenção das CTEs no seu estado indiferenciado. Segundo o trabalho recente de Kinehara e colaboradores (2013), as PKCs desempenham um papel fundamental no “ajuste fino” da pluripotência e auto-renovação de CTE humanas, porém o papel específico de cada isoenzima é pouco abordado. Dutta e colaboradores (2011) demonstraram que a PKC ζ atua no balanço de auto-renovação e início do comprometimento de linhagens diferenciadas. Nesse

contexto, torna-se necessário a elucidação da função pontual de cada isoenzima das PKCs em CTE não diferenciadas.

Resultados do nosso laboratório mostram que em duas linhagens distintas de CTE murina (USP2 e E14TG2A) indiferenciadas expressam as isoenzimas PKC α , PKC β I, PKC β II, PKC δ , PKC ϵ e a PKC ζ/λ . Demonstramos que ativação da PKC δ induz a ativação transiente da ERK e conseqüentemente um aumento da proliferação celular das CTE. Porém demonstramos também que no contexto das CTE, em condições que as mantêm indiferenciadas, as PKCs não são dispensáveis para a proliferação apenas funcionam como moduladoras desse processo (Garavello, et al, 2013).

Dentre as PKCs expressas em CTE, a PKC β I é expressa primordialmente no núcleo de CTE indiferenciadas (Costa-Junior, et al., 2010). E após a diferenciação celular esta isoenzima não é expressa, ou aparece principalmente no citoplasma. (Costa-Junior, et al., 2010).

Trabalhos anteriores do nosso grupo sugerem que a PKC β I está envolvida na regulação da transcrição de genes importantes para a proliferação/ auto-renovação das CTE. Porém os mecanismos pelos quais esta quinase regula estes processos ainda não estão claros. Sendo assim, a identificação de substratos da PKC β I no núcleo de CTEs pode auxiliar na elucidação das vias que levam à auto-renovação dessas células, que envolvem diversos processos de transcrição e regulação epigenética.

OBJETIVOS

Perante os dados do nosso laboratório que indicam um papel importante para a PKC β I em CTE indiferenciadas, na presente tese, temos como objetivo principal a identificação de substratos nucleares específicos da PKC β I em CTE murinas indiferenciadas, utilizando um peptídeo modulador dessa quinase, e a caracterização destes no processo de manutenção da auto-renovação de CTEs

OBJETIVOS ESPECÍFICOS

1. Identificar substratos diretos e indiretos da PKC β I no núcleo de CTE indiferenciada.
2. Identificar e caracterizar as vias de sinalização moduladas pela PKC β I.
3. Identificar as proteínas cuja expressão é modulada pela PKC β I.

MATERIAL & MÉTODOS

Cultura de células

Utilizamos nesta tese a linhagem de CTE murina, E14TG2A, esta linhagem foi adaptada para se manter indiferenciada na ausência de co-cultura com fibroblastos embrionários murinos inativados (células *feeder*). A cultura e manutenção das células E14TG2A no estado indiferenciado foi feita em meio Glasgow Modificado por Eagle (GMEM, Sigma-Aldrich), suplementado com LIF (10^3 U/mL, ESGRO-LIF, Life Technologies), soro fetal bovino (15% v/v, SFB, Hyclone, Logan), β -mercaptoetanol (0.1 mM), aminoácidos não essenciais (1% v/v, Life Technologies), L-glutamina (2 mM, Life Technologies), penicilina (50 U/mL, cat.15140 Life Technologies) e estreptomicina (50 μ g/mL, cat.15140 Life Technologies) (Morrison G.M. & Brickman J.M., 2006). As garrafas de cultura utilizadas para o cultivo das CTE foram previamente gelatinizadas com gelatina de porco (0.2% m/v, cat.S2500, Sigma-Aldrich). Nessas condições de cultivo os marcadores de indiferenciação como Oct4, Nanog, SSEA eram expressos em aproximadamente 80% das células (Costa-JUnior H.M. *et al.*, 2010).

O sub-cultivo da CTE foi feito a cada dois dias, ou quando as células atingissem 80 - 90% de confluência.

β IV5-3, o peptídeo Inibidor da PKC β I

O peptídeo inibidor da PKC β I denominado β IV5-3, formado pela sequência, Lys-Leu-Phe-Ile-Met-Asn (Stebbiens E.G. & Mochely-Risen D., 2001), foi doado pela empresa KAI Pharmaceuticals ® (Califórnia, EUA). O peptídeo inibidor β IV5-3 está acoplado, através de uma ponte dissulfeto (Chen L. *et al.*, 2001), ao peptídeo carreador Tat₄₇₋₅₇ com os aminoácidos (Tyr-Gly-Arg-Lys-Lys-Arg-Arg-Gln-Arg-Arg), provenientes da proteína *Transactivator of transcription* do HIV (aminoácidos 47 a 57) este peptídeo possui a propriedade de ser permeável à membrana plasmática (Deshayes S. *et al.*, 2005), e por isso o utilizamos como carreador do nosso peptídeo inibidor, e como controle, utilizamos somente o Tat₄₇₋₅₇ sem nenhum peptídeo ligado, apenas como carreador vazio.

Utilizamos estes dois peptídeos na concentração de 50 nM por 15 minutos, uma ou três horas, dependendo do experimento em questão, sempre em condições de cultura celular que mantivessem as CTE indiferenciadas conforme descrito acima.

Preparação de extratos proteicos para eletroforese bidimensional

Para identificarmos os substratos diretos e indiretos da PKC β I em núcleos de CTE indiferenciada E14TG2A, foi realizado estudos de fosfoproteômica. As

células foram tratadas com 50 nM do peptídeo β IV5-3 ou com o peptídeo carreador controle Tat₄₇₋₅₇, por 15 minutos a 37°C em condições de cultivo celular.

Após o tratamento das CTE, estas foram lavadas duas vezes com tampão fosfato (PBS) a 4°C, coletadas e lisadas com auxílio de um *rubber policeman*, transferidas para tubos do tipo *eppendorf*, incubadas por 30 minutos na Solução 1 (10 mM HEPES, 10 mM KCl, 0,1 mM EDTA, 0,1 mM EGTA, inibidores de proteases (1:300, # P8340 Sigma-Aldrich) e de fosfatases (1:100, *Phosphostop Inhibitor cocktail tablets*, # no04906845001, Roche). Após esse período, adicionamos 10% v/v do detergente NP-40 para uma concentração final de 3% v/v. As células foram posteriormente homogeneizadas com auxílio de um vortex durante 1 minuto e centrifugadas por 20000 g por 1 minuto. O sobrenadante contendo a fração solúvel (citoplasmática) foi coletado e mantido no ultra freezer -80°C para uso futuro. Para o enriquecimento da fração nuclear, o precipitado da centrifugação anterior foi solubilizado com a Solução 2 (20 mM HEPES, 420 mM NaCl, 1 mM EDTA, 1 mM EGTA, inibidores de proteases (1:300, # P8340 Sigma-Aldrich) e de fosfatases (1:100, *Phosphostop Inhibitor cocktail tablets*, # no04906845001, Roche), o homogeneizado foi mantido à 4°C por 30 minutos e centrifugado à 20000 g por 10 minutos. O sobrenadante contendo a Fração Nuclear foi transferido para um novo tubo. As proteínas foram precipitadas pela adição de 10% de p/v de TCA em acetona e mantidas por 3 horas à -20°C, As amostras foram subsequentemente centrifugadas à 16000 g por 20 minutos. O precipitado proteico foi lavado 3 vezes com acetona gelada, seguido por

centrifugações de 16000 g por 20 minutos novamente. Após a última lavagem, o tubo foi mantido em dissecador com sílica de secagem para a volatilização completa da acetona por pelo menos 16 horas. Enfim, o precipitado foi solubilizado com tampão compatível com a eletroforese bidimensional, designado de Solução de Rehidratação DeStreak [7 M Uréia, 2 M Tiouréia, 50 mM DTT, 0,4% v/v Triton X-100, 2% p/v CHAPS e 1% de tampão de anfólitos 3-10 (GE Healthcare) e 0,025% p/v Bromofenol Blue].

Os lisados das frações citoplasmática e nuclear foram então sonicados (Branson Sonifier 250, CO, EUA), em banho de gelo a 40 Htz, por cinco minutos. A concentração proteica foi determinada pelo método colorimétrico de Bradford (BioRad) e confirmada por análise em gel de eletroforese SDS-PAGE corado com Coomassie Coloidal G250 (Costa-Junior H.M. *et al.*, 2010). As amostras foram aliqüotadas e congeladas a -80°C.

Para estudos com lisado total, assim como anteriormente descrito, após o tratamento das CTE, estas foram lavadas duas vezes com tampão PBS, coletadas e lisadas com auxílio de um *rubber policeman*, transferidas para tubos do tipo eppendorf, através da Solução de Rehidratação DeStreak [7 M Uréia, 2 M Tiouréia, 50 mM DTT, 0,4% v/v Triton X-100, 2% p/v CHAPS e 1% de tampão de anfólitos 3-10 (GE Healthcare), 0,025% p/v Bromofenol Blue, inibidores de proteases (1:300, # P8340 Sigma-Aldrich) e de fosfatases (1:100, *Phosphostop Inhibitor cocktail tablets*, # no04906845001]. Também foram sonicadas,

quantificadas, alicotadas e conservadas como anteriormente descrito. Quatro experimentos independentes com cada tratamento foram realizados.

Eletroforese Bidimensional

Os extratos proteicos nucleares oriundos de lisados de células tratadas por 15 minutos com peptídeo controle Tat₄₇₋₅₇ ou β IV5-3 foram preparados, como descrito acima, na concentração de 1000 μ g em 250 μ L, foram então carregados por rehidratação passiva ou ativa pelo acessório *cup loading* (GE Healthcare) em fitas *IPG strips* de 13 cm de comprimento com um intervalo de pH 3-10 (GE Healthcare), durante 18 horas a temperatura ambiente. Para a validação e caracterização de substratos diretos ou indiretos da PKC β I utilizamos a eletroforese bidimensional seguida do *immunoblotting*, com fitas de 7 cm com o mesmo intervalo de pH ou com intervalo de 4-7, escolhemos caso à caso a condição que apresentava a melhor resolução de *spots*.

A focalização isoelétrica foi realizada com o sistema IPGphor 3 (GE Healthcare), variando-se a voltagem da seguinte forma: 100V por 1 hora,

- 200V por 8 horas,
- 400V por 1 hora,
- 700V por 1 hora,
- 1000V por 1 hora,
- 1000 à 5000V em gradiente por 2 horas,

- 5000V por 1 hora,
- 5000V à 8000V em gradiente por 1 hora,
- 8000V até que a voltagem total acumulada fosse 60.000V/h (50mA à 20°C).

Posteriormente, as fitas foram lavadas com água Milli-Q e mantidas congeladas à -80°C. Para a realização da segunda dimensão da eletroforese, foi preparado géis de poliacrilamida 12,5% pelo método de Laemmli em cubas de eletroforese do modelo RUBY (GE Healthcare). Então, as fitas foram reduzidas e alquiladas, durante 20 minutos a temperatura ambiente, com solução de equilíbrio [urea (6 M), Tris-HCl (75 mM, pH 8.8), glicerol (30% v/v), SDS (2% m/v), azul de bromofenol (0.002% p/v)] contendo DTT (2% p/v) ou iodocetamida (4% p/v), respectivamente. Em seguida, as fitas foram transferidas para a segunda dimensão de separação, que consistiu na separação por peso molecular por SDS-PAGE por 15mA por 15 minutos e 25mA até o final da corrida, refrigerado com um *cooler* à 8°C.

Coloração dos géis bidimensionais

A detecção de proteínas fosforiladas nos géis bidimensionais foi feita utilizando-se um corante fosfo-específico, Pro-Q Diamond (Life Technologies). Para esta coloração, os géis bidimensionais foram fixados com solução contendo metanol (50% v/v) e ácido acético (10% v/v), por 16 horas a temperatura

ambiente. Os géis foram, então, lavados três vezes com H₂O Milli-Q por 30 minutos e corados com o reagente Pro-Q Diamond por 180 minutos. A solução descorante contendo acetato de sódio (50 mM, pH 4) e acetonitrila (20% v/v) foi adicionada aos géis, durante três ciclos de lavagens de 30 minutos, cada, seguido de uma lavagem rápida de H₂O Milli-Q. Os géis foram digitalizados no aparelho Typhoon 9400 (GE Healthcare) com excitação/emissão de 555/580 nm.

Após a coloração com Pro-Q Diamond, os géis foram corados com, Coomassie Coloidal G-250 para a detecção de proteínas totais. Para tanto, os géis foram incubados com uma solução contendo Coomassie Coloidal G-250 (0,1% p/v), ácido orto-fosfórico (2% p/v) e sulfato de amônio (10% p/v), por 12 horas. Em seguida, os géis foram descorados com várias lavagens com água Milli-Q. Os géis foram digitalizados com o auxílio do ImageScanner 3 (GE Healthcare) e analisados.

Análise dos géis 2D-PAGE

As imagens adquiridas foram analisadas utilizando o programa ImageMaster 2-D Platinum 7.0 (GE Healthcare), A detecção dos *spots* e a determinação de seu volume foram realizado de modo automático, as correções como a adição e remoção dos *spots* e a *realização de matching* entre os géis foram feitos manualmente, conforme especificações do fabricante do programa. Para determinar diferenças na expressão proteica e no grau de fosforilação, foram

consideradas as alterações de volume normalizado dos *spots* com 5% de significância no teste estatístico de ANOVA (*analysis of variance*), além destes, determinamos também os *spots* exclusivos de cada tratamento ou com alteração de volume maior que 50% entre os tratamentos. Estes *spots* foram retirados do gel, digeridos e sequenciados por espectrometria de massas.

Ao invés de se utilizar o valor de volume bruto para essa análise estatística, optamos conforme recomendação do fabricante, usar o volume em porcentagem, também chamado de normalizado, o qual implica na normalização do volume do *spot*, calculando-se a porcentagem de volume, em relação ao volume total de todos os *spots* no gel. Assim, minimizam-se possíveis variações decorrentes da quantidade de proteína aplicada e do procedimento de coloração (GE Healthcare, 2007). O programa de análise também estimou os pontos isoelétricos e as massas moleculares de cada *spot* identificado, levando em consideração o padrão de migração horizontal na focalização isoelétrica no gradiente linear de pH 3 a 10 em 13 cm, e padrões de massa molecular (Broad Range - Molecular Weight Marker, Bio-Rad) estimamos uma correlação com a migração vertical em centímetros.

Para a avaliação do nível de fosforilação, utilizamos as imagens de Pro-Q Diamond (Life Technologies), e no caso de estudos de expressão, utilizamos as imagens coradas com Coomassie G-250. Para ambos os casos, procedemos da mesma forma com relação a análise da imagem e de parâmetros de seleção dos *spots* de interesse, conforme descrito anteriormente.

Digestão dos *spots*

Após a análise dos géis, as regiões de interesse (com diferenças de volumes conforme descrito anteriormente) contendo a proteína (*spots*) diferencialmente fosforilada ou expressa foram retiradas, com o auxílio de uma ponteira de 1.000 µL com a ponta adaptada no diâmetro do *spot* em questão, e com o auxílio de um bisturi, os *spots* foram cortados em segmentos de aproximadamente 1 mm³, colocadas em tubos *ependorf* e armazenados à 4°C. Os *spots* retirados foram tratados e digeridos de acordo com Andrade e colaboradores, (2007), conforme descrito:

- Remoção do corante: Os segmentos de gel contendo as proteínas foram lavados em água Milli-Q, descorados por seis vezes na solução contendo 50% v/v de acetonitrila (ACN) e 25 mM de bicarbonato de amônio (AMBIC), posteriormente foram desidratados duas vezes em 100% ACN durante 10 minutos. A acetonitrila foi removida e o resíduo remanescente do gel foi evaporado a temperatura ambiente.
- Redução e alquilação: Os fragmentos de gel contendo as proteínas foram reidratados e reduzidos em DTT (20 mM DTT / 50 mM AMBIC) a 56°C durante 40 minutos e posteriormente alquilados com iodoacetamida (55 mM IAA / 50 mM AMBIC) no escuro por 30 minutos. A iodoacetamida foi removida e os fragmentos foram lavados em 25 mM AMBIC e posteriormente desidratados em 100% acetonitrila. A acetonitrila foi

descartada e o resíduo remanescente no gel evaporado à temperatura ambiente.

- Digestão das proteínas: Os fragmentos de gel contendo as proteínas de interesse foram reidratados e digeridos com 30 μ L de solução contendo 100 ng de tripsina (Trypsin Gold Mass Spectrometry Grade, Promega) em 25 mM de bicarbonato de amônio e mantidas a 37°C por 12 horas. A ação da tripsina foi interrompida pela adição de 20 μ L de solução bloqueadora (50% v/v ACN e 5% v/v ácido fórmico).
- Extração dos peptídeos: Os peptídeos foram eluídos da acrilamida com duas lavagens de 20 minutos com a solução de 60% v/v metanol e 1% v/v ácido fórmico, e duas vezes com a solução 50% v/v acetonitrila e 1% v/v ácido fórmico, todas as lavagens foram realizadas a 45°C sob sonicação com 40 KHz de frequência fixa e potência de 30 W. Secou-se a solução contendo os peptídeos extraídos do gel foi submetida a secagem em um concentrador à temperatura ambiente, por 2-3 horas. Os peptídeos foram ressuspensos em 0,1% (v/v) ácido fórmico e purificados através de resina de C18 (ZipTip - MilliPore), conforme especificações do fabricante. O eluato de peptídeos purificados foi transferido para um novo tubo para análise por espectrometria de massas.

Sequenciamento por Espectrometria de Massas

Os peptídeos foram seqüenciados em um espectrômetro de massas Q-TOF-Ultima API (ESI-MS/MS *quadrupole/aceleração orthogonal time-of-flight*, Waters) acoplado a um sistema *on-line* de HPLC capilar, CapIC (Waters). A separação dos peptídeos foi realizada usando-se uma pré-coluna C18 (Sentry Guard Column C18, Waters) seguida por uma coluna de fase reversa C18 (Symmetry C18 5 µm 0,32 x 150 mm, Waters). Os peptídeos foram eluídos através da variação do gradiente do tampão A (95% v/v H₂O, 5% v/v ACN e 0,1% v/v ácido fórmico) e do tampão B (95% v/v ACN, 5% v/v H₂O e 0,1% v/v ácido fórmico). Durante a corrida, o fluxo utilizado foi de 5 µL.min⁻¹ nos primeiros 15 min, 2 µL.min⁻¹ entre 15 e 40 min e novamente 5 µL.min⁻¹ entre 40 min e 45 min. A variação de gradiente do tampão B foi de 10% (v/v) a 15% (v/v) em 5 min, de 15% (v/v) a 35% (v/v) em 20 min, de 35% (v/v) a 45% (v/v) em 5min, de 45% (v/v) a 80% (v/v) em 5min, mantido por 5 min em 80% (v/v) e os últimos 5 minutos em 10% (v/v).

A ionização das moléculas por electrospray foi realizada com uma voltagem fixa de 3.000 V, temperatura de 90°C sob 5 psi de nitrogênio. Os espectros foram adquiridos em modo positivo de MS/MS automaticamente com um limiar de 25 *counts*, dentro de uma amplitude de 300 a 2000 m/z. As aquisições foram realizadas simultaneamente com o peptídeo padrão GFP através do sistema

Nanolock Spray (Waters), para corrigir as variações de massa que ocorrem ao longo do tempo.

Os espectros de massas das amostras dos diferentes tratamentos foram processados através do programa ProteinLynx V 2.1 (Waters) e analisados para a identificação protéica no programa MASCOT MS/MS Ions Search (<http://www.matrixscience.com>). Esta etapa do procedimento foi realizada utilizando o serviço de Espectrometria de Massas do Laboratório Nacional de Biociências (LnBio), Campinas, SP, Brasil.

Também, utilizamos um segundo espectrômetro de massas para a identificação de *spots*, um MALDI-TOF/TOF (UltrafleXtreme -Bruker) o qual o eluato de peptídeos purificados foi transferido para um novo tubo, o qual foi submetido à liofilização para descarte de solventes. O pellet foi solubilizado na solução de 0,1% de TFA, em aproximadamente 10 uL. Desta, aproximadamente 1 uL resultante foi adicionado à placa de metal do equipamento MALDI-TOF/TOF, acrescido de Matriz HCCA (*o-cyano-4-hydroxy cinnamic acid*) na proporção: 2 uL Matriz:1 uL Amostra, e foi submetido à secagem em temperatura ambiente. Os peptídeos foram sequenciados utilizando como *range* de m/z no primeiro MS de 600 à 4000 e MS/MS dos 6 picos de maior contagem relativa. Utilizamos *shots* MS 2000 e no MS/MS 3000 *shots* de laser no modo positivo. Os espectros de massas das amostras dos diferentes tratamentos foram processados através do programa BioTools (Bruker) e analisados para a identificação protéica pelo programa MASCOT MS/MS Ions Search (<http://www.matrixscience.com>).

Esse equipamento MALDI-TOF/TOF foi utilizado na Central Analítica do Instituto de Química-USP. Em ambos os casos, tanto com ESI-Q-TOF quanto no MALDI-TOF/TOF, utilizamos como parâmetros para identificação conforme abaixo:

- *Database: SwissProt,*
- *Taxonomy: Mus musculus,*
- *Enzyme: Trypsin,*
- *Fixed modification: Carbamidomethyl (C),*
- *Variable modifications: Oxidation (M), Phosphorylation (S or T),*
- *Peptide tol.: +- 100ppm,*
- *MS/MS tol.: +- 0.8 Da,*
- *Peptide charge: 1+ (no caso de MALDI-TOF/TOF), 2+, 3+ (no caso de ESI-Q/TOF).*

Identificação de Proteínas em larga escala utilizando a metodologia de LC-MS^e

Esse experimento de proteômica em larga escala, utilizando a metodologia de MS^e ou também conhecida como *label free* ou identificação por *shotgun* (Haqqani, *et al.*, 2008), foi realizado no Laboratório Max Feffer, Departamento de Genética, ESALQ-USP.

Para cada tratamento, foram preparadas três replicatas biológicas separadamente. Inicialmente, 50 µL de uma solução de proteínas totais de 1µg/µL

dissolvidas em bicarbonato de amônio 25mM de cada amostra foram desnaturados com 0,2% de RapiGest em água ultra pura (RapiGest SF, Waters) e incubadas por 15 minutos à 80°C. Em seguida, as amostras foram centrifugadas com um pequeno pulso, e 2,5 µL de ditioneitol (DTT) em 100 mM (GE Healthcare) foram adicionados. As amostras foram aquecidas à 60 °C por 30 minutos, resfriadas à temperatura ambiente e novamente centrifugadas. Em seguida, adicionou-se 2,5 µL de iodoacetamida 300 mM (GE Healthcare). As amostras foram incubadas por 30 minutos, à temperatura ambiente, no escuro. A digestão foi realizada por meio da adição de 10 µL de uma solução de tripsina (Promega) em 50 mM de bicarbonato de amônio, a uma razão de 1:100 enzima/proteína e a amostra foi incubada à 37 °C, por 16 horas. Após a digestão, realizou-se a hidrólise do RapiGest SF, por meio da adição de 10 µL de ácido trifluoracético 5% (Merck). As amostras foram incubadas à 37 °C por 90 minutos e na sequência, foram centrifugadas a 14.000 g, por 30 min à 6 °C. O sobrenadante foi transferido para frascos de vidro (*total recovery vial*, Waters) ao qual, adicionou-se 5 µL de hidróxido de amônio 1 N e 5 µL do padrão interno de Enolase 100 fmol/ µL (Promega).

As análises por LC-MS^e foram realizadas injetando-se 10 µL de cada amostra digerida (correspondente a 5 µg do total de proteínas digeridas,) no sistema de cromatografia líquida de ultraperformance (*Ultraperformance Liquid Chromatography - UPLC*) nanoACQUITY, com tecnologia 2D de fase reversa dupla (Waters). Essa técnica combina a separação das proteínas usando-se um

pH de 10, na separação da primeira dimensão e um pH de 2 na segunda dimensão, com auxílio de colunas de fase reversa. A primeira dimensão foi realizada em uma coluna XBridge BEH C18 (5 μm , 300 μm x 50 mm) (Waters). A eluição desta coluna foi realizada usando-se 10 gradientes binários diferentes de 20 mM de formiato de amônio pH 10 e acetonitrila, em um fluxo de 2 $\mu\text{L}/\text{min}$. A proporção de acetonitrila da primeira fração até a décima variou de 7,4% à 65%. Os peptídeos eluídos da coluna da primeira dimensão foram diluídos em linha com 0,1% de ácido fórmico em acetonitrila a um fluxo de 20 $\mu\text{L}\cdot\text{min}^{-1}$ e capturados por uma coluna C18 Symmetry (5 μm , 180 μm x 20 mm) (Waters). A separação, na segunda dimensão, foi realizada em uma coluna HSS T3 (1.8 μm , 75 μm x 100 mm) (Waters), usando-se um gradiente binário de 7 a 40% de acetonitrila, em 0,1% (v:v) de ácido fórmico durante 54 minutos, a um fluxo de 400 $\text{nL}\cdot\text{min}^{-1}$.

A aquisição dos dados foi realizada com um espectrômetro de massas do tipo quadrupolo-tempo de voo (Q-TOF) Synapt MS, equipado com uma fonte *nanolockspray* operando no modo positivo (Waters, Manchester, UK). Para todas as análises, o espectrômetro de massas operou no modo "V", com poder de resolução típico mínimo de 12500. O espectrômetro de massas foi calibrado com [Glu1] fibrinopeptídeo B (GFP) humano (200 $\text{fmol}/\mu\text{L}$) e a mesma solução foi empregada para o "lock mass" utilizando-se o íon de dupla carga com uma amostragem a cada 30 segundos. Os experimentos foram realizados no modo MSE (análise independente de dados) que consiste na aquisição alternada, entre espectros obtidos à baixa (3 eV) e alta (15-50 eV) energia de colisão, aplicadas ao

módulo *trap* do 'T-wave' CID, em presença de gás argônio, que produz íons precursores e produtos em sequência. O tempo de varredura foi de 0,8 segundos em cada modo, no intervalo de m/z entre 50 e 2000. Todavia, o *offset* RF do analisador quadripolar foi ajustado para que permitisse a transmissão apenas de massas acima de m/z 300, de forma a assegurar que todas as massas inferiores a esse intervalo fossem oriundas, exclusivamente, da dissociações na câmara de colisão.

O processamento dos espectros e a busca em bancos de dados disponíveis foi realizado com auxílio do ProteinLynx Global Server v.2.5 (PLGS). A versão do banco utilizada foi a UniPrtoKB/SwissProt_Complete de janeiro de 2014, com a taxonomia *Mus musculus*. O banco de dados foi anexado ao banco de dados original para avaliação da taxa de falsos positivos, definida a uma margem de até 10%. Nessas análises, os parâmetros de tolerância utilizados foram: mínimo de íons fragmentos consecutivos ($y+$, $b+$), por peptídeo, igual a 2, mínimo de fragmentos consecutivos, por proteína, igual a 5, mínimo de peptídeos (identificados pelos critérios anteriores), por proteína, igual a 1. E apenas uma clivagem perdida foi permitida. A carbamidometil-C e a oxidação de Metionina foram padronizadas como modificações fixa e variável, respectivamente.

A indicação do padrão interno foi realizada a partir do número de acesso no banco de dados UniProtKB como P00924 e a concentração proteica desse, indicada no método de busca como sendo 100 fmol/ μ L. A linha de base aplicada em alta e baixa energia foi ajustada para processamento acima de 250 e 100

contagens, respectivamente. A janela de tempo de retenção foi automaticamente ajustada considerando-se uma largura por pico cromatográfico de 10% e 1500 contagens aplicadas para o processamento, acima da linha de base, após a deconvolução.

O processamento dos espectros, as medidas de intensidade tipicamente ajustadas, (de-isotopização e deconvolução multi-cargas, com tempos de retenção e massas exatas -EMRTs) foram realizadas em consideração às replicatas, através de experimentos com múltiplas injeções. Os EMRTs foram agrupados por seletividade e especificidade suficiente para uma precisão de massas de 10 *ppm* (fragmentos) e 5 *ppm* (precursores), com 0,25-min de tolerância de tempo (valor suficiente para encontrar no mínimo 15 pontos por pico cromatográfico acima de 10% da linha de base). O alinhamento de íons correspondentes aos de alta energia com os precursores de baixa energia, foi conduzida com aproximada precisão de 0,05 min. Para a identificação e quantificação proteica, as intensidades dos espectros obtidos foram calculadas por método estequiométrico, em detrimento ao padrão interno de concentração conhecida conforme a linearidade do método. E para que uma proteína tenha sido quantificada é necessário a identificação de pelo menos 3 peptídeo prototípico. Somente as proteínas presentes, em duas ou mais replicatas, foram incluídas neste estudo.

Predição de interações entre alvos das PKC β I

O programa Metacore (Thomson Reuters) foi utilizado para fazer análises de biologia de sistemas e reconhecer as interações de proteínas identificadas a partir do proteoma com 1 hora e 3 horas de inibição da PKC β I. A partir da análise foram geradas linhas tracejadas e linhas contínuas conectando as proteínas, elas representam substratos hipotéticos e interações já confirmadas experimentalmente em humanos na literatura, respectivamente. As cores das representações das proteínas apenas representam classes funcionais distintas.

Ensaio de fosforilação *in vitro*

O ensaio de fosforilação *in vitro* foi realizado para avaliar os substratos identificados nos ensaios de proteômica. As enzimas TIF1 β (Sigma-Aldrich) e c-Myc (Sigma-Aldrich), e Histona H3 (Sigma-Aldrich) nas concentrações de 1000 ng foram adicionadas ao tampão contendo Tris-HCl (20 mM, pH 7.5), MgCl₂ (20 mM) e ATP (20 mM), além das enzima PKC β I (100 ng, Life Technologies # cat. number P2291) (Schechtman D. *et al.*, 2004) durante 20 minutos à 37°C em banho úmido. Após reação de fosforilação *in vitro*, foi adicionado as amostras 5 μ l de tampão

Laemmli [Tris-HCl (60 mM, pH 6.8), SDS (2% m/v), glicerol (10% v/v), β -mercaptoetanol (5% v/v), azul de bromofenol (0.001% p/v)], seguido do aquecimento das amostras por dez minutos a 100°C e aplicação no gel SDS-PAGE. O gel foi fixado, corado com ProQ Diamond® (Life Technologies) e escaneado como descrito anteriormente. A concentração de proteína total foi observada após coloração com Coomassie Coloidal. A intensidade de fosforilação foi quantificada utilizando o programa ImageJ (<http://rsbweb.nih.gov/ij/>), a normalização dos dados foi feita a partir da intensidade de proteína total.

Imunoblotting

Lisados total, citoplasmático ou nuclear, conforme descrito anteriormente, em 1000 μ g de proteínas foram resolvidos por SDS-PAGE pelo método de Laemmli (1977). Em seguida, as proteínas do gel foram transferidas para uma membrana de nitro-celulose, com o auxílio de um aparato de transferência (Bio-Rad) a 100 V por 1 hora em câmara fria, de acordo com o método de Towbin (Towbin H. *et al.* 1979). Em alguns experimentos, utilizamos a proteína recombinante e purificada da PKC β I (100 ng, Life Technologies # cat. number P2291) como controle de peso molecular dessa proteína.

A membrana de nitrocelulose, contendo as proteínas, foi bloqueada com tampão de bloqueio PBS-t [leite desnatado (5%), tampão fostafato, Tween20

(0.05% v/v, pH7.4)] por 2 horas a temperatura ambiente. Após o bloqueio, a membrana foi incubada com o anticorpo primário, por 16 horas em câmara fria sob agitação constante. Foram utilizados anticorpos anti- α -tubulina (1:2000, cat. T5168, Sigma-Aldrich), anti-PKC β l mouse (1:750, cat.sc-8049, Santa Cruz Biotechnology), anti-PKC β l rabbit (1:750, cat. sc-209, Santa Cruz Biotechnology), anti-Oct 3/4 (1:1500, cat.sc-5279, Santa Cruz Biotechnology), anti-Histone H1 (1:1000, cat. sc-8030, Santa Cruz Biotechnology), anti-Histone H2A/B (1:1000, cat.ab-18255, Abcam), anti-phospho Histone H2A/B (1:1000, cat.ab-15083, Abcam), anti-Histone H3 (1:1000, cat.ab-100938, Abcam), anti-hnRNP C1/C2 (1:1000, cat.sc-32308, Santa Cruz Biotechnology), anti-hnRNP C1/C2 (1:1000, cat.sc-32308, Santa Cruz Biotechnology), anti-hnRNP K (1:1000, cat.sc-25373, Santa Cruz Biotechnology), anti-TIF1 β (1:1000, cat.sc-136102, Santa Cruz Biotechnology), anti-Jagged 1 protein (1:1000, cat.sc-8303, Santa Cruz Biotechnology), anti-Nanog (1:1000, cat.sc-33759, Santa Cruz Biotechnology), anti-c-Myc (1:1000, cat.ab-32072, Abcam). Estes foram diluídos em tampão de bloqueio PBS-t. Ao término da incubação, a membrana foi lavada três vezes com PBS-T, por 30 minutos à temperatura ambiente. As membranas foram subsequentemente incubadas por uma hora com anticorpo secundário específico conjugados à peroxidase (1:1000, GE-Healthcare). A membrana foi lavada novamente, como descrito anteriormente, e a revelação realizada por quimiluminescência de acordo com as instruções do fabricante sob filmes fotográficos (Enhancer Chemi-Luminescence, GE-Healthcare). Para a análise

quantitativa, as auto-radiografias foram escaneadas e quantificadas utilizando-se o software Image J (<http://rsbweb.nih.gov/download.html>). A significância estatística foi determinada utilizando-se o teste t (GraphPad Software, Inc).

Silenciamento da PKC β I por siRNA

A linhagem CTE E14TG2A foi cultivada em placa de 6 poços de cultura de células (marca Corning Life Sciences), com confluência e meio de cultura conforme descrito anteriormente. Adquirimos três oligos de siRNA complementares, específicos e exclusivos para o mRNA da PKC β I, o qual denominamos de T1, T2 e T3 (Life Technologies), especificado na tabela 1. Transfectamos as células com estes oligos separadamente e em conjunto, juntamente com a molécula Lipofectamine 2000 (Life Technologies), conforme recomendações do fabricante. A concentração de oligos de siRNA, tempo de transfecção e uso separadamente ou em conjunto dos oligos, foram determinadas e serão apresentas em Resultados e Discussão. Como controle, utilizamos um siRNA irrelevante (*Scramble*), e realizamos da mesma forma a transfecção. Os extratos proteicos foram feitos conforme descrito anteriormente.

Tabela 1: Iniciadores utilizados para o silenciamento da PKC β I. Identificação do Gene, nomes dos iniciadores, seqüência e tamanho em pares de bases.

| Gene | Nome do Iniciador | Sequência | Tamanho (pb) |
|-----------------------|-------------------|---------------------------|--------------|
| T1 siRNA PC β I | Pkcb1 MSS207662 | GGGACCGGAUGAAACUGACCGAUUU | 25 |
| | Pkcb1 MSS207662 | AAAUCGGUCAGUUUCAUCCGGUCCC | 25 |
| T2 siRNA PC β I | Pkcb1 MSS207663 | CCAAGGUACCAAGGCUCCAGAAGAA | 25 |
| | Pkcb1 MSS207663 | UUCUCCUGGAGCCUUGGUACCUUGG | 25 |
| T3 siRNA PC β I | Pkcb1 MSS207664 | GGGAGAAACUCGAACGCAAGGAGAU | 25 |
| | Pkcb1 MSS207664 | AUCUCCUUGCGUUCGAGUUUCUCCC | 25 |

PCR quantitativo

As células CTE foram cultivadas em placas de 6 poços, e tratadas tanto com siRNA específico para PKC β I ou *scrambled siRNA*, e com os peptídeos, inibidor específico da PKC β I, β IV5-3, ou Tat₄₇₋₅₇. As células foram lavadas duas vezes em tampão PBS gelado, e lisadas com auxílio de um *rubber policeman* em 200 μ L do reagente TRIzol (Life Technologies). Foram feitos três replicas biológicas de cada tratamento. O RNA total foi isolado conforme recomendações do fabricante. Após, o isolamento do RNA total, este foi purificado com o kit RNeasy (Qiagen), conforme especificações do fabricante. O RNA total foi quantificado com o uso do espectômetro Nanodrop1000 (Termo Scientific). 200 μ g desse RNA total foram dissolvidos em H₂O ultra pura livre de RNase e utilizado para a síntese de cDNA através da enzima *SuperScript III One-step RT-*

PCR with Platinum Taq (Life Technologies), utilizando *Random primers* para tal síntese. O programa de amplificação seguiu o protocolo padrão recomendado pelo fabricante. O cDNA foi diluído em H₂O ultrapura novamente 15 vezes (20µL + 280µL H₂O), e armazenados à -80°C até o momento da PCR quantitativa. Os iniciadores para análise foram misturados o *senso* e o *antesenso* em um mesmo tubo em H₂O ultrapura na concentração final de 3,2µM. As reações de análise de PCR quantitativo foram realizadas com o *Maxima Syber Green qPCR Master Mix*, de acordo com as normas do fabricante (Fermentas). Para as reações utilizou-se 5µL do cDNA sintetizado por reação, 10µL de *Syber Green*, e 5µL do mix de *primers*. O programa de amplificação utilizado compreendeu: 1 ciclo (94°C, 3 min.) e 40 ciclos (94°C, 15s, 60°C, 15s, 72°C, 30s.), seguidos de 1 ciclo (72°C, 5min.). Os iniciadores utilizados, com suas seqüências e tamanho do produto resultante estão listados na Tabela 2. A especificidade de anelamento dos iniciadores nas reações de amplificação foram verificadas pela análise das curvas de “melting” e a inclinação das curvas padrões, determinadas para cada corrida de PCR, foram utilizadas para o cálculo da eficiência, de acordo com o programa LinReg (Ruijter *et al.*, 2009). A análise de quantificação da expressão dos genes de interesse relativa à expressão do gene da GAPDH foi determinada pelo método $2^{-\Delta CT}$ REST© (Pfaffl, 2002).

Tabela 2: Genes analisados por PCR em tempo real de amostras de CTE com o silenciamento ou Inibição da PKC β I. Identificação do Gene. Sequência dos iniciadores e tamanho dos produtos resultantes das amplificações, em pares de bases.

| Gene | Nome do Iniciador | Sequência | Tm (°C) | Tamanho (pb) | Amplicon |
|---------------|-------------------|----------------------|---------|--------------|----------|
| GAPDH | GAPDH_FW' | ATCTTCCAGGAGCGAGACTG | 59,55 | 20 | 100bp |
| | GAPDH_RV' | TCTCCATGGTGGTGAAGACA | 60,09 | 20 | |
| E2F | E2f1_FW' | ACACAGCTGCAACTGCTTTC | 59,24 | 20 | 100bp |
| | E2f1_RV' | CCATCTGTTCTGCAGGGTCT | 60,26 | 20 | |
| SAHH | SAHH_FW' | CTGTTGGGGTTCACTTCCTG | 60,54 | 20 | 103bp |
| | SAHH_RV' | GCCTGTTCTCAGTCAGCTT | 59,9 | 20 | |
| BOAT | BOAT_FW' | TGTATATGGCCAGGGTTGGT | 60,07 | 20 | 97bp |
| | BOAT_RV' | GATGCAGACATCTCCACCT | 60,08 | 20 | |
| CDK4 | CDK4_FW' | GTGGAGCGTTGGCTGTATCT | 60,29 | 20 | 92bp |
| | CDK5_RV' | CAAAGATTTTCCCAACTGGT | 60,21 | 21 | |
| Eif4a1 | Eif4a1_FW' | CCACTCAGGCTTTGGTTCTG | 60,82 | 20 | 97bp |
| | Eif4a1_RV' | TGACAAGAGGCACCCATGTA | 60,11 | 20 | |
| C-Myc | Myc_FW' | AGTGCTGCATGAGGAGACAC | 59 | 20 | 103bp |
| | Myc_RV' | GGTTTGCCTCTTCTCCACAG | 59,84 | 20 | |
| dUTP | dUTPase_FW' | AAAAGGTGATCGGATTGCGC | 59,55 | 20 | 103bp |
| | dUTPase | GAAGCCTCCTGAGCCTCTCT | 60,69 | 20 | |
| En | En_FW1' | TCACAGCAACCCCTAGTGTG | 59,6 | 20 | 119bp |
| | En_RV1' | CCGCTTGTCTTCTTCTCGT | 60,04 | 20 | |
| APR | APR_FW' | AACTGTGGTTCTGGCGCAG | 60,89 | 19 | 112bp |
| | APR_RV' | CCTCCGGAGTTGAGCACAC | 60,37 | 19 | |
| Eif2A | Eif2b1_FW' | CGTACGCCTTTTCCACTCA | 59,76 | 20 | 96bp |
| | Eif2b2_RV' | TTGAGATCCTGCCAGTCTG | 59,09 | 20 | |
| PKC β I | PKC β I_FW' | TCTCCATGGTGGTGAAGACA | 60 | 20 | 100bp |
| | PKC β I_RV' | CTGTTGGGGTTCACTTCCTG | 60,11 | 20 | |
| OCT 3/4 | OCT_FW' | CCACTCAGGCTTTGGTTCTG | 59,8 | 20 | 98pb |
| | OCT_RV' | GATGCAGACATCTCCACCT | 59,84 | 20 | |

RESULTADOS

Padronização do Fracionamento Celular Citoplasma/Núcleo para os estudos de Proteômica

A presente tese tem como ponto de início o trabalho do nosso grupo, publicado por Costa-Junior e colaboradores (2010), no qual caracterizou-se a PKC β I como primordialmente uma quinase nuclear em CTE indiferenciadas que após a diferenciação deixa de ser expressa por algumas células e outras passam a expressar esta quinase preferencialmente no citoplasma. Neste mesmo trabalho identificou-se diversos alvos diretos/ indiretos da PKC β I por meio de fosfoproteômica de lisados totais de CTE indiferenciadas tratadas com um inibidor específico da PKC β I. Neste estudo os alvos identificados sugeriam uma função da PKC β I na regulação da transcrição de genes envolvidas com proliferação e diferenciação celular, indicando que a PKC β I nas CTE indiferenciadas contribui para o ajuste fino da manutenção do estado indiferenciado ou inibição da diferenciação das mesmas. Visto a localização nuclear da PKC β I em CTE indiferenciada, e com o intuito de identificar mais alvos e caracterizar as vias de sinalização que a PKC β I ativa, possibilitando a manutenção das mesmas no

estado indiferenciado ou a inibição da diferenciação, resolvemos dar continuidade a estes estudos através de estudos de fosfoproteômica de lisados nucleares.

Primeiramente confirmamos que o método de fracionamento citoplasma/núcleo escolhido separava eficientemente estas frações. Conforme visto na figura 2 observamos um enriquecimento da fração nuclear, evidenciado pelo *immunoblotting* do fator de transcrição Oct 3/4, já a α Tubulina encontra-se primordialmente na fração citoplasmática: Vimos também que formas de peso molecular menores da PKC β I encontram-se primordialmente na fração nuclear conforme descrito anteriormente pelo nosso grupo (Costa-Junior, *et al.*, 2010) e em outros trabalhos (Aaltonen, *et al.*, 2006, al-Mazidi, *et al.*, 1998, Pfaff, *et al.*, 1999).

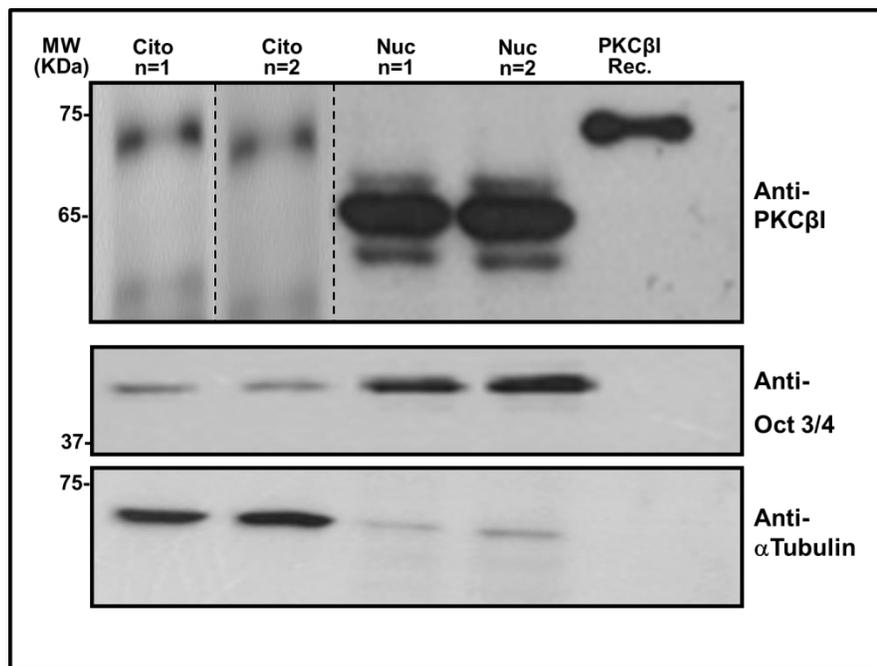


Figura 2: Fracionamento nuclear de CTE indiferenciadas. *Immunoblotting* de lisados proteicos das frações enriquecidas de Citoplasma (Cito) e Núcleo (Nuc) de CTE. Imagem de duas amostras. PKC β I Rec corresponde à proteínas PKC β I recombinante comercial. Utilizamos Anti-Oct 3/4 e Anti- α Tubulina como marcadores de Núcleo e Citoplasma, respectivamente. O anti PKC β I foi utilizado para confirmar a presença da PKC β I no núcleo das CTE.

Conseguimos mostrar que há uma enorme expressão da PKC β I em núcleo de CTE indiferenciadas e preferencialmente de formas de peso moleculares menores (Costa-Junior, *et al.*, 2010). Além disso, o método de fracionamento citoplasma/núcleo em lisados proteicos se mostrou muito eficiente, e nos demonstra um bom enriquecimento da fração nuclear, evidenciado pelo *immunoblotting* do fator de transcrição Oct 3/4, α Tubulina (Figura 2), e também por Histona H3 e GAPDH (dados não mostrados). Apesar de ser muito eficiente esse método de preparação de lisados para detecção de proteínas específicas por *immunoblotting*, por uma questão de alta concentração salina esse tampão de solubilização não é compatível com experimentos de géis bidimensionais. Para solucionar isto, incluímos algumas etapas de precipitação e lavagem das amostras para torná-las compatíveis com géis bidimensionais. Encontramos que o método apresentado na figura 3, mostrou-se confiável e reproduzível na purificação de proteínas nucleares para eletroforese bidimensional, apesar do seu baixo rendimento.

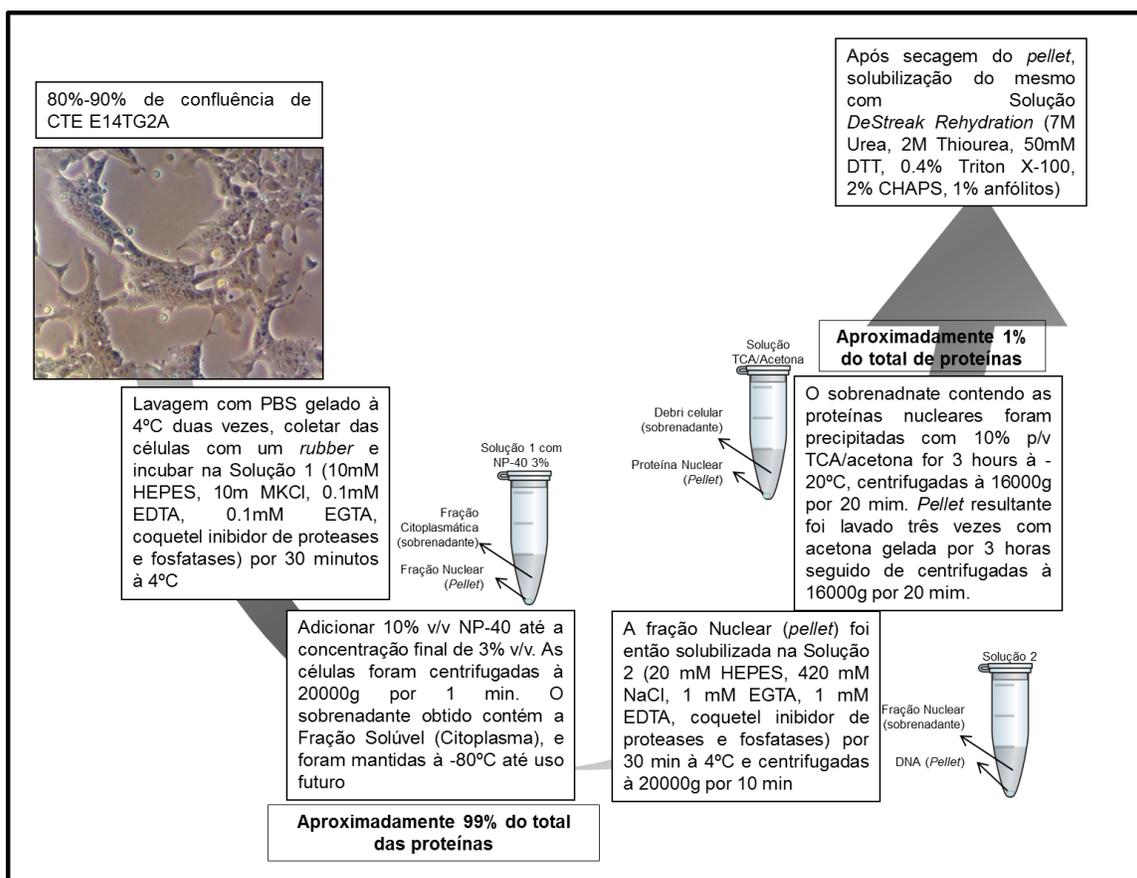


Figura 3: Fluxograma do método de fracionamento citoplasma/núcleo em CTE. Além das etapas necessárias para realização do enriquecimento proteico, há o rendimento médio de cada fração.

Com este método de purificação do núcleo compatível com géis bi-dimensionais em mãos, avançamos para a padronização da eletroforese bidimensional de extratos nucleares de CTE. Existem distintas formas de se carregar amostras na fita *IPGstrip* para a realização da focalização isoeétrica. Basicamente, podemos reidratar a malha de poliacrilamida da fita com uma

solução composta também de proteínas por um período de 16 horas, em seguida começar o gradiente de voltagem no aparato, este método é conhecido como reidratação. Porém, há outras formas, de carregamento das amostras na fita a reidratação da fita nestes casos é feita apenas com tampão *DeStreak Solution* por 16 horas, e no início do gradiente de voltagem aplicamos então a amostra de proteínas em posições próximas ao Cátodo ou ao Ânodo, para tanto utilizamos um aparato conhecido como *cup loading* o qual se comporta como um vaso comunicante, ou um filtro de papel apropriado, conhecido como *paper bridge*, nos polos positivo e negativo da fita, respectivamente. Nós testamos o método de reidratação e carregamento ativo da amostra no Cátodo e no Ânodo, utilizando tanto *cup loading* quanto *paper bridge*. Não houve diferenças significativas entre as formas de carregamento das proteínas pelo *cup loading* e *paper bridge*, e mostramos na figura 4 as imagens da eletroforese de núcleo de CTE, sob as mesmas condições de quantidade de proteínas e gradiente de focalização, porém nos distintos métodos de carregamento de amostra na fita *IPGstrip*.

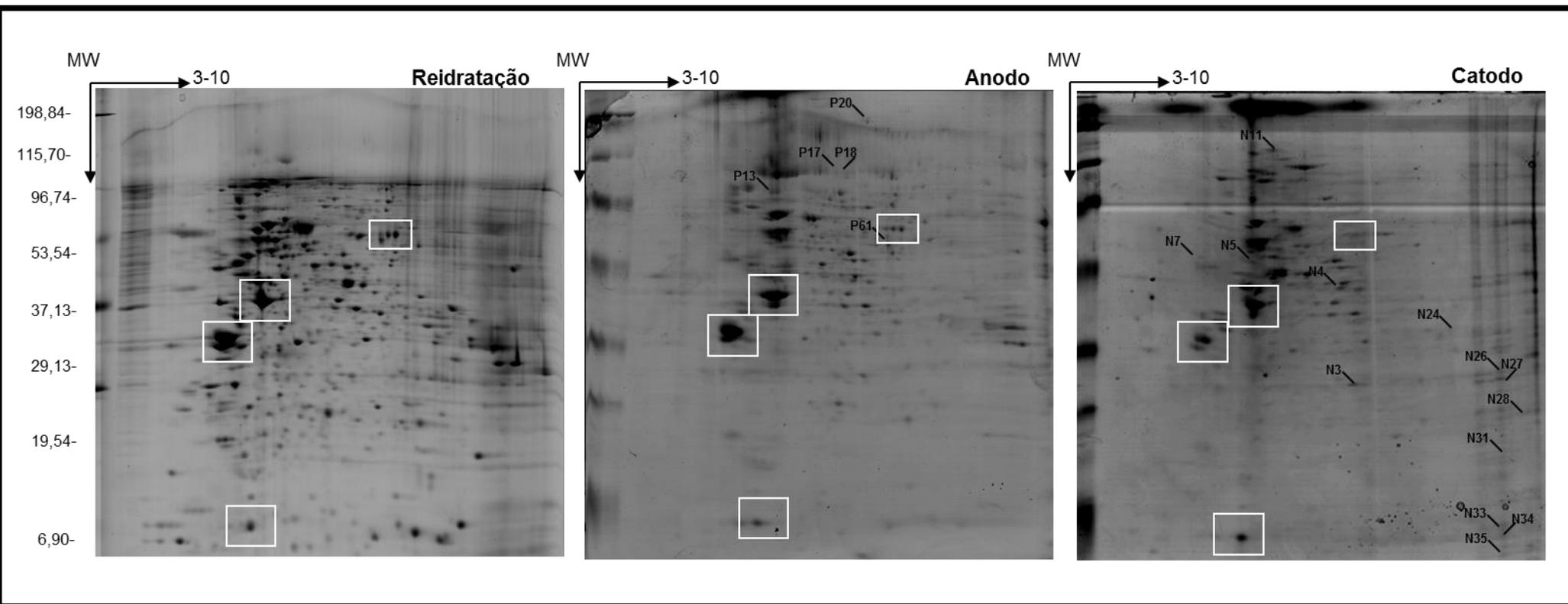


Figura 4: Padronização da eletroforese bidimensional de núcleo de CTE. Foram testadas as três possíveis formas de *carregamento* proteico no *IPGstrip*. Na área delimitada em Branco, os *spots* de referência utilizados para a análise de imagem e alinhamento dos *spots*. A numeração de *spots* designa os que foram selecionados e identificados os quais são exclusivos do *carregamento* pelo Ânodo ou pelo Cátodo, conforme a tabela 3.

Com estas imagens de eletroforese bidimensional de extratos nucleares de CTE em triplicatas técnicas, realizamos mensurações através do software ImageMaster 7 (GE Healthcare). Assim, alinhamos as imagens por meio de *spots* de referência, *spots* que são facilmente perceptíveis e constantes nos diferentes tratamentos, estes estão ressaltados sob uma área quadrada branca na figura 3. Contamos o número total de *spots* detectados pelos diferentes métodos, e classificamos de acordo com as metodologias utilizadas ou mesmo nas três. Tais contagens estão presentes na figura 5.

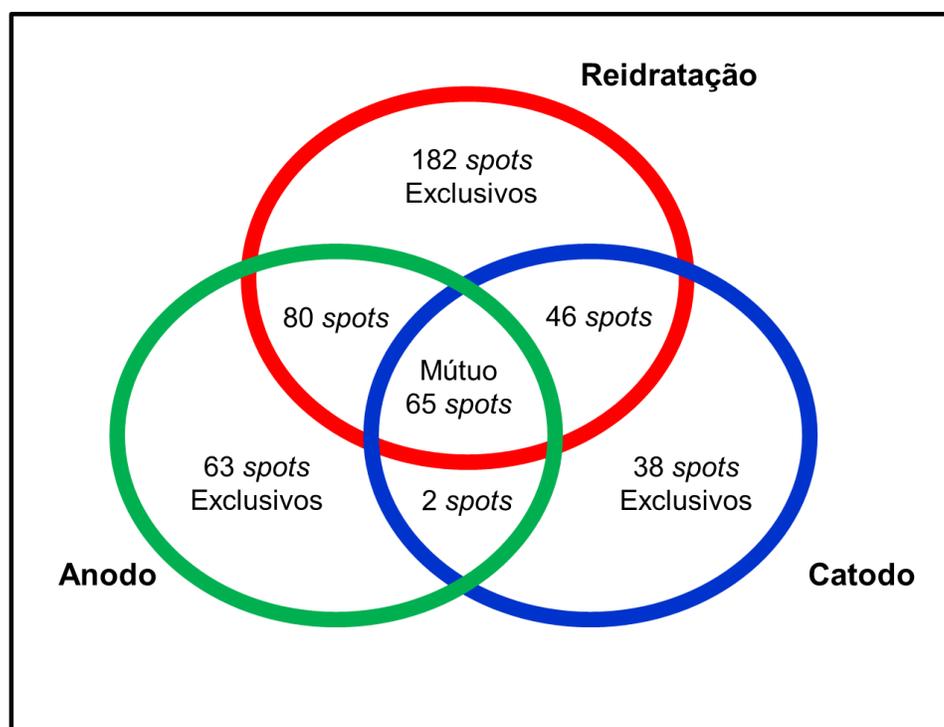


Figura 5: Contagem e distribuição dos *spots* dos diferentes métodos de *loading* proteico em eletroforese bidimensional de núcleo de CTE.

Fomos capazes de detectar por Coomassie G-250, mais de 180 *spots* de um extrato nuclear de CTE, de forma reprodutível e quantificável nas amostras carregadas por reidratação. Esta forma de carregamento das amostras foi utilizada para os estudos subsequentes. No carregamento por *cup loading* através da aplicação das amostras no Cátodo ou no Ânodo, foi possível resolver um número menor de proteínas. Foram encontradas apenas 38 e 63 *spots* totais, respectivamente, e boa parte destes foram comuns aos encontrados no método de reidratação (46 e 80 *spots* respectivamente). Os *spots* exclusivos tanto pelo Cátodo quanto pelo Ânodo foram então selecionados para identificação por espectrometria de massas. Os *spots* identificados estão assinalados na figura 3 e a identificação dos mesmos estão presentes nas tabelas 3 e 4. A maioria das proteínas encontradas com o carregamento pelo cátodo eram extremamente básicas conforme esperado. Já pelo Ânodo identificamos poucas proteínas e algumas mais próximas a um pH neutro. Um dos motivos de conseguirmos identificar poucos *spots* exclusivos, possivelmente deve-se ao baixo peso molecular da maioria das proteínas, e ao pH básico e o uso da Tripsina como única enzima para gerar peptídeos, pode ter gerado peptídeos que não foram detectados (Stenn & Mann, 2004).

Tabela 3: Identificação por espectrometria de massas dos *spots* exclusivos do carregamento pelo Catodo de lisados nucleares de CTE. Numeração dos *spots* conforme a figura 3.

| Spot Id. | Proteína | Uniprot | MS | Seq (%) | n° de Pept. | Score | Teórico | | Experimental | | Volume (Norm.) | | Localização | Função |
|----------|---|-------------|-----------|---------|-------------|-------|------------|------|--------------|------|----------------|-------|--------------|---------------------|
| | | | | | | | M.W. (KDa) | pl | M.W. (Da) | pl | Catodo | Anodo | | |
| N3 | Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein K | HNRPK_MOUSE | ESI-Q-TOF | 2 | 2 | 60 | 51,23 | 5,39 | 38,36 | 6,90 | 1,080 | - | Nucleus | spliceosome |
| N4 | Alpha-enolase | ENOA_MOUSE | ESI-Q-TOF | 19 | 11 | 62 | 47,44 | 6,37 | 52,88 | 6,64 | 0,510 | - | cytoplasm | glycolysis |
| N5 | Actin, cytoplasmic 1 | ACTB_MOUSE | ESI-Q-TOF | 29 | 10 | 103 | 42,05 | 5,29 | 59,39 | 5,28 | 0,570 | - | cytoskeleton | cytoskeleton |
| N7 | SWI/SNF-related matrix-associated actin-dependent regulator of chromatin subfamily E member 1 (BAF57) | SMCE1_MOUSE | ESI-Q-TOF | 6 | 3 | 49 | 46,67 | 4,85 | 60,43 | 4,52 | 0,147 | - | Nucleus | chromatin regulator |
| N7 | 40S ribosomal protein SA | RSSA_MOUSE | ESI-Q-TOF | 13 | 5 | 79 | 32,93 | 4,80 | 60,43 | 4,52 | 0,147 | - | cytoplasm | ribosomal protein |
| N11 | Actin, cytoplasmic 1 | ACTB_MOUSE | ESI-Q-TOF | 18 | 12 | 49 | 42,05 | 5,29 | 99,93 | 5,57 | 0,811 | - | cytoskeleton | cytoskeleton |
| N24 | Heterogeneous nuclear ribonucleoproteins A2/B1 | ROA2_MOUSE | ESI-Q-TOF | 6 | 3 | 50 | 37,44 | 8,97 | 45,15 | 8,08 | 0,222 | - | Nucleus | spliceosome |
| N26 | Heterogeneous nuclear ribonucleoproteins A2/B1 | ROA2_MOUSE | ESI-Q-TOF | 10 | 6 | 69 | 37,44 | 8,97 | 40,31 | 9,04 | 0,605 | - | Nucleus | spliceosome |
| N27 | Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A1 | ROA1_MOUSE | ESI-Q-TOF | 3 | 2 | 54 | 34,29 | 9,27 | 37,62 | 9,01 | 0,520 | - | Nucleus | spliceosome |
| N28 | Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A1 | ROA1_MOUSE | ESI-Q-TOF | 3 | 2 | 54 | 34,29 | 9,27 | 34,58 | 9,28 | 0,147 | - | Nucleus | spliceosome |
| N31 | Cleavage and polyadenylation specificity factor subunit 5 | CPSF5_MOUSE | ESI-Q-TOF | 16 | 4 | 35 | 26,28 | 8,85 | 27,70 | 9,04 | 0,071 | - | Nucleus | mRNA process |
| N33 | Histone H2B type 1-B | H2B1B_MOUSE | ESI-Q-TOF | 46 | 10 | 93 | 13,962 | 10,3 | 23,37 | 9,06 | 0,010 | - | Nucleus | Nucleosome core |
| N34 | Histone H2B type 1-B | H2B1B_MOUSE | ESI-Q-TOF | 32 | 11 | 116 | 13,962 | 10,3 | 22,08 | 9,07 | 0,018 | - | Nucleus | Nucleosome core |
| N34 | Histone H2A type 1-F | H2A1F_MOUSE | ESI-Q-TOF | 21 | 7 | 64 | 14,153 | 11,1 | 22,08 | 9,07 | 0,018 | - | Nucleus | Nucleosome core |
| N35 | Histone H2A type 1-F | H2A1F_MOUSE | ESI-Q-TOF | 12 | 3 | 42 | 14,153 | 11,1 | 21,19 | 9,07 | 0,001 | - | Nucleus | Nucleosome core |

Tabela 4: Identificação por espectrometria de massas dos *spots* exclusivos do carregamento pelo Anodo de lisados nucleares de CTE. Numeração dos *spots* conforme a figura 3.

| Spot Id. | Proteína | Uniprot | MS | Seq (%) | n° de Pept. | Score | Teórico | | Experimental | | Volume (Norm.) | | Localização | Função |
|----------|---------------------------------------|--------------|-----------|---------|-------------|-------|------------|------|--------------|------|----------------|-------|-------------------|---------------------------|
| | | | | | | | M.W. (KDa) | pl | M.W. (Da) | pl | Catodo | Anodo | | |
| P13 | Actin, cytoplasmic 1 | ACTB_MOUSE | ESI-Q-TOF | 29 | 19 | 91 | 42,052 | 5,29 | 76,64 | 5,50 | - | 0,001 | cytoskeleton | cytoskeleton |
| P17 | DNA replication licensing factor MCM7 | MCM7_MOUSE | ESI-Q-TOF | 2 | 4 | 24 | 81,787 | 5,98 | 82,66 | 6,55 | - | 0,120 | Nucleus | DNA replication |
| P18 | Putative uncharacterized protein | Q3UDI8_MOUSE | ESI-Q-TOF | 5 | 4 | 37 | 81,773 | 5,98 | 82,66 | 6,73 | - | 0,148 | - | - |
| P20 | Thioredoxin | THIO_MOUSE | ESI-Q-TOF | 8 | 7 | 137 | 12,01 | 4,8 | 110,95 | 7,02 | - | 0,210 | cytoplasm/nucleus | REDOX |
| P61 | Proliferation-associated protein 2G4 | PA2G4_MOUSE | ESI-Q-TOF | 20 | 16 | 20 | 44,013 | 6,41 | 60,72 | 6,49 | - | 0,187 | cytoplasm/nucleus | transcription/translation |

Com a identificação, pelo método de carregamento proteico pelo cátodo, de distintas isoformas da proteína Histona H2A e H2B, as quais segundo a literatura, são proteínas extremamente difíceis de resolverem por 2D-PAGE em virtude do seu pI elevado, e estas também possuem um grande interesse do ponto de vista epigenético (Savíc, 1978, Bonner, *et al.*, 1980) nos interessou. Na figura 6, demonstramos o aumento da resolução destes *spots* (Histonas) pelo método de carregamento pelo Cátodo com o auxílio de uma ferramenta do *software* ImageMaster chamada de *3D-view*.

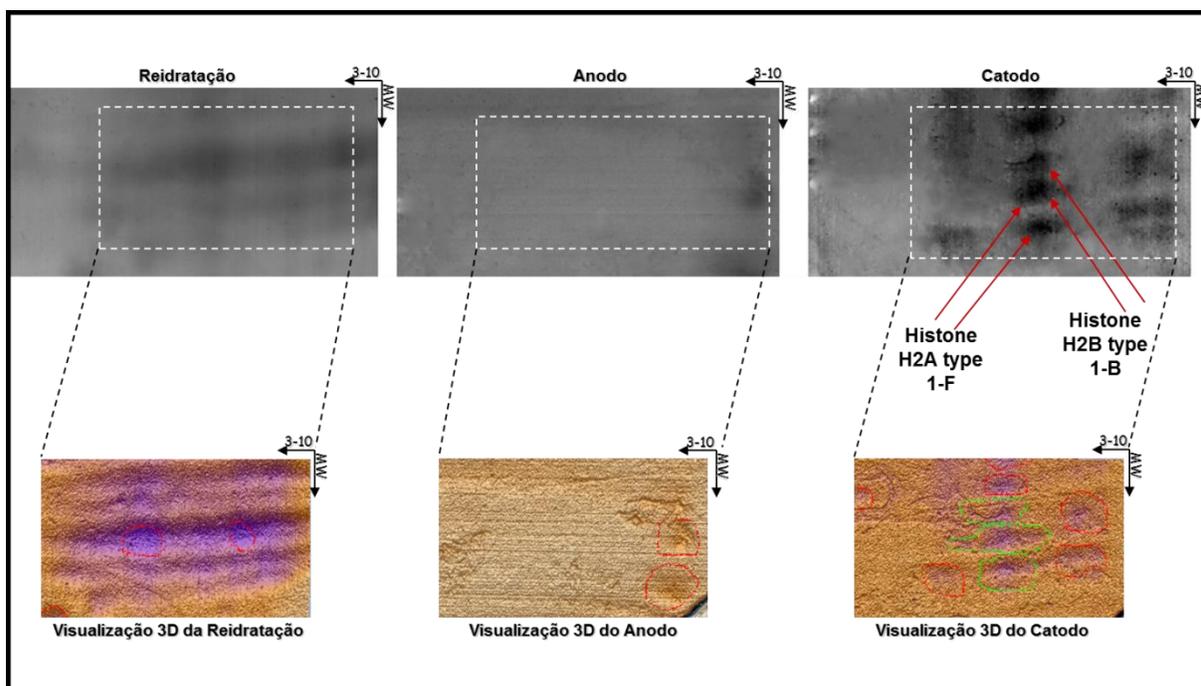


Figura 6: Comparação dos *spots* referentes à isoformas de Histonas H2A/B nos distintos métodos de *loading* proteico em eletroforese bidimensional de núcleo de CTE.

De acordo com estes resultados, acreditamos que também possuímos uma boa ferramenta para estudos futuros de modificações de Histonas por eletroforese bidimensional, acoplado ao *immunoblotting* para caracterização de alterações de ponto isoelétrico de determinada isoforma de Histona decorrente de possíveis modificações pós-traducionais. A figura 7 demonstra um comparativo entre *immunoblotting* de eletroforese bidimensional com o método convencional de reidratação e com o método de carregamento pelo Cátodo, para histonas H1, H3 e H2/B total e fosforiladas. Observa-se um ganho de resolução e de definição ao carregarmos as amostras pelo Cátodo, já por Reidratação observa-se um arraste, impossibilitando a quantificação.

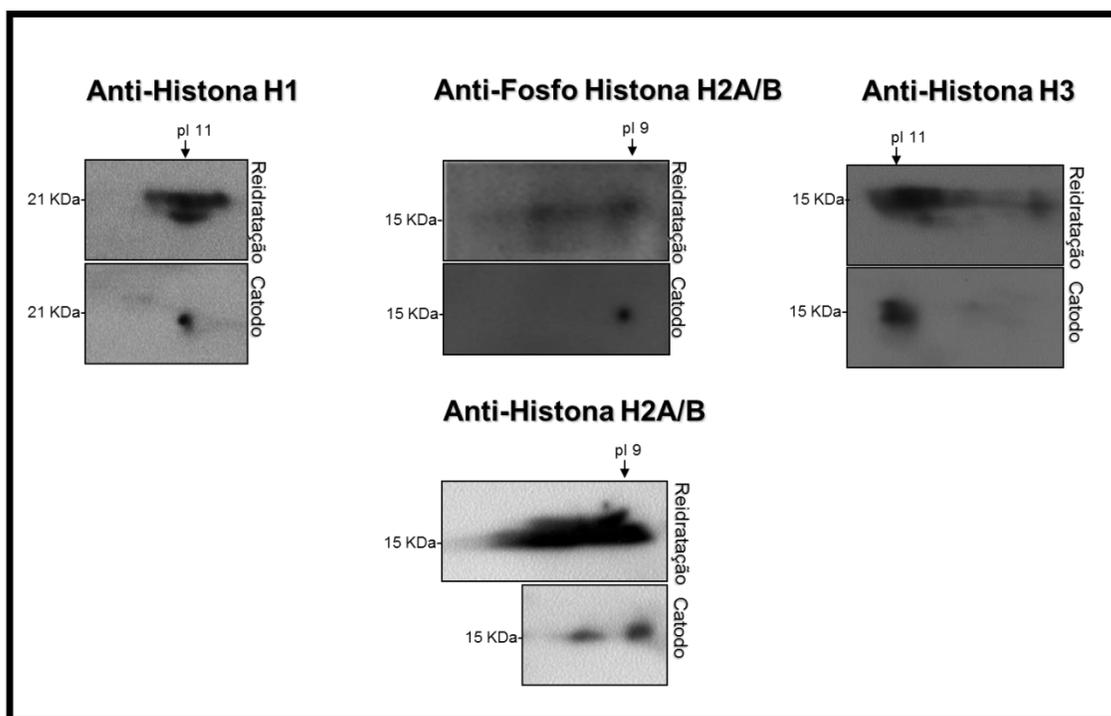


Figura 7: Comparação por *immunoblotting* na diferença de resolução dos *spots* referentes à isoformas de Histona entre o *loading* por Cátodo e por Reidratação, por eletroforese bidimensional de núcleo de CTE.

Assim, com essa padronização de metodologia, temos uma boa ferramenta para identificar substratos diretos/indiretos da PKC β I em núcleo de CTE indiferenciadas.

Identificação de substratos diretos/indiretos da PKC β I em núcleo de CTE indiferenciadas

Com a padronização dessa ferramenta de eletroforese bidimensional para proteínas nucleares de CTE, temos condições de buscar alvos da PKC β I. Assim, realizamos o tratamento de CTE por 15 minutos com o peptídeo inibidor específico β IV5-3 e seu respectivo Controle Tat₄₇₋₅₇, realizamos esse experimento em quaduplicatas, extraímos as proteínas nucleares e realizamos a eletroforese conforme descrito acima. As imagens representativas dos géis corados com o fosfo-corante Pro-Q e com Coomassie estão demonstrados na figura 8. Após a análise pelo software ImageMaster, encontramos as proteínas de interesse marcadas e numeradas conforme visto na figura 9.

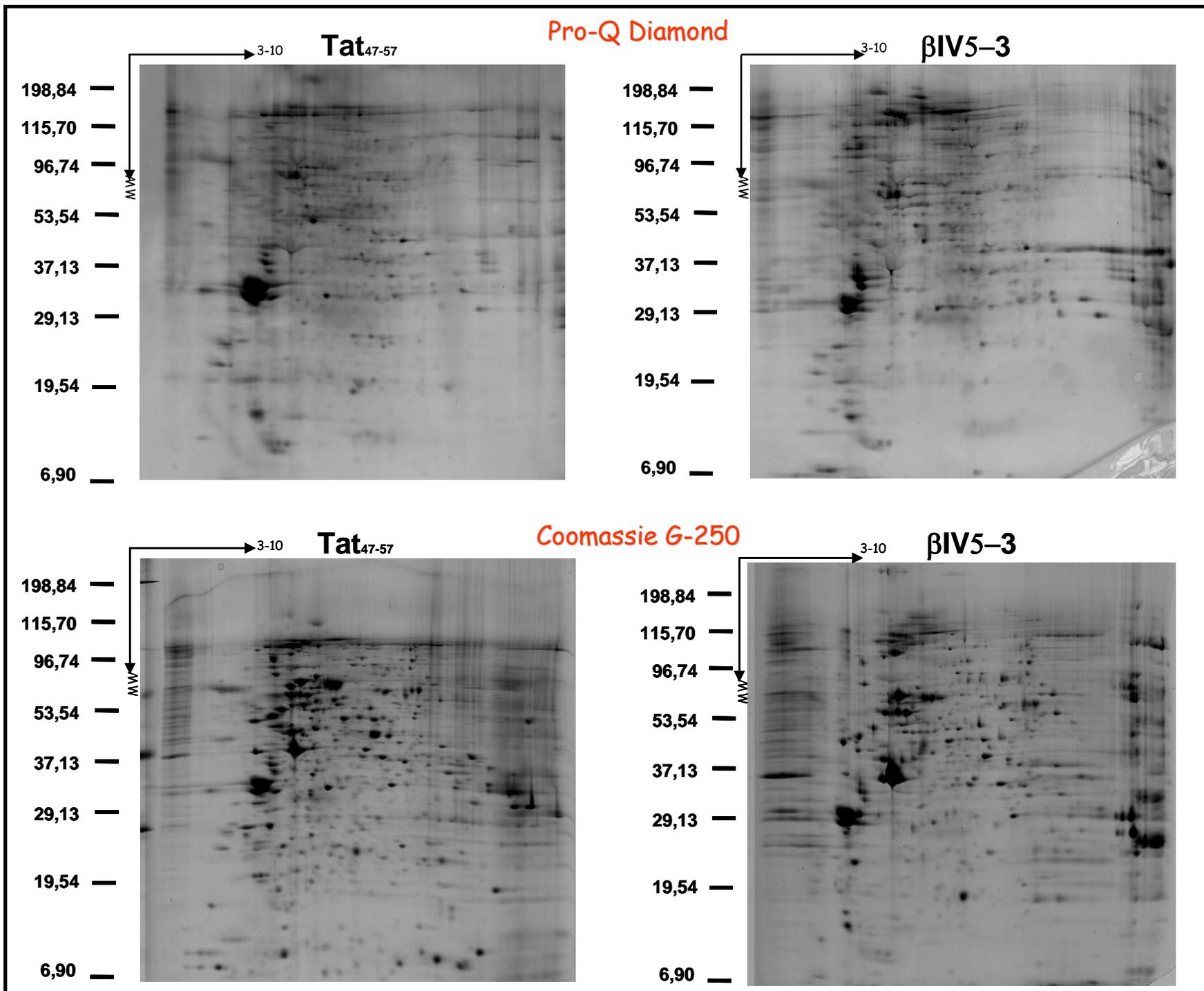


Figura 8: Eletroforese bidimensional de núcleo de CTE, tratadas por 15 minutos com o peptídeo carreador Tat₄₇₋₅₇ e pelo peptídeo inibidor βIV5-3. Imagens representativa de uma tetraplicata, coradas com o fosfo-corante e pelo Coomassie G-250.

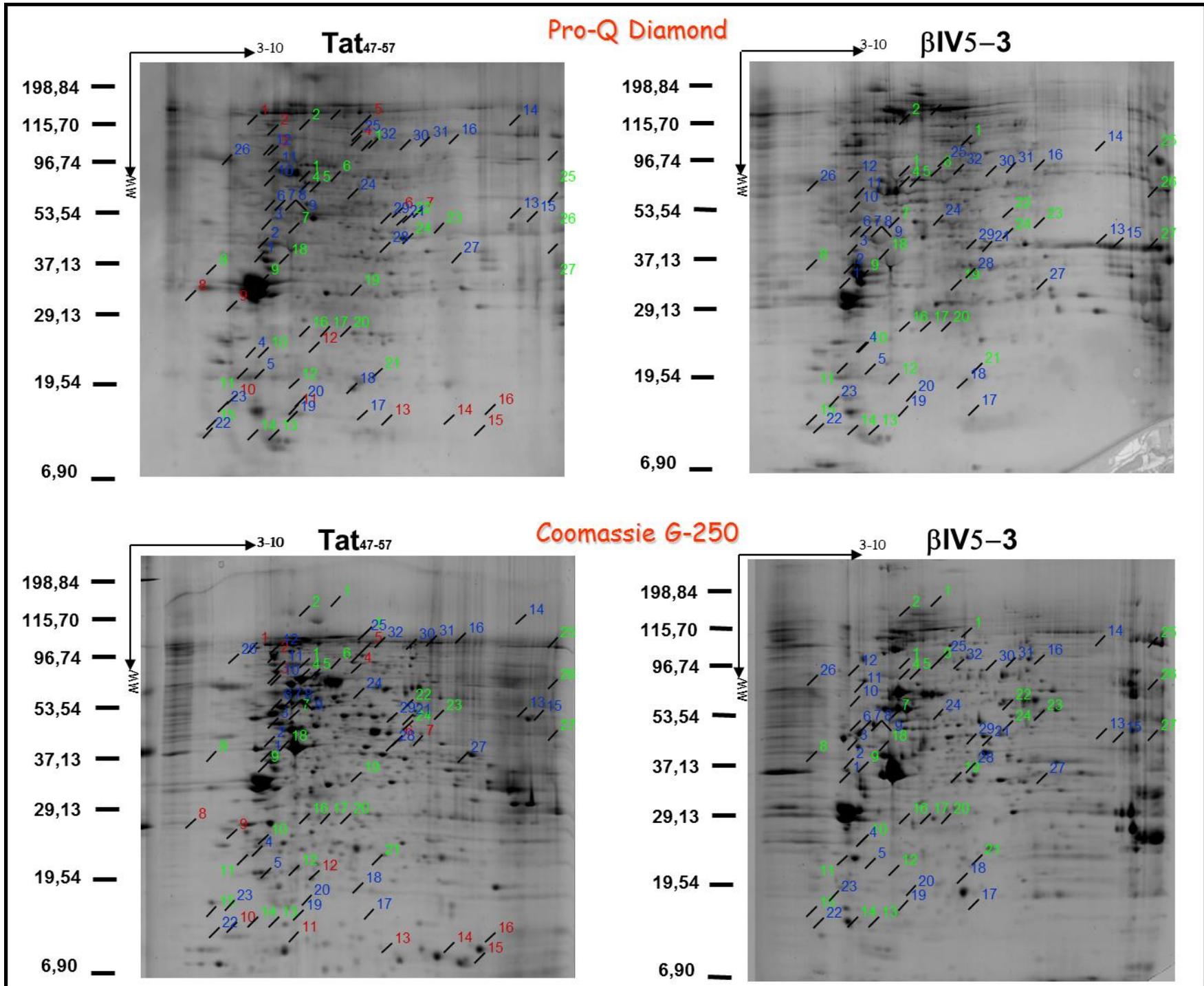


Figura 9: Numeração dos spots diferentemente fosforilados, os quais a fosforilação diminuiu vista por uma redução no seu volume com o tratamento por βIV5-3. Em vermelho, 16 spots exclusivos de Tat₄₇₋₅₇, em verde, 27 spots cuja fosforilação diminuiu significativamente após o tratamento com o inibidor da PKCβ1 (ANOVA, $p \leq 0,05$), visto pela redução no volume do spot corado com o fosfo-corante e em azul, 32 spots os quais tiveram uma redução de volume superior à 50%.

Com a análise desses géis bidimensionais corados com o corante específico para proteínas fosforiladas (Pro-Q Diamond), , encontramos 16 *spots* exclusivos no Controle Tat₄₇₋₅₇, , indicando uma inibição da fosforilação dos mesmos. Estes *spots* estão marcados em Vermelho na figura 8. Ainda, houveram *spots* presentes em ambas condições e que tiveram um decréscimo de volume, após o tratamento com o peptídeo β IV5-3 dos quais 27 *spots* foram significativamente alterados pelo teste de ANOVA – marcados em verde – e 32 *spots* apesar de não serem estatisticamente significativos, apresentaram grande alterações de volume e a razão de decréscimo de volume superior a 50% (volume normalizado de β IV5-3 / volume normalizado de Tat₄₇₋₅₇) – marcados em azul (Figura 9). Todos estes *spots* foram recortados, digeridos, purificados e identificados por espectrometria de massas. O resultado dessa identificação encontra-se na tabela 5. Realizamos uma análise de eletroforese bidimensional com os mesmos géis corados com Coomassie G-250, e não houve qualquer alteração de volume dos *spots* entre os tratamentos.

Tabela 5: Identificação de proteínas por espectrometria de massas de *spots* que tiveram sua fosforilação diminuída após o tratamento com o peptídeo inibidor da PKC β I.

| Spot Id. | Proteína | Uniprot | MS | Seq (%) | nº de Pept. | Score | Teórico | | Experimental | | Volume (Norm.) | | Razão (%) | ANOVA | Localização | Função |
|----------|--|--------------|--------------------------|---------|-------------|-------|------------|------|--------------|-------|----------------------|--------|-----------|--------------|---------------------------------|---|
| | | | | | | | M.W. (KDa) | pI | M.W. (Da) | pI | Tat ⁴⁷⁻⁵⁷ | βIV5-3 | | | | |
| 1 | Transcription intermediary factor 1-beta TRIM28 (E3 SUMO-protein ligase) | TIF1B_MOUSE | ESI-Q-TOF, MALDI TOF/TOF | 11 | 15 | 245 | 90,484 | 5,52 | 79,588 | 5,433 | 0,612 | 0,211 | 290,33 | 0,0481189** | Nucleus | Protein modification; protein sumoylation |
| 2 | Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein K | HNRPK_MOUSE | ESI-Q-TOF | 18 | 16 | 93 | 51,23 | 5,39 | 76,030 | 5,551 | 0,572 | 0,236 | 242,51 | 0,0333281** | Cytoplasm, nucleus, nucleoplasm | Spliceosome |
| 2 | Transcription intermediary factor 1-beta (E3 SUMO-protein ligase TRIM28) | TIF1B_MOUSE | MALDI TOF/TOF | 4 | 5 | 86 | 88,791 | 5,52 | 76,030 | 5,551 | 0,572 | 0,236 | 242,51 | 0,333281** | Nucleus | Protein modification; protein sumoylation |
| 3 | Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein K | HNRPK_MOUSE | ESI-Q-TOF, MALDI TOF/TOF | 27 | 30 | 448 | 51,23 | 5,39 | 59,202 | 5,662 | 0,610 | 0,428 | 142,60 | 0,00483432** | Cytoplasm, nucleus, nucleoplasm | Spliceosome |
| 4 | 60 kDa heat shock protein | CH60_MOUSE | ESI-Q-TOF, MALDI TOF/TOF | 28 | 30 | 390 | 61,088 | 5,91 | 57,635 | 5,714 | 0,300 | 0,153 | 195,67 | 0,0229502** | Mitochondrion matrix | Chaperonin |
| 6 | Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein H | HNRH1_MOUSE | ESI-Q-TOF, MALDI TOF/TOF | 8 | 8 | 104 | 49,322 | 5,89 | 57,943 | 5,957 | 0,135 | 0,073 | 183,88 | 0,0229109** | Nucleus | Spliceosome |
| 7 | Actin, cytoplasmic 1 | ACTB_MOUSE | ESI-Q-TOF, MALDI TOF/TOF | 42 | 26 | 389 | 42,052 | 5,29 | 46,603 | 5,389 | 3,137 | 0,552 | 568,68 | 0,021911** | Cytoplasm | Cytoskeleton |
| 8 | Actin, cytoplasmic 1 | ACTB_MOUSE | MALDI TOF/TOF | 17 | 8 | 107 | 41,71 | 5,29 | 45,605 | 3,863 | 1,055 | 0,412 | 256,20 | 0,00235198** | Cytoplasm | Cytoskeleton |
| 9 | Npm1 protein | Q5BL09_MOUSE | ESI-Q-TOF, MALDI TOF/TOF | 23 | 6 | 151 | 28481 | 4,57 | 39,172 | 4,585 | 0,405 | 0,183 | 220,48 | 0,01978** | Nucleus | stem cell maintenance |
| 10 | Protein EAN57 | EAN57_MOUSE | MALDI TOF/TOF | 18 | 7 | 34 | 30,209 | 9,31 | 33,463 | 4,689 | 0,497 | 0,103 | 481,65 | 0,0344773** | | |
| 11 | TBC1 domain family member 24 | TBC24_MOUSE | MALDI TOF/TOF | 7 | 5 | 37 | 63,195 | 6,91 | 32,413 | 4,733 | 1,782 | 0,922 | 193,18 | 0,00268008** | Cytoplasm | transducer |
| 12 | Actin, cytoplasmic 1 | ACTB_MOUSE | ESI-Q-TOF | 19 | 9 | 70 | 42,052 | 5,29 | 53,641 | 7,675 | 0,225 | 0,055 | 408,69 | 0,00342** | Cytoplasm | Cytoskeleton |
| 16 | pre-mRNA-splicing factor SPF27 | SPF27_HUMAN | ESI-Q-TOF | 22 | 8 | 77 | 26,229 | 5,48 | 53,734 | 7,646 | 0,225 | 0,055 | 408,75 | 0,00342338** | Nucleus | Spliceosome |
| 17 | DNA-directed RNA polymerases I, II, and III subunit RPABC1 | RPAB1_MOUSE | ESI-Q-TOF | 21 | 7 | 90 | 24,669 | 5,69 | 36,306 | 5,964 | 0,042 | 0,029 | 147,84 | 0,383564 | Nucleus | Transcription |
| 17 | Endomucin | MUCEN_MOUSE | MALDI TOF/TOF | 21 | 6 | 34 | 27,739 | 5,96 | 36,306 | 5,964 | 0,042 | 0,029 | 147,84 | 0,383564 | membrane | angiogenesis |
| 19 | Endomucin | MUCEN_MOUSE | MALDI TOF/TOF | 22 | 5 | 46 | 27,739 | 5,97 | 37,964 | 6,333 | 0,240 | 0,072 | 334,20 | 0,0398912** | membrane | angiogenesis |
| 20 | Telomere-associated protein R1F1 | R1F1_MOUSE | MALDI TOF/TOF | 3 | 14 | 33 | 266,063 | 5,43 | 34,542 | 6,355 | 0,465 | 0,086 | 540,80 | 0,0211075** | Nucleus | cell cycle |
| 21 | Leucine-rich repeat and coiled-coil domain-containing protein 1 | LRCC1_MOUSE | ESI-Q-TOF, MALDI TOF/TOF | 1 | 2 | 41 | 120,577 | 5,67 | 30,808 | 6,621 | 0,220 | 0,064 | 343,61 | 0,0325901** | centriole | mitotic spindle |
| 21 | Guanine nucleotide-binding protein G(1)/G(S)/G(O) subunit gamma-13 | GBG13_MOUSE | MALDI TOF/TOF | 28 | 4 | 38 | 7,974 | 5,68 | 30,808 | 6,621 | 0,220 | 0,064 | 343,61 | 0,0325901** | membrane | transducer |
| 22 | Poly(rC)-binding protein 1 | PCBP1_MOUSE | ESI-Q-TOF | 10 | 5 | 84 | 37,987 | 6,66 | 48,352 | 7,233 | 0,127 | 0,060 | 212,29 | 0,0217891** | Nucleus | Spliceosome |

Continuação Tabela 5: Identificação de proteínas por espectrometria de massas de spots que tiveram sua fosforilação diminuída após o tratamento com o peptídeo inibidor da PKCβI.

| Spot Id. | Proteína | Uniprot | MS | Seq (%) | nº de Pept. | Score | Teórico | | Experimental | | Volume (Norm.) | | Razão (%) | ANOVA | Localização | Função |
|----------|---|--------------|--------------------------|---------|-------------|-------|------------|------|--------------|-------|----------------|--------|-----------|--------------|-----------------------|--|
| | | | | | | | M.W. (KDa) | pI | M.W. (Da) | pI | Tat47-57 | βIV5-3 | | | | |
| 23 | heterogeneous nuclear ribonucleoprotein C | PCBP1_MOUSE | ESI-Q-TOF | 21 | 17 | 232 | 36,667 | 6,88 | 53,457 | 8,154 | 0,524 | 0,032 | 1629,48 | 0,0402377** | Nucleus | Spliceosome |
| 23 | Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein D0 | HNRPD_MOUSE | ESI-Q-TOF | 11 | 9 | 141 | 38,501 | 7,62 | 53,457 | 8,154 | 0,524 | 0,032 | 1629,48 | 0,0402377** | Nucleus | transcription regulation |
| 24 | Poly(rC)-binding protein 1 | PCBP1_MOUSE | ESI-Q-TOF | 19 | 14 | 190 | 37,987 | 6,66 | 47,309 | 7,417 | 1,988 | 0,082 | 2424,33 | 0,00255184** | Nucleus | Spliceosome |
| 25 | DEAD box RNA helicase DEAD1 | DDX5_MOUSE | ESI-Q-TOF, MALDI TOF/TOF | 1 | 2 | 76 | 69,76 | 9,06 | 66,932 | 9,990 | 0,823 | 0,231 | 355,87 | 0,0387964** | Nucleus | transcription regulation |
| 26 | Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein I | PTBP1_MOUSE | ESI-Q-TOF, MALDI TOF/TOF | 17 | 15 | 107 | 56,671 | 8,47 | 58,778 | 9,895 | 0,547 | 0,155 | 351,96 | 0,0462481** | Nucleus | transcription regulation / spliceosome |
| 26 | Elongation factor 1-alpha 2 | EF1A2_MOUSE | ESI-Q-TOF | 14 | 11 | 83 | 50,424 | 9,1 | 58,778 | 9,895 | 0,547 | 0,155 | 351,96 | 0,0462481** | Nucleus | transcription |
| 27 | Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A3 | ROA3_MOUSE | ESI-Q-TOF | 8 | 5 | 75 | 39,955 | 9,17 | 52,816 | 9,445 | 1,252 | 0,383 | 326,78 | 0,040869** | Nucleus | Spliceosome |
| R2 | Retinol dehydrogenase 11 | RDH11_MOUSE | MALDI TOF/TOF | 12 | 7 | 46 | 35,125 | 9,1 | 43,752 | 4,807 | 0,212 | 0,119 | 177,97 | 0,174894 | Endoplasmic reticulum | biosintesis |
| R3 | G2/mitotic-mitotic-specificity cyclin-B2 | CCNB2_MOUSE | MALDI TOF/TOF | 9 | 4 | 40 | 45,423 | 9,05 | 46,759 | 4,873 | 0,690 | 0,366 | 188,64 | 0,415813 | nucleus | cell cycle |
| R4 | U4/U6 small nuclear ribonucleoprotein Prp4 | PRP4_MOUSE | MALDI TOF/TOF | 10 | 5 | 31 | 58,333 | 6,86 | 34,830 | 4,438 | 0,276 | 0,129 | 213,55 | 0,335269 | nucleus | Spliceosome |
| R7 | Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein F | HNRPF_MOUSE | MALDI TOF/TOF | 4 | 2 | 55 | 45,701 | 5,3 | 50,693 | 5,264 | 1,161 | 0,622 | 186,68 | 0,117056 | Nucleus | Spliceosome |
| R8 | Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein F | HNRPF_MOUSE | MALDI TOF/TOF | 4 | 2 | 42 | 45,701 | 5,3 | 48,842 | 5,293 | 0,191 | 0,151 | 126,04 | 0,652646 | Nucleus | Spliceosome |
| R10 | Heat shock factor protein 3 | HSF3_MOUSE | MALDI TOF/TOF | 10 | 8 | 32 | 57,266 | 5,06 | 52,454 | 5,323 | 0,242 | 0,132 | 183,80 | 0,210905 | Nucleus | Stress |
| R19 | Endomucin | MUCEN_MOUSE | MALDI TOF/TOF | 16 | 4 | 35 | 27,739 | 5,96 | 27,346 | 5,404 | 0,437 | 0,165 | 265,18 | 0,215221 | membrane | angiogenesis |
| R21 | Endomucin | MUCEN_MOUSE | MALDI TOF/TOF | 21 | 6 | 41 | 27,739 | 5,96 | 50,350 | 7,262 | 0,921 | 0,598 | 153,98 | 0,135262 | membrane | angiogenesis |
| R22 | Protein Jagged-2 | JAG2_MOUSE | MALDI TOF/TOF | 6 | 7 | 30 | 134,637 | 5,53 | 24,337 | 4,202 | 0,635 | 0,312 | 203,48 | 0,25635 | membrane | transducer |
| R24 | Sedoheptulokinase | SHPK_MOUSE | MALDI TOF/TOF | 10 | 5 | 32 | 51,27 | 5,82 | 54,108 | 6,156 | 0,363 | 0,277 | 131,10 | 0,33652 | cytoplasm | carbohydrate process |
| R25 | Sestrin-1 | SESN1_MOUSE | MALDI TOF/TOF | 10 | 3 | 33 | 56,627 | 5,65 | 71,008 | 5,957 | 0,273 | 0,192 | 142,13 | 0,345926 | Nucleus | DNA damage |
| R26 | Nuclear nucleic acid-binding protein C1D | C1D_MOUSE | MALDI TOF/TOF | 20 | 5 | 36 | 15,935 | 9,02 | 59,954 | 4,379 | 0,568 | 0,250 | 227,79 | 0,231962 | nucleus | Spliceosome |
| R29 | Ankyrin repeat domain-containing protein 53 | ANKR53_MOUSE | MALDI TOF/TOF | 7 | 6 | 34 | 56,702 | 9,79 | 50,866 | 7,085 | 0,160 | 0,074 | 215,67 | 0,339502 | | |

Continuação Tabela 5: Identificação de proteínas por espectrometria de massas de spots que tiveram sua fosforilação diminuída após o tratamento com o peptídeo inibidor da PKCβI.

| Spot Id. | Proteína | Uniprot | MS | Seq (%) | nº de Pept. | Score | Teórico | | Experimental | | Volume (Norm.) | | Razão (%) | ANOVA | Localização | Função |
|----------|--|-------------|--------------------------|---------|-------------|-------|------------|------|--------------|-------|----------------------|--------|-----------|----------|-----------------------|------------------------------|
| | | | | | | | M.W. (KDa) | pI | M.W. (Da) | pI | Tat ⁴⁷⁻⁵⁷ | βIVS-3 | | | | |
| R32 | DNA-directed RNA polymerase II subunit RPB3 | RBP3_MOUSE | MALDI TOF/TOF | 18 | 5 | 37 | 31,292 | 4,84 | 60,501 | 6,326 | 0,226 | 0,125 | 180,60 | 0,315412 | Nucleus | transcription |
| EX1 | Stathmin / Leukemia-associated phosphoprotein p18 | STMN1_MOUSE | ESI-Q-TOF | 14 | 4 | 72 | 17,264 | 5,76 | 67,191 | 4,136 | 0,226 | 0,000 | - | - | cytoskeleton | Differentiation |
| EX2 | Transitional endoplasmic reticulum ATPase | TERA_MOUSE | ESI-Q-TOF | 5 | 6 | 86 | 89,805 | 5,14 | 74,182 | 5,104 | 0,141 | 0,000 | - | - | cytoplasm / nucleus | transport |
| EX3 | Heat shock 70KDa | GRP78_MOUSE | MALDI TOF/TOF | 16 | 13 | 278 | 72377 | 5,07 | | | | | | | Cytoplasm | Chaperonin |
| EX3 | 78 kDa glucose-regulated protein / Heat shock 70 kDa protein 5 | GRP78_MOUSE | ESI-Q-TOF | 9 | 12 | 121 | 72,526 | 5,09 | 61,316 | 4,563 | 0,184 | 0,000 | - | - | Endoplasmic reticulum | chaperone |
| EX5 | Far upstream element-binding protein 2 | FUBP2_MOUSE | ESI-Q-TOF | 4 | 5 | 61 | 77,184 | 6,9 | 72,583 | 6,490 | 0,092 | 0,000 | - | - | nucleus | Transcription regulation |
| EX8 | Ras-related and estrogen-regulated growth inhibitor | RERG_MOUSE | MALDI TOF/TOF | 26 | 4 | 30 | 22566 | 6,91 | | | | | | | Cytoplasm | signal transduction |
| EX9 | 14-3-3 protein epsilon | 1433E_MOUSE | ESI-Q-TOF | 33 | 16 | 87 | 29,326 | 4,67 | 37,280 | 4,258 | 0,204 | 0,000 | - | - | cytoplasm / nucleus | protein targeting |
| EX13 | RNA-binding motif protein 3 | RBM3_MOUSE | ESI-Q-TOF, MALDI TOF/TOF | 28 | 7 | 66 | 16,595 | 6,84 | 23,952 | 7,144 | 0,185 | 0,000 | - | - | nucleus | RNA binding |
| EX12 | CBP80/20-dependent translation initiation factor | CTIF_MOUSE | MALDI TOF/TOF | 8 | 5 | 37 | 67788 | 6,19 | | | | | | | Cytoplasm, nucleus | Nonsense-mediated mRNA decay |
| EX14 | peptidylprolyl isomerase | PPIG_MOUSE | ESI-Q-TOF, MALDI TOF/TOF | 59 | 13 | 319 | 18,131 | 7,74 | 24,515 | 7,960 | 0,111 | 0,000 | - | - | nucleus | protein folding |
| EX15 | peptidylprolyl isomerase | PPIG_MOUSE | ESI-Q-TOF | 43 | 13 | 205 | 18,131 | 7,74 | 24,337 | 8,341 | 0,119 | 0,000 | - | - | nucleus | protein folding |
| EX16 | Cofilin-1 (Cofilin, non-muscle isoform) | COF1_MOUSE | ESI-Q-TOF | 32 | 9 | 119 | 18,645 | 8,26 | 25,697 | 8,693 | 0,094 | 0,000 | - | - | Nucleus matrix | cytokinesis |

Com essas proteínas identificadas, classificamos as mesmas por localização sub-celular e por função biológica a fim de entender a importância da PKC β I na manutenção do estado indiferenciado da célula tronco, conforme figura 10.

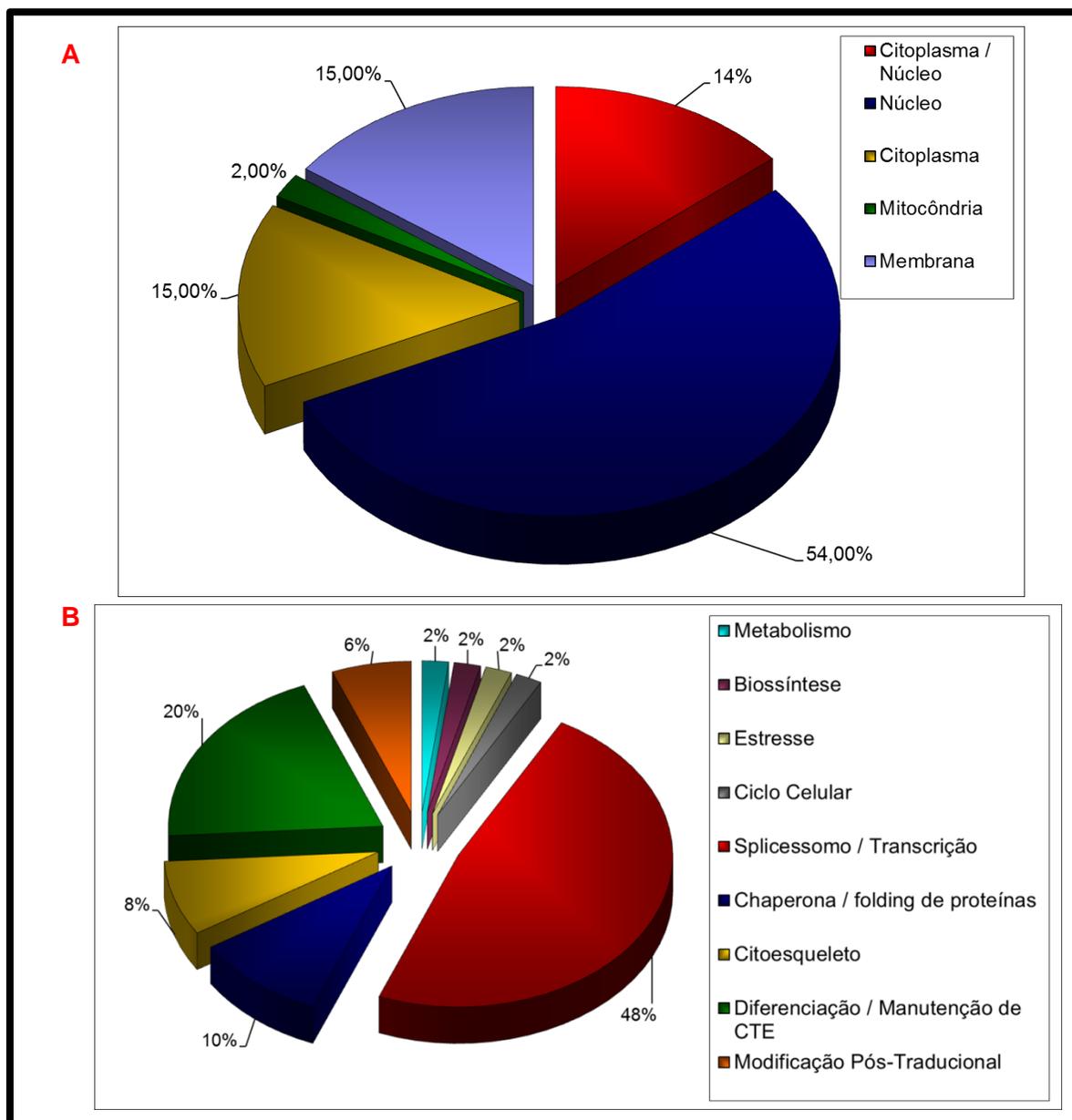


Figura 10: Classificação das proteínas cuja fosforilação foi diminuída na presença do peptídeo inibidor da PKC β I por localização sub-celular A. e por função biológica B. das proteínas alvos da PKC β I em núcleos de células tronco indiferenciadas. Os números correspondem à porcentagem desta classe em relação ao total encontrado de acordo com a tabela 5.

Com relação à localização sub-celular das proteínas alvo da PKC β I em células tronco indiferenciadas 54% das proteínas encontram-se no núcleo, como era esperado já que usamos lisados nuclear. Contudo, encontramos também proteínas encontradas exclusivamente no citoplasma (15%), proteínas mitocôndrias (2%) e constituintes de membranas plasmáticas (15%). Bem como proteínas que estão presentes tanto no citoplasma quanto no núcleo incluídas nas proteínas nucleares (14%).

Com relação à função biológica das proteínas encontradas, há um predomínio de proteínas envolvidas no controle da expressão gênica pela maquinaria de Splicessomo e Controle da transcrição, tais como as proteínas *Heterogeneous ribonucleoprotein*. Além disso, há diversas proteínas envolvidas no estado de manutenção da indiferenciação, como a *Telomere-associated protein R1F1* (Adans & McLaren, 2004), *Transcription intermediary factor 1-beta (TIF1-beta)* (Cammass, 2002), *Nucleophosmin* (Falini, 2011), *Ras-related and estrogen-regulated growth inhibitor* (Habashy, 2011), *Nuclear nucleic acid-binding protein C1D* (Zamir, 1994).

Dentre todas as proteínas encontradas na tabela 5, somente *Heterogeneous ribonucleoprotein*, *nucleophosmin 1* e *elongation factor 1* já haviam sido identificadas no nosso trabalho anterior lisado total de células tronco indiferenciadas. (Costa-Junior, 2010), porém nos dois casos obtivemos proteínas que indicam uma função para a PKC β I no controle da transcrição gênica ou de *splicing* de fatores importantes para o estado indiferenciado das CTE.

Confirmamos se realmente algumas das proteínas detectadas tinham uma alteração no seu ponto isoelétrico que poderia ser resultante da diminuição da sua fosforilação perante a inibição da PKC β I. Para tanto alguns alvos da PKC β I detectados no nosso fosfoproteoma foram confirmados através de experimentos de *immunoblotting* utilizando anticorpos específicos e eletroforese bidimensional em presença do inibidor específico da PKC β I, conforme as figuras 11 à 14 a seguir. Escolhemos as proteínas – *Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein C1/C2*, *Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein K*, *TIF1 β* e *Jagged Protein* – pois são proteínas representativas das encontradas no nosso fosfoproteoma. Assim, estas estão envolvidas com *splicing* e controle da transcrição nos casos de *Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein* (Barthéléry, et al., 2009, Mikula, M., 2006), e proteínas envolvidas com a manutenção da indiferenciação como TIF1 β (Seki, et al., 2010) e *Jagged protein* (Dang, et al., 2009).

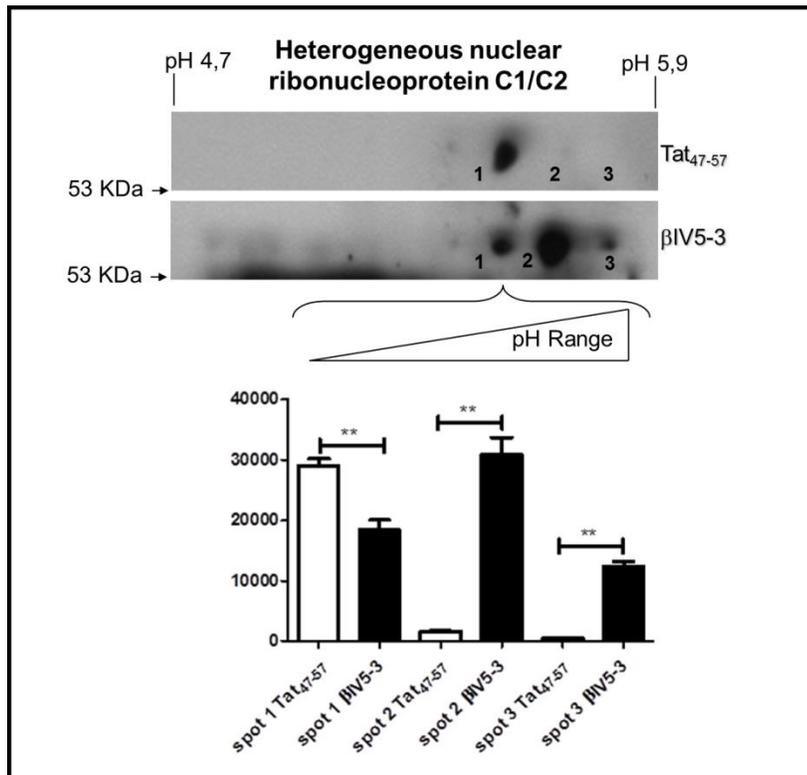


Figura 11: Caracterização do alvo *Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein C1/C2*, por *immunoblotting* de eletroforese bidimensional, de lisados de CTE tratados com peptídeo carreador Tat₄₇₋₅₇ ou βIV5-3 por 15 minutos. Quantificação relativa da intensidade dos spots numerados de acordo com figura. Teste estatístico *t de Student* ($p \leq 0,05$) da quantificação da intensidade *spots*, normalizados pelo ponceau.

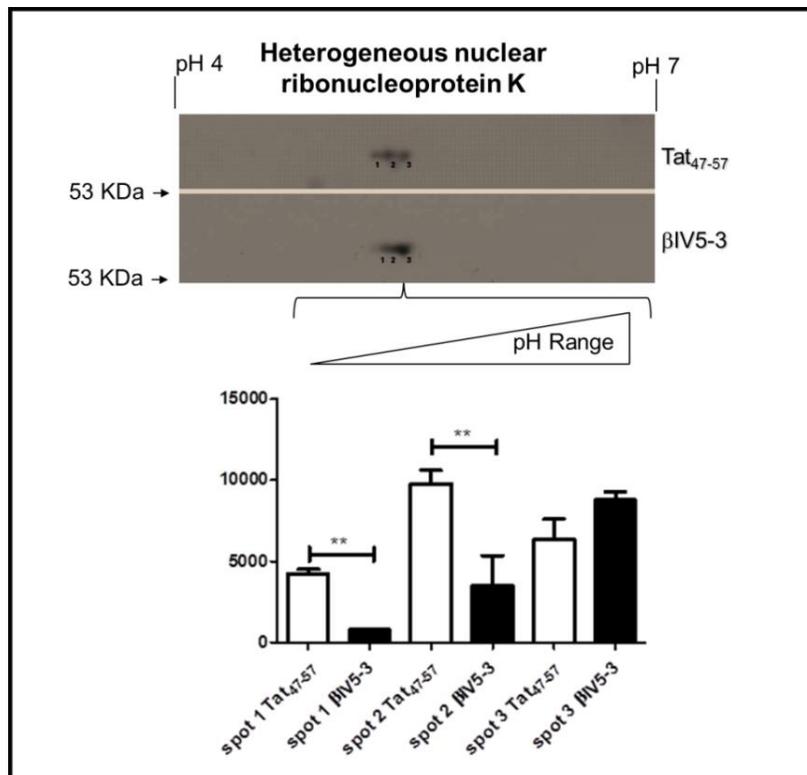


Figura 12: Caracterização do alvo *Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein K* por *immunoblotting* de eletroforese bidimensional de lisados de CTE tratados com peptídeo carreador Tat₄₇₋₅₇ ou βIV5-3 por 15 minutos. Quantificação relativa da intensidade dos spots numerados de acordo com figura. Teste estatístico *t de Student* ($p \leq 0,05$) da quantificação da intensidade *spots*, normalizados pelo ponceau.

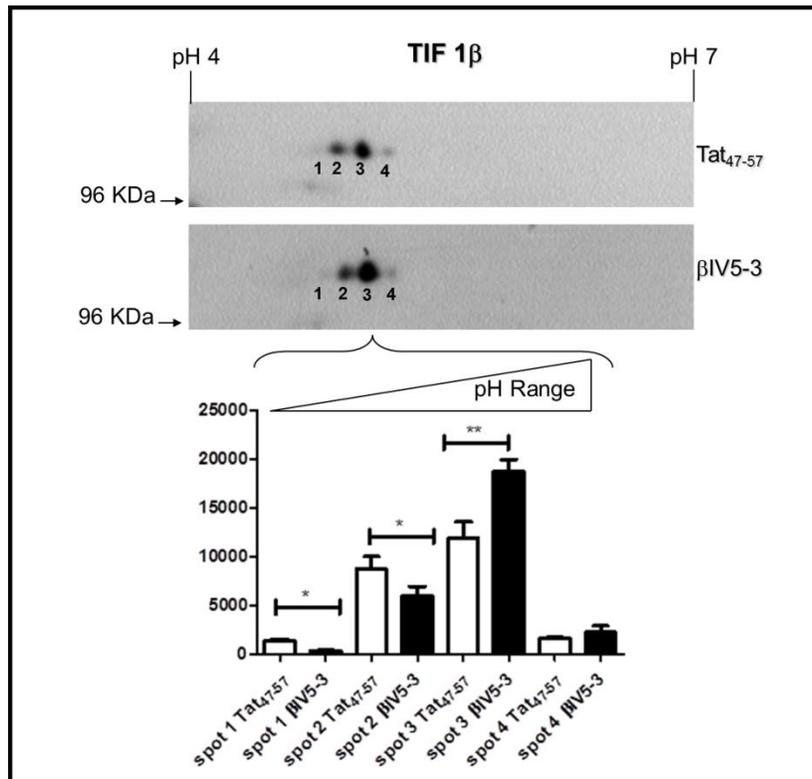


Figura 13: Caracterização do alvo *TIF1β* por *immunoblotting* de eletroforese bidimensional, de lisados de CTE tratados com peptídeo carreador Tat₄₇₋₅₇ ou βIV5-3 por 15 minutos. Quantificação relativa da intensidade dos spots numerados de acordo com figura. Teste estatístico *t de Student* ($p \leq 0,05$) da quantificação da intensidade *spots*, normalizados pelo ponceau.

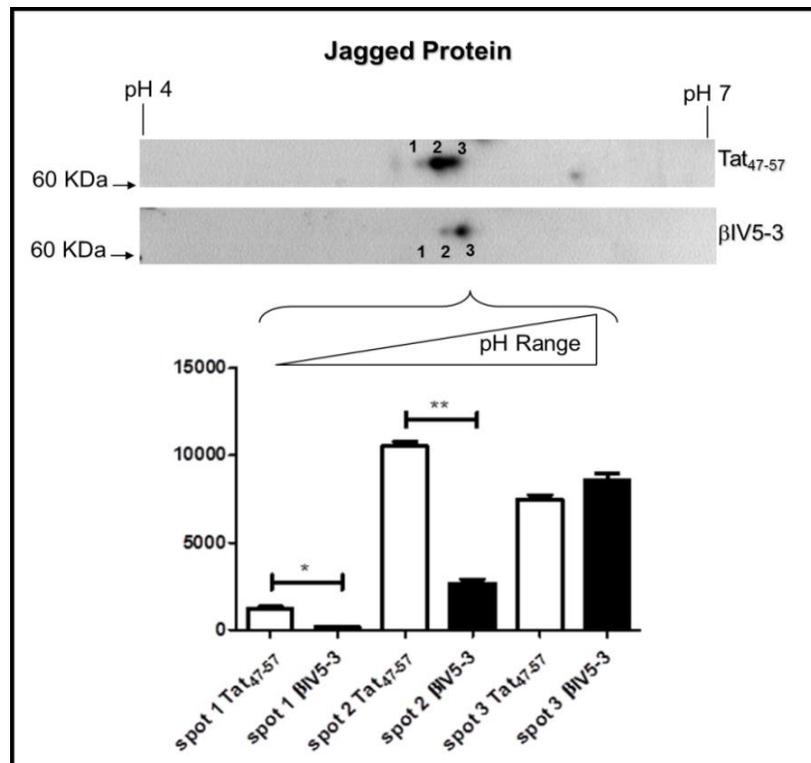


Figura 14: Caracterização do alvo *Jagged protein* por *immunoblotting* de eletroforese bidimensional, tratados com peptídeo carreador Tat₄₇₋₅₇ ou βIV5-3 por 15 minutos. Quantificação relativa da intensidade dos spots numerados de acordo com figura. Teste estatístico *t de Student* ($p \leq 0,05$) da quantificação da intensidade *spots*, normalizados pelo ponceau.

Também, verificamos se a proteína TIF1 β é um alvo direto da PKC β I. TIF1 β recombinante e purificado comprado comercialmente, e Histona H3, um substrato conhecido das PKCs (Huang, *et al.*, 2004), foram fosforilados *in vitro* com a PCK β I recombinante, segundo o protocolo de fosforilação *in vitro* descrito nos materiais e métodos. A reação de fosforilação foi então submetida à SDS-PAGE e corada com o fosfo-corante Pro-Q Diamond e com Coomassie G-250, conforme pode ser visto na figura 15.

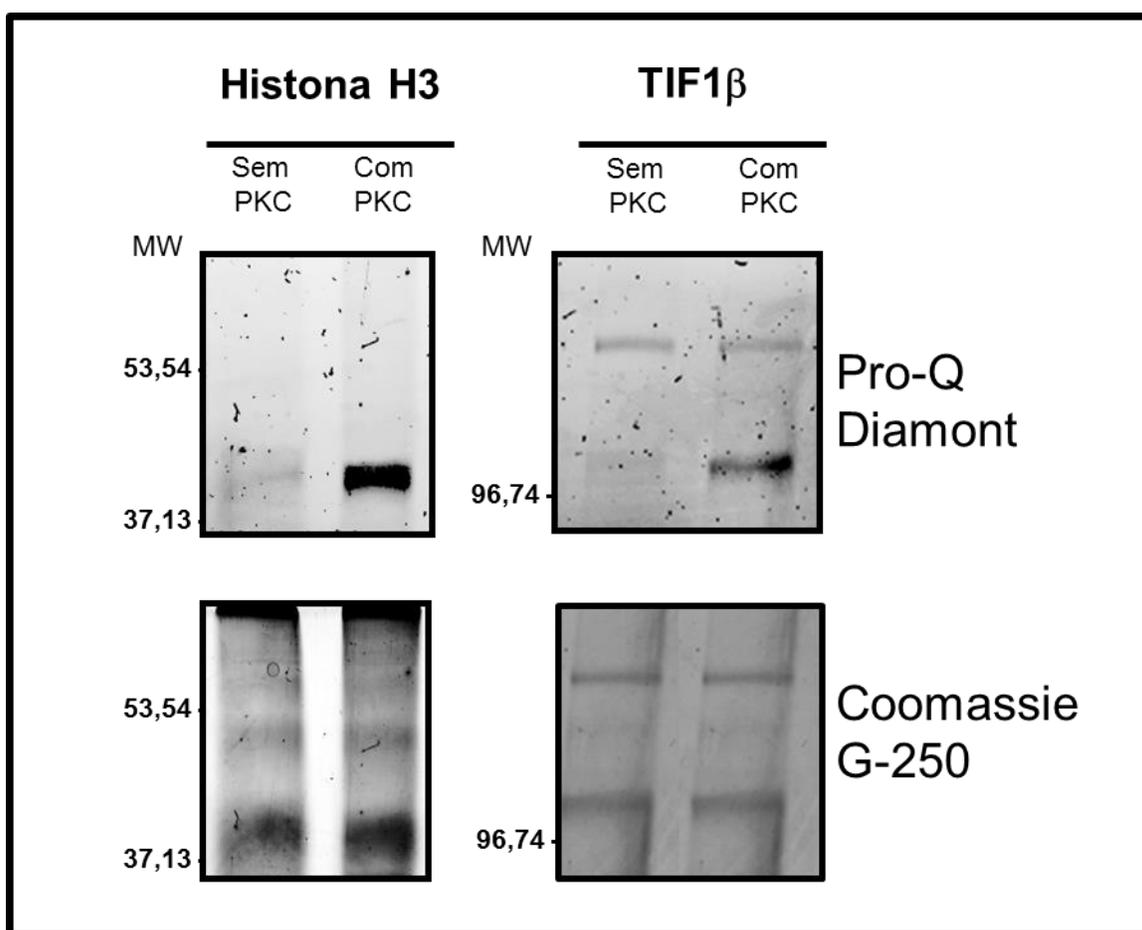


Figura 15: SDS-PAGE de fosforilação *in vitro* do substrato Histona H3 e TIF1 β pela PKC β I. 5 μ g de lisado por poço. Substratos tratados na presença e ausência de PKC β I e seus ativadores cálcio e fosfolipídeo *in vitro*, e reação parada por tampão de amostra Laemmli, e resolvido em eletroforese, corado tanto com Pro-Q Diamond e por Coomassie G-250.

Neste experimento, pode-se observar um aumento da fosforilação das proteínas Histona e TIF1 β na presença da PKC β I ativada (com Fosfolipídeo e Cálcio), visto pela coloração de Pro-Q-Diammond. Estudos posteriores confirmarão se o TIF1 β é um alvo direto da PKC β I nas células.

Como boa parte das proteínas encontradas estão relacionadas com o controle da maquinaria de transcrição ou *splicing* alternativo, acreditamos que indiretamente a PKC β I está regulando a expressão de genes que possam atuar no balanço entre autorenovação e diferenciação das CTE. A fosforilação de Tif1 β parece ser essencial para a sua função na manutenção do estado indiferenciado das CTE regulando a expressão de fatores de indiferenciação como Oct 3/4 e Nanog (Seki, *et al.*, 2010). Acreditamos que a PKC β I esteja envolvida na manutenção do estado indiferenciado ou inibição da diferenciação das CTE. Dessa forma, com o objetivo de utilizar outra forma de inibição de PKC β I, verificamos se a inibição por silenciamento com RNA de interferência para a PKC β I alterou a expressão de proteínas envolvidas na manutenção do estado indiferenciado das CTE.

Testamos diferentes concentrações de oligos de siRNA (50nM, 100nM, 150nM e 2000nM), e o tempo de inibição (24h, 48h e 72h) (dados não mostrados). Escolhemos a concentração de 50nM em 48 horas para todos os estudos subsequentes por causa da observação da diminuição da expressão da proteína

PKC β I por *immunoblotting*. Segundo a figura 16, diferentes oligos de siRNA (T1, T2 e T3) foram testados individualmente e em conjunto.

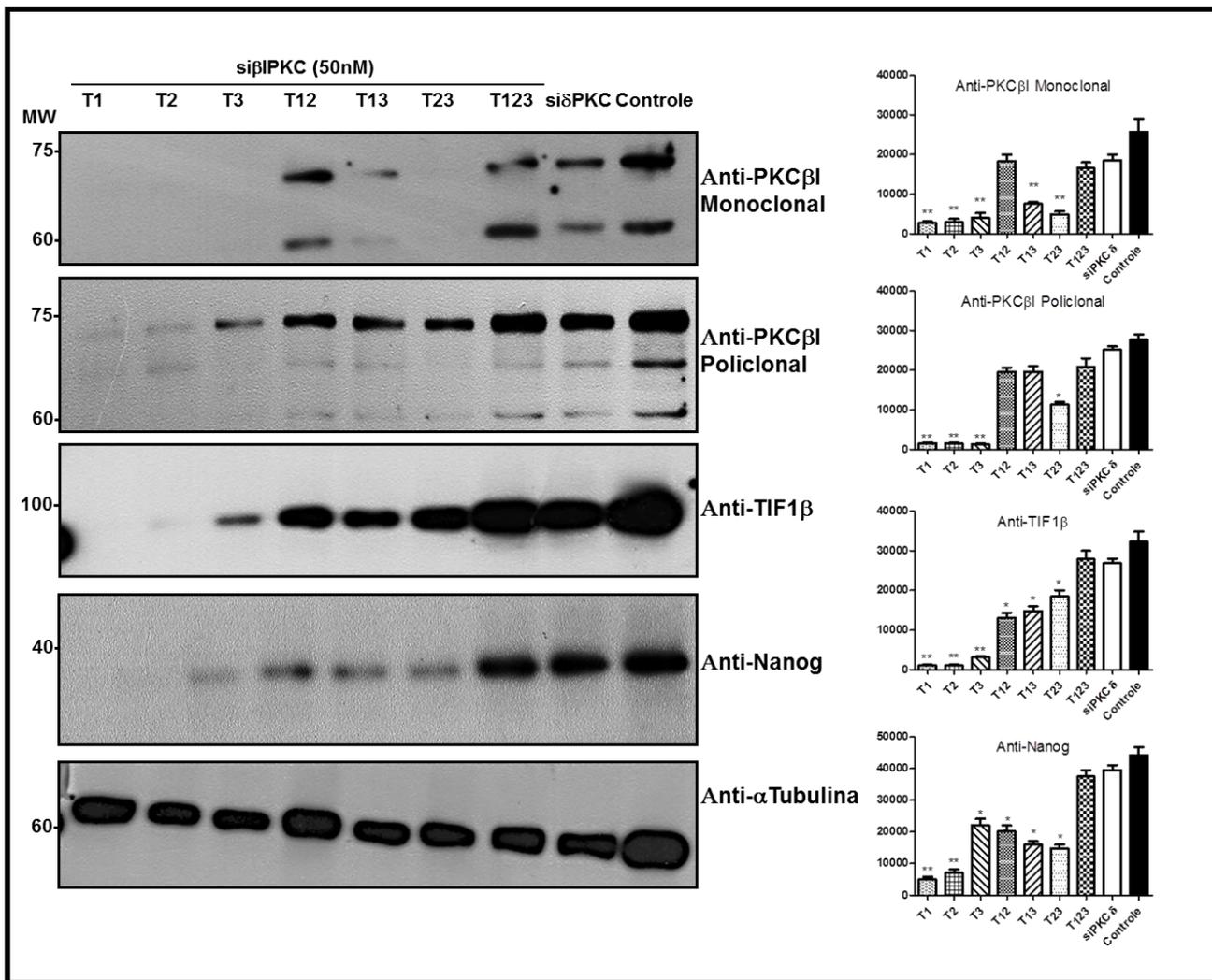


Figura 16: *Immunoblotting* do silenciamento da PKC β I por siRNA e seu efeito na expressão de fatores de indiferenciação como o TIF1, e Nanog. Análise individual dos oligos de siRNA (T1, T2 e T3), ou combinados. Teste estatístico *t de Student* ($p \leq 0,05$) da quantificação da intensidade das bandas em relação ao Controle. Dados de intensidade normalizado em relação a expressão de α Tubulina, n=3

Nesse experimento, há o silenciamento da PKC β I em CTE, principalmente quando utilizamos os três oligos de siRNA individualmente (T1, T2 e T3), com o uso em conjunto, há uma menor eficiência no silenciamento, utilizando oligos combinados dois-à-dois (T12, 13, T23) ou mesmo utilizando os três juntos (T123). Mostramos essa redução de expressão de PKC β I utilizando dois anticorpos comerciais distintos. A ausência de efeito com o siRNA para outra isoforma da PKC, a PKC δ , sugere que essa inibição é específica para a PKC β I.

Observamos as formas de peso molecular menores da PKC β I ~60 KDa, conforme descrito por Costa-Junior e outros (2010) como formas encontradas frequentemente no núcleo. Estas formas, também foram silenciadas com siRNA para PKC β I.

Ainda, acompanhando o silenciamento da PKC β I, há uma redução equivalente da proteína TIF1 β o qual pode ser um substrato direto/ indireto da PKC β I, e segundo Seki e colaboradores (2010) é uma proteína importante que auxilia na manutenção da indiferenciação de CTE. Ocorreu também um decréscimo da expressão do marcador de indiferenciação Nanog. Esses dados corroboram os dados da literatura que demonstram a importância do TIF1 β fosforilado na manutenção do estado indiferenciado das CTE e na regulação da expressão de fatores de indiferenciação. Também, sugerem que a PKC β I além de induzir a fosforilação do TIF1 β ou de fosforilar o mesmo, regula a expressão dessa importante proteína.

Em conjunto estes dados de fosfoproteômica sugerem que a PKC β I esteja envolvida na regulação de fatores de transcrição e de remodelamento da cromatina regulando a expressão de proteínas importantes para a manutenção do estado indiferenciado ou inibição da diferenciação das CTE.

Para identificar outros genes/ proteínas cuja expressão é regulada pela PKC β I, tratamos as CTE por uma e três horas com o peptídeo inibidor da PKC β I (β IV5-3) em condições de cultivo que as mantêm indiferenciadas. Lisamos as células, e preparamos extratos proteicos totais e géis bidimensionais, conforme descrito anteriormente.

Identificação das proteínas que tem alterações de expressão por inibição da PKC β I

Através de ferramentas de proteômica com géis 2D-PAGE (Figura 17) identificamos as proteínas cuja expressão está diminuída com a inibição prolongada da PKC β I. Conforme visto na figura 17, em vermelho estão marcados os 87 *spots* que tiveram a sua expressão, diminuída após uma hora de tratamento com o peptídeo inibidor da PKC β I. Por outro lado, em azul estão representados os 65 *spots* que também tiveram uma redução na sua expressão após o tratamento com o peptídeo por três horas. Na tabela 6 e 7 há a identificação destes *spots*.

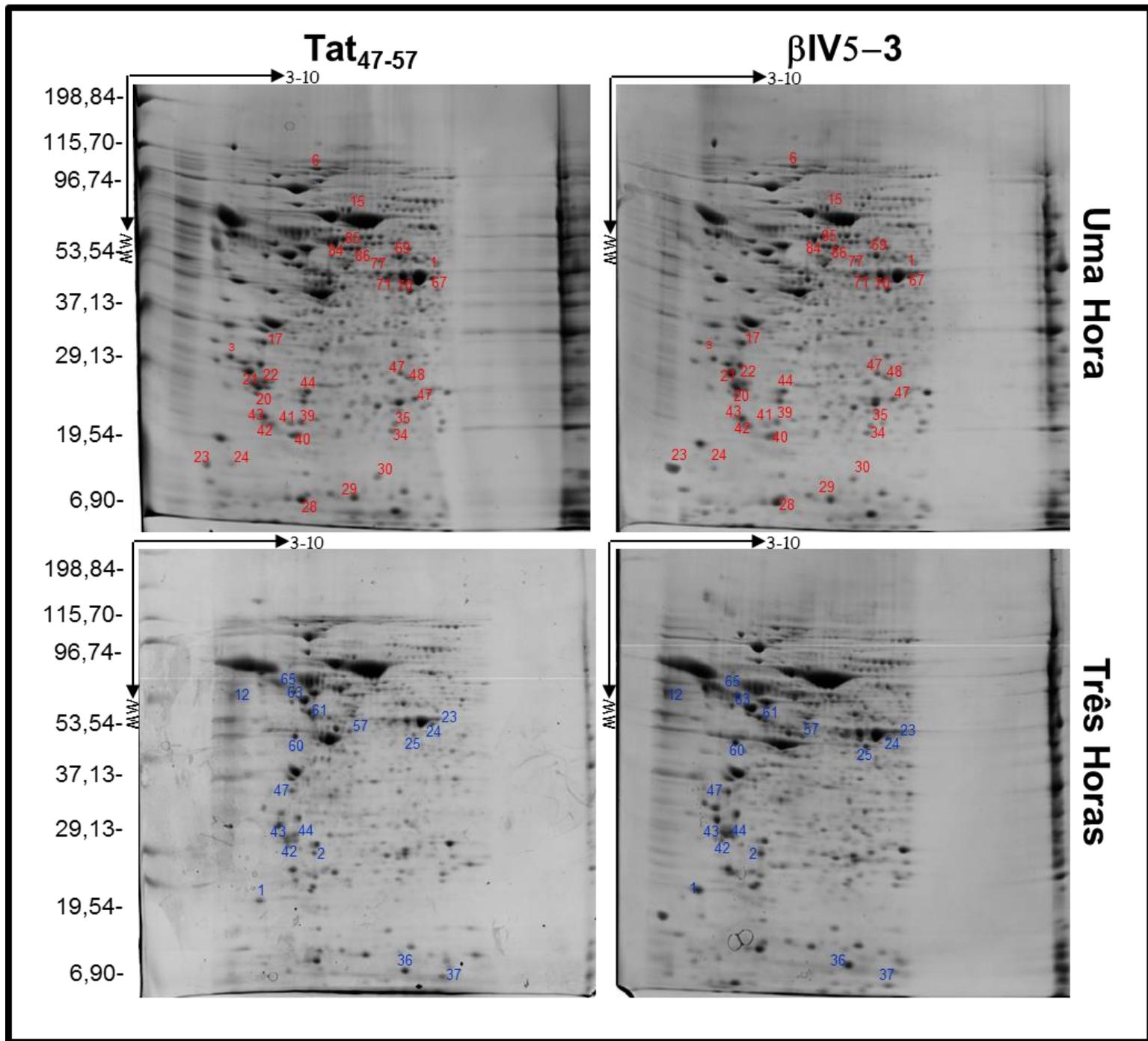


Figura 17: Eletroforese Bidimensional com a Inibição da PKCβI por βIV5-3 durante 1 e 3 horas. Spots significativos em relação ao controle Tat₄₇₋₅₇ no respectivo tempo marcados em Vermelho (87 spots) ou Azul (65 spots). Identificação dos mesmos segundo tabela 6 e 7.

Tabela 6: Identificação por espectrometria de massas de *spots* que diminuíram sua expressão com a inibição da PKCβI por βIV5-3 durante 1 hora. Com marcação em vermelho, proteínas chave das redes de de biologia de sistemas das figuras 19, 20 e 21.

| Spot Id. | Proteína | Uniprot | MS | Seq (%) | nº de Pept. | Score | Teórico | | | Experimental | | | Volume (Norm.) 1 hora | | Razão (%) | ANOVA | Volume (Norm.) 3 horas | | | Razão (%) | ANOVA | Localização | Função |
|----------|--|--------------|---------------|---------|-------------|-------|------------|------|-----------|--------------|----------------------|----------|-----------------------|-----------|-----------|-----------|------------------------|-----------|--|-----------|--------------------------|---|--------|
| | | | | | | | M.W. (KDa) | pI | M.W. (Da) | pI | Tat ₄₇₋₅₇ | βIV5-3 | Tat ₄₇₋₅₇ | βIV5-3 | | | Razão (%) | ANOVA | | | | | |
| 1h 3 | Complement component 1 Q subcomponent-binding protein, (GC1q-R protein) | C1QBP_MOUSE | MALDI-TOF/TOF | 8 | 3 | 121 | 31,336 | 4,82 | 38,21502 | 3,90387 | 0,372461 | 0,254676 | 68,37655486 | 0,0169717 | 0,308815 | 0,208683 | 67,57540923 | 0,106116 | | | Mitochondrion | Apoptosis / mRNA splicing / ribosome biogenesis | |
| 1h 15 | Stress-70 protein, 75 kDa glucose-regulated protein, GRP-75, Heat shock 70 kDa protein 9, Mortalin | GRP75_MOUSE | MALDI-TOF/TOF | 10 | 4 | 267 | 64,152 | 6,11 | 63,59053 | 5,627026 | 0,170443 | 0,129206 | 75,80598793 | 0,306657 | 0,224204 | 0,131682 | 58,73311805 | 0,344576 | | | Mitochondrion / Nucleus | Cell Proliferation / Chaperone | |
| 1h 22 | Calcium/calmodulin-dependent protein kinase type II subunit beta (Camk2b) | Q5SVI0_MOUSE | MALDI-TOF/TOF | 3 | 3 | 53 | 58,788 | 6,87 | 35,8742 | 4,395 | 0,600312 | 0,581258 | 96,82598382 | 0,897585 | 0,1555573 | 0,0688761 | 44,27699632 | 0,0579912 | | | Cytoplasm | Signaling pathway | |
| 1h 34 | Statmin, Leukemia-associated phosphoprotein p18 | STMN1_MOUSE | MALDI-TOF/TOF | 12 | 3 | 55 | 17,133 | 5,77 | 29,5142 | 6,388711 | 0,423018 | 0,382906 | 90,51766119 | 0,107938 | 0,317224 | 0,310756 | 97,96106221 | 0,944209 | | | Cytoplasm / Cytoskeleton | Differentiation | |
| 1h 39 | Electroneutral sodium bicarbonate exchanger 1 | S4A8_MOUSE | MALDI-TOF/TOF | 1 | 3 | 59 | 118,027 | 6,18 | 30,82433 | 5,223303 | 0,430831 | 0,377138 | 87,53734063 | 0,921554 | 0,549011 | 0,373046 | 67,94872962 | 0,5111833 | | | Membrane | Ion transport | |
| 1h 40 | Coiled-coil domain-containing protein 66 | CCD66_MOUSE | MALDI-TOF/TOF | 2 | 3 | 52 | 59,263 | 8,57 | 30,7843 | 5,0223 | 0,643295 | 0,483851 | 75,21448169 | 0,335301 | 0,661676 | 0,654974 | 98,98711756 | 0,970115 | | | Nucleus | Differentiation | |
| 1h 41 | Dyslexia-associated protein KIAA0319 homolog | K0319_MOUSE | MALDI-TOF/TOF | 1 | 3 | 49 | 119,075 | 5,03 | 30,29799 | 4,8276 | 0,328548 | 0,263176 | 80,10275515 | 0,0680759 | 0,287423 | 0,235829 | 82,04945324 | 0,414175 | | | Membrane | Differentiation / Neurogenesis | |
| 1h 43 | Translationally-controlled tumor protein | TCTP_MOUSE | MALDI-TOF/TOF | 8 | 3 | 57 | 19,566 | 4,76 | 31,7561 | 4,336576 | 1,05183 | 0,580117 | 55,1531141 | 0,182101 | 1,06673 | 0,969043 | 90,84238748 | 0,697372 | | | Cytoplasm / Cytoskeleton | Differentiation / stem cell maintenance | |
| 1h 48 | Eukaryotic translation initiation factor 4H | IF4H_MOUSE | MALDI-TOF/TOF | 8 | 3 | 111 | 27,251 | 6,92 | 36,54163 | 6,555216 | 0,370019 | 0,256762 | 69,39157178 | 0,258267 | 0,274585 | 0,254258 | 92,59719213 | 0,796204 | | | Cytoplasm | Protein biosynthesis | |
| 1h 48 | Carbonyl reductase [NADPH] 3 (EC=1.1.1.184) | CBR3_MOUSE | MALDI-TOF/TOF | 6 | 3 | 62 | 31,34 | 6,15 | 36,54163 | 6,555216 | 0,370019 | 0,256762 | 69,39157178 | 0,258267 | 0,274585 | 0,254258 | 92,59719213 | 0,796204 | | | Cytoplasm | Oxidoreductase | |
| 1h 70 | Alpha-enolase (EC 4.2.1.11) | ENOA_MOUSE | MALDI-TOF/TOF | 12 | 3 | 292 | 47,328 | 6,36 | 43,37512 | 5,693589 | 1,51903 | 1,014725 | 66,80085318 | 0,108953 | 0,887271 | 0,879775 | 99,15516229 | 0,970009 | | | Cytoplasm | Metabolism | |
| 1h 70 | Elongation factor 1-gamma, eEF-1B gamma | EF1G_MOUSE | MALDI-TOF/TOF | 3 | 3 | 57 | 50,246 | 6,33 | 43,37512 | 5,693589 | 1,51903 | 1,014725 | 66,80085318 | 0,108953 | 0,887271 | 0,879775 | 99,15516229 | 0,970009 | | | Cytoplasm | Protein biosynthesis | |
| 1h 71 | Alpha-enolase (EC 4.2.1.11) | ENOA_MOUSE | MALDI-TOF/TOF | 15 | 4 | 273 | 47,328 | 6,36 | 52,32138 | 6,238887 | 0,862699 | 0,635173 | 73,62625898 | 0,209099 | 0,651195 | 0,521135 | 80,02748793 | 0,529975 | | | Cytoplasm | Metabolism | |
| 1h 67 | Voltage-dependent calcium channel gamma-8 subunit | CCG8_MOUSE | MALDI-TOF/TOF | 3 | 3 | 57 | 43,832 | 9,32 | 51,96853 | 6,95479 | 0,304856 | 0,535183 | 175,55272 | 0,225135 | 0,16205 | 0,240898 | 148,6565875 | 0,250034 | | | Membrane | Ion transport | |
| 1h 17 | Proliferating cell nuclear antigen, PCNA, Cyclin | PCNA_MOUSE | MALDI-TOF/TOF | 12 | 3 | 156 | 29,348 | 4,71 | 38,03726 | 5,210816 | 0,647093 | 0,557281 | 86,12069672 | 0,552504 | 0,546056 | 0,366155 | 67,05447793 | 0,0987151 | | | Nucleus | Cell cycle | |
| 1h 22 | 14-3-3 protein gamma, Protein kinase C inhibitor protein 1 | 1433G_HUMAN | MALDI-TOF/TOF | 5 | 3 | 63 | 28,325 | 4,8 | 33,16922 | 4,436642 | 2,30749 | 2,0736 | 89,86387807 | 0,33835 | 1,82894 | 1,40995 | 77,09110195 | 0,173792 | | | Cytoplasm | Signaling pathways | |
| 1h 40 | Phosphatidylethanolamine-binding protein 1, PEBP-1 | PEBP1_MOUSE | MALDI-TOF/TOF | 21 | 3 | 106 | 20,857 | 5,19 | 30,7843 | 5,0223 | 0,643295 | 0,483851 | 75,21448169 | 0,335301 | 0,661676 | 0,654974 | 98,98711756 | 0,970115 | | | Cytoplasm | protease inhibitor | |
| 1h 39 | Ubiquitin-conjugating enzyme E2 K (EC=6.3.2.19) | UBE2K_BOVIN | MALDI-TOF/TOF | 13 | 3 | 130 | 22,376 | 5,33 | 30,82433 | 5,223303 | 0,430831 | 0,377138 | 87,53734063 | 0,921554 | 0,549011 | 0,373046 | 67,94872962 | 0,5111833 | | | Cytoplasm | Protease | |
| 1h 43 | Translationally-controlled tumor protein, TCTP | TCTP_MOUSE | MALDI-TOF/TOF | 8 | 3 | 103 | 19,564 | 4,76 | 31,7561 | 4,336576 | 1,05183 | 0,580117 | 55,1531141 | 0,182101 | 1,06673 | 0,969043 | 90,84238748 | 0,697372 | | | Cytoplasm | Stem Cell Maintenance | |
| 1h 44 | Eukaryotic translation initiation factor 4H, eIF-4H | IF4H_MOUSE | MALDI-TOF/TOF | 13 | 3 | 134 | 27,25 | 6,92 | 31,30075 | 5,660337 | 0,611949 | 0,475713 | 77,73736047 | 0,432362 | 0,548266 | 0,384942 | 70,21081008 | 0,412104 | | | Cytoplasm | Protein biosynthesis | |
| 1h 84 | Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP4, PPIase FKBP4 (EC=5.2.1.8) | FKBP4_MOUSE | MALDI-TOF/TOF | 2 | 3 | 54 | 51,808 | 5,54 | 56,98775 | 5,231627 | 2,21249 | 1,83942 | 83,13800288 | 0,0751588 | 2,32135 | 2,23383 | 96,22978008 | 0,856287 | | | Cytoplasm / Nucleus | Chaperone / Isomerase | |
| 1h 84 | Importin subunit alpha-1 | IMA1_MOUSE | MALDI-TOF/TOF | 2 | 3 | 54 | 58,234 | 5,49 | 56,98775 | 5,231627 | 2,21249 | 1,83942 | 83,13800288 | 0,0751588 | 2,32135 | 2,23383 | 96,22978008 | 0,856287 | | | Nucleus | Protein Transport | |
| 1h 85 | Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP4, PPIase FKBP4 (EC=5.2.1.8) | FKBP4_MOUSE | MALDI-TOF/TOF | 13 | 5 | 304 | 51,808 | 5,54 | 57,0177 | 5,2448 | 2,3192 | 1,82939 | 78,88021732 | 0,071539 | 2,1233 | 2,220191 | 104,5632271 | 0,872911 | | | Cytoplasm / Nucleus | Chaperone / Isomerase | |
| 1h 86 | Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP4, PPIase FKBP4 (EC=5.2.1.8) | FKBP4_MOUSE | MALDI-TOF/TOF | 2 | 3 | 50 | 51,808 | 5,54 | 57,19203 | 5,3911 | 2,436679 | 1,749592 | 71,80231783 | 0,068593 | 2,2394 | 2,34962 | 104,9218541 | 0,894729 | | | Cytoplasm / Nucleus | Chaperone / Isomerase | |
| 1h 42 | Chromobox protein homolog 1, Heterochromatin protein 1 homolog beta | CBX1_MOUSE | MALDI-TOF/TOF | 6 | 3 | 58 | 21,519 | 4,85 | 30,06206 | 4,536535 | 1,05183 | 0,980117 | 93,18207315 | 0,182101 | 0,468727 | 0,0873535 | 18,63632776 | 0,697372 | | | Nucleus | Transcription / histone regulation | |

Tabela 7: Identificação por espectrometria de massas de *spots* que diminuíram sua expressão com a inibição da PKC β 1 por β V5-3 durante 3 horas. Com marcação em vermelho, proteínas chave das redes de de biologia de sistemas das figuras 19, 20 e 21.

| Spot Id. | Proteína | Uniprot | MS | Seq (%) | nº de Pept. | Score | Teórico | | | Experimental | | | Volume (Norm.) 1 hora | | Volume (Norm.) 3 horas | | ANOVA | Razão (%) | ANOVA | Razão (%) | Localização | Função |
|----------|---|--------------|---------------|---------|-------------|-------|------------|------|-----------|--------------|----------------------|--------------|-----------------------|--------------|------------------------|----------|-------------|-----------|-------|---|--|--------|
| | | | | | | | M.W. (KDa) | pl | M.W. (Da) | pl | Tat _{01:07} | β V5-3 | Tat _{01:07} | β V5-3 | | | | | | | | |
| 3h 1 | Transcription factor E2F3, E2F-3 | E2F3_MOUSE | MALDI-TOF/TOF | 4 | 3 | 58 | 49,133 | 5,33 | 28,86054 | 3,679115 | 0,54622 | 0,564212 | 103,2939109 | 0,848245 | 0,678177 | 0,407108 | 60,02975624 | 0,0356534 | | Nucleus | Transcription regulation | |
| 3h 12 | Protein SET, Phosphatase 2A inhibitor I2PP2A, Template-activating factor I | SET_MOUSE | MALDI-TOF/TOF | 11 | 3 | 153 | 33,358 | 4,22 | 55,92124 | 3,679115 | 0,956889 | 0,118901 | 12,42604787 | 0,20881 | 0,580129 | 0,287816 | 49,61241379 | 0,146339 | | Cytoplasm / Endoplasmic reticulum / Nucleus | Apoptosis / Transcription / histone regulation | |
| 3h 24 | Eif2c2 protein | Q8R3Q7_MOUSE | MALDI-TOF/TOF | 2 | 3 | 54 | 60,457 | 9,25 | 49,77156 | 7,025548 | 0,535183 | 0,304856 | 56,96294539 | 0,225135 | 0,240898 | 0,16205 | 67,26913465 | 0,250034 | | Nucleus | Transcription regulation | |
| 3h 36 | Histone acetyltransferase, MYST histone acetyltransferase 2 isoform CRA_c | Q1AJD0_MOUSE | MALDI-TOF/TOF | 3 | 3 | 60 | 71,263 | 9,01 | 21,91751 | 6,451161 | 0,727606 | 0,658644 | 90,52206826 | 0,877372 | 0,624796 | 0,444076 | 71,075359 | 0,12842 | | Nucleus | Chromatin / histone regulation | |
| 3h 42 | Translationally-controlled tumor protein, TCTP | TCTP_MOUSE | MALDI-TOF/TOF | 8 | 3 | 52 | 19,566 | 4,76 | 31,03207 | 5,140058 | 2,30749 | 2,0736 | 89,86387807 | 0,33836 | 1,82894 | 1,40995 | 77,09110195 | 0,17792 | | Cytoplasm | Stem Cell Maintenance | |
| 3h 42 | Proteasome alpha 5 subunit (EC=3.4.25.1) | Q3UPK6_MOUSE | MALDI-TOF/TOF | 19 | 3 | 168 | 26,568 | 4,74 | 31,72234 | 5,090112 | 2,30749 | 2,0736 | 89,86387807 | 0,33836 | 1,82894 | 1,40995 | 77,09110195 | 0,17792 | | Cytoplasm | Protease | |
| 3h 43 | 14-3-3 protein zeta/delta, Protein kinase C inhibitor protein 1 | 1433Z_MOUSE | MALDI-TOF/TOF | 13 | 3 | 89 | 27,928 | 4,73 | 31,81325 | 5,102598 | 2,3709 | 2,0036 | 84,50799275 | 0,3833 | 1,88942 | 1,4195 | 75,12887553 | 0,16927 | | Cytoplasm | Signaling pathways | |
| 3h 44 | 14-3-3 protein zeta/delta, Protein kinase C inhibitor protein 1 | 1433Z_MOUSE | MALDI-TOF/TOF | 11 | 3 | 76 | 27,928 | 4,73 | 31,9325 | 5,113545 | 2,47687 | 1,98872 | 80,29165842 | 0,28323 | 1,99843 | 1,3583 | 67,96835516 | 1,1343 | | Cytoplasm | Signaling pathways | |
| 3h 44 | Histone acetyltransferase, MYST histone acetyltransferase 2 isoform CRA_c | Q1AJD0_MOUSE | MALDI-TOF/TOF | 3 | 3 | 50 | 71,263 | 9,01 | 31,9325 | 5,113545 | 2,47687 | 1,98872 | 80,29165842 | 0,28323 | 1,99843 | 1,3583 | 67,96835516 | 1,1343 | | Nucleus | Chromatin / histone regulation | |
| 3h 44 | Protein kinase C and casein kinase substrate in neurons protein 2, Syndapin 2 | PACN2_MOUSE | MALDI-TOF/TOF | 3 | 3 | 56 | 56,146 | 5,1 | 31,9325 | 5,113545 | 2,47687 | 1,98872 | 80,29165842 | 0,28323 | 1,99843 | 1,3583 | 67,96835516 | 1,1343 | | Membrane | Endocytosis | |
| 3h 47 | Proliferating cell nuclear antigen, PCNA, Cyclin | PCNA_MOUSE | MALDI-TOF/TOF | 16 | 3 | 53 | 29,114 | 4,66 | 37,82518 | 5,210816 | 0,647093 | 0,557281 | 86,12069672 | 0,552504 | 0,546056 | 0,366155 | 67,05447793 | 0,0987151 | | Nucleus | Cell cycle | |
| 3h 47 | Histone-lysine N-methyltransferase 2A, Lysine N-methyltransferase 2A (EC=2.1.1.43), Myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia protein 1, Zinc finger protein HRX, MLL cleavage product N320, MLL cleavage product C180 | KMT2A_MOUSE | MALDI-TOF/TOF | 1 | 3 | 53 | 434,255 | 9,29 | 37,82518 | 5,210816 | 0,647093 | 0,557281 | 86,12069672 | 0,552504 | 0,546056 | 0,366155 | 67,05447793 | 0,0987151 | | Nucleus | Histone regulation | |
| 3h 57 | Eukaryotic initiation factor 4A-1, eIF-4A-1, (EC=3.6.4.13) | IF4A1_MOUSE | MALDI-TOF/TOF | 12 | 3 | 121 | 46,357 | 5,32 | 47,46401 | 6,268023 | 0,316654 | 0,238162 | 75,21206111 | 0,537108 | 0,370267 | 0,1941 | 52,42163088 | 0,164282 | | Nucleus | Transcription regulation | |
| 3h 57 | Creatine kinase B-type (EC=2.7.3.2) | KCRB_MOUSE | MALDI-TOF/TOF | 3 | 3 | 50 | 42,976 | 5,4 | 47,46401 | 6,268023 | 0,316654 | 0,238162 | 75,21206111 | 0,537108 | 0,370267 | 0,1941 | 52,42163088 | 0,164282 | | Cytoplasm | Signaling pathways | |
| 3h 61 | ATP synthase subunit beta, mitochondrial (EC=3.6.3.14) | ATPB_MOUSE | MALDI-TOF/TOF | 11 | 4 | 107 | 56,265 | 5,19 | 50,73315 | 5,539632 | 0,917577 | 0,71693 | 78,13295233 | 0,229735 | 1,1113 | 0,446524 | 40,18032934 | 0,0987966 | | mitochondrion | ATP synthesis | |
| 3h 61 | Nucleoporin GLE1 | GLE1_MOUSE | MALDI-TOF/TOF | 1 | 3 | 50 | 79,989 | 7,31 | 50,73315 | 5,539632 | 0,917577 | 0,71693 | 78,13295233 | 0,229735 | 1,1113 | 0,446524 | 40,18032934 | 0,0987966 | | Nucleus | mRNA transport | |
| 3h 1 | Prostaglandin E synthase 3 (EC=5.3.99.3), Telomerase-binding protein p23 | TEBP_MOUSE | MALDI-TOF/TOF | 8 | 3 | 65 | 18,995 | 4,36 | 28,86054 | 3,679115 | 0,54622 | 0,564212 | 103,2939109 | 0,848245 | 0,678177 | 0,407108 | 60,02975624 | 0,0356534 | | Cytoplasm / Nucleus | Metabolism | |
| 3h 60 | 37/67 kDa laminin receptor | RSSA_MOUSE | MALDI-TOF/TOF | 18 | 3 | 240 | 32,954 | 4,85 | 69,04017 | 6,097371 | 0,632286 | 0,596453 | 94,33278611 | 0,715001 | 0,550166 | 0,340953 | 61,97275004 | 0,266121 | | Membrane | Receptor | |

Com a análise dessas proteínas, cuja expressão foi reduzida, mediante a inibição da PKC β I por uma e três horas, contamos com uma grande quantidade de informação para nos auxiliar a entender as vias de atuação da PKC β I nas CTE. Primeiramente classificamos estas proteínas pela sua localização sub-celular e pela sua função, (figura 18). Não há prevalência das proteínas identificadas por algum compartimento sub-celular, porém, boa parte destas estão envolvidas com a Regulação da Transcrição / Modificação de Histonas (23%), Sinalização Celular (14%) e Manutenção / Diferenciação de CTE (14%). Estes dados, nos ajudam a comprovar a função de PKC β I em CTE.

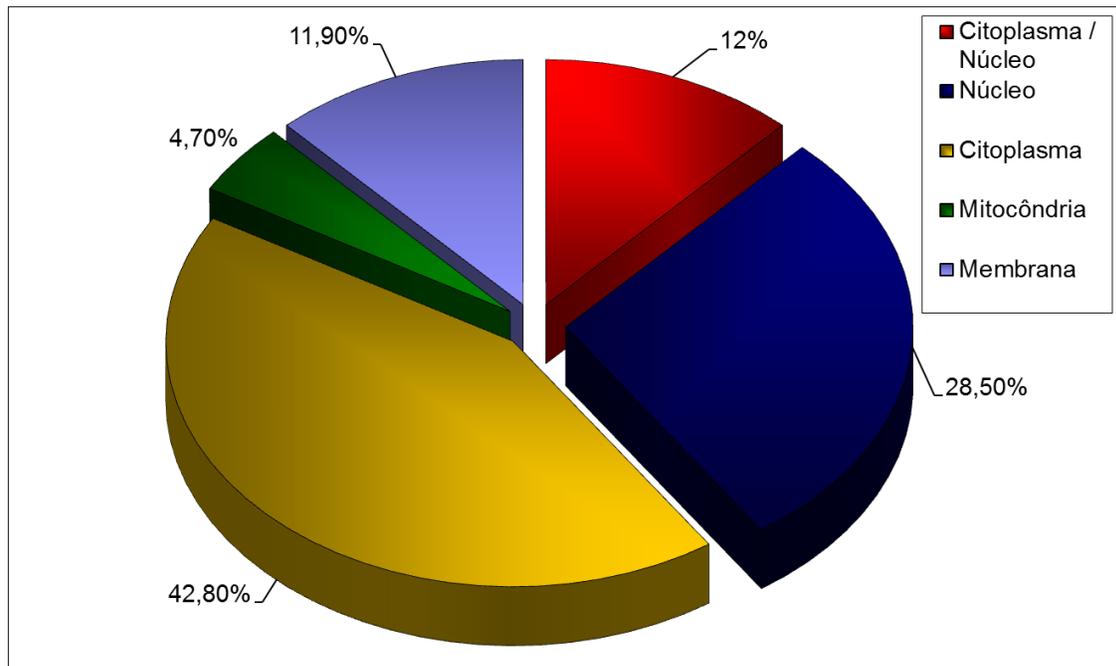
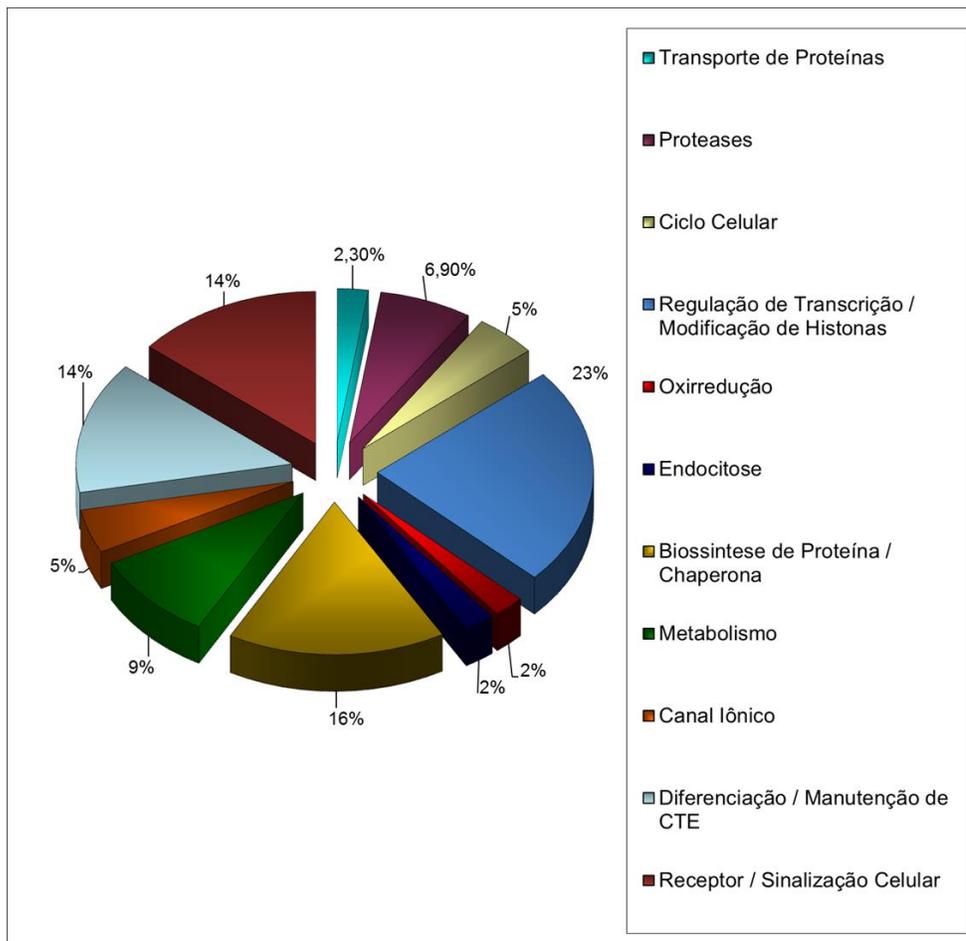
A**B**

Figura 18: Classificação por localização sub-celular (A) função biológica (B) das proteínas cuja expressão foi reduzida perante a inibição da PKC β 1 nas CTE E14TG2A indiferenciadas. Os números correspondem à porcentagem desta classe em relação ao total encontrado de acordo com a tabela 6 e 7.

Para nos auxiliar a extrair informação das possíveis vias que estão sendo moduladas, utilizamos a plataforma de bioinformática MetaCore (Thomson Reuters) para uma abordagem de biologia de sistemas, conforme as figuras 19, a 21. Não identificamos nenhuma via específica que envolvesse as proteínas encontradas, dessa forma decidimos investigar se as proteínas encontradas interagem entre si. Conforme podemos ver as proteínas marcadas com um ponto vermelho foram as proteínas encontradas no proteoma cuja expressão diminuiu na presença do inibidor da PKC β I.

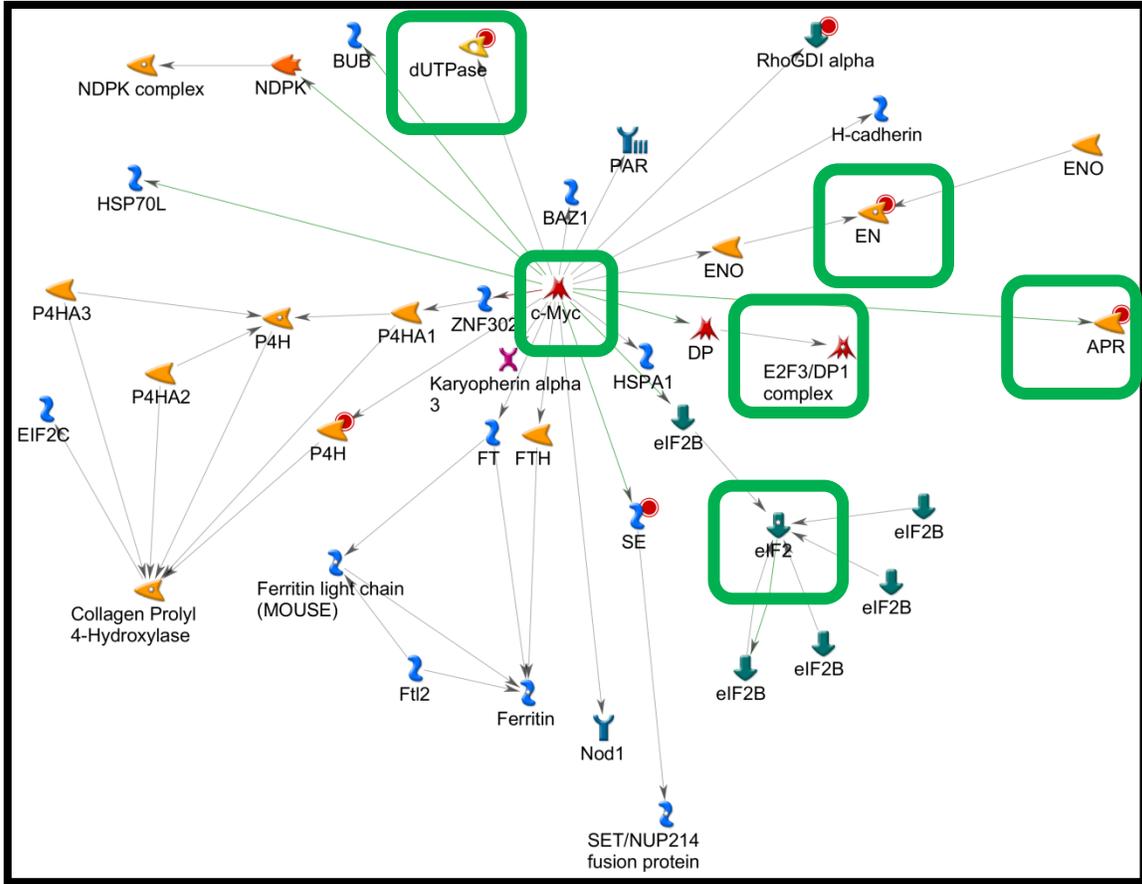


Figura 19: Análise de Biologia de Sistemas de possíveis redes de interação proteica das proteínas cuja expressão diminuiu perante o tratamento com o peptídeo inibidor da PKC β I, β IV5-3 por 1 e 3 horas. Proteínas com um ponto vermelho representam proteínas encontradas nas Tabelas 6 e 7. As setas representam interações confirmadas pela literatura. As demais cores representam distintas classes de proteínas. A expressão das proteínas marcadas com um quadrado verde, foi validada por PCR em tempo real.

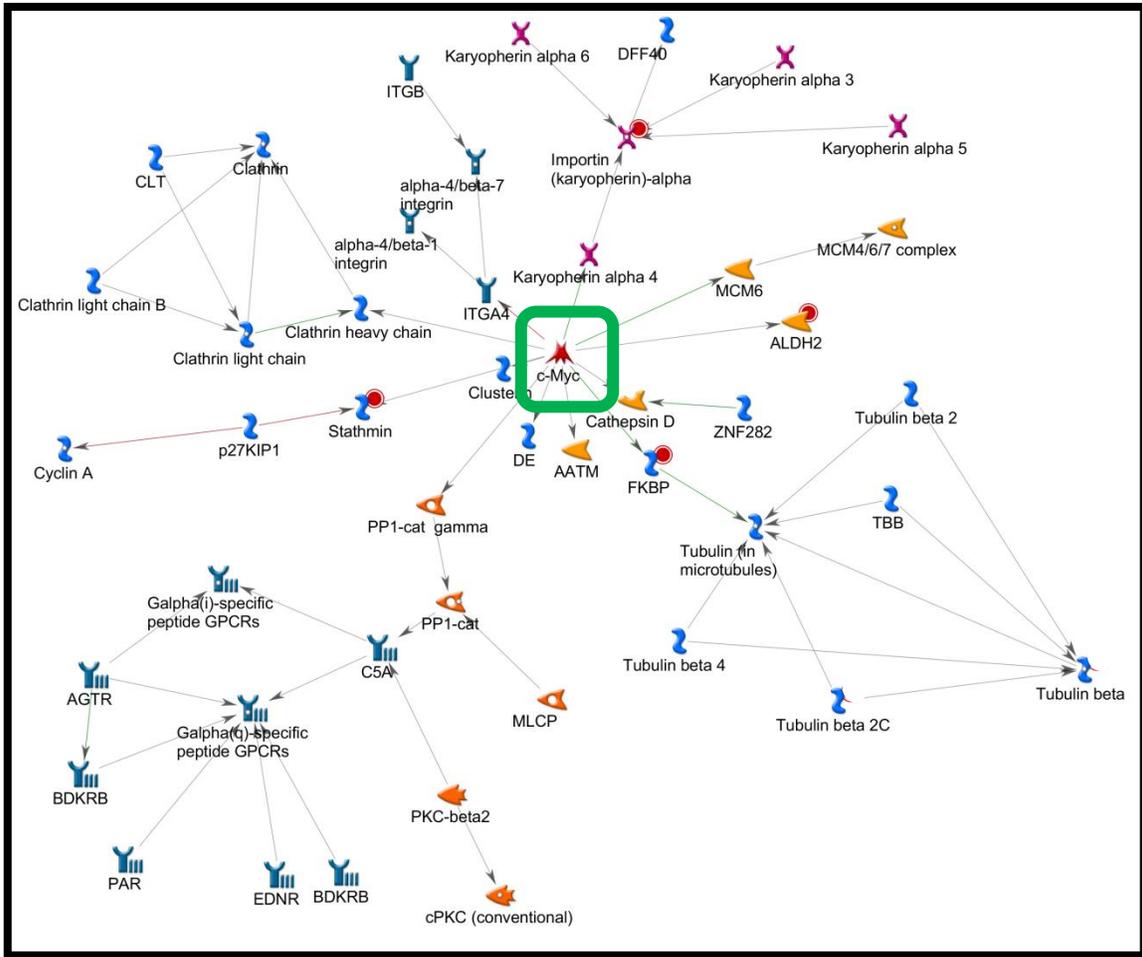


Figura 20: Análise de Biologia de Sistemas de possíveis redes de interação proteica das proteínas cuja expressão diminuiu perante o tratamento com o peptídeo inibidor da PKC β 1, β IV5-3 por 1 e 3 horas. Proteínas com um ponto vermelho representam proteínas encontradas nas Tabelas 6 e 7. As setas representam interações confirmadas pela literatura. As demais cores representam distintas classes de proteínas. A expressão das proteínas marcadas com um quadrado verde, foi validada por

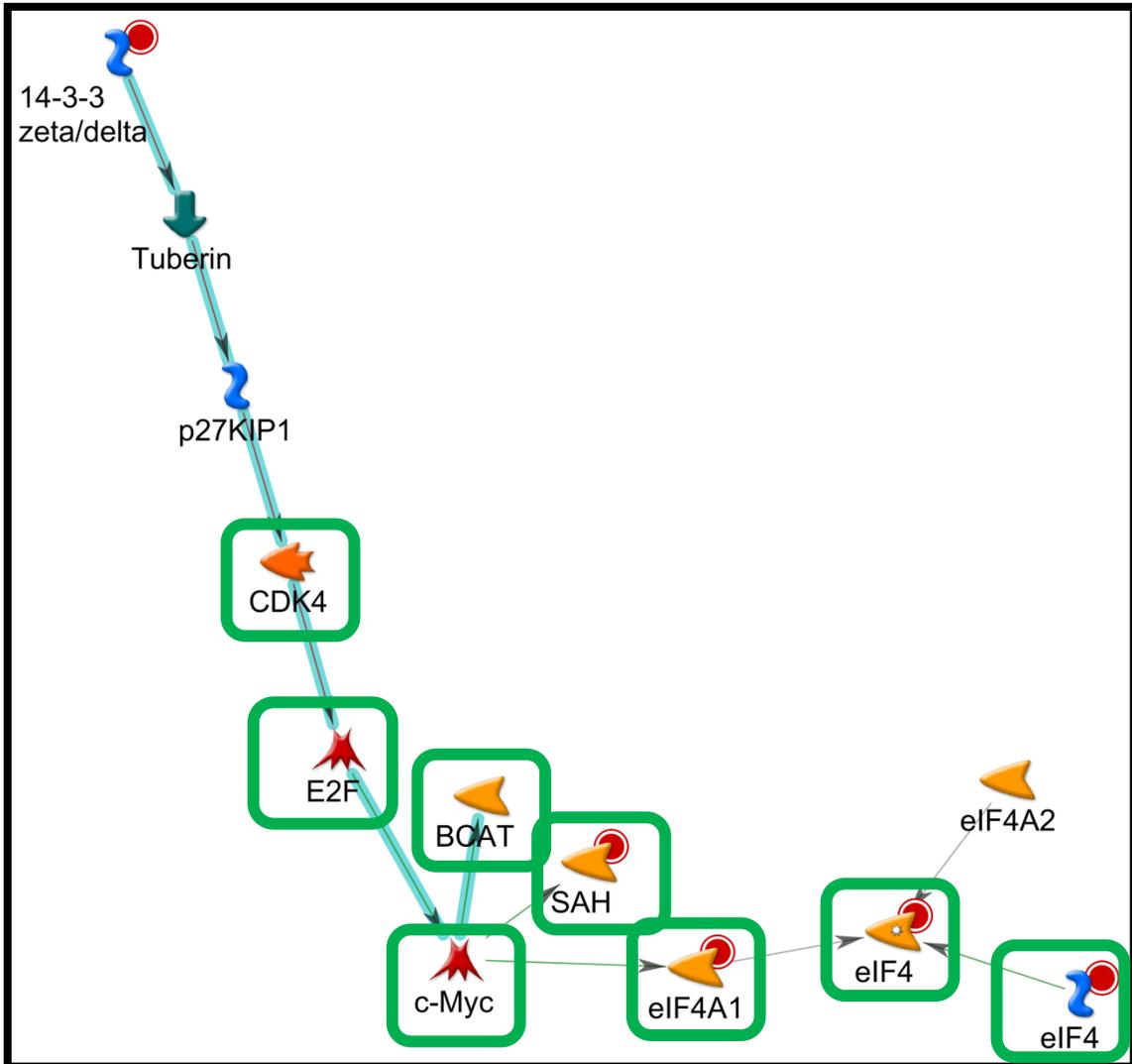


Figura 21: Análise de Biologia de Sistemas de possíveis redes de interação proteica das proteínas cuja expressão diminuiu perante o tratamento com o peptídeo inibidor da PKC β I, β IV5-3 por 1 e 3 horas. Proteínas com um ponto vermelho representam proteínas encontradas nas Tabelas 6 e 7. As setas representam interações confirmadas pela literatura. As demais cores representam distintas classes de proteínas. A expressão das s proteínas marcadas com um quadrado verde, foi validada por PCR em tempo real.

Com essa análise de biologia de sistemas encontramos 17 proteínas, sublinhadas em vermelho, nas tabelas 6 e 7, e marcadas com um ponto vermelho nas figuras 19 a 21, reguladas pelo c-Myc.

Como observamos nessas três redes de interação, boa parte destas proteínas sofrem ação direta ou indireta do fator de transcrição c-Myc. Segundo alguns dados da literatura, de fato esse fator de transcrição possui correlação positiva com a PKC β I em diversos tipos de canceres, ou seja, com uma maior expressão de PKC β I, nesses tumores, há uma maior atividade de c-Myc (Bernstein *et al.*, 1991, Lerga *et al.*, 1999).

Segundo Levens (2008) cerca de 15% dos genes de humanos são regulados por c-Myc. Nossos dados sugerem que a PKC β I de alguma forma regula a expressão de proteínas reguladas pelo c-Myc podendo diretamente regular a atividade do c-Myc. Primeiramente verificamos se a expressão do c-Myc em si foi alterada. Como pode ser visto na figura 22, não parece ter ocorrido uma alteração significativa na expressão do c-Myc após a inibição da PKC β I tanto com o peptídeo inibidor quanto com siRNA para a PKC β I.

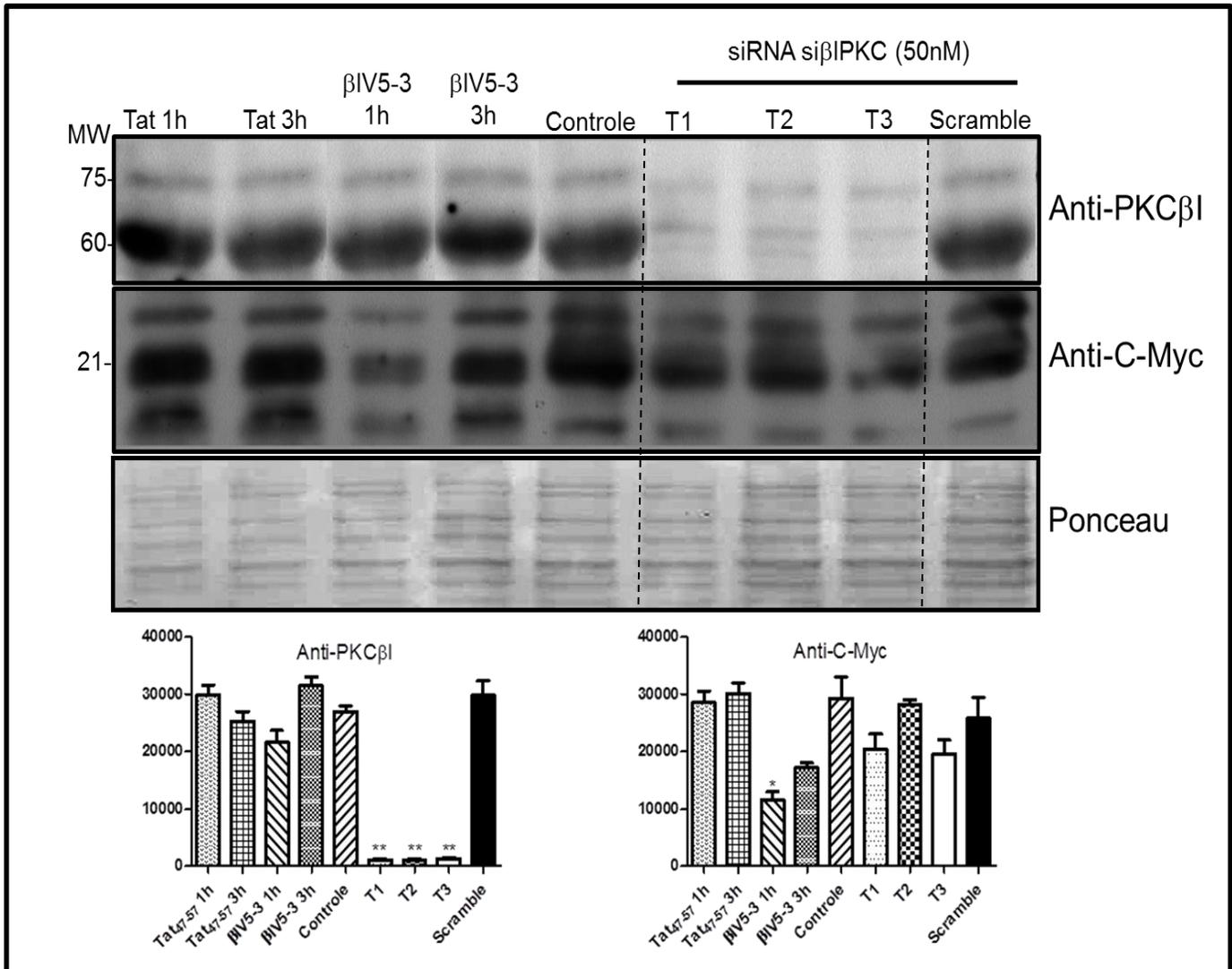


Figura 22: *Immunoblotting* do silenciamento / inibição da PKCβ1 por siRNA e por ação de βIV5-3, e suas consequências na expressão do fator de transcrição C-Myc. Teste estatístico *t de Student* ($p \leq 0,05$) da quantificação da intensidade das bandas em relação ao Controle. Dados de intensidade normalizado em relação ao Coloração de Ponceau.

Segundo Wang e colaboradores (2011), a expressão de c-Myc é afetada por fosforilações na treonina 58 e na serina 62, regulando a estabilidade e atividade dessa proteína. Desta forma, avaliamos se ocorre uma mudança na fosforilação de c-Myc após a inibição da PKC β I. Para isso, realizamos eletroforese bidimensional com lisados inibindo a PKC β I com o peptídeo inibidor da PKC β I, β IV5-3, 3 horas, e silenciando a mesma pelos oligos de siRNA (T1, T2 e T3). Na Imagem 23, o *immunoblotting* contra c-Myc desses géis bidimensionais demonstra ligeiras alterações de expressão (no caso do siRNA T1) e de ponto isoelétrico, e possivelmente fosforilação, no caso de β IV5-3. Na imagem, há uma linha do ponto isoelétrico de c-Myc (pI 9), e à esquerda encontrasse o polo ácido, e ao lado direito o polo básico. Também, tentamos realizar o experimento de fosforilação *in vitro* de c-Myc com PKC β I, conforme descrito anteriormente, mas aparentemente não há fosforilação dessa proteína pela PKC β I. Porém parece que a fosforilação do c-Myc não está sendo diretamente regulado pela PKC β I.

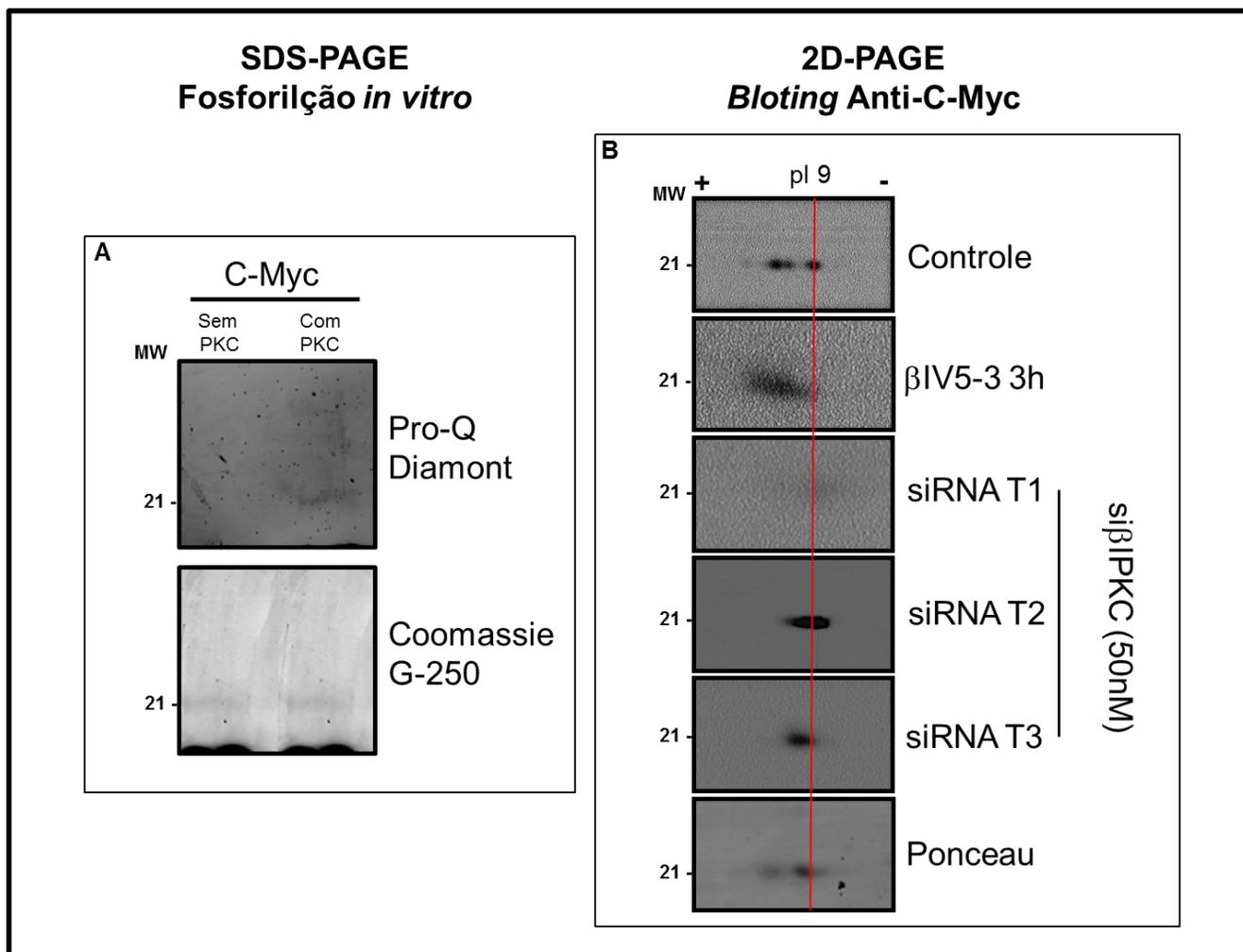


Figura 23: A. SDS-PAGE de amostras de C-Myc fosforiladas *in vitro* pela PKC β I. Substratos incubados na presença e ausência da PKC β I *in vitro*, e reação parada por LB Buffer, e resolvido em eletroforese, corado com Pro-Q Diamont e por Coomassie G-250. B. *Imuno-blotting* de eletroforese bidimensional Anti-C-Myc com o silenciamento / inibição da PKC β I por siRNA e por ação de β IV5-3 durante 3 horas. Em vermelho, linha com o ponto isoelétrico exato de C-Myc.

Com este conjunto de dados envolvendo a possível influencia de PKC β I na atividade de c-Myc e como essa relação é importante para as vias que levam a auto-renovação em CTE, decidimos investigar do ponto de vista de Transcrição, como a PKC β I rege a expressão de genes os quais estão *up* e *downstream* de c-Myc de acordo com nossas redes de biologia de sistemas representadas nas figuras 19, 20 e 21 pelos quadrados verdes. Para isso, realizamos experimentos de PCR em tempo real, além da PKC β I, e c-Myc os quais são nossos objetivos centrais, quantificamos também a expressão de Oct 4 para avaliar se nossa Inibição influencia o estado de indiferenciação de CTE.

Além disso, estudamos a transcrição de outro membro da família Myc – E2F – para ver se há algum efeito compensatório. SAHH é o gene o qual traduzido corresponde à proteína *Adenosylhomocysteinase*, importante enzima na biossíntese de diversos aminoácidos. CDK4 é uma importante quinase dependente de ciclina, fundamental no controle de progressão de ciclo celular. Boat é o *Brother of ataxin-1* o qual é uma proteína de ligação à cromatina e desempenha um papel de controle de transcrição em eucariotos. En trata-se de um *Homeobox protein engrailed-1*, importante no desenvolvimento embrionário. Já APR trata-se da *Apoptosis-related protein 1*, a qual atua como controle do ciclo celular. DUTP, corresponde à enzima de metabolismo de nucleotídeos *dUTP pyrophosphatase*, e por fim dois fatores de iniciação da tradução, Eif4A1 e Eif2A. Estes genes foram escolhidos por serem representativos nas nossas redes de biologia de sistemas e por serem de classes de funções as quais acreditamos que a PKC β I e c-Myc estão influenciando na auto-renovação de CTE.

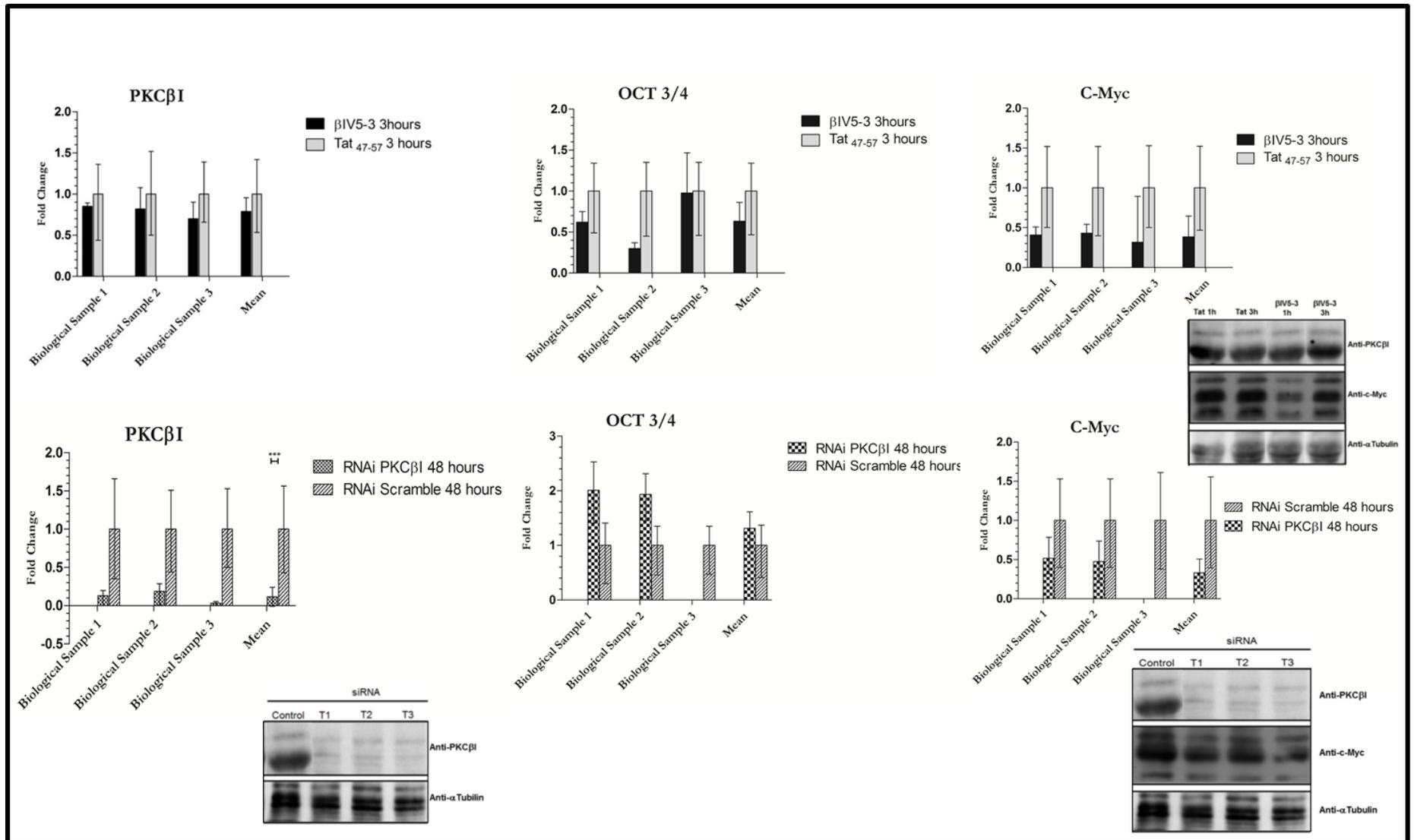


Figura 24: Análise de PCR quantitativo por Real Time de genes relacionados ao silenciamento / inibição da PKCβ1 por siRNA ou βIV5-3. Dados normalizados pela expressão relativa ao GAPDH. *Imuno-blotting* ilustrativo com os mesmos tratamentos para visualização à nível traducional.

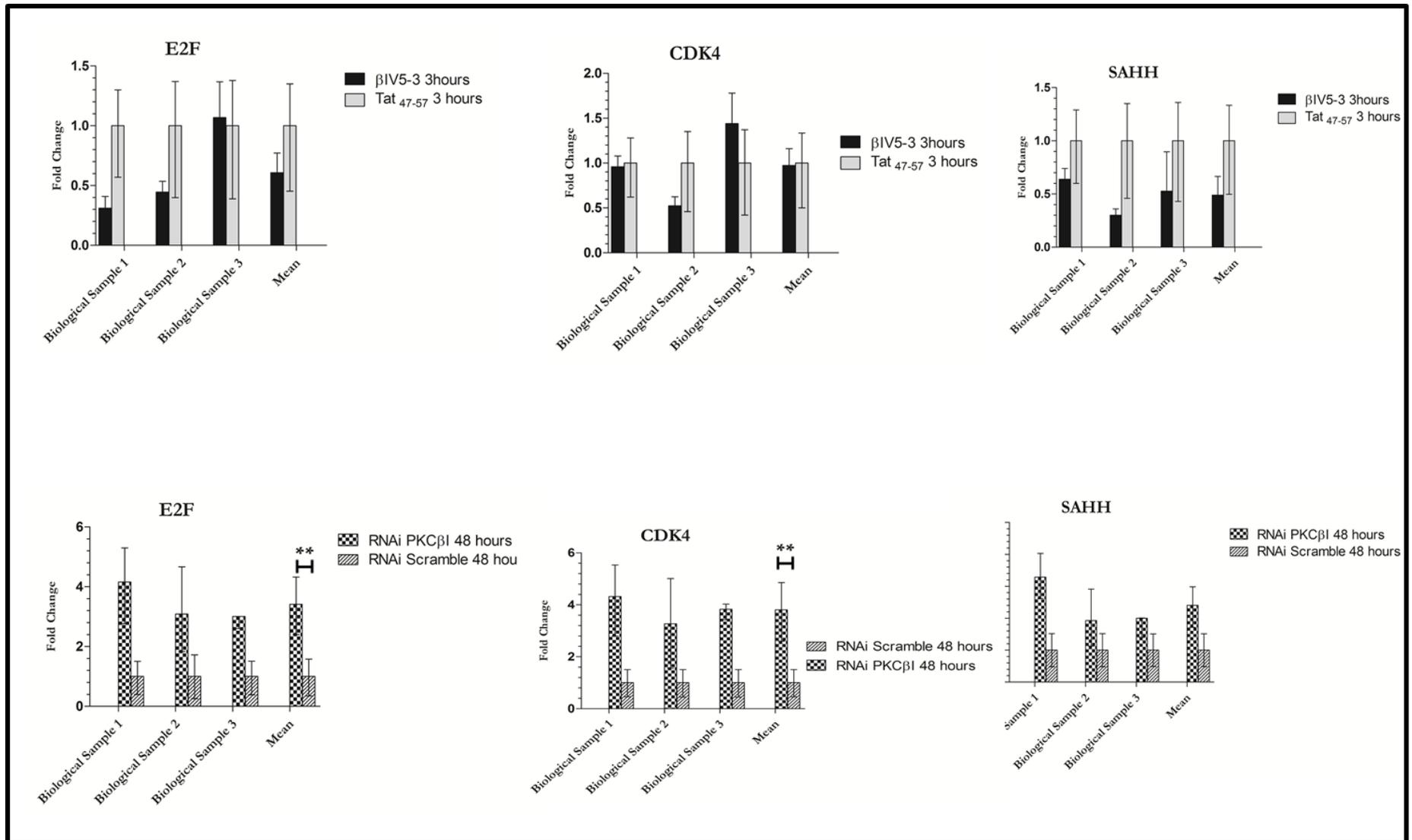


Figura 25: Análise de PCR quantitativo por Real Time de genes relacionados ao silenciamento / inibição da PKCβ1 por siRNA ou βIV5-3. Dados normalizados pela expressão relativa ao GAPDH.

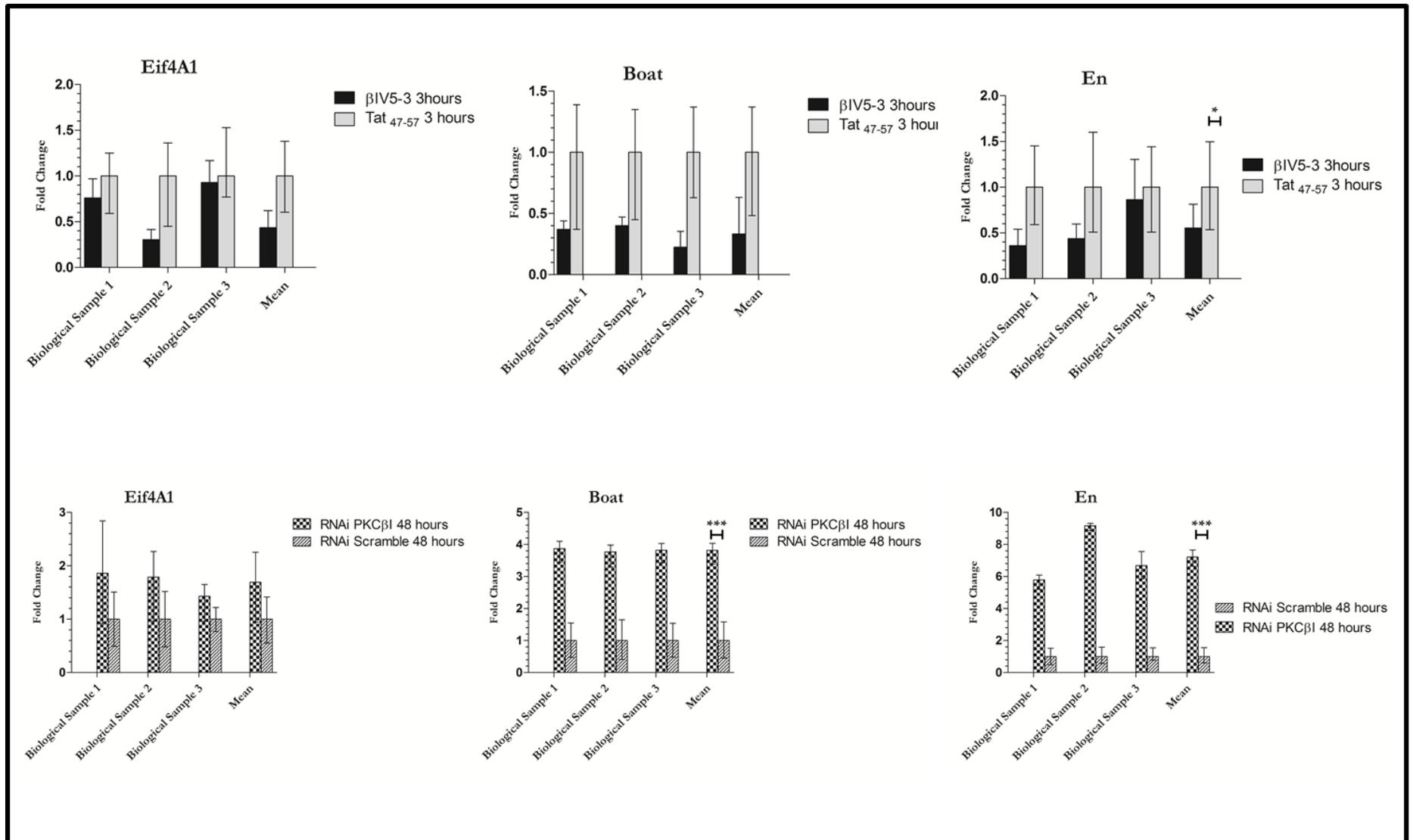


Figura 26: Análise de PCR quantitativo por Real Time de genes relacionados ao silenciamento / inibição da PKCβ1 por siRNA ou βIV5-3. Dados normalizados pela expressão relativa ao GAPDH.

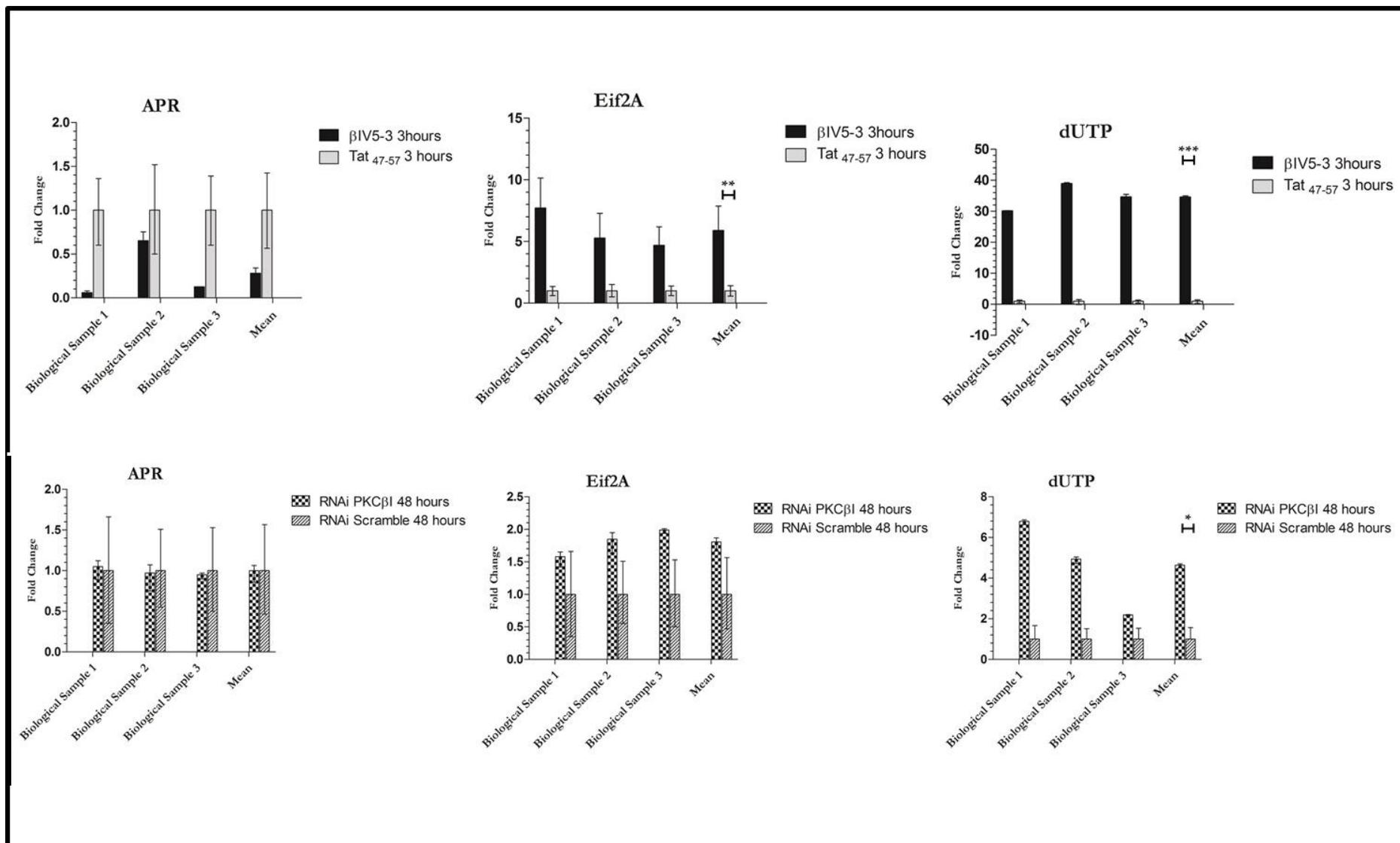


Figura 27: Análise de PCR quantitativo por Real Time de genes relacionados ao silenciamento / inibição da PKCβ1 por siRNA ou βIV5-3. Dados normalizados pela expressão relativa ao GAPDH.

Com relação à estes experimentos de *Real Time*, houveram diversas alterações significativas com nosso tratamento de silenciamento / inibição da PKC β I, como o próprio nível de transcrito do gene PKC β I sob o silenciamento por siRNA. Ainda, há diminuição observamos uma diminuição no nível de transcrição de c-Myc, ainda que não significativa pelo teste *t* ($p \leq 0,05$). Percebemos que há importante proteínas regulatórias e nucleares que sofrem drásticas alterações significativas de transcrição com o silenciamento / inibição da PKC β I como E2F, CDK4, BOAT, En, Eif2A e dUTP. A inibição da PKC β I levou a um aumento do RNA para a CDK4 e E2F de fato dados da literatura indicam que o c-Myc regula a expressão do CDK4 e que esses fatores regulam a expressão do c-Myc também (Hermeking, *et al.*, 2000). **A inibição da PKC β I poderia dessa forma acarretar num aumento da atividade do c-Myc.** Embora algumas proteínas reguladas pelo c-Myc tenham sido diminuídas perante a inibição da PKC β I com o peptídeo inibidor. A inibição da mensagem e a inibição com o peptídeo podem ter efeitos contrários.

Como a técnica de 2D-PAGE é pouco sensível frequentemente detectando proteínas altamente expressas, decidimos fazer uma análise em larga escala sem géis bi-dimensionais. De fato, dados de larga escala nos indicam que após o tratamento com o inibidor da PKC β I por 3 horas encontramos um aumento na expressão de proteínas que são reguladas pelo c-Myc (tabelas 8 e 9).

Identificação de proteínas cuja expressão foi diminuída após o tratamento com o inibidor da PKC β I por proteômica em larga escala

A fim de validar a nossa hipótese de que inibindo-se a PKC β I observa-se alterações na tradução de proteínas reguladas por c-Myc, realizamos experimentos de proteômica de larga escala com a identificação e quantificação de proteínas detectadas exclusivamente após a inibição da PKC β I pelo peptídeo β IV5-3 por 3 horas. Utilizando-se o software MetaCore determinou-se quais dessas proteínas são reguladas por c-Myc. (tabelas 8 e 9). A identificação, com *scores*, e nome completo das proteínas encontram-se em Anexo.

Tabela 8: Proteínas cuja expressão é regulada pelo C-Myc encontradas exclusivamente nas células tratadas com Tat₄₇₋₅₇ por 3 horas.

| # | Network | Object Type | Network Object "TC" | Object Type | Effect | Mechanism | Homo sapien | Link Info | References | Input IDs | Signal | p-value | Input IDs | Signal | p-value |
|-----|-----------------------|----------------------|---------------------------------|----------------------------|------------|--------------------------|-------------|--|---|-----------|--------|---------|-----------|--------|---------|
| 27 | c-Myc | Transcription factor | GC1QBP | Generic binding protein | Activation | Transcription regulation | x | Association of c-Myc with GC1QBP was identified by tandem affinity purification (TAP) and the mass spectral multidimensional | 17314511;19030024;19796622;21860422 | | | | O35658 | 1 | 0 |
| 31 | c-Myc | Transcription factor | PRDX4 | Generic enzyme | Activation | Transcription regulation | x | c-Myc probably regulates transcription of PRDX4 in human B- | 18277385;21969377 | | | | O08807 | 1 | 0 |
| 35 | c-Myc | Transcription factor | ACP1 | Protein phosphatase | Activation | Transcription regulation | x | Using gene expression profiles with ChIP-PET it was shown that ACP1 is direct c-Myc- | 17093053 | | | | Q9D358 | 1 | 0 |
| 38 | c-Myc | Transcription factor | ABC50 | Generic channel | Activation | Transcription regulation | x | c-Myc associates with ABC50 gene promoter. | 21693596;19118200 | | | | Q6P542 | 1 | 0 |
| 40 | c-Myc | Transcription factor | TRNT1 | Generic enzyme | Activation | Transcription regulation | x | Using gene expression profiles with ChIP-PET it was shown that TRNT1 is direct c-Myc- | 17093053;19030024;19796622;19079543 | | | | Q8K1J6 | 1 | 0 |
| 107 | c-Myc | Transcription factor | CDK2 | Protein kinase | Activation | Transcription regulation | x | CDK2 promoter has a putative c-Myc-binding site in Burkitt's | 12808131;9163430;16902412;22623531;17157259;19143767 | | | | P97377 | 1 | 0 |
| 112 | c-Myc | Transcription factor | MCM4 | Generic enzyme | Activation | Transcription regulation | x | Binding of c-Myc to MCM4 was identified by sequence analysis and quantitative chromatin immunoprecipitation in vivo. | 12695333;11139609;17093053;17411336;19915707;21150319 | | | | P49717 | 1 | 0 |
| 130 | c-Myc | Transcription factor | RhoGAP6 | Regulators (GDI, GAP, GEF) | Activation | Transcription regulation | x | Using gene expression profiles with ChIP-PET it was shown that ARHGAP6 is direct c-Myc-regulated target. | 17093053 | | | | O54834 | 1 | 0 |
| 188 | c-Myc | Transcription factor | Alpha-actinin 1 | Generic binding protein | Activation | Transcription regulation | x | Alpha-actinin 1 promoter has a putative c-Myc-binding site. | 19079543;17411336;17093053;19915707 | | | | Q7TPR4 | 1 | 0 |
| 202 | c-Myc | Transcription factor | RPS20 | Generic binding protein | Activation | Transcription regulation | x | c-Myc activates transcription of RPS20 | 12808131;17093053;24210820;19796622;19030024 | | | | P60867 | 1 | 0 |

Tabela 9: Proteínas cuja expressão é regulada pelo C-Myc encontradas exclusivamente nas células tratadas com βIV5-3 por 3 horas.

| # | Network Object ID | Object Type | Network Object TO | Object Type | Effect | Mechanism | Homo sapiens | Mus musculus | Rattus norvegicus | Link Info | References | Input IDs | Signal | p-value | Input IDs | Signal | p-value |
|------|-------------------|----------------------|-------------------------------|---------------------------|------------|--------------------------|--------------|--------------|-------------------|---|--|-----------|--------|---------|-----------|--------|---------|
| 43 | c-Myc | Transcription factor | Ku70 | Generic binding protein | Activation | Transcription regulation | x | x | x | Ku70 promoter has a putative c-Myc-binding site in Burkitt's lymphoma cells. | 12808131;17314511;20404001;23308005 | | | | P23475 | 1 | 0 |
| 99 | c-Myc | Transcription factor | MCM6 | Generic enzyme | Activation | Transcription regulation | x | x | x | MCM6 promoter has a putative c-Myc-binding site. | 17411336;19030024;19796622 | | | | P97311 | 1 | 0 |
| 107 | c-Myc | Transcription factor | BXDC2 | Generic binding protein | Activation | Transcription regulation | x | x | x | c-Myc probably regulates transcription of BXDC2. | 18558785;19079543;19796622;21969377 | | | | Q9DCA5 | 1 | 0 |
| 140 | c-Myc | Transcription factor | TIP120A | Generic binding protein | Activation | Transcription regulation | x | x | x | Using gene expression profiles with ChIP-PET it was shown that TIP120A is direct c-Myc-regulated target. | 17093053;17411336 | | | | Q6ZQ38 | 1 | 0 |
| 218 | c-Myc | Transcription factor | ATP1A1 | Generic channel | Activation | Transcription regulation | x | x | x | Association of c-Myc with ATP1A1 was identified by tandem affinity purification (TAP) | 12119103;17093053;17314511 | | | | Q8VDN2 | 1 | 0 |
| 226 | c-Myc | Transcription factor | CSE1L | Transporter | Activation | Transcription regulation | x | x | x | Association of c-Myc with CSE1L was identified by tandem affinity purification (TAP) | 17093053;17314511;17411336;40786632 | | | | Q9ERK4 | 1 | 0 |
| 269 | c-Myc | Transcription factor | LARP1 | Generic binding protein | Activation | Transcription regulation | x | x | x | Using gene expression profiles with ChIP-PET it was shown that LARP1 is direct c-Myc-regulated target. | 17093053;19915707 | | | | Q6ZQ58 | 1 | 0 |
| 288 | c-Myc | Transcription factor | NDPK B | Protein kinase | Activation | Transcription regulation | x | x | x | Using a Bayesian model, it was integrated genome sequence data and epigenetic | 11511539;12119103;12383506;14549204;1561 | | | | Q01768 | 1 | 0 |
| 299 | c-Myc | Transcription factor | SEPHS1 | Generic kinase | Activation | Transcription regulation | x | x | x | Using gene expression profiles with ChIP-PET it was shown that SEPHS1 is direct c-Myc-regulated target. | 17093053;1827385;19030024 | | | | Q8BH69 | 1 | 0 |
| 307 | c-Myc | Transcription factor | DDX18 | Generic enzyme | Activation | Transcription regulation | x | x | x | DDX18 was identified as c-Myc transcription target by chromatin | 8861962;12747840;14519204;15738765;19030 | | | | Q8K363 | 1 | 0 |
| 310 | c-Myc | Transcription factor | SAHH | Generic enzyme | Activation | Transcription regulation | x | x | x | SAHH promoter has a putative c-Myc-binding site. | 17411336;18851746;21860422 | | | | P50247 | 1 | 0 |
| 313 | c-Myc | Transcription factor | Casein kinase II, alpha chain | Protein kinase | Activation | Transcription regulation | x | x | x | c-Myc binds to and activates the Casein kinase II, alpha chain (CSNK2A1) promoter. | 21860422 | | | | Q60737 | 1 | 0 |
| 328 | c-Myc | Transcription factor | NEP1 | Generic binding protein | Activation | Transcription regulation | x | x | x | Using gene expression profiles with ChIP-PET it was shown that C2F is direct c-Myc-regulated target. | 17093053;19079543;19796622 | | | | Q35130 | 1 | 0 |
| 344 | c-Myc | Transcription factor | Prohibitin | Generic binding protein | Activation | Transcription regulation | x | x | x | Binding of c-Myc to Prohibitin was identified by sequence analysis and quantitative | 11302691;11383916;12529326;12685433;1598 | | | | P67778 | 1 | 0 |
| 367 | c-Myc | Transcription factor | IleRS | Generic enzyme | Activation | Transcription regulation | x | x | x | IleRS promoter has a putative c-Myc-binding site. | 17093053;17411336;19030024;40786632;1079 | | | | Q8BU30 | 1 | 0 |
| 389 | c-Myc | Transcription factor | CLIC4 | Voltage-gated ion channel | Activation | Transcription regulation | x | x | x | C-Myc can bind to gene CLIC4 promoter and activates CLIC4 expression. | 16316993;19915707 | | | | Q9QYB1 | 1 | 0 |
| 459 | c-Myc | Transcription factor | LTA4H | Generic enzyme | Activation | Transcription regulation | x | x | x | LTA4H was identified as c-Myc transcription target by chromatin | 12747840;12808131;17093053;17411336;19796622 | | | | P24527 | 1 | 0 |
| 470 | c-Myc | Transcription factor | PARP-1 | Generic enzyme | Activation | Transcription regulation | x | x | x | Binding of c-Myc to PARP-1 was identified by sequence analysis and quantitative chromatin | 12654336;19796622;20404001;3053;19030024;19079543;1911 | | | | P11103 | 1 | 0 |
| 503 | c-Myc | Transcription factor | GPIAP1 | Generic binding protein | Activation | Transcription regulation | x | x | x | Using gene expression profiles with ChIP-PET it was shown that M1S1 is direct c-Myc-regulated target. | 17093053;19030024;19079543 | | | | Q60865 | 1 | 0 |
| 505 | c-Myc | Transcription factor | CAP-E | Generic binding protein | Activation | Transcription regulation | x | x | x | Association of c-Myc with CAP-E was identified by tandem affinity purification (TAP) | 17093053;17314511;17353931 | | | | Q8CG48 | 1 | 0 |
| 525 | c-Myc | Transcription factor | CSDA | Transcription factor | Activation | Transcription regulation | x | x | x | Using a Bayesian model, it was integrated genome sequence data and epigenetic | 12747840;12808131;17093053;17411336;2186 | | | | Q9JKB3 | 1 | 0 |
| 552 | c-Myc | Transcription factor | QTRT1 | Generic enzyme | Activation | Transcription regulation | x | x | x | Using gene expression profiles with ChIP-PET it was shown that QTRT1 is direct c-Myc-regulated target. | 17093053;19796622 | | | | Q9JMA2 | 1 | 0 |
| 570 | c-Myc | Transcription factor | SHMT1 | Generic enzyme | Activation | Transcription regulation | x | x | x | C-Myc binds to gene SHMT1 promoter and activates SHMT1 expression. | 12539576;19030024;19079543;40736564;1079 | | | | P50431 | 1 | 0 |
| 572 | c-Myc | Transcription factor | SDHA | Generic enzyme | Activation | Transcription regulation | x | x | x | SDHA promoter has a putative c-Myc-binding site. | 17093053;17411336;21150319 | | | | Q8K2B3 | 1 | 0 |
| 593 | c-Myc | Transcription factor | IMD1 | Generic enzyme | Activation | Transcription regulation | x | x | x | Using gene expression profiles with ChIP-PET it was shown that IMPDH1 is direct c-Myc-regulated target. | 17093053;18628958;19030024 | | | | P50096 | 1 | 0 |
| 602 | c-Myc | Transcription factor | BOP1 | Generic binding protein | Activation | Transcription regulation | x | x | x | c-Myc probably regulates transcription of BOP1. | 15778709;1855785;19079543;40741643;2030 | | | | P97452 | 1 | 0 |
| 611 | c-Myc | Transcription factor | MTHFD1L | Generic enzyme | Activation | Transcription regulation | x | x | x | Using gene expression profiles with ChIP-PET it was shown that MTHFD1L is direct c-Myc-regulated target. | 17093053;17353931;19079543 | | | | Q3V3R1 | 1 | 0 |
| 612 | c-Myc | Transcription factor | FKBP5 | Generic binding protein | Activation | Transcription regulation | x | x | x | Using gene expression profiles with ChIP-PET it was shown that FKBP5 is direct c-Myc-regulated target. | 17093053;17411336 | | | | Q64378 | 1 | 0 |
| 621 | c-Myc | Transcription factor | p160 | Generic binding protein | Activation | Transcription regulation | x | x | x | c-Myc binds to gene p160 promoter and promotes p160 expression. | 17314511;17353931;21860422 | | | | Q7TPV4 | 1 | 0 |
| 654 | c-Myc | Transcription factor | MCA2(p38) | Generic binding protein | Activation | Transcription regulation | x | x | x | Using a Bayesian model, it was integrated genome sequence data and epigenetic | 11129539;12808131;15778709;17093053;17411336;19030024;19079543 | | | | Q8R010 | 1 | 0 |
| 674 | c-Myc | Transcription factor | ACACA | Generic enzyme | Activation | Transcription regulation | x | x | x | Using gene expression profiles with ChIP-PET it was shown that ACACA is direct c-Myc-regulated target. | 17093053;17411336;19030024;19079543 | | | | Q5SSW9 | 1 | 0 |
| 677 | c-Myc | Transcription factor | KPR1 | Generic kinase | Activation | Transcription regulation | x | x | x | c-Myc probably regulates transcription of KPR1 in human B-cell lymphoma. | 16279293;19079543;19796622;21860422 | | | | Q9D7G0 | 1 | 0 |
| 680 | c-Myc | Transcription factor | APEX | Generic enzyme | Activation | Transcription regulation | x | x | x | Using a Bayesian model, it was integrated genome sequence data and epigenetic | 7782087;8088453;12529326;12685433;1598 | | | | P28352 | 1 | 0 |
| 711 | c-Myc | Transcription factor | CGI-55 | Generic binding protein | Activation | Transcription regulation | x | x | x | CGI-55 promoter has a putative c-Myc-binding site. | 17411336;19030024;19079543;40736564;1079 | | | | Q9CY58 | 1 | 0 |
| 714 | c-Myc | Transcription factor | WDR18 | Protein | Activation | Transcription regulation | x | x | x | WDR18 promoter has a putative c-Myc-binding site. Using gene expression profiles with ChIP-PET it was shown that WDR18 is direct c-Myc-regulated target. | 17093053;17411336 | | | | Q4VBE8 | 1 | 0 |
| 738 | c-Myc | Transcription factor | VDAC 1 | Voltage-gated ion channel | Activation | Transcription regulation | x | x | x | Using gene expression profiles with ChIP-PET it was shown that VDAC1 is direct c-Myc-regulated target. | 17093053;19030024;19079543;19736564 | | | | Q60932 | 1 | 0 |
| 759 | c-Myc | Transcription factor | EBP2 (NoBP) | Generic binding protein | Activation | Transcription regulation | x | x | x | c-Myc probably regulates transcription of EBP2 (NoBP) in human B-cell lymphoma. | 15778709;1827385;19079543;19741643;19796622;19915707;20308005;1450 | | | | Q9D903 | 1 | 0 |
| 819 | c-Myc | Transcription factor | SPEE | Generic enzyme | Activation | Transcription regulation | x | x | x | Binding of c-Myc to SPEE was identified by sequence analysis and quantitative chromatin immunoprecipitation in vivo. | 9204;15778709;17411336;19079543;19796622 | | | | Q64674 | 1 | 0 |
| 871 | c-Myc | Transcription factor | Nop58 | Generic binding protein | Activation | Transcription regulation | x | x | x | Using gene expression profiles with ChIP-PET it was shown that NOPS/NOP58 is direct c-Myc-regulated target. | 17093053;19030024;19079543;19167336;19796622 | | | | Q6DFW4 | 1 | 0 |
| 872 | c-Myc | Transcription factor | elF3E6 | Generic binding protein | Activation | Transcription regulation | x | x | x | Association of c-Myc with elF3E6 was identified by tandem affinity purification (TAP) and the mass spectral multidimensional protein identification technology (MudPIT) | 17093053;17314511;17411336;19079543 | | | | P60229 | 1 | 0 |
| 878 | c-Myc | Transcription factor | DNMT3B | Generic enzyme | Activation | Binding | x | x | x | Using gene expression profiles with ChIP-PET it was shown that DNMT3B is direct c-Myc-regulated target. | 17093053;19854132;19915707 | | | | Q88509 | 1 | 0 |
| 931 | c-Myc | Transcription factor | CTP synthase | Generic enzyme | Activation | Transcription regulation | x | x | x | CTP synthase promoter has a putative c-Myc-binding site. | 17093053;17353931;17411336;18628958;19030024 | | | | P70698 | 1 | 0 |
| 934 | c-Myc | Transcription factor | C7orf50 | Protein | Activation | Transcription regulation | x | x | x | c-Myc probably regulates transcription of MGC11257. | 17093053;1855785;19030024;40786632;1079 | | | | Q9CXL3 | 1 | 0 |
| 954 | c-Myc | Transcription factor | SLC3A2 | Generic channel | Activation | Transcription regulation | x | x | x | SLC3A2 promoter has a putative c-Myc-binding site. | 17093053;17411336;18335064 | | | | P10852 | 1 | 0 |
| 955 | c-Myc | Transcription factor | HSP70L1 | Generic binding protein | Activation | Transcription regulation | x | x | x | c-Myc probably regulates transcription of HSP70L1. | 17093053;18628958;19079543 | | | | Q99M31 | 1 | 0 |
| 961 | c-Myc | Transcription factor | E-cadherin | Generic binding protein | Activation | Transcription regulation | x | x | x | The c-Myc induces the E-cadherin transcription. | 9343717;23846;19176757;23026720 | | | | P09803 | 1 | 0 |
| 986 | c-Myc | Transcription factor | LDHA | Generic enzyme | Activation | Transcription regulation | x | x | x | Using gene expression profiles with ChIP-PET it was shown that LDHA is direct c-Myc-regulated target. | 9723176;11085504;11604407;12702757;12808131;14519204;1 | | | | P06151 | 1 | 0 |
| 1019 | c-Myc | Transcription factor | Ebp1 | Transcription factor | Activation | Transcription regulation | x | x | x | Using a Bayesian model, it was integrated genome sequence data and epigenetic information to identify c-Myc recognition sites in the human genome. | 12808131;1547387;17093053;17411336;19915707 | | | | P50580 | 1 | 0 |

Assim encontramos um aumento no número de proteínas reguladas por c-Myc após a inibição da PKC β I indicando que a PKC β I possa reprimir o c-Myc. Outros experimentos com tempos maiores de Inibição, uso de RNA de interferência e análise relativa de expressão, serão conduzidos posteriormente.

DISCUSSÃO

As proteína quinases C (PKCs) atuam na proliferação, auto-renovação e diferenciação de células tronco embrionárias (CTE). Apesar de diversos estudos terem confirmado estes papéis das PKCs em CTE, ainda não se estabeleceu o papel específico das diferentes isoenzimas das PKCs nas CTE.

Para a elucidação específica do papel de cada PKC em CTE, Costa-Junior e colaboradores (2010) demonstraram que diferentes linhagens de CTEs expressam de forma majoritária as isoformas PKC α , PKC β I, PKC β II, PKC δ , PKC ϵ e PKC ζ/λ). De forma interessante, todas essas proteínas possuem aproximadamente o mesmo peso molecular do esperado em CTE, a única exceção é a PKC β I que possui alta expressão das formas de peso molecular menores, em torno de 60KDa ao invés do esperado 75KDa, que também é expresso em proporção menor.

Sobre a localização sub-celular, neste mesmo trabalho do nosso grupo, demonstramos que estas PKCs que são expressas em CTE, estão localizadas preferencialmente no citoplasma ou membrana (PKC α , PKC δ , PKC ϵ e PKC ζ/λ), região peri-nuclear (PKC β II), ou preferencialmente no núcleo (PKC β I). Ainda, quando houve o fracionamento citoplasma/ núcleo de lisados de CTE para *immunoblotting*, as formas de pesos moleculares menores são encontradas quase que exclusivamente no núcleo de CTE, enquanto que as formas maiores estão localizadas na fração citoplasmática. Ainda, de forma muito interessante, em CTE que já não expressam marcadores de pluripotência (no caso, o fator de transcrição

Oct 4), a PKC β I deixa de ser expressa no núcleo, e passa a estar localizada completamente no citoplasma.

Por fim, este trabalho por meio de peptídeos seletivos para ativar as PKCs clássicas e inibir somente a PKC β I, realizou estudos de fosfoproteômica para encontrar substratos diretos/ indiretos de PKC β I, utilizando para tal lisados totais de CTE. Com o uso do seletivo peptídeo para PKC β I, β IV5-3, os autores encontraram 16 proteínas as quais tiveram sua fosforilação reduzida. Sendo que destas, 7 possuem localização citoplasmática / núcleo, e 2 delas são exclusivamente nucleares.

Partindo-se desse panorama, a presente tese teve como objetivo inicial identificar outros substratos nucleares da PKC β I em CTE. Conseguimos inicialmente reproduzir os dados de localização sub-celular por *immunoblotting* da PKC β I, demonstrando assim que o protocolo de fracionamento citoplasma / núcleo é eficiente e reproduzível. Porém, por uma questão de alta concentração salina dos tampões utilizados, além de detergentes iônicos, este protocolo é completamente incompatível para a realização da focalização isoeletrica, passo primordial para realização de 2D-PAGE para comparação da fosforilação de proteínas e posterior identificação das mesmas por espectrometria de massas.

Realizamos diversos testes de rendimento e análise de grau de pureza dos lisados proteicos fracionados, e chegamos ao protocolo representado na figura 3, Partindo-se do mesmo protocolo de fracionamento citoplasma/ núcleo, adicionamos etapas de lavagem da fração nuclear com acetona gelada acrescida

de TCA, e posterior lavagem somente com acetona e secagem para solubilização do precipitado proteico com tampão adequado para a focalização isoeletrica.

Conseguimos realizar 2D-PAGE de frações enriquecidas de núcleo de CTE. Ainda, testamos distintas formas de se aplicar/ carregar o lisado proteico nas fitas IPG. Houve uma maior quantidade de *spots* e aumento de resolução dos mesmos quando as amostras foram carregadas por reidratação. Porém, houveram alguns *spots* exclusivos dos métodos alternativos de carregamento de amostras, pelo Cátodo ou Ânodo. Estes foram selecionados e identificados por espectrometria de massas. Com relação aos *spots* exclusivos encontrados no método de carregamento pelo Cátodo, houve prevalência de proteínas com *pI* muito básico, tais como isoformas da Histonas H2A/ B. E, ainda realizamos alguns experimentos por *immunoblotting* com outras isoformas de Histonas e a detecção da fosforilação das mesmas. O nosso método conseguiu resolver de forma satisfatória estes *spots* classicamente de difícil focalização (Bonner, *et al.*, 1980, Savíc, 1978).

Portanto, com um bom método de separação para análise de proteínas nucleares fosforiladas em mãos, realizamos os 2D-PAGE com a inibição pontual da PKC β I pelo peptídeo β IV5-3 por quinze minutos. Tivemos uma boa quantidade de *spots* que reduziram sua fosforilação com essa inibição (75 *spots*, dentro de um total de 182 *spots* detectáveis, ou seja, um pouco mais de 41% dos *spots* que conseguimos visualizar, possuem redução de fosforilação com a inibição de PKC β I).

Destes 52 *spots* identificados que reduziram sua fosforilação pela inibição da PKC β I, 54% são descritos em base de dados como exclusivamente nucleares, e 14% como presentes em ambos o citoplasma/ núcleo, somando um total de aproximadamente 70% das proteínas encontradas, como proteínas nucleares de CTE, e assim expandimos a quantidade de dados obtidos por Costa-Junior (2010). Porém, de uma forma complementar, as funções e categorias das proteínas encontradas na presente tese são as mesmas encontradas no trabalho anterior do nosso grupo, aproximadamente 48% dos substratos estão relacionados a mecanismos de controle da transcrição e sua maquinaria ou ao complexo do splicessomo. E, 20% destas proteínas atuam em vias de manutenção da auto-renovação de CTE ou diferenciação. Por fim, apenas duas proteínas foram comuns nos dois trabalhos (HnRPN e TCP1), e portanto na presente tese encontramos 50 proteínas inéditas que são substratos diretos ou indiretos da PKC β I utilizando essa abordagem de fosfoproteômica. Piazzini e colaboradores (2010) utilizando outra abordagem, de imunoprecipitação de consenso de fosforilação da PKC β I seguida de identificação por espectrometria de massas de lisado nuclear de mioblastos, conseguiram identificar 16 proteínas, novamente, com funções e categorias são semelhantes às encontradas nessa tese.

Como forma de validação dos nossos resultados, escolhemos quatro proteínas (HnRPN C1/C2, HnRPN k, TIF1 β e Jagged) pertencentes à classes representativas majoritárias, conforme discutido a cima. Realizamos em triplicata biológica, ensaios de 2D-PAGE com a presença de β IV5-3 e seu Controle, Tat₄₇₋₅₇, seguido de *immunoblotting* com anticorpos para essas proteínas. Visualizamos em

todos esses casos, múltiplos *spots* com o mesmo peso molecular e distintos ponto isoelétricos, sugerindo a ocorrência de modificações pós-traducionais. Com a inibição da PKC β I, houve em todo os casos uma diminuição dos *spots* com pl mais ácidos –possivelmente, mais fosforilados – e um aumento dos *spots* mais básicos – ou seja, com redução de fosforilação. Assim, demonstramos tanto com o uso de fosfocorante e por meio de anticorpos específicos, a redução de fosforilção de substratos pela inibição de PKC β I.

Com relação aos substratos encontrados, nos interessamos pela proteína TIF1 β , também conhecida como *transcriptional factor 1*, ou Kruppel-associated box, KRAB, TRIM28 ou SUMO E3 ligase, é uma proteína ancoradora nuclear, recentemente apontada como importante no processo de diferenciação celular. Segundo Cammas e colaboradores (2002), a diferenciação de carcinoma F9 sob administração de ácido retinóico, leva a associação de TIF1 β com a *heterochromatin protein 1* (HP1) e levando a formação de regiões de hetrocromatina e repressão de genes de indiferenciação. Em célula tronco, Seki e colaboradores (2010), demonstram que TIF1 β também atua de forma determinante no balanço entre auto-renovação e diferenciação, e que tal destino deve-se à uma única fosforilação nesta proteína, na Serina 824. Segundo este trabalho, a presença dessa única fosforilação é determinante para a manutenção do estado indiferenciado pela associação dessa proteína fosforilada com, o fator de transcrição de indiferenciação. Oct-4. Os autores sugeriram que as quinases ATM e JAK são responsáveis por esta fosforilação, entretanto, os dados apresentados não são conclusivos, com relação à quinase que fosforila esta proteína neste

resíduo de serina. Como já discutido, realizamos ensaios com fosfocorante e com um anticorpo específico para TIF1 β . Estes experimentos sugerem que a inibição de PKC β I reduz a fosforilação desta proteína. Também, realizamos o ensaio de fosforilação *in vitro*, com a PKC β I, os ativadores da mesma e TIF1 β recombinante em presença de ATP, e posterior coloração dessa amostra novamente com o fosfocorante em gel de eletroforese. Observamos um aumento de fosforilação de TIF1 β na presença de PKC β I ativa. Estudos posteriores, tentarão identificar o sítio fosforilado da TIF1 β pela PKC β I. É interessante notar que a PKC β I pode ser capaz de regular a expressão do TIF1 β um substrato da mesma. Além do uso de β IV5-3, padronizamos o uso de RNA de interferência para o silenciamento eficaz da PKC β I. Após 48h de silenciamento, observamos um drástico silenciamento da PKC β I a nível transcricional e traducional. Observamos também que a redução da proteína PKC β I induz a redução de expressão de TIF1 β e do marcador de indiferenciação Nanog visto por Western blot, sugerindo a importância de PKC β I na manutenção do estado indiferenciado de CTE.

Como a maioria dos substratos diretos/ indiretos de PKC β I atuam no controle da transcrição, decidimos investigar quais proteínas eram afetadas, após a inibição da PKC β I. Para tanto, utilizamos uma abordagem de proteômica, com inibição da PKC β I com o peptídeo β 1V5-3 por uma e três horas, e identificamos as proteínas que tiveram uma redução de expressão. Não houve prevalência das proteínas encontradas por algum compartimento sub-celular, porém, boa parte destas estão envolvidas com a regulação da transcrição/ modificação de Histonas

(23%), sinalização celular (14%) e Diferenciação de CTE (14%). Estes dados, nos ajudam a comprovar a função de PKC β I em CTE.

Como encontramos uma boa quantidade de proteínas distintas, fizemos uma abordagem de biologia de sistemas para encontrar as vias de sinalização que a PKC β I poderia estar regulando em CTE. Não identificamos nenhuma via específica que envolvesse as proteínas encontradas cuja expressão diminuía na presença do inibidor da PKC β I, dessa forma decidimos investigar se as proteínas encontradas interagem entre si. Com essa abordagem, encontramos que diversas proteínas sofrem ação direta ou indireta do fator de transcrição c-Myc. Segundo alguns dados da literatura, este fator de transcrição possui correlação positiva com a PKC β I em diversos tipos de cânceres, ou seja, com uma maior expressão de PKC β I, nesses tumores, há uma maior atividade de c-Myc (Bernstein *et al.*, 1991, Lerga *et al.*, 1999). Uma hipótese seria que em CTE, uma inibição de PKC β I poderia causar uma redução de expressão, fosforilação ou da atividade de c-Myc. Tentamos demonstrar por inibição e silenciamento da PKC β I uma redução da expressão de c-Myc, porém não vimos nenhuma inibição.

Também, tentamos observar se a PKC β I influencia a fosforilação de c-Myc, tanto por ensaios de fosforilação *in vitro* quanto por *immunoblotting* de 2D-PAGE com inibição e silenciamento da PKC β I, e novamente, nossos dados sugerem que a PKC β I não fosforila diretamente o c-Myc.

Mas, para explorar se a PKC β I atua na atividade de c-Myc, realizamos ensaios para quantificar a transcrição de alvos próximos de c-Myc, segundo

nossas redes de biologia de sistemas. Assim, realizamos ensaios de PCR quantitativo em amostras de CTE inibindo a PKC β I com β IV5-3 por três horas, e também de forma mais drástica, silenciando a PKC β I por RNA de interferência por 48 horas. Nestes experimentos, não observamos uma diminuição significativa na expressão de c-Myc. Observamos um aumento significativo de E2F e de CDK4, que são genes controlados pelo c-Myc (Ishida, et al., 1995, Hermeking, et al., 2000), genes que induzem a expressão de c-Myc e também são induzidos pelo mesmo.

Nos géis bi-dimensionais vimos que algumas proteínas cuja expressão estava diminuída a nível protéico eram reguladas por c-Myc. Por proteômica de larga escala curiosamente vimos um aumento no número de proteínas reguladas por c-Myc após a inibição da PKC β I, indicando que a PKC β I possa reprimir o c-Myc.

Esses dados foram corroborados com os dados de RNA de interferência para a PKC β I demonstrando um aumento nos reguladores do c-Myc o que poderia corroborar para a manutenção da expressão do c-Myc visto que não vimos alterações significativas nos níveis do c-Myc. Estudos analisando a expressão de c-Myc em diferentes tempos poderão auxiliar a responder se em algum momento ocorre a diminuição da expressão do c-Myc induzida pelo RNAi da PKC β I sendo o mesmo compensado com tratamentos em tempos maiores. Já a inibição farmacológica da PKC β I com o β IV5-3 por três horas não teve efeito na expressão dos reguladores do c-Myc visto por PCR quantitativo. Porém, na análise de proteômica em larga escala vimos um enriquecimento na expressão de proteínas

reguladas pelo c-Myc o que sugere que a PKC β I esteja reprimindo o c-Myc, ou pelo menos a atividade do mesmo na ativação da transcrição de algumas proteínas.

Além dos estudos demonstrando que a PKC β II induz a expressão de c-Myc (Crespo, et al., 1999). Existem estudos com células LnCap demonstrando que a inibição de PKC por staurosporina inibe a apoptose e bloqueia a ativação de Rb um repressor de c-Myc de forma a ativar o mesmo (Zhao & Day, 2001). Dessa forma a PKC β I poderia estar atuando no repressor de c-Myc, Rb, e não diretamente no c-Myc conforme sugerem nossos resultados (ausência de efeito na fosforilação ou na expressão do c-Myc perante a inibição da PKC β I).

Os estudos de proteômica em larga escala apresentados nessa tese devem ser repetidos com RNA de interferência para a PKC β I pois inibições longas podem ter efeitos distintos de inibições farmacológicas curtas.. De fato a enolase teve a proteína e o RNA diminuído após o tratamento com o β IV5-3 e o seu RNA aumentado após a inibição com RNA de interferência para a PKC β I. A inibição prolongada pode causar uma compensação e ativação de outras vias ou mesmo a supressão do c-Myc pode levar mais tempo.

Em suma nossos estudos sugerem que a PKC β I possa regular a manutenção do estado indiferenciado regulando a expressão de Tif1 β um possível alvo direto da PKC β I. Essa fosforilação poderia levar a modificações da cromatina e regulação da expressão de genes que mantêm as CTE indiferenciadas. Outro ponto de regulação da PKC β I parece ser inibindo a atividade de c-Myc. Como c-

Myc também contribui para o estado indiferenciado um estudo mais detalhado de quais genes estão sendo reprimidos poderá nos auxiliar a entender melhor e mais especificamente o papel da PKC β I na regulação da transcrição gênica de CTE. A regulação da atividade do c-Myc seria importante para a manutenção do estado indiferenciado visto que o c-Myc é um amplificador das vias de sinalização que mantém as células indiferenciadas.

Desta forma a PKC β I parece ter um papel central na regulação da expressão gênica em CTE à nível de modificações epigenéticas e a nível transcricional para a manutenção das CTE indiferenciadas.

CONCLUSÃO

- Durante o desenvolvimento desta tese, conseguimos estabelecer uma boa metodologia para estudos de proteômica do núcleo de CTE.
- Conseguimos identificar substratos diretos e indiretos de PKC β I do núcleo de CTE em maior quantidade comparado ao nosso trabalho anterior (Costa-Júnior, et al. 2010). Destes, a maioria atua no controle da transcrição / spliceossomo.
- Dentre as proteínas identificadas, a TIF1 β que foi fosforilada *in vitro* pela PKC β I e cuja expressão diminuiu na ausência da PKC β I.
- PKC β I atua indiretamente no controle da expressão de proteínas que são ativadas por c-Myc.
- Nossos conjuntos de dados sugerem que PKC β I atua reprimindo a atividade de c-Myc em CTE indiferenciadas.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abdolzade-Bavil, A., Hayes, S., Goretzki, L., Kröger, M., Anders, J., & Hendriks, R. (2004). Convenient and versatile subcellular extraction procedure, that facilitates classical protein expression profiling and functional protein analysis. *Proteomics*, 4(5), 1397–1405. doi:10.1002/pmic.200300710
- Adams, D. R., Ron, D., & Kiely, P. a. (2011). RACK1, A multifaceted scaffolding protein: Structure and function. *Cell Communication and Signaling : CCS*, 9(1), 22. doi:10.1186/1478-811X-9-22
- Adams, I. R., & McLaren, A. (2004). Identification and characterisation of mRif1: a mouse telomere-associated protein highly expressed in germ cells and embryo-derived pluripotent stem cells. *Developmental Dynamics : An Official Publication of the American Association of Anatomists*, 229(4), 733–44. doi:10.1002/dvdy.10471
- Adams, J. a. (2001). Kinetic and catalytic mechanisms of protein kinases. *Chemical Reviews*, 101(8), 2271–90. Retrieved from <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/11749373>
- Ahn, S. M., Goode, R. J. A., & Simpson, R. J. (2008). Stem cell markers: Insights from membrane proteomics? *Proteomics*, 8(23-24), 4946–4957. doi:10.1002/pmic.200800312
- Alexander, J. K., Govind, a P., Drisdell, R. C., Blanton, M. P., Vallejo, Y., Lam, T. T., & Green, W. N. (2010). Palmitoylation of nicotinic acetylcholine receptors. *Journal of Molecular Neuroscience : MN*, 40(1-2), 12–20. doi:10.1007/s12031-009-9246-z
- Amps, K., Andrews, P. W., Anyfantis, G., Armstrong, L., Avery, S., Baharvand, H., ... Zhou, Q. (2011). Screening ethnically diverse human embryonic stem cells identifies a chromosome 20 minimal amplicon conferring growth advantage. *Nature Biotechnology*, 29(12). doi:10.1038/nbt.2051
- An, Y., Fu, Z., Gutierrez, P., & Fenselau, C. (2005). Solution isoelectric focusing for peptide analysis: comparative investigation of an insoluble nuclear protein fraction. *Journal of Proteome Research*, 4(6), 2126–2132. doi:10.1021/pr050221+
- Aragay, a M., Ruiz-Gómez, a, Penela, P., Sarnago, S., Elorza, a, Jiménez-Sainz, M. C., & Mayor, F. (1998). G protein-coupled receptor kinase 2 (GRK2): mechanisms of regulation and physiological functions. *FEBS Letters*, 430(1-2), 37–40. Retrieved from <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/9678590>
- Arvas, M., Pakula, T., Smit, B., Rautio, J., Koivistoinen, H., Jouhten, P., ... Saloheimo, M. (2011). Correlation of gene expression and protein production rate - a system wide study. *BMC Genomics*, 12(1), 616. doi:10.1186/1471-2164-12-616
- Aslan, M., & Dogan, S. (2011). Proteomic detection of nitroproteins as potential biomarkers for cardiovascular disease. *Journal of Proteomics*, 74(11), 2274–2288. doi:10.1016/j.jprot.2011.05.029
- Baharvand, H., Fathi, A., van Hoof, D., & Salekdeh, G. H. (2007). Concise review: trends in stem cell proteomics. *Stem Cells*, 25(8), 1888–1903. doi:10.1634/stemcells.2007-0107
- Bandyopadhyay, G., Standaert, M. L., Sajan, M. P., Kanoh, Y., Miura, A., Braun, U., ... Farese, R. V. (2004). Protein kinase C-lambda knockout in embryonic stem cells and adipocytes impairs insulin-stimulated glucose transport. *Molecular Endocrinology (Baltimore, Md.)*, 18(2), 373–83. doi:10.1210/me.2003-0087
- Barthéléry, M., Jaishankar, A., Salli, U., Freeman, W. M., & Vrana, K. E. (2009). 2-D DIGE identification of differentially expressed heterogeneous nuclear ribonucleoproteins and transcription factors during neural differentiation of human embryonic stem cells. *Proteomics - Clinical Applications*, 3(4), 505–514. doi:10.1002/prca.200800109

- Barthéléry, M., Salli, U., & Vrana, K. E. (2008). Enhanced nuclear proteomics. *Proteomics*, 8(9), 1832–1838. doi:10.1002/pmic.200700841
- Batailler, M., Mullier, a, Sidibe, a, Delagrangé, P., Prévot, V., Jockers, R., & Migaud, M. (2012). Neuroanatomical distribution of the orphan GPR50 receptor in adult sheep and rodent brains. *Journal of Neuroendocrinology*, 24(5), 798–808. doi:10.1111/j.1365-2826.2012.02274.x
- Bechtold, D. a, Sidibe, A., Saer, B. R. C., Li, J., Hand, L. E., Ivanova, E. a, ... Loudon, A. S. I. (2012). A role for the melatonin-related receptor GPR50 in leptin signaling, adaptive thermogenesis, and torpor. *Current Biology : CB*, 22(1), 70–7. doi:10.1016/j.cub.2011.11.043
- Belasco, J. G. (2010). All things must pass: contrasts and commonalities in eukaryotic and bacterial mRNA decay. *Nature Reviews. Molecular Cell Biology*, 11(7), 467–78. doi:10.1038/nrm2917
- Bergström Lind, S., Artemenko, K. a, Elfineh, L., Mayrhofer, C., Zubarev, R. a, Bergquist, J., & Pettersson, U. (2011). Toward a comprehensive characterization of the phosphotyrosine proteome. *Cellular Signalling*, 23(8), 1387–1395. doi:10.1016/j.cellsig.2011.03.021
- Bermejo, R., Capra, T., Jossen, R., Colosio, A., Frattini, C., Carotenuto, W., ... Foiani, M. (2011). The Replication Checkpoint Protects Fork Stability by Releasing Transcribed Genes from Nuclear Pores. *Cell*, 146(2), 233–246. doi:10.1016/j.cell.2011.06.033
- Blackwell, E., & Ceman, S. (2012). Arginine methylation of RNA-binding proteins regulates cell function and differentiation. *Molecular Reproduction and Development*, 79(3), 163–75. doi:10.1002/mrd.22024
- Blobe, G. C., Khan, W. a, Halpern, a E., Obeid, L. M., & Hannun, Y. a. (1993). Selective regulation of expression of protein kinase C beta isoenzymes occurs via alternative splicing. *The Journal of Biological Chemistry*, 268(14), 10627–35. Retrieved from <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/7683684>
- Boheler, K. R. (2002). Differentiation of Pluripotent Embryonic Stem Cells Into Cardiomyocytes. *Circulation Research*, 91(3), 189–201. doi:10.1161/01.RES.0000027865.61704.32
- Boiani, M., & Schöler, H. R. (2005). Regulatory networks in embryo-derived pluripotent stem cells. *Nature Reviews Molecular Cell Biology*, 6(11), 872–881. doi:10.1038/nrm1744
- Bonner, W. M., West, M. H., & Stedman, J. D. (1980). Two-dimensional gel analysis of histones in acid extracts of nuclei, cells, and tissues. *European Journal of Biochemistry / FEBS*, 109(1), 17–23. Retrieved from <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/7408874>
- Bourguignon, L. Y. W., Earle, C., Wong, G., Spevak, C. C., & Krueger, K. (2011). Stem cell marker (Nanog) and Stat-3 signaling promote MicroRNA-21 expression and chemoresistance in hyaluronan/CD44-activated head and neck squamous cell carcinoma cells. *Oncogene*, (January), 1–12. doi:10.1038/onc.2011.222
- Bradford, M. M. (1976). A rapid and sensitive method for the quantitation of microgram quantities of protein utilizing the principle of protein-dye binding. *Analytical Biochemistry*, 72, 248–254. Retrieved from <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/942051>
- Brill, L. M., Xiong, W., Lee, K.-B., Ficarro, S. B., Crain, A., Xu, Y., ... Ding, S. (2009). Phosphoproteomic analysis of human embryonic stem cells. *Cell Stem Cell*, 5(2), 204–213. doi:10.1016/j.stem.2009.06.002
- Browning, D. F., & Busby, S. J. (2004). The regulation of bacterial transcription initiation. *Nature Reviews. Microbiology*, 2(1), 57–65. doi:10.1038/nrmicro787
- Budas, G., Costa, H. M., Ferreira, J. C. B., Teixeira da Silva Ferreira, A., Perales, J., Krieger, J. E., ... Schechtman, D. (2012). Identification of εPKC targets during cardiac ischemic injury. *Circulation Journal : Official Journal of the Japanese Circulation Society*, 76(6), 1476–85. Retrieved from

- <http://www.pubmedcentral.nih.gov/articlerender.fcgi?artid=3527096&tool=pmcentrez&rendertype=abstract>
- Caino, M. C., Lopez-Haber, C., Kim, J., Mochly-Rosen, D., & Kazanietz, M. G. (2011). Protein kinase C ϵ is required for non-small cell lung carcinoma growth and regulates the expression of apoptotic genes. *Oncogene*, 1–8. doi:10.1038/onc.2011.428
- Calebiro, D., Nikolaev, V. O., Persani, L., & Lohse, M. J. (2010). Signaling by internalized G-protein-coupled receptors. *Trends in Pharmacological Sciences*, 31(5), 221–8. doi:10.1016/j.tips.2010.02.002
- Cammas, F., Herzog, M., Lerouge, T., Chambon, P., & Losson, R. (2004). Association of the transcriptional corepressor TIF1 β with heterochromatin protein 1 (HP1): an essential role for progression through differentiation, 1, 2147–2160. doi:10.1101/gad.302904.TIF1
- Cammas, F., Oulad-abdelghani, M., Vonesch, J., Huss-garcia, Y., & Chambon, P. (2002). Cell differentiation induces TIF1 β association with centromeric heterochromatin via an HP1 interaction, 1.
- Candiano, G., Bruschi, M., Musante, L., Santucci, L., Ghiggeri, G. M., Carnemolla, B., ... Righetti, P. G. (2004). Blue silver: a very sensitive colloidal Coomassie G-250 staining for proteome analysis. *Electrophoresis*, 25(9), 1327–1333. doi:10.1002/elps.200305844
- Chaerkady, R., Kerr, C. L., Kandasamy, K., Marimuthu, A., Gearhart, J. D., & Pandey, A. (2010). Comparative proteomics of human embryonic stem cells and embryonal carcinoma cells. *Proteomics*, 10(7), 1359–1373. doi:10.1002/pmic.200900483
- Chan, J. Y., Huang, S., Liu, S., & Huang, C. (2008). The transactivation domain of heterogeneous nuclear ribonucleoprotein K overlaps its nuclear shuttling domain. *International Journal of Biochemistry*, 40, 2078–2089. doi:10.1016/j.biocel.2008.02.005
- Chaudhury, A., Chander, P., & Howe, P. H. (2010). Heterogeneous nuclear ribonucleoproteins (hnRNPs) in cellular processes: Focus on hnRNP E1's multifunctional regulatory roles. *RNA (New York, N.Y.)*, 16(8), 1449–1462. doi:10.1261/rna.2254110
- Chen, L., Hahn, H., Wu, G., Chen, C., Liron, T., Schechtman, D., ... Others. (2001). Opposing cardioprotective actions and parallel hypertrophic effects of δ PKC and ϵ PKC. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 98(20), 11114. Retrieved from <http://www.pnas.org/content/98/20/11114.full>
- Chen, T., & Dent, S. Y. R. (2014). Chromatin modifiers and remodellers: regulators of cellular differentiation. *Nature Reviews. Genetics*, 15(2), 93–106. doi:10.1038/nrg3607
- Choi, M. Y., An, Y. J., Kim, S. H., Roh, S. H., Ju, H. K., Hong, S. S., ... Kwon, S. W. (2007). Mass spectrometry based proteomic analysis of human stem cells: a brief review. *Experimental & Molecular Medicine*, 39(6), 690. Retrieved from <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/18160839>
- Churchill, E., Budas, G., Vallentin, A., Koyanagi, T., & Mochly-Rosen, D. (2008). PKC isozymes in chronic cardiac disease: possible therapeutic targets? *Annual Review of Pharmacology and Toxicology*, 48, 569–599. doi:10.1146/annurev.pharmtox.48.121806.154902
- Costa-junior, H. M., Milare, N., Duarte, M. L., Berti, D. A., Glaser, T., Andrade, A. De, ... Schechtman, D. (2010). Phosphoproteomics Profiling Suggests a Role for Nuclear IPKC in Transcription Processes of Undifferentiated Murine Embryonic Stem Cells research articles. *Journal of Proteome Research*, 6191–6206.

- Costa-junior, H. M., Suetsugu, M. J., Krieger, J. E., & Schechtman, D. (2009). Regulatory Peptides Specific modulation of protein kinase activity via small peptides. *Regulatory Peptides*, *153*(1-3), 11–18. doi:10.1016/j.regpep.2008.12.002
- Csukai, M., & Mochly-Rosen, D. (1999). Pharmacologic modulation of protein kinase C isozymes: the role of RACKs and subcellular localisation. *Pharmacological Research : The Official Journal of the Italian Pharmacological Society*, *39*(4), 253–9. doi:10.1006/phrs.1998.0418
- Dang, H., Lin, A. L., Zhang, B., Zhang, H.-M., Katz, M. S., & Yeh, C.-K. (2009). Role for Notch signaling in salivary acinar cell growth and differentiation. *Developmental Dynamics : An Official Publication of the American Association of Anatomists*, *238*(3), 724–31. doi:10.1002/dvdy.21875
- Dard, N., Le, T., Maro, B., & Louvet-Vallée, S. (2009). Inactivation of aPKC λ reveals a context dependent allocation of cell lineages in preimplantation mouse embryos. *PLoS One*, *4*(9), e7117. doi:10.1371/journal.pone.0007117
- Delom, F., & Chevet, E. (2006). Phosphoprotein analysis : from proteins to proteomes. *Proteome Science*, *12*, 1–12. doi:10.1186/1477-5956-4-15
- Dépagne, J., & Chevalier, F. (2012). Technical updates to basic proteins focalization using IPG strips. *Proteome Science*, *10*(1), 54. doi:10.1186/1477-5956-10-54
- Dey, A., Tergaonkar, V., & Lane, D. P. (2008). Double-edged swords as cancer therapeutics: simultaneously targeting p53 and NF-kappaB pathways. *Nature Reviews. Drug Discovery*, *7*(12), 1031–40. doi:10.1038/nrd2759
- Dihazi, H., Dihazi, G. H., Jahn, O., Meyer, S., Nolte, J., Asif, A. R., ... R, A. (2011). Multipotent adult germline stem cells and embryonic stem cells functional proteomics revealed an important role of eukaryotic initiation factor 5A (Eif5a) in stem cell differentiation. *Journal of Proteome Research*, *10*(4), 1962–1973. doi:10.1021/pr1012015
- Ding, J., Guo, Y., Liu, S., Yan, Y., Chang, G., Kou, Z., ... Sang, J. (2009). Embryonic stem cells derived from somatic cloned and fertilized blastocysts are post-transcriptionally indistinguishable: a MicroRNA and protein profile comparison. *Proteomics*, *9*(10), 2711–2721. doi:10.1002/pmic.200800824
- Ding, V. M. Y., Boersema, P. J., Foong, L. Y., Preisinger, C., Koh, G., Natarajan, S., ... Choo, A. (2011). Tyrosine phosphorylation profiling in FGF-2 stimulated human embryonic stem cells. *PLoS One*, *6*(3), e17538. doi:10.1371/journal.pone.0017538
- Dissertation, A., Opponent, F., & Saatcioglu, F. (2010). Protein Kinase C as an Apoptosis Regulator and a Potential Prognostic Marker in Breast Cancer Gry Kalstad Lønne.
- Eberle, A. B., Hesse, V., Helbig, R., Dantoft, W., Gimber, N., & Visa, N. (2010). Splice-site mutations cause Rrp6-mediated nuclear retention of the unspliced RNAs and transcriptional down-regulation of the splicing-defective genes. *PLoS One*, *5*(7), e11540. doi:10.1371/journal.pone.0011540
- Elliott, M. J., Dong, Y. Bin, Yang, H., Cells, C. C., & Mcmasters, K. M. (2001). E2F-1 Up-Regulates c-myc and p14 ARF and Induces Apoptosis in Colon Cancer Cells E2F-1 Up-Regulates c-myc and p14 ARF and Induces Apoptosis in, 3590–3597.
- Endicott, J. a, Noble, M. E. M., & Johnson, L. N. (2012). The structural basis for control of eukaryotic protein kinases. *Annual Review of Biochemistry*, *81*, 587–613. doi:10.1146/annurev-biochem-052410-090317
- Ernsberger, P., Graves, M. E., Graff, L. M., & N. (1995). I1-imidazoline receptors. Definition, characterization, distribution, and transmembrane signaling. *Annals of the New York Academy of Sciences*, *5*(12), 1394–1403. Retrieved from <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/7677333>

- Evron, T., Daigle, T. L., & Caron, M. G. (2012). GRK2: multiple roles beyond G protein-coupled receptor desensitization. *Trends in Pharmacological Sciences*, *33*(3), 154–64. doi:10.1016/j.tips.2011.12.003
- Facts, Q. (2005). Pro-Q® Diamond Phosphoprotein Gel Stain Quick Facts, 1–8.
- Falini, B., Gionfriddo, I., Cecchetti, F., Ballanti, S., Pettirossi, V., & Martelli, M. P. (2011). Acute myeloid leukemia with mutated nucleophosmin (NPM1): any hope for a targeted therapy? *Blood Reviews*, *25*(6), 247–54. doi:10.1016/j.blre.2011.06.001
- Fernandez-Sanchez, M. E., Gonatopoulos-Pournatzis, T., Preston, G., Lawlor, M. a, & Cowling, V. H. (2009). S-adenosyl homocysteine hydrolase is required for Myc-induced mRNA cap methylation, protein synthesis, and cell proliferation. *Molecular and Cellular Biology*, *29*(23), 6182–91. doi:10.1128/MCB.00973-09
- Fontes, M. R. M., Teh, T., Riell, R. D., Park, S. B., Standaert, R. F., & Kobe, B. (2005). Crystallization and preliminary X-ray diffraction analysis of importin-alpha complexed with NLS peptidomimetics. *Biochimica et Biophysica Acta*, *1750*(1), 9–13. doi:10.1016/j.bbapap.2005.03.014
- Fukuda, I., Ito, A., Hirai, G., Nishimura, S., Kawasaki, H., Saitoh, H., ... Yoshida, M. (2009). Ginkgolic acid inhibits protein SUMOylation by blocking formation of the E1-SUMO intermediate. *Chemistry & Biology*, *16*(2), 133–140. doi:10.1016/j.chembiol.2009.01.009
- Gao, F.-H., Wu, Y.-L., Zhao, M., Liu, C.-X., Wang, L.-S., & Chen, G.-Q. (2009). Protein kinase C-delta mediates down-regulation of heterogeneous nuclear ribonucleoprotein K protein: involvement in apoptosis induction. *Experimental Cell Research*, *315*(19), 3250–3258. doi:10.1016/j.yexcr.2009.09.005
- Gauci, S., Veenhoff, L. M., Heck, A. J. R., & Krijgsveld, J. (2009). Orthogonal separation techniques for the characterization of the yeast nuclear proteome. *Journal of Proteome Research*, *8*(7), 3451–3463. doi:10.1021/pr9000948
- Geczy, T., Peach, M. L., El Kazzouli, S., Sigano, D. M., Kang, J.-H., Valle, C. J., ... Blumberg, P. M. (2012). Molecular basis for failure of “atypical” C1 domain of Vav1 to bind diacylglycerol/phorbol ester. *The Journal of Biological Chemistry*, *287*(16), 13137–58. doi:10.1074/jbc.M111.320010
- Gould, C. M., & Newton, A. C. (2008). The Life and Death of Protein Kinase C. *Signals*, *1*, 614–625.
- Habashy, H. O., Powe, D. G., Glaab, E., Ball, G., Spiteri, I., Krasnogor, N., ... Ellis, I. O. (2011). RERG (Ras-like, oestrogen-regulated, growth-inhibitor) expression in breast cancer: a marker of ER-positive luminal-like subtype. *Breast Cancer Research and Treatment*, *128*(2), 315–26. doi:10.1007/s10549-010-1073-y
- Habelhah, H., Shah, K., Huang, L., Ostareck-lederer, A., Burlingame, A. L., M, K., ... Ronai, Z. (2001). ERK phosphorylation drives cytoplasmic accumulation of hnRNP-K and inhibition of mRNA translation. *Nature Cell Biology*, *3*(March), 325–330.
- Hajkova, P., Jeffries, S. J., Lee, C., Miller, N., Jackson, S. P., & Surani, M. A. (2010). Genome-wide reprogramming in the mouse germ line entails the base excision repair pathway. *Science (New York, N.Y.)*, *329*(5987), 78–82. doi:10.1126/science.1187945
- Han, S. P., Tang, Y. H., & Smith, R. (2010). Functional diversity of the hnRNPs: past, present and perspectives. *The Biochemical Journal*, *430*(3), 379–392. doi:10.1042/BJ20100396
- Hancock, R. E. W., Nijnik, A., & Philpott, D. J. (2012). Modulating immunity as a therapy for bacterial infections. *Nature Reviews. Microbiology*, *10*(4), 243–54. doi:10.1038/nrmicro2745
- Handbook, A. (n.d.). Techniques for Phospho Protein Analysis Application Handbook 1st Edition.
- Hara, T., Miyazaki, M., Hakuno, F., Takahashi, S., & Chida, K. (2011). PKC η promotes a proliferation to differentiation switch in keratinocytes via upregulation of p27Kip1 mRNA through

- suppression of JNK/c-Jun signaling under stress conditions. *Cell Death & Disease*, 2(5), e157. doi:10.1038/cddis.2011.40
- Hauber, J., Malim, M. H., & Cullen, B. R. (1989). Mutational analysis of the conserved basic domain of human immunodeficiency virus tat protein. *Journal of Virology*, 63(3), 1181–1187. Retrieved from <http://www.pubmedcentral.nih.gov/articlerender.fcgi?artid=247813&tool=pmcentrez&rendertype=abstract>
- Hay, R. T. (2005). SUMO: a history of modification. *Molecular Cell*, 18(1), 1–12. doi:10.1016/j.molcel.2005.03.012
- Healthcare, G. E. (n.d.). 2-D Electrophoresis.
- Hegele, A., Kamburov, A., Grossmann, A., Sourlis, C., Wowro, S., Weimann, M., ... Stelzl, U. (2012). Dynamic protein-protein interaction wiring of the human spliceosome. *Molecular Cell*, 45(4), 567–580. doi:10.1016/j.molcel.2011.12.034
- Henrich, S., Cordwell, S. J., Crossett, B., Baker, M. S., & Christopherson, R. I. (2007). The nuclear proteome and DNA-binding fraction of human Raji lymphoma cells. *Proteins*, 1774, 413 – 432. doi:10.1016/j.bbapap.2006.12.011
- Heo, J. S., Lee, M. Y., & Han, H. J. (2007). Sonic hedgehog stimulates mouse embryonic stem cell proliferation by cooperation of Ca²⁺/protein kinase C and epidermal growth factor receptor as well as Gli1 activation. *Stem Cells*, 25(12), 3069–3080. doi:10.1634/stemcells.2007-0550
- Hetzer, M. W. (2010). The nuclear envelope. *Cold Spring Harbor Perspectives in Biology*, 2(3), a000539. doi:10.1101/cshperspect.a000539
- Hietakangas, V., Anckar, J., Blomster, H. a, Fujimoto, M., Palvimo, J. J., Nakai, A., & Sistonen, L. (2006). PDSM, a motif for phosphorylation-dependent SUMO modification. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 103(1), 45–50. doi:10.1073/pnas.0503698102
- Hishida, T., Nozaki, Y., Nakachi, Y., Mizuno, Y., Okazaki, Y., Ema, M., ... Okuda, A. (2011). Indefinite Self-Renewal of ESCs through Myc/Max Transcriptional Complex-Independent Mechanisms. *Cell Stem Cell*, 9(1), 37–49. doi:10.1016/j.stem.2011.04.020
- Huang, H.-P., Yu, C.-Y., Chen, H.-F., Chen, P.-H., Chuang, C.-Y., Lin, S.-J., ... Kuo, H.-C. (2010). Factors from human embryonic stem cell-derived fibroblast-like cells promote topology-dependent hepatic differentiation in primate embryonic and induced pluripotent stem cells. *The Journal of Biological Chemistry*, 285(43), 33510–33519. doi:10.1074/jbc.M110.122093
- Huang, X., Tian, C., Liu, M., Wang, Y., Tolmachev, A. V., Sharma, S., ... Ding, S. (2012). Quantitative Proteomic Analysis of Mouse Embryonic Fibroblasts and Induced Pluripotent Stem Cells Using 16 O/ 18 O Labeling.
- Hunter, T. (1995). Protein Kinases and Phosphatases : The Yin and Yang of Protein Phosphorylation and Signaling. *Cell*, 80, 225–236.
- Hurkman, W. J., & Tanaka, C. K. (1986). Solubilization of Plant Membrane Proteins for Analysis by Two-Dimensional Gel Electrophoresis. *Plant Physiology*, 81(3), 802–806. Retrieved from <http://www.pubmedcentral.nih.gov/articlerender.fcgi?artid=1075430&tool=pmcentrez&rendertype=abstract>
- Irvine, R. F. (2003). Nuclear lipid signalling. *Nature Reviews. Molecular Cell Biology*, 4(5), 349–60. doi:10.1038/nrm1100
- Iwasaki, T., Koretomo, Y., Fukuda, T., Paronetto, M. P., Sette, C., Fukami, Y., & Sato, K. (2008). Expression , phosphorylation , and mRNA-binding of heterogeneous nuclear ribonucleoprotein K in *Xenopus* oocytes , eggs , and early embryos. *Society*, 23– 40. doi:10.1111/j.1440-169x.2007.00974.x

- Jaishankar, A., Barthelery, M., Freeman, W. M., Salli, U., Ritty, T. M., & Vrana, K. E. (2009). Human embryonic and mesenchymal stem cells express different nuclear proteomes. *Stem Cells and Development*, *18*(5), 793–802. doi:10.1089/scd.2008.0156
- Jarajapu, Y. P. R., Baltunis, J., Knot, H. J., & Sullivan, S. M. (2005). Biological evaluation of penetration domain and killing domain peptides. *The Journal of Gene Medicine*, *7*(7), 908–17. doi:10.1002/jgm.738
- Johnson, E. S. (2004). Protein modification by SUMO. *Annual Review of Biochemistry*, *73*, 355–82. doi:10.1146/annurev.biochem.73.011303.074118
- Jolla, L. (1997). Cloning and characterization of a corepressor and potential, *94*(December), 14400–14405.
- Jones, A. K., Buckingham, S. D., & Sattelle, D. B. (2010). Proteins interacting with nicotinic acetylcholine receptors: expanding functional and therapeutic horizons. *Trends in Pharmacological Sciences*, *31*(10), 455–62. doi:10.1016/j.tips.2010.07.001
- Kanatsu-Shinohara, M., Inoue, K., Lee, J., Yoshimoto, M., Ogonuki, N., Miki, H., ... Shinohara, T. (2004). Generation of pluripotent stem cells from neonatal mouse testis. *Cell*, *119*(7), 1001–1012. doi:10.1016/j.cell.2004.11.011
- Kheifets, V., Bright, R., Inagaki, K., Schechtman, D., & Mochly-rosen, D. (2006). Protein Kinase C ζ (ζ PKC) -Annexin V Interaction. *Journal of Biological Chemistry*, *281*(32), 23218 –23226. doi:10.1074/jbc.M602075200
- Kikkawa, U., Kishimoto, a, & Nishizuka, Y. (1989). The protein kinase C family: heterogeneity and its implications. *Annual Review of Biochemistry*, *58*(1), 31–44. doi:10.1146/annurev.bi.58.070189.000335
- Konopacki, F. A., Jaafari, N., Rocca, D. L., Wilkinson, K. A., Chamberlain, S., Rubin, P., ... Henley, J. M. (2011). Agonist-induced PKC phosphorylation regulates GluK2 SUMOylation and kainate receptor endocytosis. doi:10.1073/pnas.1111575108/- /DCSupplemental.www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.1111575108
- Kosako, H., Yamaguchi, N., Aranami, C., Ushiyama, M., Kose, S., Imamoto, N., ... Hattori, S. (2009). Phosphoproteomics reveals new ERK MAP kinase targets and links ERK to nucleoporin-mediated nuclear transport. *Nature Structural & Molecular Biology*, *16*(10), 1026–1035. doi:10.1038/nsmb.1656
- Kruisbeek, A. M., Assays, V., & Function, M. L. (2000). ISOLATION AND FRACTIONATION OF Isolation of Mouse Mononuclear Cells, 3–7.
- Kurokawa, K., Mochizuki, N., Ohba, Y., Mizuno, H., Miyawaki, a, & Matsuda, M. (2001). A pair of fluorescent resonance energy transfer-based probes for tyrosine phosphorylation of the CrklI adaptor protein in vivo. *The Journal of Biological Chemistry*, *276*(33), 31305–10. doi:10.1074/jbc.M104341200
- Kunitama, M., Shimizu, R., Yamada, M., Kato, T., Miyazaki, H., Okada, K., ... Komatsu, N. (1997). Protein kinase C and c-myc gene activation pathways in thrombopoietin signal transduction. *Biochemical and Biophysical Research Communications*, *231*(2), 290–4. doi:10.1006/bbrc.1996.5969
- Lang, J. C., Whitelaw, B., Talbot, S., & Wilkie, N. M. (1988). Transcriptional regulation of the human c-myc gene. *The British Journal of Cancer. Supplement*, *9*, 62–6. Retrieved from <http://www.pubmedcentral.nih.gov/articlerender.fcgi?artid=2149121&tool=pmcentrez&rendertype=abstract>

- Leite, M. F., Thrower, E. C., Echevarria, W., Koulen, P., Hirata, K., Bennett, A. M., ... Nathanson, M. H. (2003). Nuclear and cytosolic calcium are regulated, *100*(5), 2975–2980.
- Lemmon, M. a., & Schlessinger, J. (2010). Cell Signaling by Receptor Tyrosine Kinases. *Cell*, *141*(7), 1117–1134. doi:10.1016/j.cell.2010.06.011
- Li, X. C., & Zhuo, J. L. (2011). Phosphoproteomic analysis of AT1 receptor-mediated signaling responses in proximal tubules of angiotensin II-induced hypertensive rats. *Kidney International*, *80*(6), 620–632. doi:10.1038/ki.2011.161
- Li, X., Patel, B. B., Blagoi, E. L., Patterson, M. D., Seehozer, S. H., Zhang, T., ... Yeung, A. T. (2004). Analyzing Alkaline Proteins in Human Colon Crypt Proteome research articles.
- Lundby, A., Secher, A., Lage, K., Nordsborg, N. B., Dmytriiev, A., Lundby, C., & Olsen, J. V. (2012). Quantitative maps of protein phosphorylation sites across 14 different rat organs and tissues. *Nature Communications*, *3*, 876. doi:10.1038/ncomms1871
- Mackay, H. J., & Twelves, C. J. (2007). Targeting the protein kinase C family : are we there yet ? *Cancer*, *7*(July), 554–562.
- Marfori, M., Mynott, A., Ellis, J. J., Mehdi, A. M., Saunders, N. F. W., Curmi, P. M., ... Kobe, B. (2011). Molecular basis for specificity of nuclear import and prediction of nuclear localization. *Biochimica et Biophysica Acta*, *1813*(9), 1562–77. doi:10.1016/j.bbamcr.2010.10.013
- Martelli, A. M., Faenza, I., Billi, A. M., Falà, F., Cocco, L., & Manzoli, L. (2000). Review Nuclear protein kinase C isoforms : key players in multiple cell functions ? *Apoptosis*.
- Martín-Rojas, T., Gil-Dones, F., Lopez-Almodovar, L. F., Padial, L. R., Vivanco, F., & Barderas, M. G. (2012). Proteomic profile of human aortic stenosis: insights into the degenerative process. *Journal of Proteome Research*, *11*(3), 1537–50. doi:10.1021/pr2005692
- Massip, L., Garand, C., Labbé, a, Perreault, E., Turaga, R. V. N., Bohr, V. a, & Lebel, M. (2010). Depletion of WRN protein causes RACK1 to activate several protein kinase C isoforms. *Oncogene*, *29*(10), 1486–1497. doi:10.1038/onc.2009.443
- Méchin, V., Consoli, L., Le Guilloux, M., & Damerval, C. (2003). An efficient solubilization buffer for plant proteins focused in immobilized pH gradients. *Proteomics*, *3*(7), 1299–1302. doi:10.1002/pmic.200300450
- Mehdi, A. M., Sehgal, M. S. B., Kobe, B., Bailey, T. L., & Bodén, M. (2011). A probabilistic model of nuclear import of proteins. *Bioinformatics (Oxford, England)*, *27*(9), 1239–46. doi:10.1093/bioinformatics/btr121
- Metzger, E., Imhof, A., Patel, D., Kahl, P., Hoffmeyer, K., Friedrichs, N., ... Gu, T. (2010). Phosphorylation of histone H3T6 by PKCbeta(I) controls demethylation at histone H3K4. *Nature*, *464*(7289), 792–796. doi:10.1038/nature08839
- Mikula, M., & Bomsztyk, K. (2011). Direct recruitment of ERK cascade components to inducible genes is regulated by heterogeneous nuclear ribonucleoprotein (hnRNP) K. *The Journal of Biological Chemistry*, *286*(11), 9763–9775. doi:10.1074/jbc.M110.213330
- Mikula, M., Dzwonek, A., Karczmarski, J., Rubel, T., Dadlez, M., Wyrwicz, L. S., ... Ostrowski, J. (2006). Landscape of the hnRNP K protein-protein interactome. *Proteomics*, *6*(8), 2395–2406. doi:10.1002/pmic.200500632
- Mincer, J. S., & Simon, S. M. (2011). Simulations of nuclear pore transport yield mechanistic insights and quantitative predictions. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, *112*(12). doi:10.1073/pnas.1104521108
- Mochly-Rosen, D., Das, K., & Grimes, K. V. (2012). Protein kinase C, an elusive therapeutic target? *Nature Reviews Drug Discovery*, *11*(12), 937–957. doi:10.1038/nrd3871

- Mochly-Rosen, D., & Gordon, A. S. (1998). Anchoring proteins for protein kinase C: a means for isozyme selectivity. *The FASEB Journal*, *12*(1), 35. Retrieved from <http://www.fasebj.org/cgi/content/abstract/12/1/35>
- Mochly-Rosen, D., Khaner, H., & Lopez, J. (1991). Identification of intracellular receptor proteins for activated protein kinase C. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, *88*(9), 3997. Retrieved from <http://www.pnas.org/cgi/content/abstract/88/9/3997>
- Nakamura, S.-I., & Yamamura, H. (2010). Yasutomi Nishizuka: father of protein kinase C. *Journal of Biochemistry*, *148*(2), 125–130. doi:10.1093/jb/mvq066
- Nasrabadi, D., & Larijani, M. R. (2010). Nuclear Proteome Analysis of Monkey Embryonic Stem Cells During Differentiation. *Analysis*. doi:10.1007/s12015-009-9109-6
- Newton, a C. (1993). Interaction of proteins with lipid headgroups: lessons from protein kinase C. *Annual Review of Biophysics and Biomolecular Structure*, *22*, 1–25. doi:10.1146/annurev.bb.22.060193.000245
- Newton, A. C. (2010). Protein kinase C: poised to signal. *American Journal of Physiology. Endocrinology and Metabolism*, *298*(3), E395–402. doi:10.1152/ajpendo.00477.2009
- Newton, A. C., & C, P. K. (n.d.). Protein Kinase C Edited by The Ins and Outs of Protein Kinase C, 233.
- Nicoletti, I., Migliorati, G., Pagliacci, M. C., Grignani, F., & Riccardi, C. (1991). A rapid and simple method for measuring thymocyte apoptosis by propidium iodide staining and flow cytometry. *Journal of Immunological Methods*, *139*(2), 271–9. Retrieved from <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/1710634>
- Nishikawa, K., Toker, a, Johannes, F. J., Songyang, Z., & Cantley, L. C. (1997). Determination of the specific substrate sequence motifs of protein kinase C isozymes. *The Journal of Biological Chemistry*, *272*(2), 952–60. Retrieved from <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/8995387>
- Nishizuka, Y. (1988). The molecular heterogeneity of protein kinase C and its implications for cellular regulation. *Nature*, *334*(6184), 661. Retrieved from <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/3045562>
- Nishizuka, Y. (2003). Discovery and prospect of protein kinase C research: epilogue. *Journal of Biochemistry*, *133*(2), 155. doi:10.1093/jb/mvg035
- Niwa, H., Ogawa, K., Shimosato, D., & Adachi, K. (2009). LETTERS A parallel circuit of LIF signalling pathways maintains pluripotency of mouse ES cells. *Nature*, *460*(7251), 118–122. doi:10.1038/nature08113
- North, A. J. (2006). Seeing is believing? A beginners' guide to practical pitfalls in image acquisition. *The Journal of Cell Biology*, *172*(1), 9–18. doi:10.1083/jcb.200507103
- Notari, M., Neviani, P., Santhanam, R., Blaser, B. W., Chang, J.-S., Galiotta, A., ... Perrotti, D. (2006). A MAPK/HNRPK pathway controls BCR/ABL oncogenic potential by regulating MYC mRNA translation. *Blood*, *107*(6), 2507–2516. doi:10.1182/blood-2005-09-3732
- Novak, A., Amit, M., Ziv, T., Segev, H., Fishman, B., Admon, A., & Itskovitz-Eldor, J. (2012). Proteomics profiling of human embryonic stem cells in the early differentiation stage. *Stem Cell Reviews*, *8*(1), 137–149. doi:10.1007/s12015-011-9286-y
- Okita, K., & Yamanaka, S. (2006). Intracellular signaling pathways regulating pluripotency of embryonic stem cells. *Current Stem Cell Research & Therapy*, *1*(1), 103–111. Retrieved from <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/18220859>
- Ong, S. E., Blagoev, B., Kratchmarova, I., Kristensen, D. B., Steen, H., Pandey, A., & Mann, M. (2002). Stable isotope labeling by amino acids in cell culture, SILAC, as a simple and accurate approach to expression proteomics. *Mol. Cell. Proteomics*, *1*, 376–386.

- Ostrowski, J., Kawata, Y., Schullery, D. S., Denisenko, O. N., Higaki, Y., Abrass, C. K., & Bomsztyk, K. (2001). Insulin alters heterogeneous nuclear ribonucleoprotein K protein binding to DNA and RNA. *PNAS*.
- Ostrowski, J., Schullery, D. S., Denisenko, O. N., Higaki, Y., Watts, J., Aebersold, R., ... Bomsztyk, K. (2000). Role of tyrosine phosphorylation in the regulation of the interaction of heterogeneous nuclear ribonucleoprotein K protein with its protein and RNA partners. *The Journal of Biological Chemistry*, *275*(5), 3619–3628. Retrieved from <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/10652358>
- Pan, C., Olsen, J. V., Daub, H., & Mann, M. (2009). Global Effects of Kinase Inhibitors on Signaling Networks Revealed by Quantitative Phosphoproteomics * □. *Molecular & Cellular Proteomics*, 2796–2808. doi:10.1074/mcp.M900285-MCP200
- Pan, G., & Thomson, J. a. (2007). Nanog and transcriptional networks in embryonic stem cell pluripotency. *Cell Research*, *17*(1), 42–49. doi:10.1038/sj.cr.7310125
- Pan, G. J., Chang, Z. Y., Schöler, H. R., & Pei, D. (2002). Stem cell pluripotency and transcription factor Oct4. *Cell Research*, *12*(5-6), 321–9. doi:10.1038/sj.cr.7290134
- Papazyan, R., Doche, M., Waldron, R. T., Rozengurt, E., Pat, M., & Rey, O. (2008). Protein kinase D isozymes activation and localization during mitosis. *Molecular Biology*, *314*. doi:10.1016/j.yexcr.2008.07.014
- Paradela, A., & Albar, J. P. (2008). Advances in the analysis of protein phosphorylation. *Journal of Proteome Research*, *7*(5), 1809–1818. doi:10.1021/pr7006544
- Pearlman, S. M., Serber, Z., & Ferrell, J. E. (2011). A mechanism for the evolution of phosphorylation sites. *Cell*, *147*(4), 934–46. doi:10.1016/j.cell.2011.08.052
- Perez, O. D., & Nolan, G. P. (2002). Simultaneous measurement of multiple active kinase states using polychromatic flow cytometry. *Nature Biotechnology*, *20*(2), 155–62. doi:10.1038/nbt0202-155
- Pewsey, E., Bruce, C., Tonge, P., Evans, C., Ow, S. Y., Georgiou, a S., ... Fazeli, A. (2010). Nuclear Proteome Dynamics in Differentiating Embryonic Carcinoma (NTERA-2) Cells. *Journal of Proteome Research*. doi:10.1021/pr901069d
- Piazzini, M., Bavelloni, A., Faenza, I., Blalock, W., Urbani, A., D'Aguanno, S., ... Cocco, L. (2010). eEF1A phosphorylation in the nucleus of insulin-stimulated C2C12 myoblasts: Ser⁵³ is a novel substrate for protein kinase C βI. *Molecular & Cellular Proteomics : MCP*, *9*(12), 2719–2728. doi:10.1074/mcp.M110.003152
- Praefcke, G. J. K., Hofmann, K., & Dohmen, R. J. (2012). SUMO playing tag with ubiquitin. *Trends in Biochemical Sciences*, *37*(1), 23–31. doi:10.1016/j.tibs.2011.09.002
- Proshkin, S., Rahmouni, a R., Mironov, A., & Nudler, E. (2010). Cooperation between translating ribosomes and RNA polymerase in transcription elongation. *Science (New York, N.Y.)*, *328*(5977), 504–8. doi:10.1126/science.1184939
- Prudhomme, W., Daley, G. Q., Zandstra, P., & Lauffenburger, D. A. (2004). Multivariate proteomic analysis of murine embryonic stem cell self-renewal versus differentiation signaling. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, *101*(9), 2900. Retrieved from <http://www.pnas.org/content/101/9/2900.full>
- Purow, B. W., Haque, R. M., Noel, M. W., Su, Q., Burdick, M. J., Lee, J., ... Fine, H. a. (2005). Expression of Notch-1 and its ligands, Delta-like-1 and Jagged-1, is critical for glioma cell survival and proliferation. *Cancer Research*, *65*(6), 2353–63. doi:10.1158/0008-5472.CAN-04-1890

- Quinlan, L., Faherty, S., & Kane, M. (2003). Phospholipase C and protein kinase C involvement in mouse embryonic stem-cell proliferation and apoptosis. *Reproduction*, *126*(1), 121. Retrieved from <http://www.reproduction-online.org/cgi/content/abstract/126/1/121>
- Rodriguez, M. M., Ron, D., Touhara, K., Chen, C.-H., & Mochly-Rosen, D. (1999). RACK1, a Protein Kinase C Anchoring Protein, Coordinates the Binding of Activated Protein Kinase C and Select Pleckstrin Homology Domains in Vitro †. *Biochemistry*, *38*(42), 13787–13794. doi:10.1021/bi991055k
- Rosse, C., Linch, M., Kermorgant, S., Cameron, A. J. M., Boeckeler, K., & Parker, P. J. (2010). PKC and the control of localized signal dynamics. *Nature Reviews. Molecular Cell Biology*, *11*(2), 103–12. doi:10.1038/nrm2847
- Sahin, F., & Sladek, T. L. (2010). E2F-1 binding affinity for pRb is not the only determinant of the E2F-1 activity. *International Journal of Biological Sciences*, *6*(4), 382–95. Retrieved from <http://www.pubmedcentral.nih.gov/articlerender.fcgi?artid=2899456&tool=pmcentrez&rendertype=abstract>
- Sarkar, P., Collier, T. S., Randall, S. M., Muddiman, D. C., & Rao, B. M. (2012). The subcellular proteome of undifferentiated human embryonic stem cells. *Proteomics*, *12*(3), 421–430. doi:10.1002/pmic.201100507
- Sarma, A. D., Oehrle, N. W., & Emerich, D. W. (2008). Plant protein isolation and stabilization for enhanced resolution of two-dimensional polyacrylamide gel electrophoresis. *Analytical Biochemistry*, *379*(2), 192–195. doi:10.1016/j.ab.2008.04.047
- Savić, a, & Poccia, D. (1978). Separation of histones from contaminating ribosomal proteins by two-dimensional gel electrophoresis. *Analytical Biochemistry*, *88*(2), 573–579. Retrieved from <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/697025>
- Schechtman, D., Craske, M. L., Kheifets, V., Meyer, T., Schechtman, J., & Mochly-rosen, D. (2004). A Critical Intramolecular Interaction for Protein Kinase C † Translocation *. *Biochemistry*, *279*(16), 15831–15840. doi:10.1074/jbc.M310696200
- Schechtman, D., & Mochly-Rosen, D. (2001). Adaptor proteins in protein kinase C-mediated signal transduction. *Oncogene*, *20*(44), 6339–6347. doi:10.1038/sj.onc.1204778
- Schechtman, D., & Mochly-Rosen, D. (2002). Isozyme-specific inhibitors and activators of protein kinase C. *Methods in Enzymology*, *345*(1992), 470–489. Retrieved from <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/11665630>
- Schneider, M., Will, C. L., Anokhina, M., Tazi, J., Urlaub, H., & Lührmann, R. (2010). Exon definition complexes contain the tri-snRNP and can be directly converted into B-like precatalytic splicing complexes. *Molecular Cell*, *38*(2), 223–35. doi:10.1016/j.molcel.2010.02.027
- Schullery, D. S., Ostrowski, J., Denisenko, O. N., Stempka, L., Shnyreva, M., Suzuki, H., ... Bomsztyk, K. (1999). Regulated interaction of protein kinase Cdelta with the heterogeneous nuclear ribonucleoprotein K protein. *The Journal of Biological Chemistry*, *274*(21), 15101–15109. Retrieved from <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/10329716>
- Seki, Y., Kurisaki, A., Watanabe-susaki, K., Nakajima, Y., & Nakanishi, M. (2010). TIF1β regulates the pluripotency of embryonic stem cells in a phosphorylation-dependent manner. doi:10.1073/pnas.0907601107/- /DCSupplemental.www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.0907601107
- Sekkai, D., Gruel, G., Herry, M., Moucadel, V., Constantinescu, S. N., Albagli, O., ... Bennaceur-Griscelli, A. (2005). Microarray analysis of LIF/Stat3 transcriptional targets in embryonic stem cells. *Stem Cells (Dayton, Ohio)*, *23*(10), 1634–1642. doi:10.1634/stemcells.2005-0182

- Seyfried, N. T., Gozal, Y. M., Dammer, E. B., Xia, Q., Duong, D. M., Cheng, D., ... Peng, J. (2010). Multiplex SILAC analysis of a cellular TDP-43 proteinopathy model reveals protein inclusions associated with SUMOylation and diverse polyubiquitin chains. *Molecular & Cellular Proteomics : MCP*, *9*(4), 705–718. doi:10.1074/mcp.M800390-MCP200
- Shan, D., Ledbetter, J. a, & Press, O. W. (1998). Apoptosis of malignant human B cells by ligation of CD20 with monoclonal antibodies. *Blood*, *91*(5), 1644–52. Retrieved from <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/9473230>
- Shenoy, S. K., & Lefkowitz, R. J. (2011). β -Arrestin-mediated receptor trafficking and signal transduction. *Trends in Pharmacological Sciences*, *32*(9), 521–33. doi:10.1016/j.tips.2011.05.002
- Shevchenko, A., Tomas, H., Havlis, J., Olsen, J. V., & Mann, M. (2006). In-gel digestion for mass spectrometric characterization of proteins and proteomes. *Nature Protocols*, *1*(6), 2856–2860. doi:10.1038/nprot.2006.468
- Singh, A. M. M., Reynolds, D., Cliff, T., Ohtsuka, S., Mattheyses, A. L. L., Sun, Y., ... Dalton, S. (2012). Signaling Network Crosstalk in Human Pluripotent Cells: A Smad2/3-Regulated Switch that Controls the Balance between Self-Renewal and Differentiation. *Cell Stem Cell*, *10*(3), 312–326. doi:10.1016/j.stem.2012.01.014
- Souroujon, M. C., Yao, L., Chen, H., Endemann, G., Khaner, H., Geeraert, V., ... Mochly-Rosen, D. (2004). State-specific monoclonal antibodies identify an intermediate state in epsilon protein kinase C activation. *Journal of Biological Chemistry*, *279*(17), 17617. doi:10.1074/jbc.M400962200
- Spradling, a, Drummond-Barbosa, D., & Kai, T. (2001). Stem cells find their niche. *Nature*, *414*(6859), 98–104. doi:10.1038/35102160
- Standart, N., & Minshall, N. (2008). Translational control in early development: CPEB, P-bodies and germinal granules. *Biochemical Society Transactions*, *36*(Pt 4), 671–6. doi:10.1042/BST0360671
- Stebbins, E. G., & Mochly-Rosen, D. (2001). Binding specificity for RACK1 resides in the V5 region of beta II protein kinase C. *The Journal of Biological Chemistry*, *276*(32), 29644–50. doi:10.1074/jbc.M101044200
- STEINBERG, S. F. (2008). Structural Basis of Protein Kinase C Isoform Function. *Physiol Rev.*, *88*(4), 1341–1378. doi:10.1152/physrev.00034.2007.Structural
- Sudan, R., Srivastava, N., Pandey, S. P., Majumdar, S., & Saha, B. (2012). Reciprocal regulation of protein kinase C isoforms results in differential cellular responsiveness. *Journal of Immunology (Baltimore, Md. : 1950)*, *188*(5), 2328–37. doi:10.4049/jimmunol.1101678
- Sun, Y., An, S., Henrich, V. C., Sun, X., & Song, Q. (2007). Proteomic identification of PKC-mediated expression of 20E-induced protein in *Drosophila melanogaster*. *Journal of Proteome Research*, *6*(11), 4478–4488. doi:10.1021/pr0705183
- Taffs, R., Sitkovsky, M., & Takayama, H. (2001). Granule enzyme exocytosis assay for cytotoxic T lymphocyte activation. *Current Protocols in Immunology / Edited by John E. Coligan ... [et Al.]*, Chapter 3, Unit 3.16. doi:10.1002/0471142735.im0316s25
- Takahashi, K., & Yamanaka, S. (2006). Induction of pluripotent stem cells from mouse embryonic and adult fibroblast cultures by defined factors. *Cell*, *126*(4), 663–676. doi:10.1016/j.cell.2006.07.024
- Tamargo, J., & López-Sendón, J. (2011). Novel therapeutic targets for the treatment of heart failure. *Nature Reviews. Drug Discovery*, *10*(7), 536–555. doi:10.1038/nrd3431

- Thomson, M., Liu, S. J., Zou, L.-N., Smith, Z., Meissner, A., & Ramanathan, S. (2011). Pluripotency factors in embryonic stem cells regulate differentiation into germ layers. *Cell*, *145*(6), 875–889. doi:10.1016/j.cell.2011.05.017
- Ting, a Y., Kain, K. H., Klemke, R. L., & Tsien, R. Y. (2001). Genetically encoded fluorescent reporters of protein tyrosine kinase activities in living cells. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, *98*(26), 15003–15008. doi:10.1073/pnas.211564598
- Torrente, M. P., Zee, B. M., Young, N. L., Baliban, R. C., LeRoy, G., Floudas, C. a, ... Garcia, B. a. (2011). Proteomic interrogation of human chromatin. *PLoS One*, *6*(9), e24747. doi:10.1371/journal.pone.0024747
- Torres-Padilla, M.-E., & Chambers, I. (2014). Transcription factor heterogeneity in pluripotent stem cells: a stochastic advantage. *Development*, *141*(11), 2173–2181. doi:10.1242/dev.102624
- Toumadje, A., Kusumoto, K.-I., Parton, A., Mericko, P., Dowell, L., Ma, G., ... Sato, J. D. (2003). Pluripotent differentiation in vitro of murine ES-D3 embryonic stem cells. *In Vitro Cellular & Developmental Biology. Animal*, *39*(10), 449–53. doi:10.1290/1543-706X(2003)039<0449:PDIVOM>2.0.CO;2
- Uribe, D. J., Guo, K., Shin, Y.-J., & Sun, D. (2011). Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein K and nucleolin as transcriptional activators of the vascular endothelial growth factor promoter through interaction with secondary DNA structures. *Biochemistry*, *50*(18), 3796–3806. doi:10.1021/bi101633b
- Van Hoof, D., Muñoz, J., Braam, S. R., Pinkse, M. W. H., Linding, R., Heck, A. J. R., ... Krijgsveld, J. (2009). Phosphorylation dynamics during early differentiation of human embryonic stem cells. *Cell Stem Cell*, *5*(2), 214–226. doi:10.1016/j.stem.2009.05.021
- Van Riggelen, J., Yetil, A., & Felsher, D. W. (2010). MYC as a regulator of ribosome biogenesis and protein synthesis. *Nature Reviews. Cancer*, *10*(4), 301–9. doi:10.1038/nrc2819
- Vermeulen, M., & Selbach, M. (2009). Quantitative proteomics: a tool to assess cell differentiation. *Current Opinion in Cell Biology*, *21*(6), 761–766. doi:10.1016/j.ceb.2009.09.003
- Vervoorts, J., Lüscher-Firzlaff, J., & Lüscher, B. (2006). The ins and outs of MYC regulation by posttranslational mechanisms. *The Journal of Biological Chemistry*, *281*(46), 34725–9. doi:10.1074/jbc.R600017200
- Wahl, M. C., Will, C. L., & Lührmann, R. (2009). The spliceosome: design principles of a dynamic RNP machine. *Cell*, *136*(4), 701–18. doi:10.1016/j.cell.2009.02.009
- Watanabe, R., Murai, M. J., Singh, C. R., Fox, S., li, M., & Asano, K. (2010). The eukaryotic initiation factor (eIF) 4G HEAT domain promotes translation re-initiation in yeast both dependent on and independent of eIF4A mRNA helicase. *The Journal of Biological Chemistry*, *285*(29), 21922–33. doi:10.1074/jbc.M110.132027
- Wei, H., Juhasz, O., Li, J., Tarasova, Y. S., & Boheler, K. R. (2005). Embryonic stem cells and cardiomyocyte differentiation: phenotypic and molecular analyses. *Journal of Cellular and Molecular Medicine*, *9*(4), 804–817. Retrieved from <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/16364192>
- Wernig, M., Meissner, A., Foreman, R., Brambrink, T., Ku, M., Hochedlinger, K., ... Jaenisch, R. (2007). In vitro reprogramming of fibroblasts into a pluripotent ES-cell-like state. *Nature*, *448*(7151), 318–324. doi:10.1038/nature05944
- Wu, H., Sun, L., Zhang, Y., Chen, Y., Shi, B., Li, R., ... Shang, Y. (2006). Coordinated regulation of AIB1 transcriptional activity by sumoylation and phosphorylation. *The Journal of Biological Chemistry*, *281*(31), 21848–21856. doi:10.1074/jbc.M603772200

- Wu, R., Dephoure, N., Haas, W., Huttlin, E. L., Zhai, B., Sowa, M. E., & Gygi, S. P. (2011). Correct interpretation of comprehensive phosphorylation dynamics requires normalization by protein expression changes. *Molecular & Cellular Proteomics : MCP*, *10*(8), M111.009654. doi:10.1074/mcp.M111.009654
- Yates, J. R., Ruse, C. I., & Nakorchevsky, A. (2009). Proteomics by mass spectrometry: approaches, advances, and applications. *Annual Review of Biomedical Engineering*, *11*(c), 49–79. doi:10.1146/annurev-bioeng-061008-124934
- Yeo, J.-C., & Ng, H.-H. (2013). The transcriptional regulation of pluripotency. *Cell Research*, *23*(1), 20–32. doi:10.1038/cr.2012.172
- Ying, Q. L., Wray, J., Nichols, J., Batlle-Morera, L., Doble, B., Woodgett, J., ... Smith, A. (2008). The ground state of embryonic stem cell self-renewal. *Nature*, *453*(7194), 519–523. doi:10.1038/nature06968
- Yocum, A. K., Gratsch, T. E., Leff, N., Strahler, J. R., Hunter, C. L., Walker, A. K., ... Andrews, P. C. (2008). Coupled global and targeted proteomics of human embryonic stem cells during induced differentiation. *Molecular & Cellular Proteomics*, *7*(4), 750. doi:10.1074/mcp.M700399-MCP200

ANEXOS

Tabelas de Proteínas Significativas Identificadas por proteômica em larga escala

ANEXO: Tabela 1: Proteínas identificadas por proteômica em larga escala, exclusivas de Tat₄₇₋₅₇, em 3 horas.

| Accession number | Protein | Score | Unique |
|------------------|---|-----------|----------------|
| Q3U804 | Q3U804 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Actb PE 2 SV 1 | 185533,8 | Tat em 3 horas |
| Q3U939 | Q3U939 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Actb PE 2 SV 1 | 185533,8 | Tat em 3 horas |
| Q3UBQ4 | Q3UBQ4 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Actb PE 2 SV 1 | 171805,09 | Tat em 3 horas |
| Q64522 | H2A2B MOUSE Histone H2A type 2 B OS Mus musculus GN Hist2h2ab PE 1 SV 3 | 150247,7 | Tat em 3 horas |
| D3Z6E4 | D3Z6E4 MOUSE Enolase OS Mus musculus GN Eno2 PE 2 SV 1 | 114275,5 | Tat em 3 horas |
| Q61264 | Q61264 MOUSE Skeletal muscle alpha actin mRNA Fragment OS Mus musculus GN Acta1 PE 2 SV 1 | 77939,26 | Tat em 3 horas |
| Q52L87 | Q52L87 MOUSE Tubulin alpha 1C OS Mus musculus GN Tuba1c PE 2 SV 1 | 70402,14 | Tat em 3 horas |
| P47955 | RLA1 MOUSE 60S acidic ribosomal protein P1 OS Mus musculus GN Rplp1 PE 2 SV 1 | 67477,95 | Tat em 3 horas |
| Q3TH56 | Q3TH56 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Hspa8 PE 2 SV 1 | 58778,27 | Tat em 3 horas |
| Q5FW91 | Q5FW91 MOUSE MCG129425 OS Mus musculus GN Tuba3a PE 2 SV 1 | 49951,86 | Tat em 3 horas |
| Q3UAJ1 | Q3UAJ1 MOUSE Peptidyl prolyl cis trans isomerase OS Mus musculus PE 2 SV 1 | 49231,86 | Tat em 3 horas |
| Q5SVY2 | Q5SVY2 MOUSE Peptidyl prolyl cis trans isomerase OS Mus musculus GN Ppia PE 2 SV 1 | 49231,86 | Tat em 3 horas |
| D2KHZ9 | D2KHZ9 MOUSE Glyceraldehyde 3 phosphate dehydrogenase OS Mus musculus GN GAPDH PE 2 SV 1 | 46732,9 | Tat em 3 horas |
| P68373 | TBA1C MOUSE Tubulin alpha 1C chain OS Mus musculus GN Tuba1c PE 1 SV 1 | 46315,86 | Tat em 3 horas |
| A1E281 | A1E281 MOUSE Beta actin Fragment OS Mus musculus GN Actb PE 2 SV 1 | 45693,89 | Tat em 3 horas |
| Q8C2H3 | Q8C2H3 MOUSE Stathmin OS Mus musculus GN Stmn1 PE 2 SV 1 | 42795,77 | Tat em 3 horas |
| Q3UDU4 | Q3UDU4 MOUSE L lactate dehydrogenase OS Mus musculus GN Ldha PE 2 SV 1 | 35428,19 | Tat em 3 horas |
| P58252 | EF2 MOUSE Elongation factor 2 OS Mus musculus GN Eef2 PE 1 SV 2 | 35251,09 | Tat em 3 horas |
| Q3UA81 | Q3UA81 MOUSE Elongation factor 1 alpha OS Mus musculus GN Eef1a1 PE 2 SV 1 | 32380,62 | Tat em 3 horas |
| D3YWI1 | D3YWI1 MOUSE Fructose biphosphate aldolase Fragment OS Mus musculus GN Aldoa PE 2 SV 1 | 29838,19 | Tat em 3 horas |
| Q4VAG4 | Q4VAG4 MOUSE MCG12304 OS Mus musculus GN Rpl22 PE 2 SV 1 | 27615,09 | Tat em 3 horas |
| E9Q0W8 | E9Q0W8 MOUSE Small nuclear ribonucleoprotein E OS Mus musculus GN Snrpe PE 2 SV 1 | 27363,87 | Tat em 3 horas |
| Q3U7V7 | Q3U7V7 MOUSE Profilin OS Mus musculus GN Pfn1 PE 2 SV 1 | 23763,83 | Tat em 3 horas |
| Q3UA13 | Q3UA13 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Eif6 PE 2 SV 1 | 22297,56 | Tat em 3 horas |
| B2CSK2 | B2CSK2 MOUSE Heat shock protein 1 like protein OS Mus musculus PE 3 SV 1 | 20520,29 | Tat em 3 horas |
| O89068 | O89068 MOUSE Ribosomal protein S3 Fragment OS Mus musculus GN Rps3 PE 2 SV 1 | 20111,05 | Tat em 3 horas |
| E9Q450 | E9Q450 MOUSE Tropomyosin alpha 1 chain OS Mus musculus GN Tpm1 PE 2 SV 1 | 17925,49 | Tat em 3 horas |
| Q61509 | Q61509 MOUSE Elongation factor 2 Fragment OS Mus musculus GN Eef2 PE 2 SV 1 | 16934,85 | Tat em 3 horas |
| O35660 | GSTM6 MOUSE Glutathione S transferase Mu 6 OS Mus musculus GN Gstm6 PE 2 SV 3 | 15106,27 | Tat em 3 horas |
| Q9Z2L3 | Q9Z2L3 MOUSE Truncated hsp25 Fragment OS Mus musculus GN Hspb1 PE 2 SV 1 | 15071,26 | Tat em 3 horas |
| P60867 | RS20 MOUSE 40S ribosomal protein S20 OS Mus musculus GN Rps20 PE 2 SV 1 | 14530,41 | Tat em 3 horas |
| Q8BN32 | Q8BN32 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Pabpc1 PE 2 SV 1 | 13178,65 | Tat em 3 horas |
| Q60817 | NACA MOUSE Nascent polypeptide associated complex subunit alpha OS Mus musculus GN Naca PE 1 SV 1 | 12167,82 | Tat em 3 horas |
| P12970 | RL7A MOUSE 60S ribosomal protein L7a OS Mus musculus GN Rpl7a PE 2 SV 2 | 10894,21 | Tat em 3 horas |
| Q58EW0 | Q58EW0 MOUSE 60S ribosomal protein L18 OS Mus musculus GN Rpl18 PE 2 SV 1 | 10729,37 | Tat em 3 horas |
| D3YV43 | D3YV43 MOUSE 40S ribosomal protein S3 OS Mus musculus GN Rps3 PE 2 SV 1 | 10448,84 | Tat em 3 horas |
| D3YZ18 | D3YZ18 MOUSE High mobility group protein B1 Fragment OS Mus musculus GN Hmgb1 PE 2 SV 1 | 10092,33 | Tat em 3 horas |
| H3BLL4 | H3BLL4 MOUSE Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein K OS Mus musculus GN Hnrpk PE 2 SV 1 | 10020,43 | Tat em 3 horas |
| Q3TG17 | Q3TG17 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Hnrpk PE 2 SV 1 | 10020,43 | Tat em 3 horas |
| D3YZS3 | D3YZS3 MOUSE Ubiquitin conjugating enzyme E2 L3 OS Mus musculus GN Ube2l3 PE 2 SV 1 | 9776,38 | Tat em 3 horas |

| | | | |
|--------|--|---------|----------------|
| H3BL49 | H3BL49 MOUSE T complex protein 1 subunit theta OS Mus musculus GN Cct8 PE 2 SV 1 | 9687,07 | Tat em 3 horas |
| Q3UBU0 | Q3UBU0 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Hsp90b1 PE 2 SV 1 | 9567,91 | Tat em 3 horas |
| O08807 | PRDX4 MOUSE Peroxiredoxin 4 OS Mus musculus GN Prdx4 PE 1 SV 1 | 9521,1 | Tat em 3 horas |
| Q3UAD6 | Q3UAD6 MOUSE Heat shock protein 90kDa beta Grp94 member 1 OS Mus musculus GN Hsp90b1 PE 2 SV 1 | 9164,94 | Tat em 3 horas |
| P62242 | RS8 MOUSE 40S ribosomal protein S8 OS Mus musculus GN Rps8 PE 2 SV 2 | 8994,85 | Tat em 3 horas |
| Q9JJZ2 | TBA8 MOUSE Tubulin alpha 8 chain OS Mus musculus GN Tuba8 PE 1 SV 1 | 8818,42 | Tat em 3 horas |
| Q3U7F3 | Q3U7F3 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Hnrnpa1 PE 2 SV 1 | 8438,04 | Tat em 3 horas |
| Q7TPR4 | ACTN1 MOUSE Alpha actinin 1 OS Mus musculus GN Actn1 PE 1 SV 1 | 8426,75 | Tat em 3 horas |
| Q5M9M4 | Q5M9M4 MOUSE Ribosomal protein S15A OS Mus musculus GN Rps15a PE 2 SV 1 | 8262,23 | Tat em 3 horas |
| Q3TJ38 | Q3TJ38 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Hnrnpk PE 2 SV 1 | 7829,47 | Tat em 3 horas |
| Q61344 | Q61344 MOUSE Beta tropomyosin OS Mus musculus GN Tpm2 PE 2 SV 1 | 7821,43 | Tat em 3 horas |
| Q811H6 | Q811H6 MOUSE Hsp90ab1 protein Fragment OS Mus musculus GN Hsp90ab1 PE 2 SV 1 | 7731,69 | Tat em 3 horas |
| Q6PGH2 | HN1L MOUSE Hematological and neurological expressed 1 like protein OS Mus musculus GN Hn1l PE 1 SV 1 | 7302,62 | Tat em 3 horas |
| Q3UJA8 | Q3UJA8 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN P4hb PE 2 SV 1 | 6686,46 | Tat em 3 horas |
| Q9CSM4 | Q9CSM4 MOUSE 60S ribosomal protein L27 Fragment OS Mus musculus PE 2 SV 1 | 6534,25 | Tat em 3 horas |
| D3Z563 | D3Z563 MOUSE Acyl CoA binding protein OS Mus musculus GN Dbi PE 2 SV 1 | 6453,03 | Tat em 3 horas |
| B7FAV1 | B7FAV1 MOUSE Filamin alpha Fragment OS Mus musculus GN Flna PE 4 SV 1 | 6359,43 | Tat em 3 horas |
| Q9D0P6 | Q9D0P6 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus PE 2 SV 1 | 6302,2 | Tat em 3 horas |
| B0LAC5 | B0LAC5 MOUSE 5 aminoimidazole 4 carboxamide ribonucleotide formyltransferase IMP cyclohydrolase Fra | 6261,66 | Tat em 3 horas |
| E9Q452 | E9Q452 MOUSE Tropomyosin alpha 1 chain OS Mus musculus GN Tpm1 PE 2 SV 1 | 5962 | Tat em 3 horas |
| B7FAU9 | B7FAU9 MOUSE Filamin alpha OS Mus musculus GN Flna PE 4 SV 1 | 5778,82 | Tat em 3 horas |
| Q3U8N1 | Q3U8N1 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Sars PE 2 SV 1 | 5735,06 | Tat em 3 horas |
| Q8R081 | HNRPL MOUSE Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein L OS Mus musculus GN Hnrpl PE 1 SV 2 | 5709 | Tat em 3 horas |
| Q4FK74 | Q4FK74 MOUSE ATP synthase H transporting mitochondrial F1 complex delta subunit isoform CRA c O | 5595,37 | Tat em 3 horas |
| D3YW69 | D3YW69 MOUSE Protein Gm7589 OS Mus musculus GN Gm7589 PE 3 SV 1 | 5503,86 | Tat em 3 horas |
| Q5M9K7 | Q5M9K7 MOUSE MCG21688 OS Mus musculus GN Rps10 PE 2 SV 1 | 5469,5 | Tat em 3 horas |
| P70333 | HNRH2 MOUSE Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein H2 OS Mus musculus GN Hnrph2 PE 2 SV 1 | 5405,22 | Tat em 3 horas |
| Q3UC72 | Q3UC72 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Gdi2 PE 2 SV 1 | 5377,78 | Tat em 3 horas |
| B7ZMS4 | B7ZMS4 MOUSE Proteasome subunit alpha type OS Mus musculus GN Psma8 PE 2 SV 1 | 5304,5 | Tat em 3 horas |
| P47962 | RL5 MOUSE 60S ribosomal protein L5 OS Mus musculus GN Rpl5 PE 1 SV 3 | 5190,76 | Tat em 3 horas |
| Q3U850 | Q3U850 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Rpl5 PE 2 SV 1 | 5190,76 | Tat em 3 horas |
| Q8R1N8 | Q8R1N8 MOUSE Eef1g protein OS Mus musculus GN Eef1g PE 2 SV 1 | 5102,12 | Tat em 3 horas |
| P62320 | SMD3 MOUSE Small nuclear ribonucleoprotein Sm D3 OS Mus musculus GN Snrpd3 PE 1 SV 1 | 5086,02 | Tat em 3 horas |
| Q3U6F6 | Q3U6F6 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Sars PE 2 SV 1 | 5037,72 | Tat em 3 horas |
| Q497K3 | Q497K3 MOUSE MCG4969 OS Mus musculus GN Snrpf PE 4 SV 1 | 5028,91 | Tat em 3 horas |
| J3QPH6 | J3QPH6 MOUSE Uncharacterized protein OS Mus musculus GN Gm8775 PE 4 SV 1 | 4932,04 | Tat em 3 horas |
| D3Z6P1 | D3Z6P1 MOUSE Multifunctional protein ADE2 Fragment OS Mus musculus GN Paics PE 2 SV 1 | 4747,21 | Tat em 3 horas |
| Q5M9N9 | Q5M9N9 MOUSE Prdx2 protein OS Mus musculus GN Prdx2 PE 2 SV 1 | 4741,71 | Tat em 3 horas |
| Q3UB90 | Q3UB90 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Rpl3 PE 2 SV 1 | 4613,83 | Tat em 3 horas |
| D6RJ60 | D6RJ60 MOUSE Eukaryotic initiation factor 4A II OS Mus musculus GN Eif4a2 PE 4 SV 1 | 4594,08 | Tat em 3 horas |
| Q5I0U7 | Q5I0U7 MOUSE MCG122050 OS Mus musculus GN Tbca PE 4 SV 1 | 4584,34 | Tat em 3 horas |

| | | | |
|--------|--|---------|----------------|
| P56812 | PDCD5 MOUSE Programmed cell death protein 5 OS Mus musculus GN Pdc5 PE 1 SV 3 | 4521,68 | Tat em 3 horas |
| Q3UL48 | Q3UL48 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Ezr PE 2 SV 1 | 4338,21 | Tat em 3 horas |
| Q3UXR4 | Q3UXR4 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Ezr PE 2 SV 1 | 4338,21 | Tat em 3 horas |
| Q6PHZ1 | Q6PHZ1 MOUSE Rpl17 protein OS Mus musculus GN Rpl17 PE 2 SV 1 | 4273,12 | Tat em 3 horas |
| Q5EBP9 | Q5EBP9 MOUSE Tripartite motif containing 28 OS Mus musculus GN Trim28 PE 2 SV 1 | 4237,61 | Tat em 3 horas |
| Q80ZP8 | Q80ZP8 MOUSE Armet protein OS Mus musculus GN Manf PE 2 SV 1 | 4224,58 | Tat em 3 horas |
| Q58E39 | Q58E39 MOUSE Hnrpa3 protein Fragment OS Mus musculus GN Hnrpa3 PE 2 SV 1 | 4216,24 | Tat em 3 horas |
| Q9D6E6 | Q9D6E6 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Myl12a PE 2 SV 1 | 4163,59 | Tat em 3 horas |
| Q8BSZ8 | Q8BSZ8 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Srm PE 2 SV 1 | 4063,39 | Tat em 3 horas |
| Q05BF3 | Q05BF3 MOUSE Ctsd protein OS Mus musculus GN Ctsd PE 2 SV 1 | 4032,85 | Tat em 3 horas |
| Q3U6E4 | Q3U6E4 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Ptma PE 4 SV 1 | 3881,28 | Tat em 3 horas |
| Q6ZQM2 | Q6ZQM2 MOUSE Peptidyl prolyl cis trans isomerase OS Mus musculus GN Ppib PE 2 SV 1 | 3843,92 | Tat em 3 horas |
| P49717 | MCM4 MOUSE DNA replication licensing factor MCM4 OS Mus musculus GN Mcm4 PE 2 SV 1 | 3706,2 | Tat em 3 horas |
| E9PUM3 | E9PUM3 MOUSE Phosphorylase OS Mus musculus GN Pygm PE 2 SV 1 | 3686,25 | Tat em 3 horas |
| A2A5F5 | A2A5F5 MOUSE Ras related protein Rab 5C Fragment OS Mus musculus GN Rab5c PE 2 SV 1 | 3667,84 | Tat em 3 horas |
| A2AFJ1 | A2AFJ1 MOUSE Histone binding protein RBBP7 OS Mus musculus GN Rbbp7 PE 2 SV 1 | 3626,51 | Tat em 3 horas |
| P49722 | PSA2 MOUSE Proteasome subunit alpha type 2 OS Mus musculus GN Psma2 PE 1 SV 3 | 3332,39 | Tat em 3 horas |
| Q7TPM0 | Q7TPM0 MOUSE Cbx1 protein OS Mus musculus GN Cbx1 PE 2 SV 1 | 3232,04 | Tat em 3 horas |
| D3YUG4 | D3YUG4 MOUSE Acyl protein thioesterase 1 Fragment OS Mus musculus GN Lypla1 PE 2 SV 1 | 3220,62 | Tat em 3 horas |
| S4R1N6 | S4R1N6 MOUSE 40S ribosomal protein S18 OS Mus musculus GN Rps18 PE 3 SV 1 | 3187,18 | Tat em 3 horas |
| F6S2D5 | F6S2D5 MOUSE Peptidyl prolyl cis trans isomerase Fragment OS Mus musculus GN Fkbp4 PE 4 SV 1 | 3155,74 | Tat em 3 horas |
| Q3TCP5 | Q3TCP5 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Ezr PE 2 SV 1 | 3130,97 | Tat em 3 horas |
| Q3UXC8 | Q3UXC8 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Hnrnpd PE 2 SV 1 | 3102,74 | Tat em 3 horas |
| Q543N3 | Q543N3 MOUSE LIM and SH3 protein 1 isoform CRA b OS Mus musculus GN Lasp1 PE 2 SV 1 | 3022,11 | Tat em 3 horas |
| Q3TFK4 | Q3TFK4 MOUSE Annexin OS Mus musculus GN Anxa3 PE 2 SV 1 | 2993,56 | Tat em 3 horas |
| Q3UNQ0 | Q3UNQ0 MOUSE Adenylyl cyclase associated protein OS Mus musculus GN Cap1 PE 2 SV 1 | 2956,43 | Tat em 3 horas |
| Q3U9J7 | Q3U9J7 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Aldh2 PE 2 SV 1 | 2949,12 | Tat em 3 horas |
| P61759 | PFD3 MOUSE Prefoldin subunit 3 OS Mus musculus GN Vbp1 PE 2 SV 2 | 2905,43 | Tat em 3 horas |
| Q3TXR5 | Q3TXR5 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus PE 2 SV 1 | 2888,56 | Tat em 3 horas |
| Q545S4 | Q545S4 MOUSE Stathmin OS Mus musculus GN Strn2 PE 2 SV 1 | 2777,61 | Tat em 3 horas |
| B9EIA2 | B9EIA2 MOUSE DNA segment Chr 1 Pasteur Institute 1 OS Mus musculus GN D1Pas1 PE 2 SV 1 | 2753,93 | Tat em 3 horas |
| G3X9I4 | G3X9I4 MOUSE Aly REF export factor 2 OS Mus musculus GN Alyref2 PE 4 SV 1 | 2697,75 | Tat em 3 horas |
| Q7TSG6 | Q7TSG6 MOUSE Radixin OS Mus musculus GN Rdx PE 2 SV 1 | 2657,11 | Tat em 3 horas |
| Q5BLK1 | Q5BLK1 MOUSE 40S ribosomal protein S6 OS Mus musculus GN Rps6 PE 2 SV 1 | 2652,26 | Tat em 3 horas |
| Q9D1G1 | RAB1B MOUSE Ras related protein Rab 1B OS Mus musculus GN Rab1b PE 1 SV 1 | 2647,26 | Tat em 3 horas |
| Q8CD20 | Q8CD20 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Csnk2a1 PE 2 SV 1 | 2583,48 | Tat em 3 horas |
| Q8CI43 | MYL6B MOUSE Myosin light chain 6B OS Mus musculus GN Myl6b PE 2 SV 1 | 2528,6 | Tat em 3 horas |
| E9Q4Q2 | E9Q4Q2 MOUSE Splicing factor 1 OS Mus musculus GN Sf1 PE 2 SV 1 | 2481,27 | Tat em 3 horas |
| Q3V3C2 | Q3V3C2 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Rab1b PE 2 SV 1 | 2481,2 | Tat em 3 horas |
| E0CZ34 | E0CZ34 MOUSE Proteasome subunit alpha type 3 OS Mus musculus GN Psma3 PE 2 SV 1 | 2451,75 | Tat em 3 horas |
| Q3U7P4 | Q3U7P4 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Hn1l PE 2 SV 1 | 2437,77 | Tat em 3 horas |
| D3YV69 | D3YV69 MOUSE Ras related protein Rab 6A OS Mus musculus GN Rab6a PE 2 SV 1 | 2433,47 | Tat em 3 horas |
| P42208 | SEPT2 MOUSE Septin 2 OS Mus musculus GN Sept2 PE 1 SV 2 | 2422,89 | Tat em 3 horas |

| | | | |
|--------|---|---------|----------------|
| Q80Y14 | GLRX5 MOUSE Glutaredoxin related protein 5 mitochondrial OS Mus musculus GN Glrx5 PE 2 SV 2 | 2406,9 | Tat em 3 horas |
| Q3UQN3 | Q3UQN3 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Rad23b PE 2 SV 1 | 2394,17 | Tat em 3 horas |
| Q3TF69 | Q3TF69 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Pcbp2 PE 2 SV 1 | 2330,24 | Tat em 3 horas |
| D3Z0L8 | D3Z0L8 MOUSE Alpha actinin 4 Fragment OS Mus musculus GN Actn4 PE 2 SV 1 | 2324,5 | Tat em 3 horas |
| B8JJK2 | B8JJK2 MOUSE Ribosomal protein L15 Fragment OS Mus musculus GN Rpl15 PE 2 SV 1 | 2315,34 | Tat em 3 horas |
| Q3TZ17 | Q3TZ17 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Pdim1 PE 2 SV 1 | 2227 | Tat em 3 horas |
| B7ZN27 | B7ZN27 MOUSE Cad protein OS Mus musculus GN Cad PE 2 SV 1 | 2224,96 | Tat em 3 horas |
| D6RDB7 | D6RDB7 MOUSE Splicing factor 1 OS Mus musculus GN Sf1 PE 2 SV 1 | 2213,4 | Tat em 3 horas |
| P62838 | UB2D2 MOUSE Ubiquitin conjugating enzyme E2 D2 OS Mus musculus GN Ube2d2 PE 1 SV 1 | 2187,88 | Tat em 3 horas |
| E9Q6E5 | E9Q6E5 MOUSE Protein Srsf11 OS Mus musculus GN Srsf11 PE 2 SV 1 | 2065,23 | Tat em 3 horas |
| F6X8L5 | F6X8L5 MOUSE 6 phosphogluconolactonase Fragment OS Mus musculus GN Pgls PE 4 SV 1 | 2032,86 | Tat em 3 horas |
| Q7TMH7 | Q7TMH7 MOUSE Sfpq protein Fragment OS Mus musculus GN Sfpq PE 2 SV 1 | 2017,45 | Tat em 3 horas |
| H3BL56 | H3BL56 MOUSE Rho related GTP binding protein RhoC OS Mus musculus GN Rhoc PE 2 SV 1 | 1993,51 | Tat em 3 horas |
| Q3TQW3 | Q3TQW3 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Ptbp1 PE 2 SV 1 | 1952,19 | Tat em 3 horas |
| E9Q5A0 | E9Q5A0 MOUSE 60S ribosomal protein L13a OS Mus musculus GN Rpl13a PE 2 SV 1 | 1866,26 | Tat em 3 horas |
| Q3UPK6 | Q3UPK6 MOUSE Proteasome subunit alpha type OS Mus musculus GN Psma5 PE 2 SV 1 | 1862,51 | Tat em 3 horas |
| G3UYI4 | G3UYI4 MOUSE 26S proteasome non ATPase regulatory subunit 11 OS Mus musculus GN Psm11 PE 2 SV 1 | 1816,88 | Tat em 3 horas |
| P63001 | RAC1 MOUSE Ras related C3 botulinum toxin substrate 1 OS Mus musculus GN Rac1 PE 1 SV 1 | 1795,18 | Tat em 3 horas |
| K9JA74 | K9JA74 MOUSE Glutathione S transferase pi 2 Fragment OS Mus musculus GN Gstp2 PE 2 SV 1 | 1768,48 | Tat em 3 horas |
| Q3TWW8 | Q3TWW8 MOUSE Protein Srsf6 OS Mus musculus GN Srsf6 PE 2 SV 1 | 1656,73 | Tat em 3 horas |
| Q3UB36 | Q3UB36 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus PE 2 SV 1 | 1656,26 | Tat em 3 horas |
| Q3TQZ4 | Q3TQZ4 MOUSE Protein Gm2016 OS Mus musculus GN Gm2016 PE 2 SV 1 | 1643,47 | Tat em 3 horas |
| Q545N1 | Q545N1 MOUSE C184S protein OS Mus musculus GN Ssca1 PE 2 SV 1 | 1614,6 | Tat em 3 horas |
| P47754 | CAZA2 MOUSE F actin capping protein subunit alpha 2 OS Mus musculus GN Capza2 PE 1 SV 3 | 1607,17 | Tat em 3 horas |
| Q60872 | IF1A MOUSE Eukaryotic translation initiation factor 1A OS Mus musculus GN Eif1a PE 2 SV 3 | 1604,54 | Tat em 3 horas |
| Q3TE29 | Q3TE29 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Gm11545 PE 2 SV 1 | 1602,61 | Tat em 3 horas |
| Q8BNU7 | Q8BNU7 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Nedd4 PE 2 SV 2 | 1596,3 | Tat em 3 horas |
| Q5M9J8 | Q5M9J8 MOUSE MCG13936 OS Mus musculus GN Rpl28 PE 2 SV 1 | 1595,84 | Tat em 3 horas |
| D3Z5B1 | D3Z5B1 MOUSE Protein 2410018M08Rik Fragment OS Mus musculus GN 2410018M08Rik PE 2 SV 1 | 1592,85 | Tat em 3 horas |
| A6X925 | A6X925 MOUSE Ubiquitin conjugating enzyme E2 variant 2 OS Mus musculus GN Ube2v2 PE 4 SV 1 | 1566,18 | Tat em 3 horas |
| E0CY88 | E0CY88 MOUSE Cytochrome b5 OS Mus musculus GN Cyb5 PE 2 SV 1 | 1540,55 | Tat em 3 horas |
| Q8C292 | Q8C292 MOUSE Lysine tRNA ligase OS Mus musculus GN Kars PE 2 SV 1 | 1525,81 | Tat em 3 horas |
| Q3V2B9 | Q3V2B9 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Gm10653 PE 2 SV 1 | 1524,18 | Tat em 3 horas |
| Q504M8 | RAB26 MOUSE Ras related protein Rab 26 OS Mus musculus GN Rab26 PE 1 SV 1 | 1511,68 | Tat em 3 horas |
| Q3TI05 | Q3TI05 MOUSE Chaperonin containing Tcp1 subunit 6a Zeta OS Mus musculus GN Cct6a PE 2 SV 1 | 1484,79 | Tat em 3 horas |
| Q3TW97 | Q3TW97 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Cct6a PE 2 SV 1 | 1484,79 | Tat em 3 horas |
| J3QNN8 | J3QNN8 MOUSE MCG49140 OS Mus musculus GN Gm10263 PE 4 SV 1 | 1481,37 | Tat em 3 horas |
| S4R281 | S4R281 MOUSE 60S ribosomal protein L13a OS Mus musculus GN Rpl13a PE 3 SV 1 | 1475,29 | Tat em 3 horas |
| Q3TFA5 | Q3TFA5 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Psmc4 PE 2 SV 1 | 1473,02 | Tat em 3 horas |
| Q3TZI5 | Q3TZI5 MOUSE MutS homolog 2 E coli OS Mus musculus GN Msh2 PE 2 SV 1 | 1454,08 | Tat em 3 horas |
| Q3TI62 | Q3TI62 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Cct6a PE 2 SV 1 | 1418,12 | Tat em 3 horas |

| | | | |
|--------|---|---------|----------------|
| P28862 | MMP3 MOUSE Stromelysin 1 OS Mus musculus GN Mmp3 PE 2 SV 2 | 1410,96 | Tat em 3 horas |
| Q3TUZ1 | Q3TUZ1 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Aimp1 PE 2 SV 1 | 1402,17 | Tat em 3 horas |
| Q3UNF2 | Q3UNF2 MOUSE Serine threonine protein phosphatase OS Mus musculus GN Ppp4c PE 2 SV 1 | 1397,81 | Tat em 3 horas |
| Q6GXA4 | Q6GXA4 MOUSE Matrix metalloproteinase 3 Fragment OS Mus musculus GN Mmp3 PE 2 SV 1 | 1392,49 | Tat em 3 horas |
| Q9D115 | ZN706 MOUSE Zinc finger protein 706 OS Mus musculus GN Znf706 PE 2 SV 1 | 1389,38 | Tat em 3 horas |
| Q3UEK9 | Q3UEK9 MOUSE Alpha 2 HS glycoprotein isoform CRA a OS Mus musculus GN Ahsg PE 2 SV 1 | 1361,09 | Tat em 3 horas |
| Q3UMT8 | Q3UMT8 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Hnrnp1 PE 2 SV 1 | 1345,79 | Tat em 3 horas |
| Q3UZH2 | Q3UZH2 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Mcm3 PE 2 SV 1 | 1318,44 | Tat em 3 horas |
| Q3U367 | Q3U367 MOUSE 4 trimethylaminobutyraldehyde dehydrogenase OS Mus musculus GN Aldh9a1 PE 2 SV 1 | 1317,19 | Tat em 3 horas |
| P09671 | SODM MOUSE Superoxide dismutase Mn mitochondrial OS Mus musculus GN Sod2 PE 1 SV 3 | 1315,53 | Tat em 3 horas |
| Q8VDK8 | Q8VDK8 MOUSE Xpnpep1 protein Fragment OS Mus musculus GN Xpnpep1 PE 2 SV 1 | 1296,69 | Tat em 3 horas |
| Q9CX58 | Q9CX58 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Prmt1 PE 2 SV 1 | 1291,61 | Tat em 3 horas |
| B1ARC0 | B1ARC0 MOUSE Probable ATP dependent RNA helicase DDX5 Fragment OS Mus musculus GN Ddx5 PE 2 SV 1 | 1287,9 | Tat em 3 horas |
| G3UY77 | G3UY77 MOUSE Mitochondrial import receptor subunit TOM40 homolog Fragment OS Mus musculus GN Tomm4 | 1284,4 | Tat em 3 horas |
| G3BKD4 | G3BKD4 MOUSE C terminal binding protein 2 Fragment OS Mus musculus domesticus GN Ctbp2 PE 4 SV 1 | 1275,58 | Tat em 3 horas |
| Q5M8M3 | Q5M8M3 MOUSE Uncharacterized protein OS Mus musculus GN Trmt112 PE 2 SV 1 | 1268,18 | Tat em 3 horas |
| F6SAC3 | F6SAC3 MOUSE Glucose 6 phosphate isomerase OS Mus musculus GN Gm1840 PE 3 SV 1 | 1258,38 | Tat em 3 horas |
| Q8BTY5 | Q8BTY5 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Psmb5 PE 2 SV 1 | 1255,48 | Tat em 3 horas |
| Q3TI34 | Q3TI34 MOUSE Glutathione peroxidase OS Mus musculus GN Gpx4 PE 2 SV 2 | 1235,16 | Tat em 3 horas |
| Q8C2T3 | Q8C2T3 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Ptma PE 2 SV 1 | 1218,62 | Tat em 3 horas |
| P50446 | K2C6A MOUSE Keratin type II cytoskeletal 6A OS Mus musculus GN Krt6a PE 2 SV 3 | 1217,34 | Tat em 3 horas |
| Q9D358 | PPAC MOUSE Low molecular weight phosphotyrosine protein phosphatase OS Mus musculus GN Acp1 PE 1 SV | 1213,43 | Tat em 3 horas |
| D3Z761 | D3Z761 MOUSE Alpha actinin 4 Fragment OS Mus musculus GN Actn4 PE 2 SV 1 | 1209,15 | Tat em 3 horas |
| P45878 | FKBP2 MOUSE Peptidyl prolyl cis trans isomerase FKBP2 OS Mus musculus GN Fkbp2 PE 1 SV 1 | 1208,72 | Tat em 3 horas |
| Q9D2M8 | UB2V2 MOUSE Ubiquitin conjugating enzyme E2 variant 2 OS Mus musculus GN Ube2v2 PE 2 SV 4 | 1207,1 | Tat em 3 horas |
| P23198 | CBX3 MOUSE Chromobox protein homolog 3 OS Mus musculus GN Cbx3 PE 1 SV 2 | 1193,9 | Tat em 3 horas |
| Q3U890 | Q3U890 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Hars PE 2 SV 1 | 1191,01 | Tat em 3 horas |
| Q3TI27 | Q3TI27 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Prps1 PE 2 SV 1 | 1168,51 | Tat em 3 horas |
| Q3UDK4 | Q3UDK4 MOUSE Annexin OS Mus musculus GN Anxa6 PE 2 SV 1 | 1162,99 | Tat em 3 horas |
| D6RJ59 | D6RJ59 MOUSE XK related protein 5 OS Mus musculus GN Xkr5 PE 2 SV 1 | 1155,4 | Tat em 3 horas |
| E9Q0X0 | E9Q0X0 MOUSE Proteasome subunit alpha type Fragment OS Mus musculus GN Psma4 PE 2 SV 1 | 1151,44 | Tat em 3 horas |
| O35658 | C1QBP MOUSE Complement component 1 Q subcomponent binding protein mitochondrial OS Mus musculus GN | 1140,6 | Tat em 3 horas |
| Q3TK73 | Q3TK73 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Rpl7 PE 2 SV 1 | 1127,8 | Tat em 3 horas |
| Q3TBM6 | Q3TBM6 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Cct3 PE 2 SV 1 | 1110,93 | Tat em 3 horas |
| D3YVJ7 | D3YVJ7 MOUSE Aldose reductase Fragment OS Mus musculus GN Ak1b3 PE 2 SV 1 | 1107,58 | Tat em 3 horas |
| Q544R1 | Q544R1 MOUSE Proline synthetase co transcribed OS Mus musculus GN Prosc PE 2 SV 1 | 1090,53 | Tat em 3 horas |
| Q3UDG0 | Q3UDG0 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Aldh9a1 PE 2 SV 1 | 1088,82 | Tat em 3 horas |
| D3Z4X1 | D3Z4X1 MOUSE 6 phosphogluconolactonase OS Mus musculus GN Pgls PE 4 SV 1 | 1068,61 | Tat em 3 horas |
| P67871 | CSK2B MOUSE Casein kinase II subunit beta OS Mus musculus GN Csnk2b PE 1 SV 1 | 1065,14 | Tat em 3 horas |

| | | | |
|--------|--|---------|----------------|
| Q4FJZ6 | Q4FJZ6 MOUSE Gclm protein OS Mus musculus GN Gclm PE 2 SV 1 | 1053 | Tat em 3 horas |
| Q5SS00 | ZDBF2 MOUSE DBF4 type zinc finger containing protein 2 homolog OS Mus musculus GN Zdbf2 PE 2 SV 1 | 1051,22 | Tat em 3 horas |
| Q80ZV3 | Q80ZV3 MOUSE Proline synthase co transcribed bacterial homolog protein OS Mus musculus GN Prosc PE 2 | 1048,13 | Tat em 3 horas |
| Q497N3 | Q497N3 MOUSE Ybx2 protein OS Mus musculus GN Ybx2 PE 2 SV 1 | 1044 | Tat em 3 horas |
| P70372 | ELAV1 MOUSE ELAV like protein 1 OS Mus musculus GN Elav1 PE 1 SV 2 | 1037,59 | Tat em 3 horas |
| Q8BM84 | Q8BM84 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Elav1 PE 2 SV 1 | 1037,59 | Tat em 3 horas |
| E9Q0S7 | E9Q0S7 MOUSE Transcription factor Sp1 Fragment OS Mus musculus GN Sp1 PE 4 SV 1 | 1033,5 | Tat em 3 horas |
| H3BKG7 | H3BKG7 MOUSE Fumarate hydratase mitochondrial Fragment OS Mus musculus GN Fh1 PE 4 SV 1 | 1023,12 | Tat em 3 horas |
| Q3TW71 | Q3TW71 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Psm2 PE 2 SV 1 | 1017,81 | Tat em 3 horas |
| B1AU71 | B1AU71 MOUSE DBF4 type zinc finger containing protein 2 homolog Fragment OS Mus musculus GN Zdbf2 | 1015,62 | Tat em 3 horas |
| Q3V214 | Q3V214 MOUSE MCG13422 isoform CRA a OS Mus musculus GN Polr2e PE 2 SV 1 | 1012 | Tat em 3 horas |
| E9Q7D8 | E9Q7D8 MOUSE Poly rC binding protein 3 OS Mus musculus GN Pcbp3 PE 2 SV 1 | 999,06 | Tat em 3 horas |
| Q91YC8 | Q91YC8 MOUSE Damaged DNA recognition protein 1 OS Mus musculus GN Ddb1 PE 2 SV 1 | 991,46 | Tat em 3 horas |
| B1AT83 | B1AT83 MOUSE Phosphoribosyl pyrophosphate synthase associated protein 1 Fragment OS Mus musculus G | 987,32 | Tat em 3 horas |
| Q3UXS6 | Q3UXS6 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Rps15 PE 2 SV 1 | 983,63 | Tat em 3 horas |
| Q3T9Y8 | Q3T9Y8 MOUSE Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit I OS Mus musculus GN Eif3i PE 2 SV 1 | 982,99 | Tat em 3 horas |
| Q3TJW4 | Q3TJW4 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Actr3 PE 2 SV 1 | 972,14 | Tat em 3 horas |
| Q3TFQ8 | Q3TFQ8 MOUSE Phosphorylase OS Mus musculus GN Pygb PE 2 SV 1 | 963,68 | Tat em 3 horas |
| Q544R5 | Q544R5 MOUSE MCG16669 isoform CRA b OS Mus musculus GN Tardbp PE 2 SV 1 | 960,06 | Tat em 3 horas |
| Q5RKN9 | Q5RKN9 MOUSE Capping protein Actin filament muscle Z line alpha 1 OS Mus musculus GN Capza1 PE 2 | 960,02 | Tat em 3 horas |
| E9Q8G8 | E9Q8G8 MOUSE Protein disulfide isomerase OS Mus musculus GN P4hb PE 2 SV 1 | 931,73 | Tat em 3 horas |
| Q3U3I6 | Q3U3I6 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus PE 2 SV 1 | 931,32 | Tat em 3 horas |
| Q9Z2W0 | DNPEP MOUSE Aspartyl aminopeptidase OS Mus musculus GN Dnpep PE 2 SV 2 | 931,32 | Tat em 3 horas |
| F6TC98 | F6TC98 MOUSE Serine threonine protein kinase LMTK3 Fragment OS Mus musculus GN Lmtk3 PE 2 SV 1 | 929,46 | Tat em 3 horas |
| Q8K335 | Q8K335 MOUSE Glutamate rich WD repeat containing 1 OS Mus musculus GN Grwd1 PE 2 SV 1 | 923,32 | Tat em 3 horas |
| J3JS91 | J3JS91 MOUSE Filamin alpha Fragment OS Mus musculus GN Flna PE 4 SV 1 | 918,26 | Tat em 3 horas |
| Q3I8K6 | Q3I8K6 MONPV Uncharacterized protein OS Monkeypox virus GN MPXV DRC Yandongi 159 PE 4 SV 1 | 916,81 | Tat em 3 horas |
| Q3U955 | Q3U955 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Tmpo PE 2 SV 1 | 905,43 | Tat em 3 horas |
| Q3UVJ2 | Q3UVJ2 MOUSE Adenylyl cyclase associated protein OS Mus musculus GN Cap1 PE 2 SV 1 | 904,32 | Tat em 3 horas |
| P26516 | PSMD7 MOUSE 26S proteasome non ATPase regulatory subunit 7 OS Mus musculus GN Psm2 PE 1 SV 2 | 901,14 | Tat em 3 horas |
| Q9CR41 | HYPK MOUSE Huntingtin interacting protein K OS Mus musculus GN Hypk PE 2 SV 2 | 894,58 | Tat em 3 horas |
| Q3U0J1 | Q3U0J1 MOUSE Peptidyl prolyl cis trans isomerase OS Mus musculus GN Ppil1 PE 2 SV 1 | 886,24 | Tat em 3 horas |
| Q3TZ32 | Q3TZ32 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Aars PE 2 SV 1 | 874,42 | Tat em 3 horas |
| D3Z4X5 | D3Z4X5 MOUSE Transcription initiation factor TFIID subunit 6 Fragment OS Mus musculus GN Taf6 PE 2 | 835,76 | Tat em 3 horas |
| Q80X87 | Q80X87 MOUSE Glia maturation factor beta OS Mus musculus GN Gmfb PE 2 SV 1 | 829,32 | Tat em 3 horas |
| Q3TM68 | Q3TM68 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Parp1 PE 2 SV 1 | 826,09 | Tat em 3 horas |
| Q3TJG6 | Q3TJG6 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus PE 2 SV 1 | 816,3 | Tat em 3 horas |
| Q9R0Q7 | TEBP MOUSE Prostaglandin E synthase 3 OS Mus musculus GN Ptges3 PE 1 SV 1 | 816,3 | Tat em 3 horas |
| Q810V5 | Q810V5 MOUSE Sfpq protein Fragment OS Mus musculus GN Sfpq PE 2 SV 1 | 809,43 | Tat em 3 horas |
| Q923D2 | BLVRB MOUSE Flavin reductase NADPH OS Mus musculus GN Blvr PE 2 SV 3 | 800,39 | Tat em 3 horas |

| | | | |
|--------|--|--------|----------------|
| G3UXX3 | G3UXX3 MOUSE Sepiapterin reductase OS Mus musculus GN Spr PE 2 SV 1 | 786,98 | Tat em 3 horas |
| Q3UA53 | Q3UA53 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Ppa1 PE 2 SV 1 | 786,31 | Tat em 3 horas |
| A2A7Z4 | A2A7Z4 MOUSE Basic transcription factor 3 like 4 OS Mus musculus GN Btf3l4 PE 2 SV 1 | 767,54 | Tat em 3 horas |
| P70435 | P70435 MOUSE Brain beta spectrin Fragment OS Mus musculus GN Sptbn1 PE 2 SV 1 | 762,67 | Tat em 3 horas |
| I7HPY0 | I7HPY0 MOUSE SH3 domain binding glutamic acid rich like protein 3 OS Mus musculus GN Sh3bgrl3 PE 2 S | 759,42 | Tat em 3 horas |
| Q9DBG5 | PLIN3 MOUSE Perilipin 3 OS Mus musculus GN Plin3 PE 1 SV 1 | 758,04 | Tat em 3 horas |
| Q3UJ44 | Q3UJ44 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Capg PE 2 SV 1 | 754,28 | Tat em 3 horas |
| Q9D6P8 | CALL3 MOUSE Calmodulin like protein 3 OS Mus musculus GN Calml3 PE 2 SV 1 | 748,08 | Tat em 3 horas |
| Q6NZB8 | Q6NZB8 MOUSE Polypyrimidine tract binding protein 1 OS Mus musculus GN Ptbp1 PE 2 SV 1 | 743,16 | Tat em 3 horas |
| Q64369 | Q64369 MOUSE Y box binding protein Fragment OS Mus musculus GN Igf2bp3 PE 2 SV 1 | 740,75 | Tat em 3 horas |
| E9Q039 | E9Q039 MOUSE Puromycin sensitive aminopeptidase OS Mus musculus GN Npepps PE 2 SV 1 | 740,65 | Tat em 3 horas |
| Q9CTT4 | Q9CTT4 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Ndufs4 PE 2 SV 3 | 739,98 | Tat em 3 horas |
| D3Z0R5 | D3Z0R5 MOUSE Glucosamine 6 phosphate isomerase 1 Fragment OS Mus musculus GN Gnpda1 PE 2 SV 1 | 732,05 | Tat em 3 horas |
| Q9CWQ9 | Q9CWQ9 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Cad PE 2 SV 2 | 723,37 | Tat em 3 horas |
| Q3THM1 | Q3THM1 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Uqcr1 PE 2 SV 1 | 722,61 | Tat em 3 horas |
| Q9JJD8 | Q9JJD8 MOUSE Brain cDNA clone MNCb 1272 similar to Mus musculus chaperonin subunit 2 beta Cct2 | 720,3 | Tat em 3 horas |
| Q91WJ8 | FUBP1 MOUSE Far upstream element binding protein 1 OS Mus musculus GN Fubp1 PE 1 SV 1 | 702,63 | Tat em 3 horas |
| D3Z055 | D3Z055 MOUSE Polyadenylate binding protein 2 OS Mus musculus GN Pabpn1 PE 4 SV 1 | 693,58 | Tat em 3 horas |
| Q3TJA2 | Q3TJA2 MOUSE Superoxide dismutase OS Mus musculus GN Sod2 PE 2 SV 1 | 691,86 | Tat em 3 horas |
| Q3TKV1 | Q3TKV1 MOUSE MCG129789 isoform CRA b OS Mus musculus GN Psm2 PE 2 SV 1 | 691,13 | Tat em 3 horas |
| Q8C1K1 | Q8C1K1 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Kcne1l PE 2 SV 1 | 683,84 | Tat em 3 horas |
| P97315 | CSRP1 MOUSE Cysteine and glycine rich protein 1 OS Mus musculus GN Csrp1 PE 1 SV 3 | 682,84 | Tat em 3 horas |
| Q4FJX4 | Q4FJX4 MOUSE Csrp1 protein OS Mus musculus GN Csrp1 PE 2 SV 1 | 682,84 | Tat em 3 horas |
| Q3UVY8 | Q3UVY8 MOUSE Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit F OS Mus musculus GN Eif3f PE 2 SV 1 | 681,08 | Tat em 3 horas |
| Q3V335 | Q3V335 MOUSE Neural cell expressed developmentally down regulated gene 4 isoform CRA c OS Mus muscu | 677,9 | Tat em 3 horas |
| F6VNW5 | F6VNW5 MOUSE Glutamate cysteine ligase regulatory subunit Fragment OS Mus musculus GN Gclm PE 2 S | 669,61 | Tat em 3 horas |
| Q3TIE4 | Q3TIE4 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Ddx39 PE 2 SV 1 | 659,88 | Tat em 3 horas |
| E9Q555 | RN213 MOUSE E3 ubiquitin protein ligase RNF213 OS Mus musculus GN Rnf213 PE 2 SV 1 | 648,36 | Tat em 3 horas |
| D3Z121 | D3Z121 MOUSE Glutamine synthetase Fragment OS Mus musculus GN Glul PE 2 SV 1 | 648,13 | Tat em 3 horas |
| Q3TFC2 | Q3TFC2 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Nono PE 2 SV 1 | 640,83 | Tat em 3 horas |
| A2ADR8 | A2ADR8 MOUSE Nuclear inhibitor of protein phosphatase 1 OS Mus musculus GN Ppp1r8 PE 2 SV 1 | 638,95 | Tat em 3 horas |
| P29758 | OAT MOUSE Ornithine aminotransferase mitochondrial OS Mus musculus GN Oat PE 1 SV 1 | 632,68 | Tat em 3 horas |
| Q3TG75 | Q3TG75 MOUSE Ornithine aminotransferase isoform CRA b OS Mus musculus GN Oat PE 2 SV 1 | 632,68 | Tat em 3 horas |
| Q6PHQ9 | Q6PHQ9 MOUSE MCG5546 isoform CRA c OS Mus musculus GN Pabpc4 PE 2 SV 1 | 626,67 | Tat em 3 horas |
| Q9CZ18 | Q9CZ18 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Gdi2 PE 2 SV 1 | 619,97 | Tat em 3 horas |
| Q14BM8 | Q14BM8 MOUSE Protocadherin beta 16 OS Mus musculus GN Pcdhb16 PE 2 SV 1 | 616,1 | Tat em 3 horas |
| F6Q3K8 | F6Q3K8 MOUSE Mannose 6 phosphate isomerase Fragment OS Mus musculus GN Mpi PE 3 SV 1 | 609,14 | Tat em 3 horas |
| J3KMK7 | J3KMK7 MOUSE Protein Gm10097 OS Mus musculus GN Gm10097 PE 4 SV 1 | 607,16 | Tat em 3 horas |
| Q91W10 | S39A8 MOUSE Zinc transporter ZIP8 OS Mus musculus GN Slc39a8 PE 2 SV 1 | 603,6 | Tat em 3 horas |
| P32233 | DRG1 MOUSE Developmentally regulated GTP binding protein 1 OS Mus musculus GN Drg1 PE 1 SV 1 | 600,61 | Tat em 3 horas |

| | | | |
|--------|---|--------|----------------|
| Q05A80 | CAPR2 MOUSE Caprin 2 OS Mus musculus GN Caprin2 PE 1 SV 1 | 600,18 | Tat em 3 horas |
| Q0P6A6 | Q0P6A6 MOUSE Caprin2 protein OS Mus musculus GN Caprin2 PE 2 SV 1 | 596,33 | Tat em 3 horas |
| F6QRE9 | F6QRE9 MOUSE Protein BC007180 Fragment OS Mus musculus GN BC007180 PE 4 SV 2 | 595,96 | Tat em 3 horas |
| G0XVV9 | G0XVV9 COWPX Putative membrane protein OS Cowpox virus GN CPXV GER1998 2 097 PE 4 SV 1 | 594,85 | Tat em 3 horas |
| A6PW84 | A6PW84 MOUSE Proyl 3 hydroxylase 1 OS Mus musculus GN Lepre1 PE 2 SV 1 | 594,28 | Tat em 3 horas |
| M0QWP5 | M0QWP5 MOUSE Protein Zfp493 OS Mus musculus GN Zfp493 PE 2 SV 1 | 592,02 | Tat em 3 horas |
| Q3U0H2 | Q3U0H2 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Cltc PE 2 SV 1 | 591,31 | Tat em 3 horas |
| Q3UJJ8 | Q3UJJ8 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Rdx PE 2 SV 1 | 585,84 | Tat em 3 horas |
| F6T4M4 | F6T4M4 MOUSE Serine arginine repetitive matrix protein 1 Fragment OS Mus musculus GN Srrm1 PE 2 SV | 585,09 | Tat em 3 horas |
| O09172 | GSH0 MOUSE Glutamate cysteine ligase regulatory subunit OS Mus musculus GN Gclm PE 2 SV 1 | 584,11 | Tat em 3 horas |
| Q8BGY2 | IF5A2 MOUSE Eukaryotic translation initiation factor 5A 2 OS Mus musculus GN Eif5a2 PE 2 SV 3 | 564,51 | Tat em 3 horas |
| Q3TLJ0 | Q3TLJ0 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Capza1 PE 2 SV 1 | 564,25 | Tat em 3 horas |
| Q9DCC4 | P5CR3 MOUSE Pyrroline 5 carboxylate reductase 3 OS Mus musculus GN Pycrl PE 2 SV 2 | 559,45 | Tat em 3 horas |
| D3YUB9 | D3YUB9 MOUSE Polyadenylate binding protein 2 Fragment OS Mus musculus GN Pabpn1 PE 2 SV 2 | 559,41 | Tat em 3 horas |
| Q8BX70 | VP13C MOUSE Vacuolar protein sorting associated protein 13C OS Mus musculus GN Vps13c PE 1 SV 2 | 554,4 | Tat em 3 horas |
| Q69ZG7 | Q69ZG7 MOUSE MKIAA1554 protein Fragment OS Mus musculus GN mKIAA1554 PE 4 SV 1 | 553,63 | Tat em 3 horas |
| Q8BSL7 | ARF2 MOUSE ADP ribosylation factor 2 OS Mus musculus GN Arf2 PE 1 SV 2 | 550,89 | Tat em 3 horas |
| Q6ZPT2 | Q6ZPT2 MOUSE MKIAA1352 protein Fragment OS Mus musculus GN Lars PE 2 SV 1 | 547,44 | Tat em 3 horas |
| Q922J8 | Q922J8 MOUSE BC007180 protein Fragment OS Mus musculus GN BC007180 PE 2 SV 1 | 547,44 | Tat em 3 horas |
| Q91VW5 | GOGA4 MOUSE Golgin subfamily A member 4 OS Mus musculus GN Golga4 PE 1 SV 2 | 547,4 | Tat em 3 horas |
| Q497E8 | Q497E8 MOUSE Proteasome Prosome macropain 26S subunit non ATPase 11 OS Mus musculus GN Psm11 P | 541,56 | Tat em 3 horas |
| Q7TPD9 | Q7TPD9 MOUSE Arpc4 protein OS Mus musculus GN Arpc4 PE 2 SV 1 | 538,31 | Tat em 3 horas |
| E0CXK0 | E0CXK0 MOUSE Inosine 5 monophosphate dehydrogenase 1 Fragment OS Mus musculus GN Impdh1 PE 2 SV 1 | 535,22 | Tat em 3 horas |
| P48725 | PCNT MOUSE Pericentrin OS Mus musculus GN Pcnt PE 1 SV 2 | 532,04 | Tat em 3 horas |
| E9Q0U1 | E9Q0U1 MOUSE 26S proteasome non ATPase regulatory subunit 13 OS Mus musculus GN Psm13 PE 2 SV 1 | 528,9 | Tat em 3 horas |
| Q5DTT3 | F208B MOUSE Protein FAM208B OS Mus musculus GN Fam208b PE 2 SV 2 | 525,81 | Tat em 3 horas |
| Q8C8U3 | Q8C8U3 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Zfp259 PE 2 SV 1 | 523,54 | Tat em 3 horas |
| Q58EV4 | Q58EV4 MOUSE Proteasome subunit alpha type OS Mus musculus GN Psma3 PE 2 SV 1 | 522,71 | Tat em 3 horas |
| Q0VEC6 | Q0VEC6 MOUSE Rnf213 protein Fragment OS Mus musculus GN Rnf213 PE 2 SV 1 | 522,4 | Tat em 3 horas |
| E9Q9B7 | E9Q9B7 MOUSE Protein Kidins220 OS Mus musculus GN Kidins220 PE 2 SV 1 | 521,99 | Tat em 3 horas |
| Q80UL3 | Q80UL3 MOUSE Galactokinase 1 OS Mus musculus GN Galk1 PE 2 SV 1 | 520,36 | Tat em 3 horas |
| Q3UJK5 | Q3UJK5 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Oat PE 2 SV 1 | 519 | Tat em 3 horas |
| Q3TNL1 | Q3TNL1 MOUSE Glucose 6 phosphate 1 dehydrogenase OS Mus musculus GN G6pdx PE 2 SV 1 | 518,66 | Tat em 3 horas |
| A2AEW9 | A2AEW9 MOUSE GRIP1 associated protein 1 OS Mus musculus GN Gripap1 PE 2 SV 1 | 518,28 | Tat em 3 horas |
| Q4FJT0 | Q4FJT0 MOUSE Matr3 protein OS Mus musculus GN Matr3 PE 2 SV 1 | 517,74 | Tat em 3 horas |
| A2AUM6 | A2AUM6 MOUSE Signal recognition particle 14 kDa protein OS Mus musculus GN Srp14 PE 2 SV 1 | 512,23 | Tat em 3 horas |
| G3UWW7 | G3UWW7 MOUSE 26S proteasome non ATPase regulatory subunit 11 Fragment OS Mus musculus GN Psm11 PE | 510,7 | Tat em 3 horas |
| P31938 | MP2K1 MOUSE Dual specificity mitogen activated protein kinase kinase 1 OS Mus musculus GN Map2k1 PE | 510,62 | Tat em 3 horas |
| Q3UYD1 | Q3UYD1 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Golga4 PE 2 SV 1 | 510,31 | Tat em 3 horas |

| | | | |
|--------|--|--------|----------------|
| Q80XJ7 | Q80XJ7 MOUSE Aldo keto reductase family 1 member A4 Aldehyde reductase OS Mus musculus GN Akr1a1 | 509,55 | Tat em 3 horas |
| Q3ULZ2 | FHDC1 MOUSE FH2 domain containing protein 1 OS Mus musculus GN Fhdc1 PE 2 SV 3 | 507,85 | Tat em 3 horas |
| Q3UTA4 | Q3UTA4 MOUSE Protein Gm5662 OS Mus musculus GN Gm8300 PE 2 SV 1 | 506,66 | Tat em 3 horas |
| Q9CWM4 | PFD1 MOUSE Prefoldin subunit 1 OS Mus musculus GN Pfdn1 PE 2 SV 1 | 505,89 | Tat em 3 horas |
| F7BDR1 | F7BDR1 MOUSE Fascin Fragment OS Mus musculus GN Fscn1 PE 4 SV 1 | 504,51 | Tat em 3 horas |
| Q3TDD8 | Q3TDD8 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Eif4b PE 2 SV 1 | 501,55 | Tat em 3 horas |
| A2ADB1 | A2ADB1 MOUSE Msx2 interacting protein OS Mus musculus GN Spen PE 2 SV 1 | 500,35 | Tat em 3 horas |
| G3UWN9 | G3UWN9 MOUSE Proteasome activator complex subunit 1 Fragment OS Mus musculus GN Psme1 PE 2 SV 1 | 499,69 | Tat em 3 horas |
| Q3LHH7 | Q3LHH7 MOUSE Vomeronasal 2 receptor p1 Fragment OS Mus musculus GN Vmn2r112 PE 2 SV 1 | 496,78 | Tat em 3 horas |
| Q6NSW3 | SPKAP MOUSE A kinase anchor protein SPHKAP OS Mus musculus GN Sphkap PE 1 SV 2 | 495,9 | Tat em 3 horas |
| D3Z1B9 | D3Z1B9 MOUSE V type proton ATPase catalytic subunit A Fragment OS Mus musculus GN Atp6v1a PE 2 SV | 490,12 | Tat em 3 horas |
| Q9CSN9 | Q9CSN9 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Rps23 PE 2 SV 1 | 488,36 | Tat em 3 horas |
| Q99KR7 | PPIF MOUSE Peptidyl prolyl cis trans isomerase F mitochondrial OS Mus musculus GN Ppif PE 1 SV 1 | 487,45 | Tat em 3 horas |
| Q3U6Y5 | Q3U6Y5 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Ddx17 PE 2 SV 1 | 485,78 | Tat em 3 horas |
| P53349 | M3K1 MOUSE Mitogen activated protein kinase kinase kinase 1 OS Mus musculus GN Map3k1 PE 1 SV 3 | 483,55 | Tat em 3 horas |
| Q8K441 | ABCA6 MOUSE ATP binding cassette sub family A member 6 OS Mus musculus GN Abca6 PE 2 SV 2 | 481,66 | Tat em 3 horas |
| Q8VED4 | Q8VED4 MOUSE Serine threonine protein phosphatase OS Mus musculus GN Ppp2cb PE 2 SV 1 | 479,54 | Tat em 3 horas |
| Q63848 | Q63848 MOUSE Tissue specific protein tyrosine phosphatase Fragment OS Mus musculus GN Ptpn11 PE 2 | 478,99 | Tat em 3 horas |
| Q69ZM6 | STK36 MOUSE Serine threonine protein kinase 36 OS Mus musculus GN Stk36 PE 1 SV 3 | 471,49 | Tat em 3 horas |
| Q9D0R8 | LSM12 MOUSE Protein LSM12 homolog OS Mus musculus GN Lsm12 PE 1 SV 1 | 469,16 | Tat em 3 horas |
| Q05DT4 | Q05DT4 MOUSE Cdc5l protein OS Mus musculus GN Cdc5l PE 2 SV 1 | 468,85 | Tat em 3 horas |
| G3UXK5 | G3UXK5 MOUSE Protein bicaudal D homolog 1 OS Mus musculus GN Bicd1 PE 2 SV 1 | 468,7 | Tat em 3 horas |
| O54834 | RHG06 MOUSE Rho GTPase activating protein 6 OS Mus musculus GN Arhgap6 PE 1 SV 3 | 465,77 | Tat em 3 horas |
| Q920Q2 | REV1 MOUSE DNA repair protein REV1 OS Mus musculus GN Rev1 PE 1 SV 1 | 465,56 | Tat em 3 horas |
| Q3UMM7 | Q3UMM7 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Adh7 PE 2 SV 1 | 463,53 | Tat em 3 horas |
| Q8VDX8 | Q8VDX8 MOUSE Hars protein OS Mus musculus GN Hars PE 2 SV 1 | 462,05 | Tat em 3 horas |
| Q9CXZ9 | Q9CXZ9 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Galk1 PE 2 SV 1 | 461,65 | Tat em 3 horas |
| B7ZMZ9 | B7ZMZ9 MOUSE Ninein OS Mus musculus GN Nin PE 2 SV 1 | 456,22 | Tat em 3 horas |
| F6XJA1 | F6XJA1 MOUSE Myelin expression factor 2 Fragment OS Mus musculus GN Myef2 PE 4 SV 1 | 455,63 | Tat em 3 horas |
| Q6P542 | ABCF1 MOUSE ATP binding cassette sub family F member 1 OS Mus musculus GN Abcf1 PE 1 SV 1 | 454,6 | Tat em 3 horas |
| Q8R3V2 | Q8R3V2 MOUSE Aminoacyl tRNA synthase complex interacting multifunctional protein 2 OS Mus musculus G | 453,49 | Tat em 3 horas |
| P06281 | RENI1 MOUSE Renin 1 OS Mus musculus GN Ren1 PE 1 SV 1 | 445,55 | Tat em 3 horas |
| Q8C525 | M21D2 MOUSE Protein MB21D2 OS Mus musculus GN Mb21d2 PE 1 SV 1 | 442,72 | Tat em 3 horas |
| F1DJL9 | F1DJL9 MONPV Putative uncharacterized protein OS Monkeypox virus PE 4 SV 1 | 440,01 | Tat em 3 horas |
| E9Q7P0 | E9Q7P0 MOUSE Dynein heavy chain 17 axonemal OS Mus musculus GN Dnah17 PE 2 SV 1 | 435,51 | Tat em 3 horas |
| Q3THL7 | Q3THL7 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Vdac1 PE 2 SV 1 | 430,61 | Tat em 3 horas |
| Q9CWR8 | DNM3L MOUSE DNA cytosine 5 methyltransferase 3 like OS Mus musculus GN Dnmt3l PE 1 SV 1 | 430,22 | Tat em 3 horas |
| Q5H8C4 | VP13A MOUSE Vacuolar protein sorting associated protein 13A OS Mus musculus GN Vps13a PE 2 SV 1 | 427,35 | Tat em 3 horas |
| Q4VA29 | Q4VA29 MOUSE MCG140066 OS Mus musculus GN 2700060E02Rik PE 2 SV 1 | 424,44 | Tat em 3 horas |

| | | | |
|--------|--|--------|----------------|
| Q9CQE8 | CN166 MOUSE UPF0568 protein C14orf166 homolog OS Mus musculus PE 2 SV 1 | 424,44 | Tat em 3 horas |
| E9QP62 | E9QP62 MOUSE LIM and senescent cell antigen like containing domain protein 1 OS Mus musculus GN Lims | 423,69 | Tat em 3 horas |
| Q8K1J6 | TRNT1 MOUSE CCA tRNA nucleotidyltransferase 1 mitochondrial OS Mus musculus GN Trnt1 PE 2 SV 1 | 422,82 | Tat em 3 horas |
| Q3U6Z1 | Q3U6Z1 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Lcp1 PE 2 SV 1 | 419,71 | Tat em 3 horas |
| Q3THC7 | Q3THC7 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Rpl8 PE 2 SV 1 | 419,4 | Tat em 3 horas |
| Q3V1M8 | Q3V1M8 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Hdlbp PE 2 SV 1 | 418,06 | Tat em 3 horas |
| Q5FWJ8 | Q5FWJ8 MOUSE Enpp5 protein Fragment OS Mus musculus GN Enpp5 PE 2 SV 1 | 416,21 | Tat em 3 horas |
| G0XXQ5 | G0XXQ5 COWPX IMV heparin binding surface protein involved in IMV maturation OS Cowpox virus GN CPXV | 409,79 | Tat em 3 horas |
| Q8CIC2 | NUPL2 MOUSE Nucleoporin like protein 2 OS Mus musculus GN Nupl2 PE 2 SV 1 | 408,33 | Tat em 3 horas |
| Q80ZT6 | Q80ZT6 MOUSE 1700080E11Rik protein OS Mus musculus GN 1700080E11Rik PE 2 SV 1 | 406,44 | Tat em 3 horas |
| Q9CQ62 | DECR MOUSE 2 4 dienoyl CoA reductase mitochondrial OS Mus musculus GN Decr1 PE 1 SV 1 | 400,57 | Tat em 3 horas |
| B7ZP01 | B7ZP01 MOUSE Stap1 protein OS Mus musculus GN Stap1 PE 2 SV 1 | 394,2 | Tat em 3 horas |
| G3UWD6 | G3UWD6 MOUSE Glucose 6 phosphate 1 dehydrogenase OS Mus musculus GN G6pd2 PE 3 SV 1 | 393,04 | Tat em 3 horas |
| F6QUA9 | F6QUA9 MOUSE TBC1 domain family member 1 OS Mus musculus GN Tbc1d1 PE 2 SV 2 | 379,68 | Tat em 3 horas |
| Q3TBM0 | Q3TBM0 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Blzf1 PE 2 SV 1 | 375,5 | Tat em 3 horas |
| D6RG57 | D6RG57 MOUSE Ubiquinone biosynthesis monooxygenase COQ6 OS Mus musculus GN Coq6 PE 2 SV 1 | 374,47 | Tat em 3 horas |
| F7BSN3 | F7BSN3 MOUSE Ubiquitin carboxyl terminal hydrolase OS Mus musculus GN Usp34 PE 2 SV 1 | 372,74 | Tat em 3 horas |
| B2KF55 | B2KF55 MOUSE Ubiquitin conjugating enzyme E2 variant 2 OS Mus musculus GN Ube2v2 PE 2 SV 1 | 371,71 | Tat em 3 horas |
| P19096 | FAS MOUSE Fatty acid synthase OS Mus musculus GN Fasn PE 1 SV 2 | 371,35 | Tat em 3 horas |
| Q45VK7 | DYHC2 MOUSE Cytoplasmic dynein 2 heavy chain 1 OS Mus musculus GN Dync2h1 PE 1 SV 1 | 369,01 | Tat em 3 horas |
| Q8VDM8 | Q8VDM8 MOUSE Acly protein Fragment OS Mus musculus GN Acly PE 2 SV 1 | 368,19 | Tat em 3 horas |
| Q9JJE1 | Q9JJE1 MOUSE Brain cDNA clone MNCb 1208 similar to Mus musculus mitogen activated protein kinase k | 366,41 | Tat em 3 horas |
| D3YX57 | D3YX57 MOUSE Fanconi anemia group I protein homolog OS Mus musculus GN Fanci PE 2 SV 1 | 361,92 | Tat em 3 horas |
| E0CYI9 | E0CYI9 MOUSE GRIP and coiled coil domain containing protein 2 OS Mus musculus GN Gcc2 PE 2 SV 1 | 356,98 | Tat em 3 horas |
| D3YW68 | D3YW68 MOUSE MCG1031564 OS Mus musculus GN Rpl23a ps1 PE 4 SV 1 | 351,89 | Tat em 3 horas |
| Q8K310 | MATR3 MOUSE Matrin 3 OS Mus musculus GN Matr3 PE 1 SV 1 | 351,17 | Tat em 3 horas |
| Q99N15 | Q99N15 MOUSE 17beta hydroxysteroid dehydrogenase type 10 short chain L 3 hydroxyacyl CoA dehydrogenase | 348,79 | Tat em 3 horas |
| E9QAH1 | E9QAH1 MOUSE Protein Golgb1 OS Mus musculus GN Golgb1 PE 2 SV 1 | 341,69 | Tat em 3 horas |
| Q571K1 | Q571K1 MOUSE MKIAA4151 protein Fragment OS Mus musculus GN Golgb1 PE 2 SV 1 | 341,69 | Tat em 3 horas |
| G3XA25 | G3XA25 MOUSE MCG16689 isoform CRA a OS Mus musculus GN Acat2 PE 3 SV 1 | 338,44 | Tat em 3 horas |
| Q99KA3 | Q99KA3 MOUSE Atp6v1b1 protein Fragment OS Mus musculus GN Atp6v1b1 PE 2 SV 1 | 333,66 | Tat em 3 horas |
| Q3U3Y3 | Q3U3Y3 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Appl2 PE 2 SV 1 | 333,23 | Tat em 3 horas |
| K7XKA7 | K7XKA7 MOUSE Cytochrome c oxidase subunit 2 OS Mus musculus domesticus GN COXII PE 3 SV 1 | 328,43 | Tat em 3 horas |
| Q71H75 | Q71H75 MOUSE Collapsin response mediator protein 1A Fragment OS Mus musculus GN Crmp1 PE 2 SV 1 | 327,81 | Tat em 3 horas |
| L7N209 | L7N209 MOUSE HBS1 like protein OS Mus musculus GN Hbs1l PE 2 SV 1 | 327,73 | Tat em 3 horas |
| D3Z2D4 | D3Z2D4 MOUSE Caprin 2 Fragment OS Mus musculus GN Caprin2 PE 2 SV 1 | 327,4 | Tat em 3 horas |
| F6SQH7 | F6SQH7 MOUSE Polymerase delta interacting protein 2 Fragment OS Mus musculus GN Poldip2 PE 4 SV 1 | 323,24 | Tat em 3 horas |
| Q9DBN7 | Q9DBN7 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Eci1 PE 2 SV 1 | 322,28 | Tat em 3 horas |
| A2AD84 | A2AD84 MOUSE Protein 2610018G03Rik OS Mus musculus GN 2610018G03Rik PE 2 SV 1 | 320,91 | Tat em 3 horas |
| A2A520 | A2A520 MOUSE Dynein heavy chain 17 axonemal Fragment OS Mus musculus GN Dnah17 PE | 320,09 | Tat em 3 horas |

2 SV 2

| | | | |
|--------|---|--------|----------------|
| B2RQE8 | RHG42 MOUSE Rho GTPase activating protein 42 OS Mus musculus GN Arhgap42 PE 1 SV 1 | 320,09 | Tat em 3 horas |
| F7CB97 | F7CB97 MOUSE CAP Gly domain containing linker protein 1 Fragment OS Mus musculus GN Clip1 PE 4 SV | 320,09 | Tat em 3 horas |
| Q5IR70 | CAGE1 MOUSE Cancer associated gene 1 protein homolog OS Mus musculus GN Cage1 PE 1 SV 2 | 320,09 | Tat em 3 horas |
| Q8CG73 | FTM MOUSE Protein fantom OS Mus musculus GN Rpgrip11 PE 1 SV 2 | 320,09 | Tat em 3 horas |
| D3Z340 | D3Z340 MOUSE DCC interacting protein 13 beta Fragment OS Mus musculus GN Appl2 PE 2 SV 2 | 316,23 | Tat em 3 horas |
| Q61496 | DDX4 MOUSE Probable ATP dependent RNA helicase DDX4 OS Mus musculus GN Ddx4 PE 1 SV 2 | 307,88 | Tat em 3 horas |
| P48972 | MYBB MOUSE Myb related protein B OS Mus musculus GN Mybl2 PE 1 SV 1 | 304,03 | Tat em 3 horas |
| Q3TGM7 | Q3TGM7 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Hbs1l PE 2 SV 1 | 283,79 | Tat em 3 horas |
| Q80U74 | Q80U74 MOUSE MKIAA0133 protein Fragment OS Mus musculus GN Urb2 PE 2 SV 1 | 262,8 | Tat em 3 horas |
| Q3T992 | Q3T992 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Ubqln1 PE 2 SV 1 | 262,24 | Tat em 3 horas |
| Q14DS2 | Q14DS2 MOUSE 1700016M24Rik protein OS Mus musculus GN Mroh4 PE 2 SV 1 | 213,25 | Tat em 3 horas |
| Q3UB66 | Q3UB66 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Rab1 PE 2 SV 1 | 180,91 | Tat em 3 horas |
| A3KGU9 | A3KGU9 MOUSE Spectrin alpha chain non erythrocytic 1 Fragment OS Mus musculus GN Sptan1 PE 2 SV 1 | 167,5 | Tat em 3 horas |
| P97377 | CDK2 MOUSE Cyclin dependent kinase 2 OS Mus musculus GN Cdk2 PE 1 SV 2 | 161,89 | Tat em 3 horas |
| A2ANR6 | A2ANR6 MOUSE Casein kinase II subunit alpha Fragment OS Mus musculus GN Csnk2a1 PE 2 SV 1 | 146,73 | Tat em 3 horas |
| Q8R2X8 | GO45 MOUSE Golgin 45 OS Mus musculus GN Blzf1 PE 2 SV 2 | 136,95 | Tat em 3 horas |
| B2RUG6 | B2RUG6 MOUSE Dock4 protein OS Mus musculus GN Dock4 PE 2 SV 1 | 72,33 | Tat em 3 horas |
| F6VUT6 | F6VUT6 MOUSE Protein Gm8251 OS Mus musculus GN Gm8251 PE 4 SV 1 | 72,33 | Tat em 3 horas |
| P61161 | ARP2 MOUSE Actin related protein 2 OS Mus musculus GN Actr2 PE 1 SV 1 | 72,33 | Tat em 3 horas |
| Q14AX8 | Q14AX8 MOUSE Uncharacterized protein OS Mus musculus GN 9930013L23Rik PE 2 SV 1 | 72,33 | Tat em 3 horas |
| Q5SSW2 | PSME4 MOUSE Proteasome activator complex subunit 4 OS Mus musculus GN Psme4 PE 1 SV 1 | 72,33 | Tat em 3 horas |
| Q61098 | IL18R MOUSE Interleukin 18 receptor 1 OS Mus musculus GN Il18r1 PE 2 SV 1 | 72,33 | Tat em 3 horas |
| Q80U79 | Q80U79 MOUSE MKIAA0097 protein Fragment OS Mus musculus GN Ckap5 PE 2 SV 1 | 72,33 | Tat em 3 horas |
| Q8VE73 | CUL7 MOUSE Cullin 7 OS Mus musculus GN Cul7 PE 1 SV 2 | 72,33 | Tat em 3 horas |
| O55132 | O55132 MOUSE Uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Rnf213 PE 2 SV 1 | 71,72 | Tat em 3 horas |

ANEXO: Tabela 2: Proteínas identificadas por proteômica em larga escala, exclusivas de β IV5-3, em 3 horas.

| Accession number | Protein | Score | Unique |
|------------------|---|----------|--------------------------|
| Q4KL81 | Q4KL81 MOUSE Actin gamma cytoplasmic 1 OS Mus musculus GN Actg1 PE 2 SV 1 | 156863,8 | β IV5-3 em 3 horas |
| P68369 | TBA1A MOUSE Tubulin alpha 1A chain OS Mus musculus GN Tuba1a PE 1 SV 1 | 118951,6 | β IV5-3 em 3 horas |
| Q5SX61 | Q5SX61 MOUSE Beta enolase Fragment OS Mus musculus GN Eno3 PE 2 SV 1 | 109310 | β IV5-3 em 3 horas |
| Q3TEK2 | Q3TEK2 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Hspa8 PE 2 SV 1 | 85620,77 | β IV5-3 em 3 horas |
| Q9D6F9 | TBB4A MOUSE Tubulin beta 4A chain OS Mus musculus GN Tubb4a PE 1 SV 3 | 83799,83 | β IV5-3 em 3 horas |
| Q3UJ20 | Q3UJ20 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Eno2 PE 2 SV 1 | 77766,45 | β IV5-3 em 3 horas |
| Q6B822 | Q6B822 MOUSE Histone H4 Fragment OS Mus musculus PE 2 SV 1 | 65755,09 | β IV5-3 em 3 horas |
| Q99LX0 | PARK7 MOUSE Protein DJ 1 OS Mus musculus GN Park7 PE 1 SV 1 | 57802,31 | β IV5-3 em 3 horas |
| M0QWH8 | M0QWH8 MOUSE Elongation factor 1 beta OS Mus musculus GN Eef1b2 PE 2 SV 1 | 55797,56 | β IV5-3 em 3 horas |
| Q3TW58 | Q3TW58 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Eef2 PE 2 SV 1 | 48006,39 | β IV5-3 em 3 horas |
| Q6P9L9 | Q6P9L9 MOUSE Eef2 protein Fragment OS Mus musculus GN Eef2 PE 2 SV 1 | 46012,21 | β IV5-3 em 3 horas |
| P17742 | PPIA MOUSE Peptidyl prolyl cis trans isomerase A OS Mus musculus GN Ppia PE 1 SV 2 | 44913,62 | β IV5-3 em 3 horas |
| P06151 | LDHA MOUSE L lactate dehydrogenase A chain OS Mus musculus GN Ldha PE 1 SV 3 | 43513,69 | β IV5-3 em 3 horas |
| P17156 | HSP72 MOUSE Heat shock related 70 kDa protein 2 OS Mus musculus GN Hspa2 PE 1 SV 2 | 42204,16 | β IV5-3 em 3 horas |
| Q61696 | HS71A MOUSE Heat shock 70 kDa protein 1A OS Mus musculus GN Hspa1a PE 1 SV 2 | 41887,18 | β IV5-3 em 3 horas |
| P14869 | RLA0 MOUSE 60S acidic ribosomal protein P0 OS Mus musculus GN Rplp0 PE 1 SV 3 | 38079,48 | β IV5-3 em 3 horas |
| Q3TII3 | Q3TII3 MOUSE Elongation factor 1 alpha OS Mus musculus GN Eef1a1 PE 2 SV 1 | 35078,51 | β IV5-3 em 3 horas |
| D3Z0Z9 | D3Z0Z9 MOUSE Glyceraldehyde 3 phosphate dehydrogenase OS Mus musculus GN Gm5069 PE 3 SV 1 | 34768,07 | β IV5-3 em 3 horas |
| Q922B0 | Q922B0 MOUSE Ubc protein OS Mus musculus GN Ubc PE 2 SV 1 | 34333,47 | β IV5-3 em 3 horas |
| P02301 | H3C MOUSE Histone H3 3C OS Mus musculus GN H3f3c PE 3 SV 3 | 33393,94 | β IV5-3 em 3 horas |
| Q3UMM1 | Q3UMM1 MOUSE Tubulin beta 6 OS Mus musculus GN Tubb6 PE 2 SV 1 | 31143,52 | β IV5-3 em 3 horas |
| Q3ULN5 | Q3ULN5 MOUSE Peptidyl prolyl cis trans isomerase OS Mus musculus GN Fkbp1a PE 4 SV 1 | 30829,62 | β IV5-3 em 3 horas |
| Q3UJU6 | Q3UJU6 MOUSE 40S ribosomal protein S8 Fragment OS Mus musculus PE 2 SV 1 | 29571,09 | β IV5-3 em 3 horas |
| A2A813 | A2A813 MOUSE Protein DJ 1 OS Mus musculus GN Park7 PE 2 SV 1 | 29263,94 | β IV5-3 em 3 horas |
| Q01768 | NDKB MOUSE Nucleoside diphosphate kinase B OS Mus musculus GN Nme2 PE 1 SV 1 | 27364,58 | β IV5-3 em 3 horas |
| Q5FWJ5 | Q5FWJ5 MOUSE Hnrpk protein OS Mus musculus GN Hnrnpk PE 2 SV 1 | 25814,28 | β IV5-3 em 3 horas |
| Q3TUA1 | Q3TUA1 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Hnrnpk PE 2 SV 1 | 25795,24 | β IV5-3 em 3 horas |
| G3UZJ6 | G3UZJ6 MOUSE 60S ribosomal protein L18 Fragment OS Mus musculus GN Rpl18 PE 2 SV 1 | 24673,96 | β IV5-3 em 3 horas |
| O88687 | O88687 MOUSE Heat shock protein 70 Fragment OS Mus musculus GN Hsp70 3 PE 1 SV 1 | 24465,99 | β IV5-3 em 3 horas |
| Q3TAI8 | Q3TAI8 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus PE 2 SV 1 | 23485,03 | β IV5-3 em 3 horas |
| P61979 | HNRPK MOUSE Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein K OS Mus musculus GN Hnrnpk PE 1 SV 1 | 22659,03 | β IV5-3 em 3 horas |
| S4R1N1 | S4R1N1 MOUSE 60S acidic ribosomal protein P0 Fragment OS Mus musculus GN Rplp0 PE 3 SV 1 | 20038,24 | β IV5-3 em 3 horas |
| D3Z0Y2 | D3Z0Y2 MOUSE Peroxiredoxin 6 OS Mus musculus GN Prdx6 PE 2 SV 1 | 19713,2 | β IV5-3 em 3 horas |
| Q9CUN8 | Q9CUN8 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Tubb6 PE 2 SV 1 | 19030,52 | β IV5-3 em 3 horas |
| Q3UIC3 | Q3UIC3 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Ldha PE 2 SV 1 | 18646,68 | β IV5-3 em 3 horas |
| Q3U5Q3 | Q3U5Q3 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Eftud2 PE 2 SV 1 | 18040,5 | β IV5-3 em 3 horas |
| H3BK96 | H3BK96 MOUSE Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein K Fragment OS Mus musculus GN Hnrnpk PE 2 SV 1 | 17236,57 | β IV5-3 em 3 horas |
| H3BKD0 | H3BKD0 MOUSE Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein K Fragment OS Mus musculus GN Hnrnpk PE 2 SV 1 | 17228,71 | β IV5-3 em 3 horas |
| Q9CPQ9 | Q9CPQ9 MOUSE Fructose bisphosphate aldolase OS Mus musculus GN Aldoat1 PE 2 SV 1 | 16868,43 | β IV5-3 em 3 horas |

| | | | |
|--------|---|----------|-------------------|
| H3BK18 | H3BK18 MOUSE Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein K Fragment OS Mus musculus GN Hnrnpk PE 2 SV | 16826,41 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3U818 | Q3U818 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Eif6 PE 2 SV 1 | 16791,95 | βIV5-3 em 3 horas |
| P26638 | SYSC MOUSE Serine tRNA ligase cytoplasmic OS Mus musculus GN Sars PE 2 SV 3 | 16583,55 | βIV5-3 em 3 horas |
| P62631 | EF1A2 MOUSE Elongation factor 1 alpha 2 OS Mus musculus GN Eef1a2 PE 1 SV 1 | 15727,09 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q5NC80 | Q5NC80 MOUSE Nucleoside diphosphate kinase Fragment OS Mus musculus GN Nme1 PE 2 SV 1 | 15475,67 | βIV5-3 em 3 horas |
| A6ZI46 | A6ZI46 MOUSE Fructose bisphosphate aldolase OS Mus musculus GN Aldoart1 PE 2 SV 1 | 15244,03 | βIV5-3 em 3 horas |
| P45591 | COF2 MOUSE Cofilin 2 OS Mus musculus GN Cfl2 PE 1 SV 1 | 14663,19 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9CT46 | Q9CT46 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Ncl PE 2 SV 1 | 14661,08 | βIV5-3 em 3 horas |
| P50580 | PA2G4 MOUSE Proliferation associated protein 2G4 OS Mus musculus GN Pa2g4 PE 1 SV 3 | 14205,8 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BTU6 | Q8BTU6 MOUSE Eukaryotic initiation factor 4A II OS Mus musculus GN Eif4a2 PE 2 SV 1 | 14061,79 | βIV5-3 em 3 horas |
| D6RJ16 | D6RJ16 MOUSE ATP synthase subunit alpha mitochondrial OS Mus musculus GN Atp5a1 PE 2 SV 1 | 13458,78 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BT23 | Q8BT23 MOUSE Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein K OS Mus musculus GN Hnrnpk PE 4 SV 1 | 13351,88 | βIV5-3 em 3 horas |
| A8DUN2 | A8DUN2 MOUSE Beta globin OS Mus musculus GN Hbbt1 PE 3 SV 1 | 13246,65 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3U292 | Q3U292 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Hist1h1d PE 2 SV 1 | 13151,02 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9JJ20 | Q9JJ20 MOUSE 14 3 3 protein sigma OS Mus musculus GN Sfn PE 2 SV 1 | 12902,23 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UMP4 | Q3UMP4 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Serbp1 PE 2 SV 1 | 12266,18 | βIV5-3 em 3 horas |
| P02104 | HBE MOUSE Hemoglobin subunit epsilon Y2 OS Mus musculus GN Hbb y PE 1 SV 2 | 12243,23 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8C671 | Q8C671 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Srsf2 PE 2 SV 1 | 12212,54 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TF25 | Q3TF25 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Atp5o PE 2 SV 1 | 12041,46 | βIV5-3 em 3 horas |
| P08113 | ENPL MOUSE Endoplasmin OS Mus musculus GN Hsp90b1 PE 1 SV 2 | 11856,04 | βIV5-3 em 3 horas |
| O55135 | IF6 MOUSE Eukaryotic translation initiation factor 6 OS Mus musculus GN Eif6 PE 1 SV 2 | 11817,81 | βIV5-3 em 3 horas |
| E9PWQ9 | E9PWQ9 MOUSE C terminal binding protein 2 Fragment OS Mus musculus GN Ctbp2 PE 2 SV 1 | 11767,54 | βIV5-3 em 3 horas |
| A8DUM2 | A8DUM2 MOUSE Beta globin OS Mus musculus GN Hbbt1 PE 3 SV 1 | 11754,8 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8R4B4 | Q8R4B4 MOUSE Down syndrome cell adhesion molecule like protein Fragment OS Mus musculus GN Dscam1 | 11745,11 | βIV5-3 em 3 horas |
| J3QM94 | J3QM94 MOUSE Uncharacterized protein OS Mus musculus GN Gm5070 PE 3 SV 1 | 11670,37 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q5XJF6 | Q5XJF6 MOUSE Ribosomal protein OS Mus musculus GN Rpl10a PE 2 SV 1 | 11587,94 | βIV5-3 em 3 horas |
| P61205 | ARF3 MOUSE ADP ribosylation factor 3 OS Mus musculus GN Arf3 PE 2 SV 2 | 11433,25 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3T9U9 | Q3T9U9 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Rpl3 PE 2 SV 1 | 11306,28 | βIV5-3 em 3 horas |
| P48024 | EIF1 MOUSE Eukaryotic translation initiation factor 1 OS Mus musculus GN Eif1 PE 2 SV 2 | 10872,37 | βIV5-3 em 3 horas |
| P97351 | RS3A MOUSE 40S ribosomal protein S3a OS Mus musculus GN Rps3a PE 1 SV 3 | 10861,9 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q6LBL9 | Q6LBL9 MOUSE T complex polypeptide 1 Fragment OS Mus musculus GN Tcp 1 PE 2 SV 1 | 10702,04 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q99LR0 | Q99LR0 MOUSE Eif4a1 protein Fragment OS Mus musculus GN Eif4a1 PE 2 SV 1 | 10640,01 | βIV5-3 em 3 horas |
| A2APD7 | A2APD7 MOUSE Nucleolar protein 56 Fragment OS Mus musculus GN Nop56 PE 2 SV 1 | 10615,33 | βIV5-3 em 3 horas |
| G3UXJ6 | G3UXJ6 MOUSE Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein Q OS Mus musculus GN Syncrip PE 2 SV 1 | 10430,12 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3U5V2 | Q3U5V2 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Cnbp PE 2 SV 1 | 10351,11 | βIV5-3 em 3 horas |
| D3YV25 | D3YV25 MOUSE ADP ribosylation factor 3 Fragment OS Mus musculus GN Arf3 PE 2 SV 1 | 10161,8 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TGN5 | Q3TGN5 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Hnrnpu PE 2 SV 1 | 10076,63 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BSH3 | Q8BSH3 MOUSE Tropomyosin alpha 1 chain OS Mus musculus GN Tpm1 PE 2 SV 1 | 9911,81 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3U935 | Q3U935 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Cnbp PE 2 SV 1 | 9857,12 | βIV5-3 em 3 horas |
| H7BWX1 | H7BWX1 MOUSE Prefoldin subunit 5 OS Mus musculus GN Pfdn5 PE 2 SV 1 | 9855,49 | βIV5-3 em 3 horas |
| J3QM80 | J3QM80 MOUSE Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein F Fragment OS Mus musculus GN Hnrnpf PE 2 SV | 9540,36 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q4QQL2 | Q4QQL2 MOUSE MCG22362 isoform CRA a OS Mus musculus GN Ube2d3 PE 2 SV 1 | 9315,34 | βIV5-3 em 3 horas |

| | | | |
|--------|--|---------|-------------------|
| Q9D1S1 | Q9D1S1 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Ube2d3 PE 2 SV 1 | 9315,34 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q5EBG5 | Q5EBG5 MOUSE Ribosomal protein L7A OS Mus musculus GN Rpl7a PE 2 SV 1 | 9314,21 | βIV5-3 em 3 horas |
| B7ZWG9 | B7ZWG9 MOUSE Hnrnpa112 protein OS Mus musculus GN Hnrnpa112 PE 2 SV 1 | 9212,63 | βIV5-3 em 3 horas |
| P50247 | SAHH MOUSE Adenosylhomocysteinase OS Mus musculus GN Ahcy PE 1 SV 3 | 9157,08 | βIV5-3 em 3 horas |
| P47963 | RL13 MOUSE 60S ribosomal protein L13 OS Mus musculus GN Rpl13 PE 2 SV 3 | 9124,19 | βIV5-3 em 3 horas |
| F6YVP7 | F6YVP7 MOUSE Uncharacterized protein OS Mus musculus GN Gm10260 PE 3 SV 2 | 8886,94 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9D0J2 | Q9D0J2 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Atp5d PE 2 SV 1 | 8877,32 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9CY58 | PAIRB MOUSE Plasminogen activator inhibitor 1 RNA binding protein OS Mus musculus GN Serbp1 PE 1 SV | 8395,96 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TXV1 | Q3TXV1 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Psm2 PE 2 SV 1 | 8380,15 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3U5P8 | Q3U5P8 MOUSE 40S ribosomal protein S3a OS Mus musculus GN Rps3a1 PE 2 SV 1 | 8358,01 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3U0I3 | Q3U0I3 MOUSE T complex protein 1 subunit gamma OS Mus musculus GN Cct3 PE 2 SV 1 | 8172,34 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UB67 | Q3UB67 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Rpl3 PE 2 SV 1 | 7976,24 | βIV5-3 em 3 horas |
| P55821 | STMN2 MOUSE Stathmin 2 OS Mus musculus GN Stmn2 PE 1 SV 1 | 7968,37 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q564E5 | Q564E5 MOUSE Williams Beuren syndrome chromosome region 1 homolog Human isoform CRA a OS Mus musc | 7813,28 | βIV5-3 em 3 horas |
| D3YX79 | D3YX79 MOUSE Proteasome subunit alpha type OS Mus musculus GN Gm8394 PE 3 SV 1 | 7739,03 | βIV5-3 em 3 horas |
| D6RCG1 | D6RCG1 MOUSE Trifunctional purine biosynthetic protein adenosine 3 OS Mus musculus GN Gart PE 2 SV 1 | 7683,75 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q5M9N8 | Q5M9N8 MOUSE Ribosomal protein L7 OS Mus musculus GN Rpl7 PE 2 SV 1 | 7616,63 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q7M0F3 | Q7M0F3 MOUSE Glutathione transferase class mu chain Yb5 Fragments OS Mus musculus PE 1 SV 1 | 7586,95 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TKR5 | Q3TKR5 MOUSE Ribosomal protein L5 OS Mus musculus GN Rpl5 PE 2 SV 1 | 7536,01 | βIV5-3 em 3 horas |
| F8WJK8 | F8WJK8 MOUSE Hsc70 interacting protein OS Mus musculus GN St13 PE 2 SV 1 | 7412 | βIV5-3 em 3 horas |
| P32037 | GTR3 MOUSE Solute carrier family 2 facilitated glucose transporter member 3 OS Mus musculus GN Slc2 | 7237,16 | βIV5-3 em 3 horas |
| P26040 | EZRI MOUSE Ezrin OS Mus musculus GN Ezr PE 1 SV 3 | 7191,26 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q4KML7 | Q4KML7 MOUSE Ezrin OS Mus musculus GN Ezr PE 2 SV 1 | 7191,26 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q60932 | VDAC1 MOUSE Voltage dependent anion selective channel protein 1 OS Mus musculus GN Vdac1 PE 1 SV 3 | 7152,14 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q61607 | Q61607 MOUSE Glut 3 protein Fragment OS Mus musculus GN Slc2a3 PE 2 SV 1 | 7106,82 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3THJ0 | Q3THJ0 MOUSE 60S ribosomal protein L18a OS Mus musculus GN Rpl18a PE 2 SV 1 | 7043,33 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9CSD9 | Q9CSD9 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Ddx5 PE 2 SV 1 | 6944,46 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TWL6 | Q3TWL6 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Psm2 PE 2 SV 1 | 6913,12 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q80V77 | Q80V77 MOUSE Psm2 protein OS Mus musculus GN Psm2 PE 2 SV 1 | 6822,78 | βIV5-3 em 3 horas |
| P56394 | COX17 MOUSE Cytochrome c oxidase copper chaperone OS Mus musculus GN Cox17 PE 2 SV 2 | 6775,99 | βIV5-3 em 3 horas |
| F2Z483 | F2Z483 MOUSE T complex protein 1 subunit alpha OS Mus musculus GN Tcp1 PE 2 SV 1 | 6767,84 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UJP4 | Q3UJP4 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Cct3 PE 2 SV 1 | 6429,69 | βIV5-3 em 3 horas |
| O35900 | LSM2 MOUSE U6 snRNA associated Sm like protein LSm2 OS Mus musculus GN Lsm2 PE 2 SV 1 | 6407,89 | βIV5-3 em 3 horas |
| F7AXP1 | F7AXP1 MOUSE Polypyrimidine tract binding protein 1 Fragment OS Mus musculus GN Ptbp1 PE 2 SV 1 | 6389,88 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TB18 | Q3TB18 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Ddx39b PE 2 SV 1 | 6374,15 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3THS6 | METK2 MOUSE S adenosylmethionine synthase isoform type 2 OS Mus musculus GN Mat2a PE 2 SV 2 | 6352 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q5M9M0 | Q5M9M0 MOUSE MCG23455 isoform CRA e OS Mus musculus GN Rpl13a PE 2 SV 1 | 6136,38 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q61699 | HS105 MOUSE Heat shock protein 105 kDa OS Mus musculus GN Hsph1 PE 1 SV 2 | 6126,99 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3V2V2 | Q3V2V2 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Phb2 PE 2 SV 1 | 6078,85 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TIX8 | Q3TIX8 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Cct6a PE 2 SV 1 | 5984,65 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TPL8 | Q3TPL8 MOUSE Solute carrier family 2 Facilitated glucose transporter member 3 OS Mus musculus GN | 5917,95 | βIV5-3 em 3 horas |

| | | | |
|--------|--|---------|-------------------|
| Q3TIV6 | Q3TIV6 MOUSE Lysine tRNA ligase OS Mus musculus GN Kars PE 2 SV 1 | 5819,11 | βIV5-3 em 3 horas |
| I7ENE7 | I7ENE7 MOUSE UCHL 1 Fragment OS Mus musculus GN Uchl1 PE 2 SV 1 | 5800,17 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3U4D1 | Q3U4D1 MOUSE Adenosylhomocysteinase OS Mus musculus PE 2 SV 1 | 5798,38 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3U0T9 | Q3U0T9 MOUSE RAB35 member RAS oncogene family OS Mus musculus GN Rab35 PE 2 SV 1 | 5756,5 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9JHU4 | DYHC1 MOUSE Cytoplasmic dynein 1 heavy chain 1 OS Mus musculus GN Dync1h1 PE 1 SV 2 | 5747,99 | βIV5-3 em 3 horas |
| G3UW34 | G3UW34 MOUSE MCG130981 OS Mus musculus GN Rpl9 ps6 PE 4 SV 1 | 5739,16 | βIV5-3 em 3 horas |
| P28352 | APEX1 MOUSE DNA apurinic or apyrimidinic site lyase OS Mus musculus GN Apex1 PE 1 SV 2 | 5729,56 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q544Z7 | Q544Z7 MOUSE Apurinic apyrimidinic endonuclease 1 OS Mus musculus GN Apex1 PE 2 SV 1 | 5729,56 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q544B1 | Q544B1 MOUSE Aldehyde dehydrogenase 2 mitochondrial isoform CRA b OS Mus musculus GN Aldh2 PE 2 SV | 5720,73 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3U7K1 | Q3U7K1 MOUSE Serine threonine protein phosphatase OS Mus musculus GN Ppp1cc PE 2 SV 1 | 5716,67 | βIV5-3 em 3 horas |
| O55142 | RL35A MOUSE 60S ribosomal protein L35a OS Mus musculus GN Rpl35a PE 2 SV 2 | 5711,62 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9DC85 | Q9DC85 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus PE 4 SV 1 | 5711,62 | βIV5-3 em 3 horas |
| J3KMQ2 | J3KMQ2 MOUSE Uncharacterized protein OS Mus musculus GN Gm5422 PE 4 SV 1 | 5703,24 | βIV5-3 em 3 horas |
| A2AU62 | A2AU62 MOUSE RNA binding protein Raly Fragment OS Mus musculus GN Raly PE 2 SV 1 | 5682,48 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3U9P0 | Q3U9P0 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Rps10 PE 2 SV 1 | 5637,1 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q564E6 | Q564E6 MOUSE Sjogren syndrome antigen B isoform CRA a OS Mus musculus GN Ssb PE 2 SV 1 | 5605,51 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3T9L0 | Q3T9L0 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Ddx39 PE 2 SV 1 | 5426,65 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8VDW0 | DX39A MOUSE ATP dependent RNA helicase DDX39A OS Mus musculus GN Ddx39a PE 2 SV 1 | 5426,65 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q80WB1 | Q80WB1 MOUSE Prmt1 protein Fragment OS Mus musculus GN Prmt1 PE 2 SV 1 | 5408,7 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3U7N9 | Q3U7N9 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Flna PE 2 SV 1 | 5395,19 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9DCD0 | 6PGD MOUSE 6 phosphogluconate dehydrogenase decarboxylating OS Mus musculus GN Pgd PE 2 SV 3 | 5357,14 | βIV5-3 em 3 horas |
| M0QWY0 | M0QWY0 MOUSE ER membrane protein complex subunit 8 Fragment OS Mus musculus GN Emc8 PE 4 SV 1 | 5331,02 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UJW1 | Q3UJW1 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Aldh2 PE 2 SV 1 | 5154,46 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TW65 | Q3TW65 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Rps18 PE 2 SV 1 | 5081,33 | βIV5-3 em 3 horas |
| O70182 | O70182 MOUSE Cytoplasmic dynein heavy chain Fragment OS Mus musculus PE 4 SV 1 | 5075,17 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TET0 | Q3TET0 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Cct7 PE 2 SV 1 | 5057,35 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TGE1 | Q3TGE1 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Actr3 PE 2 SV 1 | 4955,97 | βIV5-3 em 3 horas |
| D6RHT5 | D6RHT5 MOUSE ATP dependent RNA helicase DDX39A OS Mus musculus GN Ddx39 PE 2 SV 1 | 4931,84 | βIV5-3 em 3 horas |
| F7CJS8 | F7CJS8 MOUSE 40S ribosomal protein S9 Fragment OS Mus musculus GN Rps9 PE 2 SV 1 | 4841,45 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q5BLJ7 | Q5BLJ7 MOUSE MCG10205 OS Mus musculus GN Rps13 PE 2 SV 1 | 4739,74 | βIV5-3 em 3 horas |
| P62715 | PP2AB MOUSE Serine threonine protein phosphatase 2A catalytic subunit beta isoform OS Mus musculus G | 4736,59 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q91YZ8 | Q91YZ8 MOUSE Poly A binding protein cytoplasmic 4 OS Mus musculus GN Pabpc4 PE 2 SV 1 | 4700,24 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q0PD66 | Q0PD66 MOUSE RAB1B member RAS oncogene family isoform CRA c OS Mus musculus GN Rab1b PE 2 SV 1 | 4684,95 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8VEI6 | Q8VEI6 MOUSE Asna1 protein OS Mus musculus GN Asna1 PE 2 SV 1 | 4681,78 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q60865 | CAPR1 MOUSE Caprin 1 OS Mus musculus GN Caprin1 PE 1 SV 2 | 4654,04 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q64674 | SPEE MOUSE Spermidine synthase OS Mus musculus GN Srm PE 2 SV 1 | 4605,08 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BN07 | Q8BN07 MOUSE Serine threonine protein phosphatase Fragment OS Mus musculus GN Ppp2cb PE 2 SV 1 | 4579,7 | βIV5-3 em 3 horas |
| G3UZX4 | G3UZX4 MOUSE Casein kinase II subunit beta OS Mus musculus GN Csnk2b PE 2 SV 1 | 4355,63 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UT95 | Q3UT95 MOUSE MCG121966 OS Mus musculus GN Ube2d2a PE 2 SV 1 | 4318,43 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q6ZWU9 | RS27 MOUSE 40S ribosomal protein S27 OS Mus musculus GN Rps27 PE 1 SV 3 | 4204,54 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TXT7 | Q3TXT7 MOUSE RuvB like protein 2 OS Mus musculus GN Ruvb12 PE 2 SV 1 | 4162,4 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9CQ60 | 6PGL MOUSE 6 phosphogluconolactonase OS Mus musculus GN Pgl5 PE 2 SV 1 | 4109,55 | βIV5-3 em 3 horas |

| | | | |
|--------|--|---------|-------------------|
| Q01320 | TOP2A MOUSE DNA topoisomerase 2 alpha OS Mus musculus GN Top2a PE 1 SV 2 | 4102,92 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UR42 | Q3UR42 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Dhx9 PE 2 SV 1 | 4094,31 | βIV5-3 em 3 horas |
| E9Q0H8 | E9Q0H8 MOUSE Transportin 3 OS Mus musculus GN Tnp3 PE 2 SV 1 | 3971,19 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q54AC6 | Q54AC6 MOUSE Cox17p OS Mus musculus GN COX17 PE 2 SV 1 | 3932,09 | βIV5-3 em 3 horas |
| D3YX71 | D3YX71 MOUSE Uncharacterized protein OS Mus musculus GN Gm8973 PE 4 SV 1 | 3892,35 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BRJ5 | Q8BRJ5 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Ybx1 PE 2 SV 1 | 3863,39 | βIV5-3 em 3 horas |
| A2A600 | A2A600 MOUSE Importin subunit alpha 1 Fragment OS Mus musculus GN Kpna2 PE 2 SV 2 | 3828,54 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q564F4 | Q564F4 MOUSE T complex protein 1 subunit delta OS Mus musculus GN Cct4 PE 2 SV 1 | 3780,57 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q6PET9 | Q6PET9 MOUSE DNA topoisomerase 2 Fragment OS Mus musculus GN Top2a PE 2 SV 1 | 3743,94 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q790I0 | Q790I0 MOUSE Valyl tRNA synthetase 2 isoform CRA b OS Mus musculus GN Vars PE 3 SV 1 | 3719,43 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UGH0 | Q3UGH0 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Actr3 PE 2 SV 1 | 3711,1 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9JLJ2 | AL9A1 MOUSE 4 trimethylaminobutyraldehyde dehydrogenase OS Mus musculus GN Aldh9a1 PE 1 SV 1 | 3703,27 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q792Y0 | Q792Y0 MOUSE Poly A binding protein testis specific isoform OS Mus musculus PE 2 SV 1 | 3696,03 | βIV5-3 em 3 horas |
| P48722 | HS74L MOUSE Heat shock 70 kDa protein 4L OS Mus musculus GN Hspa4l PE 1 SV 2 | 3684,16 | βIV5-3 em 3 horas |
| E0CY23 | E0CY23 MOUSE Heat shock 70 kDa protein 4L Fragment OS Mus musculus GN Hspa4l PE 2 SV 1 | 3666,22 | βIV5-3 em 3 horas |
| P61750 | ARF4 MOUSE ADP ribosylation factor 4 OS Mus musculus GN Arf4 PE 1 SV 2 | 3640,82 | βIV5-3 em 3 horas |
| A2AGN7 | A2AGN7 MOUSE 26S protease regulatory subunit 6A OS Mus musculus GN Psmc3 PE 2 SV 1 | 3636,49 | βIV5-3 em 3 horas |
| P80317 | TCPZ MOUSE T complex protein 1 subunit zeta OS Mus musculus GN Cct6a PE 1 SV 3 | 3550,22 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9D077 | Q9D077 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Mcm4 PE 2 SV 1 | 3540,81 | βIV5-3 em 3 horas |
| D6RCW9 | D6RCW9 MOUSE Thymidylate synthase OS Mus musculus GN Tyms PE 2 SV 1 | 3476,27 | βIV5-3 em 3 horas |
| F8VQK7 | F8VQK7 MOUSE Protein Gm16519 OS Mus musculus GN Gm16519 PE 3 SV 2 | 3466,04 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3ULC7 | Q3ULC7 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Ddx21 PE 2 SV 1 | 3426,92 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BIE2 | Q8BIE2 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Myh9 PE 2 SV 1 | 3409,18 | βIV5-3 em 3 horas |
| P26041 | MOES MOUSE Moesin OS Mus musculus GN Msn PE 1 SV 3 | 3403,15 | βIV5-3 em 3 horas |
| L7N453 | L7N453 MOUSE Uncharacterized protein OS Mus musculus GN Gm4968 PE 3 SV 1 | 3399,52 | βIV5-3 em 3 horas |
| E9Q197 | E9Q197 MOUSE Glyoxalase domain containing protein 4 OS Mus musculus GN Glod4 PE 2 SV 1 | 3370,78 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TDS9 | Q3TDS9 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Rpl13a PE 2 SV 1 | 3358,62 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BTY3 | Q8BTY3 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Ppa1 PE 2 SV 1 | 3326,92 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9D287 | SPF27 MOUSE Pre mRNA splicing factor SPF27 OS Mus musculus GN Bcas2 PE 2 SV 1 | 3297,18 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q5PR09 | Q5PR09 MOUSE Ribosomal protein L32 OS Mus musculus GN Rpl32 PE 2 SV 1 | 3284,89 | βIV5-3 em 3 horas |
| O08855 | O08855 MOUSE Apolipoprotein A I OS Mus musculus PE 3 SV 1 | 3274,55 | βIV5-3 em 3 horas |
| E9PXY1 | E9PXY1 MOUSE Cullin 4B OS Mus musculus GN Cul4b PE 2 SV 2 | 3255,2 | βIV5-3 em 3 horas |
| P63325 | RS10 MOUSE 40S ribosomal protein S10 OS Mus musculus GN Rps10 PE 1 SV 1 | 3250,06 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UE92 | Q3UE92 MOUSE X prolyl aminopeptidase Aminopeptidase P 1 soluble isoform CRA b OS Mus musculus GN | 3190,3 | βIV5-3 em 3 horas |
| B1AXY1 | B1AXY1 MOUSE DnaJ homolog subfamily A member 1 Fragment OS Mus musculus GN Dnaja1 PE 2 SV 1 | 3181,6 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9CWI9 | Q9CWI9 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Rps23 PE 2 SV 1 | 3169,96 | βIV5-3 em 3 horas |
| G3UZI2 | G3UZI2 MOUSE Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein Q OS Mus musculus GN Syncrip PE 2 SV 1 | 3148,18 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9D0E8 | Q9D0E8 MOUSE Casein kinase II alpha 1 polypeptide isoform CRA b OS Mus musculus GN Csnk2a1 PE 2 SV | 3120,11 | βIV5-3 em 3 horas |
| P80315 | TCPD MOUSE T complex protein 1 subunit delta OS Mus musculus GN Cct4 PE 1 SV 3 | 3072,73 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8CEH4 | Q8CEH4 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Pfdn1 PE 2 SV 1 | 3037,55 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9CQS7 | DPA5A MOUSE Developmental pluripotency associated protein 5A OS Mus musculus GN Dppa5a PE 1 SV 2 | 3021,16 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q4G0B8 | Q4G0B8 MOUSE Importin 9 OS Mus musculus GN Ipo9 PE 2 SV 1 | 3018,96 | βIV5-3 em 3 horas |

| | | | |
|--------|---|---------|-------------------|
| Q3TLJ3 | Q3TLJ3 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Rsl1d1 PE 2 SV 1 | 3016,88 | βIV5-3 em 3 horas |
| E0CY46 | E0CY46 MOUSE Importin 9 OS Mus musculus GN Ipo9 PE 4 SV 1 | 3004,5 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TP81 | Q3TP81 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Cul4b PE 2 SV 1 | 3002,59 | βIV5-3 em 3 horas |
| P03930 | ATP8 MOUSE ATP synthase protein 8 OS Mus musculus GN Mtatp8 PE 1 SV 1 | 2961,61 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UBZ3 | Q3UBZ3 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Capza2 PE 2 SV 1 | 2954,84 | βIV5-3 em 3 horas |
| J3QN87 | J3QN87 MOUSE Eukaryotic translation initiation factor 1 Fragment OS Mus musculus GN Eif1 PE 4 SV 1 | 2934,65 | βIV5-3 em 3 horas |
| P10852 | 4F2 MOUSE 4F2 cell surface antigen heavy chain OS Mus musculus GN Slc3a2 PE 1 SV 1 | 2920,2 | βIV5-3 em 3 horas |
| P59999 | ARPC4 MOUSE Actin related protein 2 3 complex subunit 4 OS Mus musculus GN Arpc4 PE 1 SV 3 | 2915,76 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8R1T2 | Q8R1T2 MOUSE Cul4a protein OS Mus musculus GN Cul4a PE 2 SV 1 | 2910,69 | βIV5-3 em 3 horas |
| P56873 | SSA27 MOUSE Sjogren syndrome scleroderma autoantigen 1 homolog OS Mus musculus GN Sssca1 PE 2 SV 1 | 2869,22 | βIV5-3 em 3 horas |
| F2Z494 | F2Z494 MOUSE Myosin 9 OS Mus musculus GN Myh9 PE 2 SV 1 | 2820,53 | βIV5-3 em 3 horas |
| D3Z7N3 | D3Z7N3 MOUSE Cell growth regulating nucleolar protein Fragment OS Mus musculus GN Lyar PE 2 SV 1 | 2818,15 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TL53 | Q3TL53 MOUSE 40S ribosomal protein S6 OS Mus musculus PE 2 SV 1 | 2781,57 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TIR6 | Q3TIR6 MOUSE Prefoldin subunit 3 OS Mus musculus GN Vbp1 PE 2 SV 1 | 2760,96 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q99J57 | Q99J57 MOUSE S adenosylmethionine synthase OS Mus musculus GN Mat2a PE 2 SV 1 | 2727,57 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TS74 | Q3TS74 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Rdx PE 2 SV 1 | 2722,07 | βIV5-3 em 3 horas |
| G5E850 | G5E850 MOUSE Cytochrome b 5 isoform CRA a OS Mus musculus GN Cyb5 PE 3 SV 1 | 2704,42 | βIV5-3 em 3 horas |
| D3Z009 | D3Z009 MOUSE Cell growth regulating nucleolar protein Fragment OS Mus musculus GN Lyar PE 2 SV 1 | 2702,32 | βIV5-3 em 3 horas |
| E9PV49 | E9PV49 MOUSE Protein Gm4825 OS Mus musculus GN Gm4825 PE 4 SV 1 | 2687,45 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BWZ3 | NAA25 MOUSE N alpha acetyltransferase 25 NatB auxiliary subunit OS Mus musculus GN Naa25 PE 2 SV 1 | 2685,04 | βIV5-3 em 3 horas |
| P48428 | TBCA MOUSE Tubulin specific chaperone A OS Mus musculus GN Tbca PE 2 SV 3 | 2681,38 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q5XJZ3 | Q5XJZ3 MOUSE Grwd1 protein Fragment OS Mus musculus GN Grwd1 PE 2 SV 1 | 2664,67 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UV11 | Q3UV11 MOUSE Keratin type II cytoskeletal 6B OS Mus musculus GN Krt6b PE 2 SV 1 | 2657,86 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9JKB3 | YBOX3 MOUSE Y box binding protein 3 OS Mus musculus GN Ybx3 PE 1 SV 2 | 2643,22 | βIV5-3 em 3 horas |
| A2AJ71 | A2AJ71 MOUSE Protein Fubp3 Fragment OS Mus musculus GN Fubp3 PE 2 SV 1 | 2642,22 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3U7N1 | Q3U7N1 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus PE 2 SV 1 | 2638,96 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BKU2 | Q8BKU2 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Psmc4 PE 2 SV 1 | 2637,62 | βIV5-3 em 3 horas |
| P54775 | PRS6B MOUSE 26S protease regulatory subunit 6B OS Mus musculus GN Psmc4 PE 1 SV 2 | 2618,41 | βIV5-3 em 3 horas |
| G3UZ51 | G3UZ51 MOUSE N alpha acetyltransferase 25 NatB auxiliary subunit Fragment OS Mus musculus GN Naa2 | 2616,29 | βIV5-3 em 3 horas |
| B2RQV1 | B2RQV1 MOUSE RIKEN cDNA C330023M02 isoform CRA a OS Mus musculus GN Naa25 PE 2 SV 1 | 2608,72 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TYB1 | Q3TYB1 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Rab15 PE 2 SV 1 | 2602,24 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3V486 | Q3V486 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Pcbp2 PE 2 SV 1 | 2586,61 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BU30 | SYIC MOUSE Isoleucine tRNA ligase cytoplasmic OS Mus musculus GN Iars PE 2 SV 2 | 2586,46 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UJ34 | Q3UJ34 MOUSE MCG19004 OS Mus musculus GN Ass1 PE 2 SV 1 | 2553,67 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UC76 | Q3UC76 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Eif1a PE 2 SV 1 | 2551,53 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q921K3 | Q921K3 MOUSE Splicing factor arginine serine rich 6 OS Mus musculus GN Srsf6 PE 2 SV 1 | 2547,87 | βIV5-3 em 3 horas |
| B8JJB1 | B8JJB1 MOUSE PDZ and LIM domain protein 7 Fragment OS Mus musculus GN Pdlim7 PE 2 SV 1 | 2524,68 | βIV5-3 em 3 horas |
| P19783 | COX41 MOUSE Cytochrome c oxidase subunit 4 isoform 1 mitochondrial OS Mus musculus GN Cox4i1 PE 1 S | 2499,39 | βIV5-3 em 3 horas |
| J3QPQ5 | J3QPQ5 MOUSE Protein LOC100503047 OS Mus musculus GN Gm10264 PE 3 SV 1 | 2462,51 | βIV5-3 em 3 horas |
| O35887 | CALU MOUSE Calumenin OS Mus musculus GN Calu PE 1 SV 1 | 2438,64 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8VE97 | SRSF4 MOUSE Serine arginine rich splicing factor 4 OS Mus musculus GN Srsf4 PE 2 SV 1 | 2434,78 | βIV5-3 em 3 horas |

| | | | |
|--------|---|---------|-------------------|
| Q9QZ34 | Q9QZ34 MOUSE T complex polypeptide 1 Fragment OS Mus musculus GN Tcp 1 PE 4 SV 1 | 2420,3 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8K3J2 | Q8K3J2 MOUSE Bcl2 associated X protein kappa isoform OS Mus musculus GN Bax PE 2 SV 1 | 2412,74 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q50HX3 | Q50HX3 MOUSE RAB14 protein variant OS Mus musculus GN Rab14 PE 2 SV 1 | 2408,26 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q6P3D4 | Q6P3D4 MOUSE Hydroxysteroid 17 beta dehydrogenase 14 OS Mus musculus GN Hsd17b14 PE 2 SV 1 | 2407,07 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TN61 | Q3TN61 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Rhoa PE 2 SV 1 | 2405,5 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UWS7 | Q3UWS7 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Iars PE 2 SV 1 | 2392,64 | βIV5-3 em 3 horas |
| E9QB02 | E9QB02 MOUSE Methionine tRNA ligase cytoplasmic OS Mus musculus GN Mars PE 2 SV 1 | 2348,17 | βIV5-3 em 3 horas |
| P97311 | MCM6 MOUSE DNA replication licensing factor MCM6 OS Mus musculus GN Mcm6 PE 1 SV 1 | 2325,66 | βIV5-3 em 3 horas |
| A2RS58 | A2RS58 MOUSE V crk sarcoma virus CT10 oncogene homolog Avian like OS Mus musculus GN Crkl PE 2 SV | 2324,71 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BTX6 | Q8BTX6 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Skiv2l2 PE 2 SV 1 | 2309,51 | βIV5-3 em 3 horas |
| P97856 | P97856 MOUSE Capping protein beta 3 subunit Fragment OS Mus musculus PE 2 SV 1 | 2308,33 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TRW3 | Q3TRW3 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Snd1 PE 2 SV 1 | 2307,51 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9DCA5 | BRX1 MOUSE Ribosome biogenesis protein BRX1 homolog OS Mus musculus GN Brix1 PE 2 SV 3 | 2289,02 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TW51 | Q3TW51 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Snd1 PE 2 SV 1 | 2273,96 | βIV5-3 em 3 horas |
| B2RTB0 | B2RTB0 MOUSE MCG17262 OS Mus musculus GN Pdap1 PE 2 SV 1 | 2271,98 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3U484 | Q3U484 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Ddx3y PE 2 SV 1 | 2255,55 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TF62 | Q3TF62 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Actl6a PE 2 SV 1 | 2237,29 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UEK5 | Q3UEK5 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Ahsg PE 2 SV 1 | 2228,07 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UF82 | Q3UF82 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Mapk1 PE 2 SV 1 | 2223,11 | βIV5-3 em 3 horas |
| B7ZNF6 | B7ZNF6 MOUSE Ctnnd2 protein OS Mus musculus GN Ctnnd2 PE 2 SV 1 | 2222,19 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TPK9 | Q3TPK9 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Ctnnd2 PE 2 SV 1 | 2211,66 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TX55 | Q3TX55 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Arpc4 PE 2 SV 1 | 2210,37 | βIV5-3 em 3 horas |
| P50431 | GLYC MOUSE Serine hydroxymethyltransferase cytosolic OS Mus musculus GN Shmt1 PE 1 SV 3 | 2204,71 | βIV5-3 em 3 horas |
| D3YVR0 | D3YVR0 MOUSE Tropomyosin alpha 3 chain Fragment OS Mus musculus GN Tpm3 PE 2 SV 1 | 2202,93 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8R5B8 | Q8R5B8 MOUSE Crkl protein OS Mus musculus GN Crkl PE 4 SV 1 | 2201,21 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BJT5 | Q8BJT5 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Acadm PE 2 SV 1 | 2192,79 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q6A0D9 | Q6A0D9 MOUSE MKIAA0060 protein Fragment OS Mus musculus GN Gnpda1 PE 2 SV 1 | 2184,18 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q99K86 | Q99K86 MOUSE Bcam protein OS Mus musculus GN Bcam PE 2 SV 1 | 2172,85 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UKF5 | Q3UKF5 MOUSE X prolyl aminopeptidase OS Mus musculus GN Xpnpep1 PE 2 SV 1 | 2171,76 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9DCZ0 | Q9DCZ0 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Atp5d PE 2 SV 1 | 2168,48 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q922F6 | Q922F6 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus PE 2 SV 1 | 2161,73 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9CZE1 | Q9CZE1 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Sssca1 PE 2 SV 1 | 2137,68 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9D002 | Q9D002 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Sssca1 PE 2 SV 1 | 2137,68 | βIV5-3 em 3 horas |
| A2AJ72 | A2AJ72 MOUSE MCG130458 OS Mus musculus GN Fubp3 PE 4 SV 1 | 2137,3 | βIV5-3 em 3 horas |
| F7B7L8 | F7B7L8 MOUSE 26S proteasome non ATPase regulatory subunit 3 Fragment OS Mus musculus GN Psm3 PE 4 | 2124,13 | βIV5-3 em 3 horas |
| P16381 | DDX3L MOUSE Putative ATP dependent RNA helicase P110 OS Mus musculus GN D1Pas1 PE 2 SV 1 | 2118,54 | βIV5-3 em 3 horas |
| A2AD25 | A2AD25 MOUSE MCG49690 OS Mus musculus GN Gm4987 PE 4 SV 1 | 2111,53 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BVT1 | Q8BVT1 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Cct6b PE 2 SV 1 | 2088,45 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q6NVF9 | CPSF6 MOUSE Cleavage and polyadenylation specificity factor subunit 6 OS Mus musculus GN Cpsf6 PE 2 | 2077,27 | βIV5-3 em 3 horas |
| E9Q866 | E9Q866 MOUSE Isoleucine tRNA ligase cytoplasmic Fragment OS Mus musculus GN Iars PE 2 SV 1 | 2073,29 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BKH1 | Q8BKH1 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Xpnpep1 PE 2 SV 2 | 2060,73 | βIV5-3 em 3 horas |

| | | | |
|--------|---|---------|-------------------|
| G3UWG1 | G3UWG1 MOUSE MCG115977 OS Mus musculus GN Gm10108 PE 3 SV 1 | 2056,74 | βIV5-3 em 3 horas |
| D6REU5 | D6REU5 MOUSE Glutamate rich WD repeat containing protein 1 OS Mus musculus GN Grwd1 PE 2 SV 1 | 2035,43 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8CEW7 | Q8CEW7 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN 2410018M08Rik PE 2 SV 1 | 2030,62 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q6DG52 | CHUR MOUSE Protein Churchill OS Mus musculus GN Churc1 PE 2 SV 1 | 2025,81 | βIV5-3 em 3 horas |
| G3UYW2 | G3UYW2 MOUSE Valine tRNA ligase Fragment OS Mus musculus GN Vars PE 2 SV 1 | 2022,35 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TI10 | Q3TI10 MOUSE T complex protein 1 subunit delta OS Mus musculus GN Cct4 PE 2 SV 1 | 2004,93 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q99P72 | RTN4 MOUSE Reticulon 4 OS Mus musculus GN Rtn4 PE 1 SV 2 | 1997,53 | βIV5-3 em 3 horas |
| F6YUI5 | F6YUI5 MOUSE H ACA ribonucleoprotein complex subunit 4 Fragment OS Mus musculus GN Dkc1 PE 2 SV 1 | 1989,64 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3U8X6 | Q3U8X6 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Ptma PE 2 SV 1 | 1983,58 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8C2E1 | Q8C2E1 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Ppp2r1a PE 2 SV 1 | 1979,93 | βIV5-3 em 3 horas |
| A2ALF2 | A2ALF2 MOUSE DnaJ Hsp40 homolog subfamily C member 8 OS Mus musculus GN Dnajc8 PE 2 SV 1 | 1974,39 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9DCD8 | Q9DCD8 MOUSE Proteasome subunit alpha type OS Mus musculus GN Psma3 PE 2 SV 1 | 1974 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q4FZG0 | Q4FZG0 MOUSE Hsd17b14 protein Fragment OS Mus musculus GN Hsd17b14 PE 2 SV 1 | 1972,02 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q06185 | ATP5I MOUSE ATP synthase subunit e mitochondrial OS Mus musculus GN Atp5i PE 1 SV 2 | 1940,11 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BH78 | Q8BH78 MOUSE Reticulon OS Mus musculus GN Rtn4 PE 2 SV 1 | 1939,8 | βIV5-3 em 3 horas |
| E9QAS4 | E9QAS4 MOUSE Chromodomain helicase DNA binding protein 4 OS Mus musculus GN Chd4 PE 2 SV 1 | 1930,95 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UXX4 | Q3UXX4 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Ctnd2 PE 2 SV 1 | 1920,72 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TRV3 | Q3TRV3 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Syncrip PE 2 SV 1 | 1917,78 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3ULF7 | Q3ULF7 MOUSE Actr3 protein OS Mus musculus GN Actr3 PE 2 SV 1 | 1915,9 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q544Z9 | Q544Z9 MOUSE Cytochrome b 5 isoform CRA d OS Mus musculus GN Cyb5 PE 2 SV 1 | 1891,26 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9CQX8 | RT36 MOUSE 28S ribosomal protein S36 mitochondrial OS Mus musculus GN Mrps36 PE 2 SV 1 | 1888,16 | βIV5-3 em 3 horas |
| D3YYD5 | D3YYD5 MOUSE Vacuolar protein sorting associated protein 29 Fragment OS Mus musculus GN Vps29 PE 2 | 1887,78 | βIV5-3 em 3 horas |
| M0QWJ2 | M0QWJ2 MOUSE Ribulose phosphate 3 epimerase OS Mus musculus GN Rpe PE 2 SV 1 | 1884,64 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UIA5 | Q3UIA5 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Cul1 PE 2 SV 1 | 1881,32 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TM67 | Q3TM67 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Dkc1 PE 2 SV 1 | 1875,26 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q5XQM7 | Q5XQM7 MOUSE MHC class II antigen Fragment OS Mus musculus PE 4 SV 1 | 1869 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UMQ2 | Q3UMQ2 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Dr1 PE 2 SV 1 | 1866,53 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8CEX3 | Q8CEX3 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Brix1 PE 2 SV 1 | 1862,66 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TPM3 | Q3TPM3 MOUSE Cullin 1 Fragment OS Mus musculus GN Cul1 PE 2 SV 1 | 1861,85 | βIV5-3 em 3 horas |
| G3UWV3 | G3UWV3 MOUSE Calumenin OS Mus musculus GN Calu PE 2 SV 1 | 1859,22 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TIK0 | Q3TIK0 MOUSE Platelet activating factor acetylhydrolase IB subunit alpha OS Mus musculus GN Pfah1b1 | 1855,56 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9CZI7 | Q9CZI7 MOUSE Annexin OS Mus musculus GN Anxa2 PE 2 SV 1 | 1849,74 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BVI4 | DHPR MOUSE Dihydropteridine reductase OS Mus musculus GN Qdpr PE 1 SV 2 | 1842,17 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q921K2 | Q921K2 MOUSE Poly ADP ribose polymerase family member 1 OS Mus musculus GN Parp1 PE 2 SV 1 | 1836,38 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q6KAU3 | Q6KAU3 MOUSE MFLJ00023 protein Fragment OS Mus musculus GN Mrps25 PE 2 SV 1 | 1820,73 | βIV5-3 em 3 horas |
| E9Q391 | E9Q391 MOUSE Uridine phosphorylase 1 Fragment OS Mus musculus GN Upp1 PE 2 SV 1 | 1819,56 | βIV5-3 em 3 horas |
| P62874 | GBB1 MOUSE Guanine nucleotide binding protein G I G S G T subunit beta 1 OS Mus musculus GN Gnb1 | 1805,6 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TX36 | Q3TX36 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Parp1 PE 2 SV 1 | 1798,69 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q05BR6 | Q05BR6 MOUSE Dhx9 protein Fragment OS Mus musculus GN Dhx9 PE 2 SV 1 | 1789,07 | βIV5-3 em 3 horas |
| E9PZT4 | E9PZT4 MOUSE DnaJ homolog subfamily C member 8 OS Mus musculus GN Dnajc8 PE 2 SV 1 | 1785,92 | βIV5-3 em 3 horas |

| | | | |
|--------|--|---------|-------------------|
| Q60749 | KHDR1 MOUSE KH domain containing RNA binding signal transduction associated protein 1 OS Mus muscu | 1781,87 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3U307 | Q3U307 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Cdk2 PE 2 SV 1 | 1762,92 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BH95 | ECHM MOUSE Enoyl CoA hydratase mitochondrial OS Mus musculus GN EchS1 PE 1 SV 1 | 1759,33 | βIV5-3 em 3 horas |
| B0V2N7 | B0V2N7 MOUSE Annexin Fragment OS Mus musculus GN Anxa2 PE 2 SV 1 | 1744,09 | βIV5-3 em 3 horas |
| S4R295 | S4R295 MOUSE Protein arginine N methyltransferase 5 OS Mus musculus GN Prmt5 PE 4 SV 1 | 1741,78 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q91WP9 | Q91WP9 MOUSE Phosphorylase OS Mus musculus GN Pygl PE 2 SV 1 | 1735,82 | βIV5-3 em 3 horas |
| F2Z431 | F2Z431 MOUSE Importin subunit alpha 1 OS Mus musculus GN Kpna2 PE 2 SV 1 | 1726,33 | βIV5-3 em 3 horas |
| D3Z1M1 | D3Z1M1 MOUSE Guanine nucleotide binding protein G I G S G T subunit beta 2 Fragment OS Mus musc | 1719,53 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q62159 | RHOC MOUSE Rho related GTP binding protein RhoC OS Mus musculus GN Rhoc PE 1 SV 2 | 1713,67 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9CQI3 | GMFB MOUSE Glia maturation factor beta OS Mus musculus GN Gmfb PE 1 SV 3 | 1701,57 | βIV5-3 em 3 horas |
| E9PV44 | E9PV44 MOUSE ATPase inhibitor mitochondrial OS Mus musculus GN Atpif1 PE 2 SV 1 | 1696,84 | βIV5-3 em 3 horas |
| P83870 | PHF5A MOUSE PHD finger like domain containing protein 5A OS Mus musculus GN Phf5a PE 1 SV 1 | 1692,26 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q7TPT7 | Q7TPT7 MOUSE Valyl tRNA synthetase OS Mus musculus GN Vars PE 2 SV 1 | 1689,65 | βIV5-3 em 3 horas |
| G3UY86 | G3UY86 MOUSE Phosphoribosylformylglycinamide synthase Fragment OS Mus musculus GN Pfas PE 4 SV 1 | 1682,68 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UGB5 | Q3UGB5 MOUSE DAZ associated protein 1 isoform CRA b OS Mus musculus GN Dazap1 PE 2 SV 1 | 1675,04 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9JII5 | DAZP1 MOUSE DAZ associated protein 1 OS Mus musculus GN Dazap1 PE 2 SV 2 | 1675,04 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BU29 | Q8BU29 MOUSE Dipeptidylpeptidase 3 isoform CRA c OS Mus musculus GN Dpp3 PE 2 SV 1 | 1674,42 | βIV5-3 em 3 horas |
| B0LAD0 | B0LAD0 MOUSE Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit 5 epsilon Fragment OS Mus musculus | 1671,98 | βIV5-3 em 3 horas |
| G3UX26 | G3UX26 MOUSE Voltage dependent anion selective channel protein 2 Fragment OS Mus musculus GN Vdac2 | 1667,79 | βIV5-3 em 3 horas |
| D3Z2H3 | D3Z2H3 MOUSE Cullin 1 Fragment OS Mus musculus GN Cul1 PE 2 SV 1 | 1651,06 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9D802 | Q9D802 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Mad2l1 PE 4 SV 1 | 1649,98 | βIV5-3 em 3 horas |
| D3Z444 | D3Z444 MOUSE RIKEN cDNA 1810048P08 isoform CRA b OS Mus musculus GN Rab43 PE 3 SV 1 | 1646,94 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3U7E0 | Q3U7E0 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Atp6v1g1 PE 4 SV 1 | 1641,51 | βIV5-3 em 3 horas |
| G8JL35 | G8JL35 MOUSE MOB like protein phocein Fragment OS Mus musculus GN Mob4 PE 2 SV 1 | 1635,73 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q99J09 | MEP50 MOUSE Methylosome protein 50 OS Mus musculus GN Wdr77 PE 1 SV 1 | 1630,1 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q61061 | Q61061 MOUSE Mus musculus probable G T mismatch binding protein Fragment OS Mus musculus GN Msh6 P | 1628,29 | βIV5-3 em 3 horas |
| D3YTN1 | D3YTN1 MOUSE Importin subunit alpha 3 Fragment OS Mus musculus GN Kpna4 PE 2 SV 1 | 1626,66 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UH17 | Q3UH17 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Fn1 PE 2 SV 1 | 1620,9 | βIV5-3 em 3 horas |
| F7B5B5 | F7B5B5 MOUSE Protein Hnrnp OS Mus musculus GN Hnrnp PE 4 SV 1 | 1612,02 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3U2W2 | Q3U2W2 MOUSE MYB binding protein P160 1a isoform CRA b OS Mus musculus GN Mybbp1a PE 2 SV 1 | 1607,54 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q7TPV4 | MBB1A MOUSE Myb binding protein 1A OS Mus musculus GN Mybbp1a PE 1 SV 2 | 1607,54 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TND1 | Q3TND1 MOUSE Peptidyl prolyl cis trans isomerase OS Mus musculus GN Fkbp2 PE 2 SV 1 | 1605,35 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UDA4 | Q3UDA4 MOUSE SWI SNF related matrix associated actin dependent regulator of chromatin subfamily b | 1600,56 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8C0Z6 | Q8C0Z6 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Psm11 PE 2 SV 1 | 1596,24 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9CQ71 | RFA3 MOUSE Replication protein A 14 kDa subunit OS Mus musculus GN Rpa3 PE 2 SV 1 | 1576,52 | βIV5-3 em 3 horas |
| O55125 | NIPS1 MOUSE Protein NipSnap homolog 1 OS Mus musculus GN Nipsnap1 PE 1 SV 1 | 1575,45 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q5SVF7 | Q5SVF7 MOUSE 4 nitrophenylphosphatase domain and non neuronal SNAP25 like protein homolog 1 C eleg | 1575,45 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3V3R8 | Q3V3R8 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Ube2k PE 4 SV 1 | 1569,82 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8K3A8 | Q8K3A8 MOUSE Sfrs4 protein OS Mus musculus GN Srsf4 PE 2 SV 1 | 1569,57 | βIV5-3 em 3 horas |
| P28667 | MRP MOUSE MARCKS related protein OS Mus musculus GN Marcks1 PE 1 SV 2 | 1569,52 | βIV5-3 em 3 horas |

| | | | |
|--------|--|---------|-------------------|
| Q922K7 | NOP2 MOUSE Putative ribosomal RNA methyltransferase NOP2 OS Mus musculus GN Nop2 PE 2 SV 1 | 1564,93 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TRM2 | Q3TRM2 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Bzw2 PE 2 SV 1 | 1562,98 | βIV5-3 em 3 horas |
| P37913 | DNLI1 MOUSE DNA ligase 1 OS Mus musculus GN Lig1 PE 1 SV 2 | 1559,2 | βIV5-3 em 3 horas |
| G3UY29 | G3UY29 MOUSE MCG22989 isoform CRA a OS Mus musculus GN Rab11b PE 3 SV 1 | 1556,26 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q7TNE3 | SPAG7 MOUSE Sperm associated antigen 7 OS Mus musculus GN Spag7 PE 1 SV 1 | 1552,81 | βIV5-3 em 3 horas |
| G3UWQ8 | G3UWQ8 MOUSE RNA binding protein 38 OS Mus musculus GN Rbm38 PE 2 SV 1 | 1547,53 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9JJD1 | Q9JJD1 MOUSE Brain cDNA clone MNCb 1957 similar to Mus musculus SWI SNF related matrix associated | 1546,2 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q6PDC5 | Q6PDC5 MOUSE Bzw2 protein OS Mus musculus GN Bzw2 PE 2 SV 1 | 1546,16 | βIV5-3 em 3 horas |
| B7ZC72 | B7ZC72 MOUSE Protein 0610037L13Rik OS Mus musculus GN 0610037L13Rik PE 2 SV 1 | 1526,6 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UIG0 | Q3UIG0 MOUSE Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit E OS Mus musculus GN Eif3e PE 2 SV 1 | 1526,45 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3U344 | Q3U344 MOUSE ADP ribosylation factor 3 OS Mus musculus GN Arf3 PE 2 SV 1 | 1524,69 | βIV5-3 em 3 horas |
| F6ZEW4 | F6ZEW4 MOUSE Exportin 2 Fragment OS Mus musculus GN Cse1l PE 2 SV 1 | 1518,42 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q497N0 | Q497N0 MOUSE Chaperonin containing Tcp1 subunit 6b Zeta OS Mus musculus GN Cct6b PE 2 SV 1 | 1517,57 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9D7S7 | RL22L MOUSE 60S ribosomal protein L22 like 1 OS Mus musculus GN Rpl22l1 PE 1 SV 1 | 1513,69 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q4FJL0 | Q4FJL0 MOUSE RAB10 member RAS oncogene family OS Mus musculus GN Rab10 PE 2 SV 1 | 1512,69 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9CZT8 | RAB3B MOUSE Ras related protein Rab 3B OS Mus musculus GN Rab3b PE 1 SV 1 | 1511,72 | βIV5-3 em 3 horas |
| G3UWL2 | G3UWL2 MOUSE Serine threonine protein phosphatase 2A 65 kDa regulatory subunit A alpha isoform Frag | 1486,72 | βIV5-3 em 3 horas |
| B2RVT1 | B2RVT1 MOUSE MCG20113 isoform CRA e OS Mus musculus GN Myeov2 PE 4 SV 1 | 1486,55 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q5SW88 | Q5SW88 MOUSE Ras related protein Rab 1A OS Mus musculus GN Rab1 PE 2 SV 1 | 1485,06 | βIV5-3 em 3 horas |
| F7AA45 | F7AA45 MOUSE RNA binding protein 39 Fragment OS Mus musculus GN Rbm39 PE 4 SV 1 | 1484,24 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UCF0 | Q3UCF0 MOUSE Proteasome subunit alpha type OS Mus musculus GN Psma4 PE 2 SV 1 | 1472,92 | βIV5-3 em 3 horas |
| D3YTV0 | D3YTV0 MOUSE Protein Gm10936 OS Mus musculus GN Gm10936 PE 4 SV 2 | 1470,06 | βIV5-3 em 3 horas |
| P97930 | KTHY MOUSE Thymidylate kinase OS Mus musculus GN Dtymk PE 2 SV 2 | 1465,57 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UGT5 | Q3UGT5 MOUSE Phosphorylase OS Mus musculus GN Pygb PE 2 SV 1 | 1462,88 | βIV5-3 em 3 horas |
| G3UZJ4 | G3UZJ4 MOUSE Peroxiredoxin 6 OS Mus musculus GN Prdx5 PE 2 SV 1 | 1461,65 | βIV5-3 em 3 horas |
| A6PWC3 | A6PWC3 MOUSE Nardilysin OS Mus musculus GN Nrd1 PE 2 SV 1 | 1460,95 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TTX0 | Q3TTX0 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Matr3 PE 2 SV 1 | 1460,28 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8CIJ0 | Q8CIJ0 MOUSE Nrd1 protein Fragment OS Mus musculus GN Nrd1 PE 2 SV 1 | 1447,88 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9Z1Z8 | Q9Z1Z8 MOUSE Fibronectin Fragment OS Mus musculus PE 2 SV 1 | 1445,92 | βIV5-3 em 3 horas |
| A2ADY9 | DDI2 MOUSE Protein DDI1 homolog 2 OS Mus musculus GN Ddi2 PE 1 SV 1 | 1444,21 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q7TNP2 | 2AAB MOUSE Serine threonine protein phosphatase 2A 65 kDa regulatory subunit A beta isoform OS Mus m | 1430,9 | βIV5-3 em 3 horas |
| F7CDT0 | F7CDT0 MOUSE NEDD8 conjugating enzyme Ubc12 Fragment OS Mus musculus GN Ube2m PE 2 SV 1 | 1422,22 | βIV5-3 em 3 horas |
| P61082 | UBC12 MOUSE NEDD8 conjugating enzyme Ubc12 OS Mus musculus GN Ube2m PE 2 SV 1 | 1422,22 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q78JE5 | FBX22 MOUSE F box only protein 22 OS Mus musculus GN Fbxo22 PE 2 SV 2 | 1422,22 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TJN3 | Q3TJN3 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Ctsd PE 2 SV 1 | 1421,03 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q923G2 | RPAB3 MOUSE DNA directed RNA polymerases I II and III subunit RPABC3 OS Mus musculus GN Polr2h PE | 1409,57 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q6LCK2 | Q6LCK2 MOUSE Int 6 protein Fragment OS Mus musculus GN Eif3e PE 2 SV 1 | 1408,07 | βIV5-3 em 3 horas |
| J3QQ02 | J3QQ02 MOUSE Protein Gm2056 OS Mus musculus GN Gm2056 PE 3 SV 1 | 1407,33 | βIV5-3 em 3 horas |
| F6WMD1 | F6WMD1 MOUSE Alpha 2 macroglobulin receptor associated protein Fragment OS Mus musculus GN Lrpap1 | 1405 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q0P5V0 | Q0P5V0 MOUSE 4732415M23Rik protein OS Mus musculus GN Spata33 PE 4 SV 1 | 1397,94 | βIV5-3 em 3 horas |
| P30115 | GSTA3 MOUSE Glutathione S transferase A3 OS Mus musculus GN Gsta3 PE 1 SV 2 | 1397,27 | βIV5-3 em 3 horas |

| | | | |
|--------|--|---------|-------------------|
| Q3UXT5 | Q3UXT5 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Txlna PE 2 SV 1 | 1387,78 | βIV5-3 em 3 horas |
| A2ALF0 | A2ALF0 MOUSE DnaJ homolog subfamily C member 8 OS Mus musculus GN Dnajc8 PE 2 SV 1 | 1383,31 | βIV5-3 em 3 horas |
| F6WHQ7 | F6WHQ7 MOUSE Glutathione S transferase Mu 1 Fragment OS Mus musculus GN Gstm1 PE 2 SV 1 | 1382,6 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q544T5 | Q544T5 MOUSE Dihydrofolate reductase OS Mus musculus GN Dhfr PE 2 SV 1 | 1374,03 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UJ70 | Q3UJ70 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Hmgcs1 PE 2 SV 1 | 1367,72 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UMJ4 | Q3UMJ4 MOUSE General transcription factor IIF polypeptide 2 isoform CRA c OS Mus musculus GN Gtf2f | 1365,62 | βIV5-3 em 3 horas |
| E0CYQ2 | E0CYQ2 MOUSE NudC domain containing protein 2 OS Mus musculus GN Nudcd2 PE 2 SV 1 | 1365,58 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UJQ2 | Q3UJQ2 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Hmgcs1 PE 2 SV 1 | 1361,92 | βIV5-3 em 3 horas |
| D3Z3D2 | D3Z3D2 MOUSE Nuclear cap binding protein subunit 2 OS Mus musculus GN Ncbp2 PE 2 SV 1 | 1361,84 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BXY4 | Q8BXY4 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Rab2a PE 2 SV 1 | 1358,18 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9QZE5 | COPG1 MOUSE Coatomer subunit gamma 1 OS Mus musculus GN Copg1 PE 2 SV 1 | 1345,05 | βIV5-3 em 3 horas |
| D6RCW7 | D6RCW7 MOUSE F actin capping protein subunit alpha 2 OS Mus musculus GN Capza2 PE 2 SV 1 | 1343,58 | βIV5-3 em 3 horas |
| E9PV04 | E9PV04 MOUSE Protein Gm8994 OS Mus musculus GN Gm8994 PE 4 SV 2 | 1343,56 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q64669 | NQO1 MOUSE NAD P H dehydrogenase quinone 1 OS Mus musculus GN Nqo1 PE 1 SV 3 | 1342,14 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9Z2Y8 | PROSC MOUSE Proline synthase co transcribed bacterial homolog protein OS Mus musculus GN Prosc PE 1 | 1342 | βIV5-3 em 3 horas |
| G3UZ28 | G3UZ28 MOUSE 26S proteasome non ATPase regulatory subunit 11 Fragment OS Mus musculus GN Psm11 PE | 1341,46 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q542U7 | Q542U7 MOUSE LSM6 homolog U6 small nuclear RNA associated S cerevisiae OS Mus musculus GN Lsm6 P | 1337,36 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9DBP5 | KCY MOUSE UMP CMP kinase OS Mus musculus GN Cmpk1 PE 1 SV 1 | 1332,73 | βIV5-3 em 3 horas |
| D3Z1A1 | D3Z1A1 MOUSE Dihydropteridine reductase Fragment OS Mus musculus GN Qdpr PE 2 SV 1 | 1331,97 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9DAW9 | CNN3 MOUSE Calponin 3 OS Mus musculus GN Cnn3 PE 1 SV 1 | 1331,59 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q60737 | CSK21 MOUSE Casein kinase II subunit alpha OS Mus musculus GN Csnk2a1 PE 1 SV 2 | 1317,55 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BW03 | Q8BW03 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Elavl1 PE 2 SV 1 | 1312,14 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UHM0 | Q3UHM0 MOUSE Platelet activating factor acetylhydrolase IB subunit alpha OS Mus musculus GN Pafah1b1 | 1309,33 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TG12 | Q3TG12 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Farsb PE 2 SV 1 | 1301,22 | βIV5-3 em 3 horas |
| F8VQJ3 | F8VQJ3 MOUSE Laminin subunit gamma 1 OS Mus musculus GN Lamc1 PE 2 SV 1 | 1300,39 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TJN1 | Q3TJN1 MOUSE Branched chain amino acid aminotransferase OS Mus musculus GN Bcat1 PE 2 SV 1 | 1300,22 | βIV5-3 em 3 horas |
| G3UWR0 | G3UWR0 MOUSE Calumenin OS Mus musculus GN Calu PE 2 SV 1 | 1298,91 | βIV5-3 em 3 horas |
| G3UY49 | G3UY49 MOUSE Calumenin OS Mus musculus GN Calu PE 2 SV 1 | 1298,91 | βIV5-3 em 3 horas |
| D3YY68 | D3YY68 MOUSE Elongation factor 1 delta OS Mus musculus GN Eef1d PE 3 SV 1 | 1298,35 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8R2Y8 | PTH2 MOUSE Peptidyl tRNA hydrolase 2 mitochondrial OS Mus musculus GN Pth2 PE 2 SV 1 | 1294,81 | βIV5-3 em 3 horas |
| F7CXJ2 | F7CXJ2 MOUSE DnaJ homolog subfamily C member 8 Fragment OS Mus musculus GN Dnajc8 PE 4 SV 1 | 1292,47 | βIV5-3 em 3 horas |
| P23116 | EIF3A MOUSE Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit A OS Mus musculus GN Eif3a PE 1 SV 5 | 1291,14 | βIV5-3 em 3 horas |
| D6REV6 | D6REV6 MOUSE F box only protein 22 OS Mus musculus GN Fbxo22 PE 2 SV 1 | 1288,25 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9CWW6 | PIN4 MOUSE Peptidyl prolyl cis trans isomerase NIMA interacting 4 OS Mus musculus GN Pin4 PE 2 SV 1 | 1287,32 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9CYG7 | TOM34 MOUSE Mitochondrial import receptor subunit TOM34 OS Mus musculus GN Tomm34 PE 2 SV 1 | 1284,42 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3U5V3 | Q3U5V3 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Psmc2 PE 2 SV 1 | 1277,87 | βIV5-3 em 3 horas |
| P50096 | IMDH1 MOUSE Inosine 5 monophosphate dehydrogenase 1 OS Mus musculus GN Impdh1 PE 2 SV 2 | 1272,49 | βIV5-3 em 3 horas |
| P02468 | LAMC1 MOUSE Laminin subunit gamma 1 OS Mus musculus GN Lamc1 PE 1 SV 2 | 1263,67 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TVC5 | Q3TVC5 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Rars PE 2 SV 1 | 1262,46 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q505L1 | Q505L1 MOUSE Actin like 6A isoform CRA a OS Mus musculus GN Actl6a PE 2 SV 1 | 1258,88 | βIV5-3 em 3 horas |

| | | | |
|--------|---|---------|-------------------|
| Q923F1 | Q923F1 MOUSE Chloride channel nucleotide sensitive 1A OS Mus musculus GN Clns1a PE 2 SV 1 | 1258,78 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q60849 | Q60849 MOUSE CD98 heavy chain OS Mus musculus GN Slc3a2 PE 2 SV 1 | 1257,42 | βIV5-3 em 3 horas |
| D3YY16 | D3YY16 MOUSE Glia maturation factor gamma OS Mus musculus GN Gmfg PE 2 SV 1 | 1257,35 | βIV5-3 em 3 horas |
| D3Z2F6 | D3Z2F6 MOUSE Glia maturation factor gamma Fragment OS Mus musculus GN Gmfg PE 2 SV 1 | 1257,35 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9CSE4 | Q9CSE4 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Rsu1 PE 2 SV 1 | 1255,25 | βIV5-3 em 3 horas |
| F7BTP8 | F7BTP8 MOUSE DnaJ homolog subfamily C member 7 Fragment OS Mus musculus GN Dnajc7 PE 4 SV 1 | 1254,75 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q5SVG6 | Q5SVG6 MOUSE Protein NipSnap homolog 1 Fragment OS Mus musculus GN Nipsnap1 PE 2 SV 1 | 1249,04 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TYQ2 | Q3TYQ2 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Cltc PE 2 SV 1 | 1245,04 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TN39 | Q3TN39 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Slc3a2 PE 2 SV 1 | 1241,87 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TRH2 | Q3TRH2 MOUSE 26S proteasome non ATPase regulatory subunit 12 OS Mus musculus GN Psmd12 PE 2 SV 1 | 1241,34 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3V2K0 | Q3V2K0 MOUSE MCG48927 OS Mus musculus GN 1700071K01Rik PE 2 SV 1 | 1239,61 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q544K9 | Q544K9 MOUSE Uridine monophosphate synthetase OS Mus musculus GN Umps PE 2 SV 1 | 1238,39 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TE40 | Q3TE40 MOUSE DNA directed RNA polymerase I subunit RPA2 OS Mus musculus GN Rpa2 PE 2 SV 1 | 1231,89 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q62193 | RFA2 MOUSE Replication protein A 32 kDa subunit OS Mus musculus GN Rpa2 PE 1 SV 1 | 1231,89 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UJV2 | Q3UJV2 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Capza1 PE 2 SV 1 | 1228,45 | βIV5-3 em 3 horas |
| D3Z7U0 | D3Z7U0 MOUSE Annexin OS Mus musculus GN Anxa11 PE 2 SV 1 | 1227,52 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q5XJY5 | COPD MOUSE Coatomer subunit delta OS Mus musculus GN Arcn1 PE 2 SV 2 | 1223,13 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TJ51 | Q3TJ51 MOUSE Isocitrate dehydrogenase NADP OS Mus musculus GN Idh1 PE 2 SV 1 | 1221,9 | βIV5-3 em 3 horas |
| A2AKV0 | A2AKV0 MOUSE ATP synthase subunit gamma mitochondrial Fragment OS Mus musculus GN Atp5c1 PE 2 SV | 1216,66 | βIV5-3 em 3 horas |
| D3Z151 | D3Z151 MOUSE Translation initiation factor eIF 2B subunit alpha Fragment OS Mus musculus GN Eif2b1 | 1213,31 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UIX4 | Q3UIX4 MOUSE Protein Srsf11 OS Mus musculus GN Srsf11 PE 2 SV 1 | 1209,41 | βIV5-3 em 3 horas |
| H3BJA3 | H3BJA3 MOUSE Glutamate cysteine ligase regulatory subunit Fragment OS Mus musculus GN Gclm PE 4 S | 1206,22 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q80YP0 | CDK3 MOUSE Cyclin dependent kinase 3 OS Mus musculus GN Cdk3 PE 1 SV 2 | 1196,2 | βIV5-3 em 3 horas |
| P67778 | PHB MOUSE Prohibitin OS Mus musculus GN Phb PE 1 SV 1 | 1193,61 | βIV5-3 em 3 horas |
| P19536 | COX5B MOUSE Cytochrome c oxidase subunit 5B mitochondrial OS Mus musculus GN Cox5b PE 1 SV 1 | 1192,93 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3T9Z2 | Q3T9Z2 MOUSE Glyoxylate reductase hydroxypyruvate reductase OS Mus musculus GN Grhpr PE 2 SV 1 | 1192,58 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9D083 | SPC24 MOUSE Kinetochore protein Spc24 OS Mus musculus GN Spc24 PE 2 SV 1 | 1188,02 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UPE0 | Q3UPE0 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Tcea1 PE 2 SV 1 | 1183,41 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9D031 | Q9D031 MOUSE Ras suppressor protein 1 OS Mus musculus GN Rsu1 PE 2 SV 1 | 1178,17 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q14BA9 | Q14BA9 MOUSE SPC24 NDC80 kinetochore complex component homolog S cerevisiae OS Mus musculus GN | 1177,65 | βIV5-3 em 3 horas |
| D3Z3C8 | D3Z3C8 MOUSE Protein Zfp715 Fragment OS Mus musculus GN Zfp715 PE 2 SV 1 | 1173,04 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9D6F6 | Q9D6F6 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Dynll1 PE 4 SV 1 | 1168,03 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q99JN5 | Q99JN5 MOUSE Cnn3 protein Fragment OS Mus musculus GN Cnn3 PE 2 SV 1 | 1165,97 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q6VEU6 | Q6VEU6 MOUSE Metallothionein OS Mus musculus PE 3 SV 1 | 1160,66 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q6P1B6 | Q6P1B6 MOUSE Selenophosphate synthetase 1 OS Mus musculus GN Sephs1 PE 2 SV 1 | 1160,42 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q06477 | Q06477 MOUSE IFN response element binding factor 2 Fragment OS Mus musculus GN Srsf2 PE 2 SV 1 | 1158,82 | βIV5-3 em 3 horas |
| H3BKW0 | H3BKW0 MOUSE Cleavage and polyadenylation specificity factor subunit 6 Fragment OS Mus musculus GN | 1156,59 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q925E7 | 2ABD MOUSE Serine threonine protein phosphatase 2A 55 kDa regulatory subunit B delta isoform OS Mus | 1153,22 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q61686 | CBX5 MOUSE Chromobox protein homolog 5 OS Mus musculus GN Cbx5 PE 1 SV 1 | 1150,87 | βIV5-3 em 3 horas |
| G3UXS9 | G3UXS9 MOUSE Serine threonine protein phosphatase 2A 55 kDa regulatory subunit B delta isoform Frag | 1147,05 | βIV5-3 em 3 horas |

| | | | |
|--------|---|---------|-------------------|
| Q921Y2 | IMP3 MOUSE U3 small nucleolar ribonucleoprotein protein IMP3 OS Mus musculus GN Imp3 PE 2 SV 1 | 1146,85 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q4KL64 | Q4KL64 MOUSE RNA and export factor binding protein 2 OS Mus musculus GN Alyref2 PE 2 SV 1 | 1145,96 | βIV5-3 em 3 horas |
| P11103 | PARP1 MOUSE Poly ADP ribose polymerase 1 OS Mus musculus GN Parp1 PE 1 SV 3 | 1143,62 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9CZ13 | QCR1 MOUSE Cytochrome b c1 complex subunit 1 mitochondrial OS Mus musculus GN Uqcrc1 PE 1 SV 2 | 1141,99 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q52KC3 | Q52KC3 MOUSE DNA replication licensing factor MCM5 OS Mus musculus GN Mcm5 PE 2 SV 1 | 1140,94 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q61879 | MYH10 MOUSE Myosin 10 OS Mus musculus GN Myh10 PE 1 SV 2 | 1140,4 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UB63 | Q3UB63 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Slc25a3 PE 2 SV 1 | 1136,91 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UFA8 | Q3UFA8 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Vdac3 PE 2 SV 1 | 1136,2 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UC10 | Q3UC10 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Mcm6 PE 2 SV 1 | 1133,69 | βIV5-3 em 3 horas |
| G3UYR8 | G3UYR8 MOUSE Alpha amino adipic semialdehyde dehydrogenase OS Mus musculus GN Aldh7a1 PE 2 SV 1 | 1129,48 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BIW1 | PRUNE MOUSE Protein prune homolog OS Mus musculus GN Prune PE 2 SV 1 | 1126,4 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3V2T0 | Q3V2T0 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Wdr77 PE 2 SV 1 | 1122,99 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TT04 | Q3TT04 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Ipo5 PE 2 SV 1 | 1119,97 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q80YU9 | Q80YU9 MOUSE Retinoblastoma binding protein 9 OS Mus musculus GN Rbbp9 PE 2 SV 1 | 1117,18 | βIV5-3 em 3 horas |
| P57784 | RU2A MOUSE U2 small nuclear ribonucleoprotein A OS Mus musculus GN Snrpa1 PE 1 SV 2 | 1114,8 | βIV5-3 em 3 horas |
| O89055 | O89055 MOUSE Nonmuscle myosin heavy chain A Fragment OS Mus musculus GN Myh9 PE 2 SV 1 | 1112,99 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8VEM8 | MPCP MOUSE Phosphate carrier protein mitochondrial OS Mus musculus GN Slc25a3 PE 1 SV 1 | 1109,32 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q11011 | PSA MOUSE Puromycin sensitive aminopeptidase OS Mus musculus GN Npepps PE 1 SV 2 | 1103,86 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TSR2 | Q3TSR2 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Top1 PE 2 SV 1 | 1103,85 | βIV5-3 em 3 horas |
| P16254 | SRP14 MOUSE Signal recognition particle 14 kDa protein OS Mus musculus GN Srp14 PE 1 SV 1 | 1103,73 | βIV5-3 em 3 horas |
| P47941 | CRKL MOUSE Crk like protein OS Mus musculus GN Crkl PE 1 SV 2 | 1101,7 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q61320 | Q61320 MOUSE APRT protein Fragment OS Mus musculus GN APRT PE 4 SV 1 | 1097,09 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3ULZ3 | Q3ULZ3 MOUSE Phosphoserine aminotransferase OS Mus musculus GN Psat1 PE 2 SV 1 | 1094,48 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UT17 | Q3UT17 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Pin1 PE 2 SV 1 | 1093,79 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9QUR7 | PIN1 MOUSE Peptidyl prolyl cis trans isomerase NIMA interacting 1 OS Mus musculus GN Pin1 PE 1 SV 1 | 1093,79 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8VH52 | Q8VH52 MOUSE Translation initiation factor 3 subunit 5 Fragment OS Mus musculus GN Eif3f PE 2 SV 1 | 1091,83 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q99K48 | NONO MOUSE Non POU domain containing octamer binding protein OS Mus musculus GN Nono PE 1 SV 3 | 1090,39 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TL58 | Q3TL58 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Skp1a PE 2 SV 1 | 1090,21 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9CYH6 | RRS1 MOUSE Ribosome biogenesis regulatory protein homolog OS Mus musculus GN Rrs1 PE 2 SV 1 | 1086,57 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9DB15 | RM12 MOUSE 39S ribosomal protein L12 mitochondrial OS Mus musculus GN Mrpl12 PE 1 SV 2 | 1080,59 | βIV5-3 em 3 horas |
| J3QNB1 | J3QNB1 MOUSE La related protein 1 OS Mus musculus GN Larp1 PE 2 SV 1 | 1076,69 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q6ZQ58 | LARP1 MOUSE La related protein 1 OS Mus musculus GN Larp1 PE 1 SV 2 | 1076,69 | βIV5-3 em 3 horas |
| O35130 | NEP1 MOUSE Ribosomal RNA small subunit methyltransferase NEP1 OS Mus musculus GN Emg1 PE 2 SV 1 | 1069,5 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q542P8 | Q542P8 MOUSE EMG1 nucleolar protein homolog S cerevisiae isoform CRA a OS Mus musculus GN Emg1 P | 1069,5 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8C1Y5 | Q8C1Y5 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus PE 2 SV 1 | 1067,89 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8C0G7 | Q8C0G7 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Arcn1 PE 2 SV 1 | 1067,56 | βIV5-3 em 3 horas |
| P16546 | SPTN1 MOUSE Spectrin alpha chain non erythrocytic 1 OS Mus musculus GN Sptan1 PE 1 SV 4 | 1064,46 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q92111 | TRFE MOUSE Serotransferrin OS Mus musculus GN Tf PE 1 SV 1 | 1059,61 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9JHL8 | Q9JHL8 MOUSE Peroxiredoxin 5 isoform CRA a OS Mus musculus GN Prdx5 PE 2 SV 1 | 1054,95 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3V3U0 | Q3V3U0 MOUSE Phosphorylase OS Mus musculus GN Pygb PE 2 SV 1 | 1054,58 | βIV5-3 em 3 horas |

| | | | |
|--------|--|---------|-------------------|
| E9Q3E9 | E9Q3E9 MOUSE Staphylococcal nuclease domain containing protein 1 OS Mus musculus GN Snd1 PE 2 SV 1 | 1051,56 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TQY7 | Q3TQY7 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Ubap1 PE 2 SV 1 | 1050,66 | βIV5-3 em 3 horas |
| F6ZQQ3 | F6ZQQ3 MOUSE 26S proteasome non ATPase regulatory subunit 13 Fragment OS Mus musculus GN Psm13 PE | 1049,57 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8CBG0 | Q8CBG0 MOUSE RIKEN cDNA 2410002F23 isoform CRA b OS Mus musculus GN 2410002F23Rik PE 2 SV 1 | 1049,47 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9JK81 | MYG1 MOUSE UPF0160 protein MYG1 mitochondrial OS Mus musculus GN Myg1 PE 2 SV 1 | 1044,45 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q5SUT0 | Q5SUT0 MOUSE RNA binding protein EWS OS Mus musculus GN Ewsr1 PE 2 SV 1 | 1037,95 | βIV5-3 em 3 horas |
| F6XPV7 | F6XPV7 MOUSE Microtubule associated protein Fragment OS Mus musculus GN Map4 PE 2 SV 1 | 1035,68 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q7TNQ1 | Q7TNQ1 MOUSE Coatomer protein complex subunit gamma OS Mus musculus GN Copg1 PE 2 SV 1 | 1034,28 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q05CY6 | Q05CY6 MOUSE Eif5 protein Fragment OS Mus musculus GN Eif5 PE 2 SV 1 | 1033,11 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3U6K9 | Q3U6K9 MOUSE Phosphoserine aminotransferase OS Mus musculus GN Psat1 PE 2 SV 1 | 1029,14 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q4FZH2 | Q4FZH2 MOUSE MCG50660 isoform CRA a OS Mus musculus GN Rpl26 PE 2 SV 1 | 1026 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UKT3 | Q3UKT3 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Oat PE 2 SV 1 | 1024,9 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3U630 | Q3U630 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Tars PE 2 SV 1 | 1024,42 | βIV5-3 em 3 horas |
| F6TN03 | F6TN03 MOUSE Ribosome maturation protein SBDS Fragment OS Mus musculus GN Sbds PE 2 SV 1 | 1024,1 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8C5L7 | RBM34 MOUSE RNA binding protein 34 OS Mus musculus GN Rbm34 PE 2 SV 1 | 1023,88 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UZ17 | Q3UZ17 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Luc7l2 PE 2 SV 1 | 1019,46 | βIV5-3 em 3 horas |
| K7XK22 | K7XK22 MOUSE Cytochrome c oxidase subunit 2 OS Mus musculus domesticus GN COXII PE 3 SV 1 | 1015,04 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q7JD03 | Q7JD03 MOUSE Cytochrome c oxidase subunit 2 OS Mus musculus domesticus GN COX2 PE 3 SV 1 | 1015,04 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q6GRA7 | Q6GRA7 MOUSE Deoxythymidylate kinase OS Mus musculus GN Dtymk PE 4 SV 1 | 1012,71 | βIV5-3 em 3 horas |
| E0CZA1 | E0CZA1 MOUSE T complex protein 1 subunit epsilon Fragment OS Mus musculus GN Cct5 PE 2 SV 1 | 1012,15 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UKE7 | Q3UKE7 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Hmgcs1 PE 2 SV 1 | 1010,39 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q6ZWR4 | 2ABB MOUSE Serine threonine protein phosphatase 2A 55 kDa regulatory subunit B beta isoform OS Mus m | 1000,73 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q99MH7 | Q99MH7 MOUSE Cytokeratin KRT2 6HF Fragment OS Mus musculus GN Krt75 PE 2 SV 1 | 1000,17 | βIV5-3 em 3 horas |
| B2RT97 | B2RT97 MOUSE Proteasome Prosome macropain 26S subunit non ATPase 13 OS Mus musculus GN Psm13 P | 1000,01 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8CCX9 | Q8CCX9 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Mrpl39 PE 2 SV 1 | 999,7 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BH69 | SPS1 MOUSE Selenide water dikinase 1 OS Mus musculus GN Sephs1 PE 2 SV 1 | 998,74 | βIV5-3 em 3 horas |
| D3YZZ6 | D3YZZ6 MOUSE Eukaryotic translation initiation factor 2A Fragment OS Mus musculus GN Eif2a PE 2 SV | 998,66 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3U0M8 | Q3U0M8 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Elac2 PE 2 SV 1 | 996,69 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3U9Q8 | Q3U9Q8 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Gsn PE 2 SV 1 | 995,47 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UU34 | Q3UU34 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Larp1 PE 2 SV 1 | 989,89 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9D7G0 | PRPS1 MOUSE Ribose phosphate pyrophosphokinase 1 OS Mus musculus GN Prps1 PE 1 SV 4 | 989,24 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TAQ9 | Q3TAQ9 MOUSE Protein Wdr36 OS Mus musculus GN Wdr36 PE 2 SV 1 | 989 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q5SUC3 | Q5SUC3 MOUSE Calnexin isoform CRA a OS Mus musculus GN Canx PE 2 SV 1 | 988,23 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q91VI7 | RINI MOUSE Ribonuclease inhibitor OS Mus musculus GN Rnh1 PE 1 SV 1 | 986,8 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9DBE9 | SPB1 MOUSE pre rRNA processing protein FTSJ3 OS Mus musculus GN Ftsj3 PE 1 SV 1 | 984,85 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8C545 | Q8C545 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus PE 2 SV 1 | 984,68 | βIV5-3 em 3 horas |
| T1ECW4 | T1ECW4 MOUSE RNA binding protein with multiple splicing OS Mus musculus GN Rbpms PE 4 SV 1 | 982,25 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q80X81 | Q80X81 MOUSE Acetyl Coenzyme A acetyltransferase 3 OS Mus musculus GN Acat3 PE 2 SV 1 | 979,41 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9ERK4 | XPO2 MOUSE Exportin 2 OS Mus musculus GN Cse1l PE 2 SV 1 | 976,13 | βIV5-3 em 3 horas |
| G3UX14 | G3UX14 MOUSE Protein Rgs22 Fragment OS Mus musculus GN Rgs22 PE 4 SV 1 | 973,46 | βIV5-3 em 3 horas |

| | | | |
|--------|--|--------|-------------------|
| B2RUM8 | B2RUM8 MOUSE DEAD Asp Glu Ala Asp box polypeptide 18 OS Mus musculus GN Ddx18 PE 2 SV 1 | 971,55 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8K363 | DDX18 MOUSE ATP dependent RNA helicase DDX18 OS Mus musculus GN Ddx18 PE 2 SV 1 | 971,55 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q6P4T2 | U520 MOUSE U5 small nuclear ribonucleoprotein 200 kDa helicase OS Mus musculus GN Snmp200 PE 1 SV 1 | 970,49 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q50HX2 | Q50HX2 MOUSE RAB14 protein OS Mus musculus GN Rab14 PE 2 SV 1 | 969,4 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q6URW6 | MYH14 MOUSE Myosin 14 OS Mus musculus GN Myh14 PE 1 SV 1 | 965,3 | βIV5-3 em 3 horas |
| H3BKA1 | H3BKA1 MOUSE 3 ketoacyl CoA thiolase A peroxisomal Fragment OS Mus musculus GN Acaa1a PE 2 SV 1 | 964,28 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BKC5 | IPO5 MOUSE Importin 5 OS Mus musculus GN Ipo5 PE 1 SV 3 | 964,13 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q545R0 | Q545R0 MOUSE Catenin Cadherin associated protein alpha 1 OS Mus musculus GN Ctnna1 PE 2 SV 1 | 963,77 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q1LZL7 | Q1LZL7 MOUSE PfkM protein Fragment OS Mus musculus GN PfkM PE 2 SV 1 | 962,97 | βIV5-3 em 3 horas |
| P97314 | CSRP2 MOUSE Cysteine and glycine rich protein 2 OS Mus musculus GN Csrp2 PE 1 SV 3 | 958,02 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q6NXH9 | K2C73 MOUSE Keratin type II cytoskeletal 73 OS Mus musculus GN Krt73 PE 1 SV 1 | 956,63 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q7TN23 | Q7TN23 MOUSE Ipo5 protein Fragment OS Mus musculus GN Ipo5 PE 2 SV 1 | 953,27 | βIV5-3 em 3 horas |
| B7ZD63 | B7ZD63 MOUSE RNA binding protein 39 Fragment OS Mus musculus GN Rbm39 PE 2 SV 1 | 945,48 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q66JU1 | Q66JU1 MOUSE Eif3c protein Fragment OS Mus musculus GN Eif3c PE 2 SV 1 | 944,97 | βIV5-3 em 3 horas |
| F6ZX28 | F6ZX28 MOUSE ATP dependent RNA helicase DDX18 Fragment OS Mus musculus GN Ddx18 PE 4 SV 1 | 943,2 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3V3R1 | C1TM MOUSE Monofunctional C1 tetrahydrofolate synthase mitochondrial OS Mus musculus GN Mthfd11 PE | 942,04 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BGZ7 | K2C75 MOUSE Keratin type II cytoskeletal 75 OS Mus musculus GN Krt75 PE 1 SV 1 | 938,2 | βIV5-3 em 3 horas |
| E9Q1T9 | E9Q1T9 MOUSE Exportin 2 OS Mus musculus GN Cse1l PE 2 SV 1 | 938,09 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9DB22 | Q9DB22 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus PE 2 SV 1 | 937,33 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9CRG3 | Q9CRG3 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Sugt1 PE 2 SV 1 | 935,88 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UUP9 | Q3UUP9 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Ralbp1 PE 2 SV 1 | 935,8 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q922X7 | Q922X7 MOUSE Mapk1 protein Fragment OS Mus musculus GN Mapk1 PE 2 SV 2 | 934,81 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q548K2 | Q548K2 MOUSE Alcohol dehydrogenase class 4 OS Mus musculus GN Adh7 PE 2 SV 1 | 933,97 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8VDV6 | Q8VDV6 MOUSE Thymidylate synthase OS Mus musculus GN Tyms PE 2 SV 1 | 933,29 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9D0H1 | Q9D0H1 MOUSE Thymidylate synthase OS Mus musculus GN Tyms PE 2 SV 1 | 933,29 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q61103 | REQU MOUSE Zinc finger protein ubi d4 OS Mus musculus GN Dpf2 PE 1 SV 1 | 931,71 | βIV5-3 em 3 horas |
| E9PXX7 | E9PXX7 MOUSE Thioredoxin domain containing protein 5 OS Mus musculus GN Txndc5 PE 2 SV 1 | 928,79 | βIV5-3 em 3 horas |
| O88509 | DNM3B MOUSE DNA cytosine 5 methyltransferase 3B OS Mus musculus GN Dnmt3b PE 1 SV 2 | 928,67 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TK27 | Q3TK27 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Gnl3 PE 2 SV 1 | 926,57 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8CI11 | GNL3 MOUSE Guanine nucleotide binding protein like 3 OS Mus musculus GN Gnl3 PE 1 SV 2 | 926,57 | βIV5-3 em 3 horas |
| P14685 | PSMD3 MOUSE 26S proteasome non ATPase regulatory subunit 3 OS Mus musculus GN Psm3 PE 1 SV 3 | 926,08 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UYC2 | Q3UYC2 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Farsb PE 2 SV 1 | 922,97 | βIV5-3 em 3 horas |
| H3BLE1 | H3BLE1 MOUSE Metastasis associated protein MTA3 Fragment OS Mus musculus GN Mta3 PE 2 SV 1 | 918,25 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9D8B3 | CHM4B MOUSE Charged multivesicular body protein 4b OS Mus musculus GN Chmp4b PE 2 SV 2 | 916,92 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9QYB1 | CLIC4 MOUSE Chloride intracellular channel protein 4 OS Mus musculus GN Clic4 PE 1 SV 3 | 915,94 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TXF9 | Q3TXF9 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Atp1a1 PE 2 SV 1 | 911,2 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8VDN2 | AT1A1 MOUSE Sodium potassium transporting ATPase subunit alpha 1 OS Mus musculus GN Atp1a1 PE 1 SV 1 | 911,2 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q505Q0 | Q505Q0 MOUSE Wdr36 protein OS Mus musculus GN Wdr36 PE 2 SV 1 | 910,8 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q99M46 | Q99M46 MOUSE DNA directed RNA polymerase II subunit RPB3 OS Mus musculus GN Polr2c PE 2 SV 1 | 905,45 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BNL6 | Q8BNL6 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus PE 2 SV 1 | 905,43 | βIV5-3 em 3 horas |

| | | | |
|--------|--|--------|-------------------|
| Q3UHW8 | Q3UHW8 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Kpnb1 PE 2 SV 1 | 903,95 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UWQ9 | Q3UWQ9 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Hmgcs1 PE 2 SV 1 | 900,01 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8R010 | AIMP2 MOUSE Aminoacyl tRNA synthase complex interacting multifunctional protein 2 OS Mus musculus GN | 899,84 | βIV5-3 em 3 horas |
| B1ATP7 | B1ATP7 MOUSE Zinc phosphodiesterase ELAC protein 2 OS Mus musculus GN Elac2 PE 2 SV 1 | 897,74 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q99KK7 | DPP3 MOUSE Dipeptidyl peptidase 3 OS Mus musculus GN Dpp3 PE 2 SV 2 | 897,2 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q99104 | MYO5A MOUSE Unconventional myosin Va OS Mus musculus GN Myo5a PE 1 SV 2 | 892,85 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q2YDW1 | Q2YDW1 MOUSE Eif3j protein Fragment OS Mus musculus GN Eif3j PE 2 SV 1 | 892,75 | βIV5-3 em 3 horas |
| F6S1V7 | F6S1V7 MOUSE Talin 1 Fragment OS Mus musculus GN Tln1 PE 4 SV 1 | 892,2 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UFN8 | Q3UFN8 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Matr3 PE 2 SV 1 | 891,71 | βIV5-3 em 3 horas |
| P46460 | NSF MOUSE Vesicle fusing ATPase OS Mus musculus GN Nsf PE 1 SV 2 | 889,79 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q80UW8 | RPAB1 MOUSE DNA directed RNA polymerases I II and III subunit RPABC1 OS Mus musculus GN Polr2e PE | 888,96 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UQJ1 | Q3UQJ1 MOUSE Vacuolar protein sorting associated protein 35 Fragment OS Mus musculus GN Vps35 PE 2 | 888,27 | βIV5-3 em 3 horas |
| E9QAX7 | E9QAX7 MOUSE Exportin 2 OS Mus musculus GN Cse1l PE 2 SV 1 | 887,44 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q99KL8 | Q99KL8 MOUSE Nqo1 protein OS Mus musculus GN Nqo1 PE 2 SV 1 | 885,71 | βIV5-3 em 3 horas |
| D3YWJ4 | D3YWJ4 MOUSE Protein farnesyltransferase subunit beta OS Mus musculus GN Fntb PE 2 SV 1 | 885,62 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UFK4 | Q3UFK4 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Snrnp40 PE 2 SV 1 | 884,61 | βIV5-3 em 3 horas |
| A2AN81 | A2AN81 MOUSE H ACA ribonucleoprotein complex subunit 4 Fragment OS Mus musculus GN Dkc1 PE 2 SV 1 | 884,47 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q6NSU4 | Q6NSU4 MOUSE Wdr36 protein Fragment OS Mus musculus GN Wdr36 PE 2 SV 2 | 883,79 | βIV5-3 em 3 horas |
| B2RTP7 | B2RTP7 MOUSE Krt2 protein OS Mus musculus GN Krt2 PE 2 SV 1 | 881,42 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TTY5 | K22E MOUSE Keratin type II cytoskeletal 2 epidermal OS Mus musculus GN Krt2 PE 1 SV 1 | 881,42 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3ULJ5 | Q3ULJ5 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Psm3 PE 2 SV 1 | 879,15 | βIV5-3 em 3 horas |
| P46467 | VPS4B MOUSE Vacuolar protein sorting associated protein 4B OS Mus musculus GN Vps4b PE 1 SV 2 | 878,75 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q6ZPF0 | Q6ZPF0 MOUSE MKIAA3012 protein Fragment OS Mus musculus GN Rab1 PE 2 SV 1 | 875,46 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q922U2 | K2C5 MOUSE Keratin type II cytoskeletal 5 OS Mus musculus GN Krt5 PE 1 SV 1 | 873,74 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8CBU3 | Q8CBU3 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus PE 2 SV 1 | 872,04 | βIV5-3 em 3 horas |
| D3YTQ9 | D3YTQ9 MOUSE 40S ribosomal protein S15 OS Mus musculus GN Rps15 PE 2 SV 1 | 871,69 | βIV5-3 em 3 horas |
| G0XWI2 | G0XWI2 COWPX IMV heparin binding surface protein involved in IMV maturation OS Cowpox virus GN CPXV | 871,18 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q5SX56 | Q5SX56 MOUSE Sperm associated antigen 7 Fragment OS Mus musculus GN Spag7 PE 2 SV 1 | 870,87 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q541E5 | Q541E5 MOUSE DNA cytosine methyltransferase 3b6 OS Mus musculus GN Dnmt3b PE 2 SV 1 | 870,09 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BJG2 | Q8BJG2 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Farsa PE 2 SV 1 | 869,94 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9CUS2 | Q9CUS2 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Rsu1 PE 2 SV 1 | 868,24 | βIV5-3 em 3 horas |
| G3XA76 | G3XA76 MOUSE Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein Q Fragment OS Mus musculus GN Syncrip PE 2 SV | 863,96 | βIV5-3 em 3 horas |
| B1AU25 | B1AU25 MOUSE Apoptosis inducing factor 1 mitochondrial OS Mus musculus GN Aifm1 PE 2 SV 1 | 859,35 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9D1Q6 | ERP44 MOUSE Endoplasmic reticulum resident protein 44 OS Mus musculus GN Erp44 PE 1 SV 1 | 859,18 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9R0N0 | GALK1 MOUSE Galactokinase OS Mus musculus GN Galk1 PE 2 SV 2 | 857,8 | βIV5-3 em 3 horas |
| S4R1Y2 | S4R1Y2 MOUSE RNA binding protein with multiple splicing Fragment OS Mus musculus GN Rbpms PE 4 SV | 857,8 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8C586 | Q8C586 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Rbpms PE 2 SV 1 | 857,1 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UAS2 | Q3UAS2 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Capza1 PE 2 SV 1 | 856,9 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q6P8V7 | Q6P8V7 MOUSE Proline synthetase co transcribed OS Mus musculus GN Prosc PE 2 SV 1 | 854,37 | βIV5-3 em 3 horas |
| D6RFU0 | D6RFU0 MOUSE Unconventional myosin Va OS Mus musculus GN Myo5a PE 2 SV 1 | 852,98 | βIV5-3 em 3 horas |
| A2AER7 | A2AER7 MOUSE Pqbp1 protein OS Mus musculus GN Pqbp1 PE 2 SV 1 | 851,08 | βIV5-3 em 3 horas |

| | | | |
|--------|--|--------|-------------------|
| D3Z0S6 | D3Z0S6 MOUSE U1 small nuclear ribonucleoprotein A Fragment OS Mus musculus GN Snrpa PE 2 SV 1 | 850,36 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UUU6 | Q3UUU6 MOUSE Protein A130057D12Rik Fragment OS Mus musculus GN A130057D12Rik PE 2 SV 1 | 847,47 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q6IFT3 | Q6IFT3 MOUSE Keratin Kb40 OS Mus musculus GN Krt78 PE 2 SV 1 | 847,16 | βIV5-3 em 3 horas |
| D3YZX3 | D3YZX3 MOUSE Guanine nucleotide binding protein G I G S G T subunit beta 2 OS Mus musculus GN Gnb | 847,13 | βIV5-3 em 3 horas |
| G5E919 | G5E919 MOUSE NEDD8 conjugating enzyme Ubc12 OS Mus musculus GN Ubc12 PE 3 SV 1 | 845,59 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q544H0 | Q544H0 MOUSE Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit G OS Mus musculus GN Eif3g PE 2 SV 1 | 844,98 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q99KR1 | Q99KR1 MOUSE Psmc5 protein Fragment OS Mus musculus GN Psmc5 PE 2 SV 1 | 843,93 | βIV5-3 em 3 horas |
| E9PWV3 | E9PWV3 MOUSE Ribosomal protein S6 kinase OS Mus musculus GN Rps6ka1 PE 2 SV 1 | 843,56 | βIV5-3 em 3 horas |
| A2AA86 | A2AA86 MOUSE SUZ domain containing protein 1 OS Mus musculus GN Szrd1 PE 2 SV 1 | 843,38 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q91YW0 | Q91YW0 MOUSE Rab15 protein OS Mus musculus GN Rab15 PE 2 SV 1 | 841,65 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9JJU8 | SH3L1 MOUSE SH3 domain binding glutamic acid rich like protein OS Mus musculus GN Sh3bgrl PE 3 SV 1 | 835,29 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9CT10 | RANB3 MOUSE Ran binding protein 3 OS Mus musculus GN Ranbp3 PE 1 SV 2 | 833,43 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UZL2 | Q3UZL2 MOUSE Phosphorylase Fragment OS Mus musculus GN Pygb PE 2 SV 1 | 832,25 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q80ZI9 | Q80ZI9 MOUSE WD repeat domain 1 Fragment OS Mus musculus GN Wdr1 PE 2 SV 1 | 831,64 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q4VAA9 | Q4VAA9 MOUSE Methionine aminopeptidase OS Mus musculus GN Metap1 PE 2 SV 1 | 830,84 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q80UE5 | Q80UE5 MOUSE Erythrocyte protein band 4.1 like 2 isoform CRA c OS Mus musculus GN Epb4 112 PE 2 SV | 829,11 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q6NV99 | Q6NV99 MOUSE Protein Haus6 OS Mus musculus GN Haus6 PE 2 SV 1 | 823,61 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9CV53 | Q9CV53 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Gcsh PE 2 SV 1 | 823,31 | βIV5-3 em 3 horas |
| P56376 | ACYP1 MOUSE Acylphosphatase 1 OS Mus musculus GN Acyp1 PE 2 SV 2 | 822,51 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BYY5 | Q8BYY5 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Xpo1 PE 2 SV 1 | 822,42 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BIM8 | Q8BIM8 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Myh9 PE 2 SV 1 | 822,33 | βIV5-3 em 3 horas |
| B1ATP9 | B1ATP9 MOUSE Zinc phosphodiesterase ELAC protein 2 Fragment OS Mus musculus GN Elac2 PE 2 SV 1 | 821,46 | βIV5-3 em 3 horas |
| A2AW40 | A2AW40 MOUSE Protein Hnrnp1 Fragment OS Mus musculus GN Hnrnp1 PE 2 SV 1 | 818,58 | βIV5-3 em 3 horas |
| S4R1J0 | S4R1J0 MOUSE Schwannomin interacting protein 1 OS Mus musculus GN Schip1 PE 4 SV 1 | 814,39 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q810Z3 | Q810Z3 MOUSE RPS6KA2 Fragment OS Mus musculus PE 2 SV 1 | 812,35 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UNQ3 | Q3UNQ3 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Wdr5 PE 2 SV 1 | 809,9 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q924B0 | Q924B0 MOUSE Inositol Myo 1 Or 4 monophosphatase 1 OS Mus musculus GN Impa1 PE 2 SV 1 | 806,48 | βIV5-3 em 3 horas |
| A2AL20 | A2AL20 MOUSE Catalase OS Mus musculus GN Cat PE 4 SV 1 | 806,36 | βIV5-3 em 3 horas |
| B1ARA5 | B1ARA5 MOUSE 60S ribosomal protein L26 OS Mus musculus GN Rpl26 PE 2 SV 1 | 805,77 | βIV5-3 em 3 horas |
| P63005 | LIS1 MOUSE Platelet activating factor acetylhydrolase IB subunit alpha OS Mus musculus GN Pafah1b1 P | 804,91 | βIV5-3 em 3 horas |
| E9Q6P1 | E9Q6P1 MOUSE Phosphoserine aminotransferase Fragment OS Mus musculus GN Psat1 PE 2 SV 1 | 804,17 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BNT4 | Q8BNT4 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Casp3 PE 2 SV 1 | 803,3 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3V3G9 | Q3V3G9 MOUSE Nardilysin Fragment OS Mus musculus GN Nrd1 PE 2 SV 1 | 801,35 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q1L6K5 | Q1L6K5 MOUSE Apoptosis inducing factor short isoform 2 OS Mus musculus GN Aifm1 PE 2 SV 1 | 799,79 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9CR32 | Q9CR32 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Snrnp70 PE 2 SV 3 | 797,97 | βIV5-3 em 3 horas |
| P62814 | VATB2 MOUSE V type proton ATPase subunit B brain isoform OS Mus musculus GN Atp6v1b2 PE 1 SV 1 | 796,29 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UPD5 | Q3UPD5 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Prps1 PE 2 SV 1 | 790,18 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q6ZQ38 | CAND1 MOUSE Cullin associated NEDD8 dissociated protein 1 OS Mus musculus GN Cand1 PE 2 SV 2 | 789,38 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9CVZ1 | Q9CVZ1 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Prps111 PE 2 SV 1 | 788,83 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8R3M4 | Q8R3M4 MOUSE Atp1a1 protein Fragment OS Mus musculus GN Atp1a1 PE 2 SV 1 | 788,81 | βIV5-3 em 3 horas |

| | | | |
|--------|--|--------|-------------------|
| H3BL05 | H3BL05 MOUSE Zinc finger protein 428 Fragment OS Mus musculus GN Zfp428 PE 2 SV 1 | 787,27 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9JHJ0 | TMOD3 MOUSE Tropomodulin 3 OS Mus musculus GN Tmod3 PE 2 SV 1 | 785,14 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q5XJX8 | Q5XJX8 MOUSE Mrps9 protein Fragment OS Mus musculus GN Mrps9 PE 2 SV 1 | 784,72 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8C5L1 | Q8C5L1 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus PE 2 SV 1 | 778,95 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q6PE01 | SNR40 MOUSE U5 small nuclear ribonucleoprotein 40 kDa protein OS Mus musculus GN Snrnp40 PE 2 SV 1 | 778,83 | βIV5-3 em 3 horas |
| A2AKV1 | A2AKV1 MOUSE ATP synthase subunit gamma mitochondrial Fragment OS Mus musculus GN Atp5c1 PE 2 SV | 778,18 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9DAW6 | PRP4 MOUSE U4 U6 small nuclear ribonucleoprotein Prp4 OS Mus musculus GN Prpf4 PE 2 SV 1 | 777,47 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q91ZW3 | SMCA5 MOUSE SWI SNF related matrix associated actin dependent regulator of chromatin subfamily A mem | 777,3 | βIV5-3 em 3 horas |
| E9PVM7 | E9PVM7 MOUSE Glutathione S transferase Mu 6 Fragment OS Mus musculus GN Gstm5 PE 2 SV 1 | 776,9 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8R2U5 | Q8R2U5 MOUSE Ard1a protein OS Mus musculus GN Naa10 PE 2 SV 1 | 776,44 | βIV5-3 em 3 horas |
| P23591 | FCL MOUSE GDP L fucose synthase OS Mus musculus GN Tsta3 PE 2 SV 3 | 775,35 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BQX0 | Q8BQX0 MOUSE RAB37 member of RAS oncogene family isoform CRA a OS Mus musculus GN Rab37 PE 2 SV 1 | 770,48 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q5HZI6 | Q5HZI6 MOUSE Tissue specific transplantaion antigen P35B OS Mus musculus GN Tsta3 PE 2 SV 1 | 769,73 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BRY5 | Q8BRY5 MOUSE DNA topoisomerase 2 Fragment OS Mus musculus GN Top2b PE 2 SV 1 | 769,65 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9ZQZ8 | H2AY MOUSE Core histone macro H2A 1 OS Mus musculus GN H2afy PE 1 SV 3 | 766,97 | βIV5-3 em 3 horas |
| D3YZ05 | D3YZ05 MOUSE Translation initiation factor eIF 2B subunit alpha Fragment OS Mus musculus GN Eif2b1 | 765,46 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q5SW18 | Q5SW18 MOUSE Platelet activating factor acetylhydrolase IB subunit alpha OS Mus musculus GN Pafah1b1 | 763,57 | βIV5-3 em 3 horas |
| P70444 | BID MOUSE BH3 interacting domain death agonist OS Mus musculus GN Bid PE 1 SV 2 | 762,44 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q91WN1 | DNJC9 MOUSE DnaJ homolog subfamily C member 9 OS Mus musculus GN Dnajc9 PE 2 SV 2 | 761,65 | βIV5-3 em 3 horas |
| O88342 | WDR1 MOUSE WD repeat containing protein 1 OS Mus musculus GN Wdr1 PE 1 SV 3 | 761,29 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9DBB8 | DHDH MOUSE Trans 1 2 dihydrobenzene 1 2 diol dehydrogenase OS Mus musculus GN Dhhd PE 2 SV 1 | 759,19 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q99K92 | Q99K92 MOUSE Abcf1 protein Fragment OS Mus musculus GN Abcf1 PE 2 SV 1 | 755,57 | βIV5-3 em 3 horas |
| F8WIP7 | F8WIP7 MOUSE Zinc finger protein ubi d4 Fragment OS Mus musculus GN Dpf2 PE 4 SV 1 | 753,87 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9D903 | EBP2 MOUSE Probable rRNA processing protein EBP2 OS Mus musculus GN Ebna1bp2 PE 2 SV 1 | 750,98 | βIV5-3 em 3 horas |
| F6QTS1 | F6QTS1 MOUSE COP9 signalosome complex subunit 4 Fragment OS Mus musculus GN Cops4 PE 2 SV 1 | 750,7 | βIV5-3 em 3 horas |
| P43120 | HHEX MOUSE Hematopoietically expressed homeobox protein Hhex OS Mus musculus GN Hhex PE 2 SV 1 | 749,21 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BML9 | Q8BML9 MOUSE Glutaminyl tRNA synthetase OS Mus musculus GN Qars PE 2 SV 1 | 748,79 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q5FW75 | Q5FW75 MOUSE Actinin alpha 2 OS Mus musculus GN Actn2 PE 2 SV 1 | 748,03 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q91WM3 | U3IP2 MOUSE U3 small nucleolar RNA interacting protein 2 OS Mus musculus GN Rrp9 PE 1 SV 1 | 745,14 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q6PD42 | Q6PD42 MOUSE Eif4g1 protein Fragment OS Mus musculus GN Eif4g1 PE 2 SV 1 | 743,84 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q6PAS9 | Q6PAS9 MOUSE Rae1 protein OS Mus musculus GN Rae1 PE 2 SV 1 | 743,08 | βIV5-3 em 3 horas |
| G3UZR8 | G3UZR8 MOUSE H 2 class I histocompatibility antigen TLA B alpha chain OS Mus musculus GN H2 T3 PE | 741,18 | βIV5-3 em 3 horas |
| E9QL43 | E9QL43 MOUSE Nucleoporin like protein 2 OS Mus musculus GN Nupl2 PE 2 SV 1 | 740,59 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9Z0P5 | TWF2 MOUSE Twinfilin 2 OS Mus musculus GN Twf2 PE 1 SV 1 | 739,97 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q61768 | KINH MOUSE Kinesin 1 heavy chain OS Mus musculus GN Kif5b PE 1 SV 3 | 739,43 | βIV5-3 em 3 horas |
| E9Q800 | E9Q800 MOUSE Mitochondrial inner membrane protein OS Mus musculus GN Immt PE 2 SV 1 | 737,51 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q60I30 | Q60I30 MOUSE Inosine triphosphate pyrophosphatase OS Mus musculus GN Itpa PE 2 SV 1 | 733,59 | βIV5-3 em 3 horas |
| H3BK88 | H3BK88 MOUSE Treacle protein Fragment OS Mus musculus GN Tcof1 PE 2 SV 1 | 729,16 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q62150 | Q62150 MOUSE RNA DNA binding protein OS Mus musculus GN Rnps1 PE 2 SV 1 | 728,94 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q4FJN2 | Q4FJN2 MOUSE FK506 binding protein 5 OS Mus musculus GN Fkbp5 PE 2 SV 1 | 726,16 | βIV5-3 em 3 horas |

| | | | |
|--------|--|--------|-------------------|
| Q64378 | FKBP5 MOUSE Peptidyl prolyl cis trans isomerase FKBP5 OS Mus musculus GN Fkbp5 PE 1 SV 1 | 726,16 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q99KE1 | MAOM MOUSE NAD dependent malic enzyme mitochondrial OS Mus musculus GN Me2 PE 2 SV 1 | 721,7 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8QZY1 | EIF3L MOUSE Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit L OS Mus musculus GN Eif3l PE 1 SV 1 | 721,64 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BVI7 | Q8BVI7 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Skiv2l2 PE 2 SV 1 | 721,14 | βIV5-3 em 3 horas |
| P23475 | XRCC6 MOUSE X ray repair cross complementing protein 6 OS Mus musculus GN Xrcc6 PE 1 SV 5 | 718,3 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3U0Y9 | Q3U0Y9 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus PE 2 SV 1 | 718,15 | βIV5-3 em 3 horas |
| B1AWE0 | B1AWE0 MOUSE Clathrin light chain A OS Mus musculus GN Clta PE 2 SV 1 | 716,77 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TFE5 | Q3TFE5 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Dhx15 PE 2 SV 1 | 715,93 | βIV5-3 em 3 horas |
| D6RJ62 | D6RJ62 MOUSE Uridine 5 monophosphate synthase OS Mus musculus GN Umps PE 2 SV 1 | 715,45 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9CSH3 | RRP44 MOUSE Exosome complex exonuclease RRP44 OS Mus musculus GN Dis3 PE 2 SV 4 | 715,13 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q99KL9 | Q99KL9 MOUSE Replication protein A2 OS Mus musculus GN Rpa2 PE 2 SV 1 | 714,64 | βIV5-3 em 3 horas |
| F6UG16 | F6UG16 MOUSE Ribosomal protein S6 kinase alpha 3 Fragment OS Mus musculus GN Rps6ka3 PE 4 SV 1 | 708,13 | βIV5-3 em 3 horas |
| D3YXW0 | D3YXW0 MOUSE Secernin 1 Fragment OS Mus musculus GN Scrn1 PE 2 SV 1 | 707,27 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q99J14 | PSMD6 MOUSE 26S proteasome non ATPase regulatory subunit 6 OS Mus musculus GN Psm6 PE 1 SV 1 | 706,43 | βIV5-3 em 3 horas |
| E9Q0B8 | E9Q0B8 MOUSE X ray repair cross complementing protein 6 Fragment OS Mus musculus GN Xrcc6 PE 2 SV 1 | 704,79 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8R2P7 | Q8R2P7 MOUSE DIS3 mitotic control homolog S cerevisiae OS Mus musculus GN Dis3 PE 2 SV 1 | 703,57 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UVI9 | Q3UVI9 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Abcf2 PE 2 SV 1 | 702,88 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q80TU6 | Q80TU6 MOUSE MKIAA0670 protein Fragment OS Mus musculus GN Acin1 PE 2 SV 1 | 701,89 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q99JM0 | Q99JM0 MOUSE Chd4 protein Fragment OS Mus musculus GN Chd4 PE 2 SV 1 | 699,9 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UDX4 | Q3UDX4 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Dhx15 PE 2 SV 1 | 698,21 | βIV5-3 em 3 horas |
| O08749 | DLDH MOUSE Dihydrolipoyl dehydrogenase mitochondrial OS Mus musculus GN Dld PE 1 SV 2 | 697,76 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q80U36 | Q80U36 MOUSE MKIAA0325 protein Fragment OS Mus musculus GN Dync1h1 PE 2 SV 1 | 696,7 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8VDD7 | Q8VDD7 MOUSE Phakinin CP49 Fragment OS Mus musculus PE 2 SV 1 | 696,21 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9D0B0 | SRSF9 MOUSE Serine arginine rich splicing factor 9 OS Mus musculus GN Srsf9 PE 1 SV 1 | 695,99 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9D6J6 | NDUV2 MOUSE NADH dehydrogenase ubiquinone flavoprotein 2 mitochondrial OS Mus musculus GN Ndufv2 | 695,37 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q5XG69 | F169A MOUSE Soluble lamin associated protein of 75 kDa OS Mus musculus GN Fam169a PE 1 SV 3 | 695,3 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q61584 | FXR1 MOUSE Fragile X mental retardation syndrome related protein 1 OS Mus musculus GN Fxr1 PE 1 SV 2 | 693,05 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q545L9 | Q545L9 MOUSE Protein L isoaspartate O methyltransferase OS Mus musculus GN Pcmt1 PE 2 SV 1 | 692,78 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8CAJ7 | Q8CAJ7 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Dnpep PE 2 SV 1 | 692,52 | βIV5-3 em 3 horas |
| P48036 | ANXA5 MOUSE Annexin A5 OS Mus musculus GN Anxa5 PE 1 SV 1 | 689,62 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3U589 | Q3U589 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN ltpa PE 2 SV 1 | 688,43 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UUX3 | Q3UUX3 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Polr2c PE 2 SV 1 | 686,17 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q60597 | ODO1 MOUSE 2 oxoglutarate dehydrogenase mitochondrial OS Mus musculus GN Ogdh PE 1 SV 3 | 686,1 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TGQ3 | Q3TGQ3 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Ctnna1 PE 2 SV 1 | 683,72 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q91X95 | Q91X95 MOUSE Guanine nucleotide binding protein alpha 11 OS Mus musculus GN Gna11 PE 2 SV 1 | 681,82 | βIV5-3 em 3 horas |
| O08638 | MYH11 MOUSE Myosin 11 OS Mus musculus GN Myh11 PE 1 SV 1 | 679,31 | βIV5-3 em 3 horas |
| F6W322 | F6W322 MOUSE Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein M Fragment OS Mus musculus GN Hnrpm PE 4 SV 1 | 678,38 | βIV5-3 em 3 horas |
| A3R455 | A3R455 MUSMC Cytochrome c oxidase subunit 2 OS Mus musculus castaneus GN COXII PE 3 SV 1 | 678,37 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TFF0 | Q3TFF0 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Dnaja2 PE 2 SV 1 | 678,17 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9QYJ0 | DNJA2 MOUSE DnaJ homolog subfamily A member 2 OS Mus musculus GN Dnaja2 PE 1 SV 1 | 678,17 | βIV5-3 em 3 horas |

| | | | |
|--------|--|--------|-------------------|
| Q3TZB5 | Q3TZB5 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Tpr PE 2 SV 1 | 671,41 | βIV5-3 em 3 horas |
| P51660 | DHB4 MOUSE Peroxisomal multifunctional enzyme type 2 OS Mus musculus GN Hsd17b4 PE 1 SV 3 | 671,36 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UHW2 | Q3UHW2 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Hsd17b4 PE 2 SV 1 | 671,36 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TKP3 | Q3TKP3 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Atxn10 PE 2 SV 1 | 670,98 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BR79 | Q8BR79 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Tead1 PE 2 SV 1 | 669,42 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q00612 | G6PD1 MOUSE Glucose 6 phosphate 1 dehydrogenase X OS Mus musculus GN G6pdx PE 1 SV 3 | 668,02 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q790Y8 | Q790Y8 MOUSE Glucose 6 phosphate 1 dehydrogenase OS Mus musculus GN G6pdx PE 2 SV 1 | 668,02 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BGB7 | ENOPH MOUSE Enolase phosphatase E1 OS Mus musculus GN Enoph1 PE 2 SV 1 | 667,87 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9CXL3 | CG050 MOUSE Uncharacterized protein C7orf50 homolog OS Mus musculus PE 1 SV 3 | 667,74 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BP60 | Q8BP60 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Nxf1 PE 2 SV 1 | 666,37 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q99JX7 | NXF1 MOUSE Nuclear RNA export factor 1 OS Mus musculus GN Nxf1 PE 1 SV 3 | 666,37 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q7TMW1 | Q7TMW1 MOUSE Rangap1 protein OS Mus musculus GN Rangap1 PE 2 SV 1 | 665,96 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q99J77 | Q99J77 MOUSE N acetylneuraminic acid synthase Sialic acid synthase OS Mus musculus GN Nans PE 2 SV | 661,57 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8R241 | Q8R241 MOUSE Isy1 protein Fragment OS Mus musculus GN Isy1 PE 2 SV 1 | 658,96 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8C5F4 | Q8C5F4 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Hmgcs1 PE 2 SV 1 | 658,64 | βIV5-3 em 3 horas |
| H7BXB9 | H7BXB9 MOUSE Protein 1700037H04Rik Fragment OS Mus musculus GN 1700037H04Rik PE 2 SV 1 | 658,33 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TC14 | Q3TC14 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Impa2 PE 2 SV 1 | 657,34 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q924A9 | Q924A9 MOUSE Myo inositol monophosphatase 2 Fragment OS Mus musculus GN Impa2 PE 2 SV 1 | 657,34 | βIV5-3 em 3 horas |
| E9PYI8 | E9PYI8 MOUSE Ubiquitin carboxyl terminal hydrolase OS Mus musculus GN Usp14 PE 2 SV 1 | 656,99 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q80UN0 | Q80UN0 MOUSE Ubiquitin carboxyl terminal hydrolase OS Mus musculus GN Usp14 PE 2 SV 1 | 656,99 | βIV5-3 em 3 horas |
| F6TGJ2 | F6TGJ2 MOUSE Protein phosphatase 1 regulatory subunit 7 Fragment OS Mus musculus GN Ppp1r7 PE 4 SV | 655,35 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TN93 | Q3TN93 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Ubqln1 PE 2 SV 1 | 655,06 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8C3Z3 | Q8C3Z3 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Tmod3 PE 2 SV 1 | 654,59 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TKT4 | SMCA4 MOUSE Transcription activator BRG1 OS Mus musculus GN Smarca4 PE 1 SV 1 | 653,58 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BVK1 | Q8BVK1 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus PE 2 SV 1 | 651,52 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q7TPN6 | Q7TPN6 MOUSE Epb4 1I2 protein OS Mus musculus GN Epb4 1I2 PE 2 SV 1 | 651 | βIV5-3 em 3 horas |
| G5E866 | G5E866 MOUSE Splicing factor 3B subunit 1 OS Mus musculus GN Sf3b1 PE 4 SV 1 | 650,6 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q99NB9 | SF3B1 MOUSE Splicing factor 3B subunit 1 OS Mus musculus GN Sf3b1 PE 1 SV 1 | 650,6 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TVZ1 | Q3TVZ1 MOUSE Catalase OS Mus musculus GN Cat PE 2 SV 1 | 649,28 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q542K4 | Q542K4 MOUSE Catalase OS Mus musculus GN Cat PE 2 SV 1 | 649,28 | βIV5-3 em 3 horas |
| A2A513 | A2A513 MOUSE Keratin type I cytoskeletal 10 OS Mus musculus GN Krt10 PE 3 SV 1 | 648,92 | βIV5-3 em 3 horas |
| P70441 | NHRF1 MOUSE Na H exchange regulatory cofactor NHE RF1 OS Mus musculus GN Slc9a3r1 PE 1 SV 3 | 648,31 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8VCQ8 | Q8VCQ8 MOUSE Caldesmon 1 OS Mus musculus GN Cald1 PE 2 SV 1 | 647,97 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8CG48 | SMC2 MOUSE Structural maintenance of chromosomes protein 2 OS Mus musculus GN Smc2 PE 1 SV 2 | 647,2 | βIV5-3 em 3 horas |
| E9QAK5 | E9QAK5 MOUSE Kinesin 1 heavy chain Fragment OS Mus musculus GN Kif5b PE 2 SV 1 | 646,73 | βIV5-3 em 3 horas |
| F6TLW1 | F6TLW1 MOUSE Laminin subunit gamma 1 Fragment OS Mus musculus GN Lamc1 PE 4 SV 1 | 644,79 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q64511 | TOP2B MOUSE DNA topoisomerase 2 beta OS Mus musculus GN Top2b PE 1 SV 2 | 643,91 | βIV5-3 em 3 horas |
| D3Z0U2 | D3Z0U2 MOUSE Chromobox protein homolog 5 Fragment OS Mus musculus GN Cbx5 PE 2 SV 1 | 643,37 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BVB6 | Q8BVB6 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Smarca5 ps PE 2 SV 2 | 642,3 | βIV5-3 em 3 horas |
| E9QAY6 | E9QAY6 MOUSE Mitochondrial inner membrane protein OS Mus musculus GN Immt PE 2 SV 1 | 640,36 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9Z153 | Q9Z153 MOUSE NRD convertase Fragment OS Mus musculus GN Nrd1 PE 2 SV 1 | 638,98 | βIV5-3 em 3 horas |

| | | | |
|--------|---|--------|-------------------|
| Q8CEH2 | Q8CEH2 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Rab18 PE 2 SV 1 | 637,97 | βIV5-3 em 3 horas |
| F6Q3W0 | F6Q3W0 MOUSE WD repeat containing protein 5 Fragment OS Mus musculus GN Wdr5 PE 4 SV 1 | 637,33 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q60848 | HELLS MOUSE Lymphocyte specific helicase OS Mus musculus GN Hells PE 1 SV 2 | 635,75 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UXT9 | Q3UXT9 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Acin1 PE 2 SV 1 | 634,43 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BQ10 | Q8BQ10 MOUSE Histone deacetylase 2 OS Mus musculus GN Hdac2 PE 2 SV 1 | 631,11 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TQ82 | Q3TQ82 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Bbs1 PE 2 SV 1 | 626,54 | βIV5-3 em 3 horas |
| F6QKD2 | F6QKD2 MOUSE Probable ATP dependent RNA helicase DDX47 Fragment OS Mus musculus GN Ddx47 PE 4 SV 1 | 624,87 | βIV5-3 em 3 horas |
| P60229 | EIF3E MOUSE Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit E OS Mus musculus GN Eif3e PE 1 SV 1 | 621,38 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q58E59 | Q58E59 MOUSE Splicing factor 3a subunit 3 OS Mus musculus GN Sf3a3 PE 2 SV 1 | 619,63 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9DAE2 | Q9DAE2 MOUSE Protein Rbmxl2 OS Mus musculus GN Rbmxl2 PE 2 SV 1 | 619,38 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TSU8 | Q3TSU8 MOUSE DNA ligase Fragment OS Mus musculus GN Lig1 PE 2 SV 1 | 618,95 | βIV5-3 em 3 horas |
| A2A5E1 | A2A5E1 MOUSE DnaJ homolog subfamily C member 7 Fragment OS Mus musculus GN Dnajc7 PE 2 SV 1 | 618,62 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9DCT2 | NDUS3 MOUSE NADH dehydrogenase ubiquinone iron sulfur protein 3 mitochondrial OS Mus musculus GN | 615,29 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q2TJJ4 | Q2TJJ4 MOUSE Killer cell lectin like receptor subfamily A member 31 Fragment OS Mus musculus GN KI | 615,13 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q6A0C0 | Q6A0C0 MOUSE MKIAA0138 protein Fragment OS Mus musculus GN mKIAA0138 PE 4 SV 1 | 612,74 | βIV5-3 em 3 horas |
| D3XDX2 | D3XDX2 MUHV1 MGP family protein m150 OS Murid herpesvirus 1 GN m150 PE 4 SV 1 | 612,25 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8R0B2 | Q8R0B2 MOUSE Methionine aminopeptidase Fragment OS Mus musculus GN Metap1 PE 2 SV 1 | 612,07 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q6PFZ6 | Q6PFZ6 MOUSE Tcof1 protein OS Mus musculus GN Tcof1 PE 2 SV 1 | 610,97 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8K2C1 | Q8K2C1 MOUSE Aamp protein OS Mus musculus GN Aamp PE 2 SV 1 | 610,8 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q6A0B9 | Q6A0B9 MOUSE MKIAA0139 protein Fragment OS Mus musculus GN Eif3a PE 2 SV 1 | 609,1 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q05CX1 | Q05CX1 MOUSE Mgea5 protein Fragment OS Mus musculus GN Mgea5 PE 2 SV 1 | 607,91 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8R409 | HEX11 MOUSE Protein HEXIM1 OS Mus musculus GN Hexim1 PE 1 SV 1 | 605,06 | βIV5-3 em 3 horas |
| D3Z3A6 | D3Z3A6 MOUSE Protein PML OS Mus musculus GN Pml PE 2 SV 1 | 604,17 | βIV5-3 em 3 horas |
| F7AM43 | F7AM43 MOUSE Protein Fubp3 Fragment OS Mus musculus GN Fubp3 PE 4 SV 1 | 601,49 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q61621 | Q61621 MOUSE G protein beta subunit Fragment OS Mus musculus GN Gnb1 PE 2 SV 1 | 600,83 | βIV5-3 em 3 horas |
| E9QPX1 | E9QPX1 MOUSE Collagen alpha 1 XVIII chain OS Mus musculus GN Col18a1 PE 2 SV 1 | 600,67 | βIV5-3 em 3 horas |
| P39061 | COIA1 MOUSE Collagen alpha 1 XVIII chain OS Mus musculus GN Col18a1 PE 1 SV 4 | 600,67 | βIV5-3 em 3 horas |
| F6RQT5 | F6RQT5 MOUSE Ubiquitin associated protein 2 Fragment OS Mus musculus GN Lig1 PE 3 SV 1 | 599,98 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q91YR1 | TWF1 MOUSE Twinfilin 1 OS Mus musculus GN Twf1 PE 1 SV 2 | 599,42 | βIV5-3 em 3 horas |
| P70698 | PYRG1 MOUSE CTP synthase 1 OS Mus musculus GN Ctps1 PE 1 SV 2 | 596,02 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q66JW9 | Q66JW9 MOUSE Eif3j protein Fragment OS Mus musculus GN Eif3j PE 2 SV 1 | 595,96 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8K1K2 | Q8K1K2 MOUSE 26S protease regulatory subunit 8 OS Mus musculus GN Psmc5 PE 2 SV 1 | 595,48 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BM83 | Q8BM83 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Chd4 PE 2 SV 1 | 595,01 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BWQ9 | Q8BWQ9 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Uchl3 PE 2 SV 1 | 594,37 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q921L6 | Q921L6 MOUSE Cortactin isoform CRA a OS Mus musculus GN Ctnn PE 2 SV 1 | 593,82 | βIV5-3 em 3 horas |
| P62196 | PRS8 MOUSE 26S protease regulatory subunit 8 OS Mus musculus GN Psmc5 PE 1 SV 1 | 590,96 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TWG2 | Q3TWG2 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Prkcsh PE 2 SV 1 | 590,32 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8VEE4 | RFA1 MOUSE Replication protein A 70 kDa DNA binding subunit OS Mus musculus GN Rpa1 PE 2 SV 1 | 589,98 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TU94 | Q3TU94 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Trim25 PE 2 SV 1 | 587,44 | βIV5-3 em 3 horas |
| O09106 | HDAC1 MOUSE Histone deacetylase 1 OS Mus musculus GN Hdac1 PE 1 SV 1 | 586,56 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3V1V5 | Q3V1V5 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Sptan1 PE 2 SV 1 | 584,9 | βIV5-3 em 3 horas |

| | | | |
|--------|---|--------|-------------------|
| Q6PHM1 | Q6PHM1 MOUSE Lamc1 protein Fragment OS Mus musculus GN Lamc1 PE 2 SV 1 | 584,75 | βIV5-3 em 3 horas |
| B7ZWK3 | B7ZWK3 MOUSE Spna2 protein OS Mus musculus GN Sptan1 PE 2 SV 1 | 579,18 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8R2V4 | Q8R2V4 MOUSE Eif4g1 protein Fragment OS Mus musculus GN Eif4g1 PE 2 SV 1 | 578,99 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8VDF7 | Q8VDF7 MOUSE Hexim1 protein OS Mus musculus GN Hexim1 PE 2 SV 1 | 577,86 | βIV5-3 em 3 horas |
| O54825 | BYST MOUSE Bystin OS Mus musculus GN Bysl PE 1 SV 3 | 577,72 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q543N4 | Q543N4 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Bysl PE 2 SV 1 | 577,72 | βIV5-3 em 3 horas |
| F2Z3V0 | F2Z3V0 MOUSE NADH cytochrome b5 reductase 3 Fragment OS Mus musculus GN Cyb5r3 PE 2 SV 1 | 577,15 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TIU7 | Q3TIU7 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Ndufs1 PE 2 SV 1 | 576,69 | βIV5-3 em 3 horas |
| P48962 | ADT1 MOUSE ADP ATP translocase 1 OS Mus musculus GN Slc25a4 PE 1 SV 4 | 576,5 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9WUM5 | SUCA MOUSE Succinyl CoA ligase ADP GDP forming subunit alpha mitochondrial OS Mus musculus GN Suc | 576,29 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3V2Y4 | Q3V2Y4 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Me2 PE 2 SV 1 | 572,8 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3ULJ9 | Q3ULJ9 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Rangap1 PE 2 SV 1 | 570,27 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9DCE3 | Q9DCE3 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Pmm2 PE 2 SV 1 | 567,63 | βIV5-3 em 3 horas |
| D3Z4V1 | D3Z4V1 MOUSE Pleiotropic regulator 1 OS Mus musculus GN Plrg1 PE 2 SV 1 | 567,02 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UU11 | Q3UU11 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Nln PE 2 SV 1 | 566,36 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UFJ3 | Q3UFJ3 MOUSE Pyruvate dehydrogenase E1 alpha 1 OS Mus musculus GN Pdha1 PE 2 SV 1 | 566,19 | βIV5-3 em 3 horas |
| H3BLM9 | H3BLM9 MOUSE Cleavage and polyadenylation specificity factor subunit 6 Fragment OS Mus musculus GN | 565,87 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8C1T2 | Q8C1T2 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Psm6 PE 2 SV 1 | 564,12 | βIV5-3 em 3 horas |
| D3YYN7 | D3YYN7 MOUSE Sodium potassium transporting ATPase subunit alpha 2 OS Mus musculus GN Atp1a2 PE 2 SV | 561,55 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3URV4 | Q3URV4 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Lamc1 PE 2 SV 1 | 560,61 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9EQQ9 | NCOAT MOUSE Bifunctional protein NCOAT OS Mus musculus GN Mgea5 PE 1 SV 2 | 557,31 | βIV5-3 em 3 horas |
| F7ALR2 | F7ALR2 MOUSE Ubiquitin carboxyl terminal hydrolase 48 Fragment OS Mus musculus GN Usp48 PE 4 SV 1 | 557,18 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q6ZQJ0 | Q6ZQJ0 MOUSE MKIAA0116 protein Fragment OS Mus musculus GN Exosc7 PE 2 SV 1 | 557,02 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q921N6 | DDX27 MOUSE Probable ATP dependent RNA helicase DDX27 OS Mus musculus GN Ddx27 PE 1 SV 3 | 554,82 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UF49 | Q3UF49 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Atp1a1 PE 2 SV 1 | 553,94 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q99KV1 | DJB11 MOUSE DnaJ homolog subfamily B member 11 OS Mus musculus GN Dnajb11 PE 1 SV 1 | 552,2 | βIV5-3 em 3 horas |
| C6EQH3 | C6EQH3 MOUSE ASL1 Suclg2 fusion protein OS Mus musculus PE 2 SV 1 | 551,64 | βIV5-3 em 3 horas |
| D6Q0F6 | D6Q0F6 MOUSE Cytoplasmic dynein intermediate chain 2 isoform 2 OS Mus musculus GN Dync1i2 PE 2 SV | 550,46 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9D1E6 | TBCB MOUSE Tubulin folding cofactor B OS Mus musculus GN Tbc1 PE 1 SV 2 | 547,25 | βIV5-3 em 3 horas |
| O70499 | O70499 MOUSE Small nuclear ribonucleoprotein associated protein OS Mus musculus GN Snrpn PE 3 SV 1 | 547,18 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8K2B3 | DHSA MOUSE Succinate dehydrogenase ubiquinone flavoprotein subunit mitochondrial OS Mus musculus | 546,92 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3U046 | Q3U046 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Yap1 PE 2 SV 1 | 546,35 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UI56 | Q3UI56 MOUSE Annexin OS Mus musculus GN Anxa6 PE 2 SV 1 | 545,77 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TA75 | Q3TA75 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Fxr2 PE 2 SV 1 | 544,43 | βIV5-3 em 3 horas |
| B2RWB7 | B2RWB7 MOUSE 9630033F20Rik protein OS Mus musculus GN 9630033F20Rik PE 2 SV 1 | 544,37 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TB65 | Q3TB65 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Nln PE 2 SV 1 | 543,86 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TT05 | Q3TT05 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Elavl1 PE 2 SV 1 | 543,77 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3U5M8 | Q3U5M8 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Psm3 PE 2 SV 1 | 543,02 | βIV5-3 em 3 horas |
| O35621 | PMM1 MOUSE Phosphomannomutase 1 OS Mus musculus GN Pmm1 PE 1 SV 1 | 542,41 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BUW8 | Q8BUW8 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Eif4g1 PE 2 SV 1 | 539,55 | βIV5-3 em 3 horas |

| | | | |
|--------|--|--------|-------------------|
| Q3TFB5 | Q3TFB5 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Nans PE 2 SV 1 | 539,18 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TBW9 | Q3TBW9 MOUSE m7GpppX diphosphatase OS Mus musculus GN Dcps PE 2 SV 1 | 536,94 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9CSW4 | Q9CSW4 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Psm12 PE 2 SV 1 | 536,57 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q80WA7 | Q80WA7 MOUSE Prpf4 protein Fragment OS Mus musculus GN Prpf4 PE 2 SV 1 | 535,47 | βIV5-3 em 3 horas |
| F6Q750 | F6Q750 MOUSE Microtubule actin cross linking factor 1 Fragment OS Mus musculus GN Macf1 PE 2 SV 1 | 532,25 | βIV5-3 em 3 horas |
| F8WI31 | F8WI31 MOUSE Pleiotropic regulator 1 OS Mus musculus GN Plrg1 PE 2 SV 1 | 531,96 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TK95 | Q3TK95 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Eif4e PE 2 SV 1 | 531,18 | βIV5-3 em 3 horas |
| E9Q986 | E9Q986 MOUSE Catenin delta 1 OS Mus musculus GN Ctnnd1 PE 2 SV 1 | 529,63 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q64G17 | AN32C MOUSE Putative acidic leucine rich nuclear phosphoprotein 32 family member C OS Mus musculus G | 528,5 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3THF3 | Q3THF3 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Gnb4 PE 2 SV 1 | 528,41 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8CJF8 | AGO4 MOUSE Protein argonaute 4 OS Mus musculus GN Ago4 PE 2 SV 2 | 528,01 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BK58 | HBAP1 MOUSE HSPB1 associated protein 1 OS Mus musculus GN Hspbp1 PE 1 SV 2 | 527,98 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3THN2 | Q3THN2 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Dera PE 2 SV 1 | 527,01 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q91YP3 | DEOC MOUSE Putative deoxyribose phosphate aldolase OS Mus musculus GN Dera PE 2 SV 1 | 527,01 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3U5I5 | Q3U5I5 MOUSE Growth factor receptor bound protein 2 isoform CRA b OS Mus musculus GN Grb2 PE 2 SV 1 | 526,84 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UGC3 | Q3UGC3 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Cald1 PE 2 SV 1 | 526,36 | βIV5-3 em 3 horas |
| B1AWH6 | B1AWH6 MOUSE Structural maintenance of chromosomes protein 2 Fragment OS Mus musculus GN Smc2 PE 2 | 525,54 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BP40 | PPA6 MOUSE Lysophosphatidic acid phosphatase type 6 OS Mus musculus GN Acp6 PE 2 SV 1 | 524,67 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9Z326 | Q9Z326 MOUSE 49 kDa zinc finger protein OS Mus musculus GN Zfp207 PE 2 SV 1 | 524,13 | βIV5-3 em 3 horas |
| H3BKR2 | H3BKR2 MOUSE Guanine nucleotide binding protein G I G S G T subunit beta 1 Fragment OS Mus musc | 523,93 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3US00 | Q3US00 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Sf3b1 PE 2 SV 1 | 520,86 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9CSK2 | Q9CSK2 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Pwp1 PE 2 SV 1 | 519,57 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TBC3 | Q3TBC3 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Tin1 PE 2 SV 1 | 519,16 | βIV5-3 em 3 horas |
| D3YYN3 | D3YYN3 MOUSE Exosome complex component RRP43 Fragment OS Mus musculus GN Exosc8 PE 2 SV 1 | 519,11 | βIV5-3 em 3 horas |
| P42669 | PURA MOUSE Transcriptional activator protein Pur alpha OS Mus musculus GN Pura PE 1 SV 1 | 517,85 | βIV5-3 em 3 horas |
| P31266 | SUH MOUSE Recombining binding protein suppressor of hairless OS Mus musculus GN Rbpj PE 1 SV 1 | 517,83 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8C470 | Q8C470 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Eif4e PE 2 SV 1 | 514,49 | βIV5-3 em 3 horas |
| B2RWE8 | B2RWE8 MOUSE Eif4b protein OS Mus musculus GN Eif4b PE 2 SV 1 | 513,64 | βIV5-3 em 3 horas |
| H7BX99 | H7BX99 MOUSE Prothrombin OS Mus musculus GN F2 PE 2 SV 1 | 512,65 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9JIH2 | NUP50 MOUSE Nuclear pore complex protein Nup50 OS Mus musculus GN Nup50 PE 1 SV 3 | 511,4 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9JMA2 | TGT MOUSE Queuine tRNA ribosyltransferase OS Mus musculus GN Qtrt1 PE 1 SV 2 | 511,18 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q5RL55 | Q5RL55 MOUSE ATP binding cassette sub family F GCN20 member 1 OS Mus musculus GN Abcf1 PE 2 SV 1 | 510,92 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q4VBE8 | WDR18 MOUSE WD repeat containing protein 18 OS Mus musculus GN Wdr18 PE 1 SV 1 | 510,47 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3ULQ2 | Q3ULQ2 MOUSE MCG20568 OS Mus musculus GN Pin1rt1 PE 2 SV 1 | 509,67 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q5SVG5 | Q5SVG5 MOUSE AP 1 complex subunit beta 1 OS Mus musculus GN Ap1b1 PE 2 SV 1 | 508,6 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9JHI7 | EXOS9 MOUSE Exosome complex component RRP45 OS Mus musculus GN Exosc9 PE 2 SV 1 | 508,55 | βIV5-3 em 3 horas |
| C6EQK4 | C6EQK4 MOUSE L1 unspliced fusion gene protein OS Mus musculus PE 2 SV 1 | 506,89 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q91XI2 | Q91XI2 MOUSE Catalase OS Mus musculus GN Cat PE 2 SV 1 | 506,21 | βIV5-3 em 3 horas |
| P27641 | XRCC5 MOUSE X ray repair cross complementing protein 5 OS Mus musculus GN Xrcc5 PE 2 SV 4 | 505,7 | βIV5-3 em 3 horas |
| F6VEP4 | F6VEP4 MOUSE U3 small nucleolar RNA interacting protein 2 Fragment OS Mus musculus GN Rrp9 PE 4 SV | 505,08 | βIV5-3 em 3 horas |

| | | | |
|---------|---|--------|-------------------|
| Q8R344 | CCD12 MOUSE Coiled coil domain containing protein 12 OS Mus musculus GN Ccdc12 PE 2 SV 2 | 504 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UFM8 | Q3UFM8 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Chd4 PE 2 SV 1 | 501,78 | βIV5-3 em 3 horas |
| P26039 | TLN1 MOUSE Talin 1 OS Mus musculus GN Tln1 PE 1 SV 2 | 501,17 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UHS6 | Q3UHS6 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Tln1 PE 2 SV 1 | 501,17 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8CGE8 | IF15A MOUSE Interferon activable protein 205 A OS Mus musculus GN Ifi205a PE 2 SV 1 | 500,55 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8CBQ4 | Q8CBQ4 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Kctd12 PE 2 SV 1 | 499,61 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9CU60 | Q9CU60 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Mgea5 PE 2 SV 1 | 499,34 | βIV5-3 em 3 horas |
| A6PWS5 | A6PWS5 MOUSE Gelsolin Fragment OS Mus musculus GN Gsn PE 2 SV 1 | 498,83 | βIV5-3 em 3 horas |
| D3YTP9 | D3YTP9 MOUSE Protein Hsd17b14 OS Mus musculus GN Hsd17b14 PE 2 SV 2 | 496,8 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8VDG5 | PPCS MOUSE Phosphopantothenate cysteine ligase OS Mus musculus GN Ppcs PE 2 SV 1 | 495,21 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UNN4 | Q3UNN4 MOUSE SWI SNF complex subunit SMARCC1 OS Mus musculus GN Smarcc1 PE 2 SV 1 | 494,56 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q6NXY3 | Q6NXY3 MOUSE Ap1b1 protein Fragment OS Mus musculus GN Ap1b1 PE 2 SV 1 | 494,03 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9ER89 | Q9ER89 MOUSE Muscle protein 637 OS Mus musculus GN Mrps9 PE 2 SV 1 | 492,92 | βIV5-3 em 3 horas |
| A2A432 | CUL4B MOUSE Cullin 4B OS Mus musculus GN Cul4b PE 1 SV 1 | 492,68 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9CPN9 | Q9CPN9 MOUSE Protein 2210010C04Rik OS Mus musculus GN 2210010C04Rik PE 2 SV 1 | 492,67 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BRA9 | Q8BRA9 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus PE 2 SV 1 | 491,53 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8K265 | Q8K265 MOUSE Wdr18 protein Fragment OS Mus musculus GN Wdr18 PE 2 SV 1 | 489,12 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TH57 | Q3TH57 MOUSE MCG127945 isoform CRA a OS Mus musculus GN Tcerg1 PE 2 SV 1 | 488,81 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8CGF7 | TCRG1 MOUSE Transcription elongation regulator 1 OS Mus musculus GN Tcerg1 PE 1 SV 2 | 488,81 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TZS1 | Q3TZS1 MOUSE Homeobox protein TGIF2 OS Mus musculus GN Tgif2 PE 2 SV 1 | 488,34 | βIV5-3 em 3 horas |
| D3Z1X8 | D3Z1X8 MOUSE SWI SNF complex subunit SMARCC1 OS Mus musculus GN Smarcc1 PE 2 SV 1 | 487,1 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9EQ61 | PESC MOUSE Pescadillo homolog OS Mus musculus GN Pes1 PE 1 SV 1 | 487,08 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TCS0 | Q3TCS0 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Prep PE 2 SV 1 | 485,35 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q99JW5 | EPCAM MOUSE Epithelial cell adhesion molecule OS Mus musculus GN Epcam PE 2 SV 1 | 484,83 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8QZY9 | SF3B4 MOUSE Splicing factor 3B subunit 4 OS Mus musculus GN Sf3b4 PE 2 SV 1 | 483,94 | βIV5-3 em 3 horas |
| D3YU40 | D3YU40 MOUSE Insulin like growth factor binding protein 2 OS Mus musculus GN Igfbp2 PE 2 SV 1 | 482,01 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q541Z2 | Q541Z2 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Fn1a PE 2 SV 1 | 480,72 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q61239 | FN1A MOUSE Protein farnesyltransferase geranylgeranyltransferase type 1 subunit alpha OS Mus musculus | 480,72 | βIV5-3 em 3 horas |
| J3KMM5 | J3KMM5 MOUSE Sarcoplasmic endoplasmic reticulum calcium ATPase 2 OS Mus musculus GN Atp2a2 PE 2 SV 1 | 479,02 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8R569 | Q8R569 MOUSE Smarca4 protein Fragment OS Mus musculus GN Smarca4 PE 2 SV 1 | 478,33 | βIV5-3 em 3 horas |
| P40336 | VP26A MOUSE Vacuolar protein sorting associated protein 26A OS Mus musculus GN Vps26a PE 2 SV 1 | 478,05 | βIV5-3 em 3 horas |
| E9QKQ9 | E9QKQ9 MOUSE Protein enabled homolog OS Mus musculus GN Enah PE 2 SV 1 | 477,17 | βIV5-3 em 3 horas |
| E9QKR1 | E9QKR1 MOUSE Protein enabled homolog OS Mus musculus GN Enah PE 2 SV 1 | 477,17 | βIV5-3 em 3 horas |
| P97452 | BOP1 MOUSE Ribosome biogenesis protein BOP1 OS Mus musculus GN Bop1 PE 1 SV 1 | 476,31 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9WVVR4 | FXR2 MOUSE Fragile X mental retardation syndrome related protein 2 OS Mus musculus GN Fxr2 PE 1 SV 1 | 475,02 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8K411 | PREP MOUSE Presequence protease mitochondrial OS Mus musculus GN Pitrm1 PE 1 SV 1 | 472,21 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3U5N9 | Q3U5N9 MOUSE Annexin OS Mus musculus GN Anxa1 PE 2 SV 1 | 471 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9QYS7 | Q9QYS7 MOUSE Sos1 Fragment OS Mus musculus PE 2 SV 1 | 470,78 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BNE1 | F115A MOUSE Protein FAM115A OS Mus musculus GN Fam115a PE 2 SV 1 | 470,72 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q499K1 | Q499K1 MOUSE Klra13 protein OS Mus musculus GN Klra13 ps PE 2 SV 1 | 468,98 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BNS0 | Q8BNS0 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Drg1 PE 2 SV 1 | 468,62 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8C2E3 | Q8C2E3 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Rangap1 PE 2 SV 1 | 468,23 | βIV5-3 em 3 horas |

| | | | |
|--------|--|--------|-------------------|
| F6XMS4 | F6XMS4 MOUSE Protein Pus7 Fragment OS Mus musculus GN Pus7 PE 4 SV 1 | 466,58 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3V079 | CC176 MOUSE Coiled coil domain containing protein 176 OS Mus musculus GN Ccdc176 PE 2 SV 2 | 463,77 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8C213 | Q8C213 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Atp2a3 PE 2 SV 1 | 462,66 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3USM3 | Q3USM3 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Luc7l2 PE 2 SV 1 | 461,39 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q68FH8 | Q68FH8 MOUSE Smarcd1 protein OS Mus musculus GN Smarcd1 PE 2 SV 2 | 461,27 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8C7U4 | Q8C7U4 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Fxr1 PE 2 SV 1 | 460,75 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q7TMG2 | Q7TMG2 MOUSE Snrnp200 protein Fragment OS Mus musculus GN Snrnp200 PE 2 SV 1 | 459,78 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TGH8 | Q3TGH8 MOUSE Signal transducing adaptor molecule SH3 domain and ITAM motif 2 OS Mus musculus GN St | 457,96 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q6DFW4 | NOP58 MOUSE Nucleolar protein 58 OS Mus musculus GN Nop58 PE 1 SV 1 | 456,48 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q91W01 | Q91W01 MOUSE Phosphomannomutase 1 OS Mus musculus GN Pmm1 PE 2 SV 1 | 456,3 | βIV5-3 em 3 horas |
| M1VMF6 | M1VMF6 MOUSE Metastasis associated protein MTA1 isoform 9 OS Mus musculus GN Mta1 PE 2 SV 1 | 455,45 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8CCI5 | RYBP MOUSE RING1 and YY1 binding protein OS Mus musculus GN Rybp PE 1 SV 1 | 452,94 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UZI3 | Q3UZI3 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Snd1 PE 2 SV 1 | 451,4 | βIV5-3 em 3 horas |
| D3Z061 | D3Z061 MOUSE Ubiquitin like modifier activating enzyme 6 OS Mus musculus GN Uba6 PE 2 SV 1 | 451,01 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9D6R2 | IDH3A MOUSE Isocitrate dehydrogenase NAD subunit alpha mitochondrial OS Mus musculus GN Idh3a PE | 450,69 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9EPU0 | RENT1 MOUSE Regulator of nonsense transcripts 1 OS Mus musculus GN Upf1 PE 1 SV 2 | 448,16 | βIV5-3 em 3 horas |
| H3BLJ6 | H3BLJ6 MOUSE MCG14602 isoform CRA b Fragment OS Mus musculus GN Ddx27 PE 4 SV 1 | 447,68 | βIV5-3 em 3 horas |
| P61965 | WDR5 MOUSE WD repeat containing protein 5 OS Mus musculus GN Wdr5 PE 1 SV 1 | 447,15 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q80X50 | UBP2L MOUSE Ubiquitin associated protein 2 like OS Mus musculus GN Ubp2l PE 1 SV 1 | 446,65 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q6PFZ4 | Q6PFZ4 MOUSE Smc3 protein OS Mus musculus GN Smc3 PE 2 SV 1 | 446,46 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q6PA04 | Q6PA04 MOUSE Spna2 protein Fragment OS Mus musculus GN Sptan1 PE 2 SV 1 | 444,98 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q05DU8 | Q05DU8 MOUSE Ribonucleoside diphosphate reductase Fragment OS Mus musculus GN Rrm1 PE 2 SV 1 | 444,24 | βIV5-3 em 3 horas |
| O54994 | O54994 MOUSE Sarcoplasmic reticulum Ca2 ATPase Fragment OS Mus musculus GN Atp2a2 PE 2 SV 1 | 443,78 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q0VBA4 | Q0VBA4 MOUSE MCG16976 isoform CRA c OS Mus musculus GN Rpl22l1 PE 2 SV 1 | 443,05 | βIV5-3 em 3 horas |
| P08032 | SPTA1 MOUSE Spectrin alpha chain erythrocytic 1 OS Mus musculus GN Spta1 PE 2 SV 3 | 442,38 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q78JW9 | UBFD1 MOUSE Ubiquitin domain containing protein UBFD1 OS Mus musculus GN Ubfd1 PE 1 SV 2 | 441,8 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UD36 | Q3UD36 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Vim PE 2 SV 1 | 441,79 | βIV5-3 em 3 horas |
| M1VQI8 | M1VQI8 MOUSE Metastasis associated protein MTA1 isoform 5 OS Mus musculus GN Mta1 PE 2 SV 1 | 441,13 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TD17 | Q3TD17 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Slc2a1 PE 2 SV 1 | 440,42 | βIV5-3 em 3 horas |
| P09803 | CADH1 MOUSE Cadherin 1 OS Mus musculus GN Cdh1 PE 1 SV 1 | 440,03 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q4KML8 | Q4KML8 MOUSE Cadherin 1 isoform CRA a OS Mus musculus GN Cdh1 PE 2 SV 1 | 440,03 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3THK3 | T2FA MOUSE General transcription factor IIF subunit 1 OS Mus musculus GN Gtf2f1 PE 1 SV 2 | 438,76 | βIV5-3 em 3 horas |
| D3YV99 | D3YV99 MOUSE COP9 signalosome complex subunit 4 Fragment OS Mus musculus GN Cops4 PE 2 SV 1 | 438,49 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BFZ6 | IDI2 MOUSE Isopentenyl diphosphate delta isomerase 2 OS Mus musculus GN Idi2 PE 2 SV 1 | 437,27 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q04750 | TOP1 MOUSE DNA topoisomerase 1 OS Mus musculus GN Top1 PE 1 SV 2 | 437,24 | βIV5-3 em 3 horas |
| A2A8L1 | A2A8L1 MOUSE Protein Chd5 OS Mus musculus GN Chd5 PE 2 SV 1 | 436,43 | βIV5-3 em 3 horas |
| P11679 | K2C8 MOUSE Keratin type II cytoskeletal 8 OS Mus musculus GN Krt8 PE 1 SV 4 | 435,38 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8CFI0 | NED4L MOUSE E3 ubiquitin protein ligase NEDD4 like OS Mus musculus GN Nedd4l PE 1 SV 2 | 429,96 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q543B9 | Q543B9 MOUSE Prolyl endopeptidase OS Mus musculus GN Prep PE 2 SV 1 | 428,19 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9QUR6 | PPCE MOUSE Prolyl endopeptidase OS Mus musculus GN Prep PE 2 SV 1 | 428,19 | βIV5-3 em 3 horas |
| J3QK23 | J3QK23 MOUSE Uncharacterized protein OS Mus musculus GN Gm9825 PE 4 SV 1 | 427,96 | βIV5-3 em 3 horas |

| | | | |
|--------|--|--------|-------------------|
| E9Q1M1 | E9Q1M1 MOUSE Protein Pdzd2 OS Mus musculus GN Pdzd2 PE 2 SV 1 | 426,48 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UF58 | Q3UF58 MOUSE Catalase OS Mus musculus GN Cat PE 2 SV 1 | 426,08 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9QZH3 | PPIE MOUSE Peptidyl prolyl cis trans isomerase E OS Mus musculus GN Ppie PE 2 SV 2 | 425,75 | βIV5-3 em 3 horas |
| P70697 | DCUP MOUSE Uroporphyrinogen decarboxylase OS Mus musculus GN Urod PE 1 SV 2 | 424,34 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9EQK5 | MVP MOUSE Major vault protein OS Mus musculus GN Mvp PE 1 SV 4 | 424,07 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q810A7 | DDX42 MOUSE ATP dependent RNA helicase DDX42 OS Mus musculus GN Ddx42 PE 1 SV 3 | 423,92 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TIV5 | ZC3HF MOUSE Zinc finger CCCH domain containing protein 15 OS Mus musculus GN Zc3h15 PE 1 SV 2 | 423,09 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q7TQH0 | ATX2L MOUSE Ataxin 2 like protein OS Mus musculus GN Atxn2l PE 1 SV 1 | 423,05 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8CHR8 | Q8CHR8 MOUSE Developmentally regulated GTP binding protein 1 OS Mus musculus GN Drg1 PE 2 SV 1 | 422,58 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8C6R5 | Q8C6R5 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Ptk2b PE 2 SV 1 | 422,32 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q5RKP4 | Q5RKP4 MOUSE Rpn1 protein Fragment OS Mus musculus GN Rpn1 PE 2 SV 1 | 421,28 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UJS6 | Q3UJS6 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Cpne3 PE 2 SV 1 | 420,78 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BT60 | CPNE3 MOUSE Copine 3 OS Mus musculus GN Cpne3 PE 2 SV 2 | 420,78 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BTI8 | SRRM2 MOUSE Serine arginine repetitive matrix protein 2 OS Mus musculus GN Srrm2 PE 1 SV 3 | 420,53 | βIV5-3 em 3 horas |
| B1AQG7 | B1AQG7 MOUSE Protein Zfp207 Fragment OS Mus musculus GN Zfp207 PE 2 SV 1 | 420,2 | βIV5-3 em 3 horas |
| H3BLF7 | H3BLF7 MOUSE Guanine nucleotide binding protein G I G S G T subunit beta 1 Fragment OS Mus musc | 419,97 | βIV5-3 em 3 horas |
| E9PXB7 | E9PXB7 MOUSE E3 ubiquitin protein ligase NEDD4 like OS Mus musculus GN Nedd4l PE 2 SV 1 | 419,72 | βIV5-3 em 3 horas |
| P51174 | ACADL MOUSE Long chain specific acyl CoA dehydrogenase mitochondrial OS Mus musculus GN Acadl PE 1 | 419,1 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q80UW7 | Q80UW7 MOUSE IQ motif containing GTPase activating protein 1 OS Mus musculus GN Iqgap1 PE 2 SV 1 | 415,75 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BPW9 | Q8BPW9 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus PE 2 SV 1 | 414,12 | βIV5-3 em 3 horas |
| C8YR32 | LOXH1 MOUSE Lipoxygenase homology domain containing protein 1 OS Mus musculus GN Loxhd1 PE 2 SV 1 | 413,87 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TXZ4 | Q3TXZ4 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Pdzd2 PE 2 SV 1 | 413,65 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q64163 | TFDP2 MOUSE Transcription factor Dp 2 OS Mus musculus GN Tfdp2 PE 1 SV 2 | 412,23 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UK05 | Q3UK05 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Map2k1 PE 2 SV 1 | 411,96 | βIV5-3 em 3 horas |
| G3UX86 | G3UX86 MOUSE Vesicle fusing ATPase Fragment OS Mus musculus GN Nsf PE 2 SV 1 | 411,84 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q505F5 | LRC47 MOUSE Leucine rich repeat containing protein 47 OS Mus musculus GN Lrrc47 PE 2 SV 1 | 410,68 | βIV5-3 em 3 horas |
| E9PXY8 | E9PXY8 MOUSE Ubiquitin carboxyl terminal hydrolase OS Mus musculus GN Usp7 PE 2 SV 1 | 410,25 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TPR2 | Q3TPR2 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Stam PE 2 SV 1 | 410,09 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q6ZQM3 | Q6ZQM3 MOUSE cDNA fis clone TRACH3010757 highly similar to Interferon gamma inducible protein MG11 | 409,51 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q05CY4 | Q05CY4 MOUSE Srrm2 protein Fragment OS Mus musculus GN Srrm2 PE 2 SV 1 | 409,45 | βIV5-3 em 3 horas |
| P87632 | P87632 COWPX G4L protein OS Cowpox virus GN G4L PE 4 SV 1 | 407,45 | βIV5-3 em 3 horas |
| E9Q8V6 | E9Q8V6 MOUSE Protein Dennd4a OS Mus musculus GN Dennd4a PE 4 SV 1 | 406,87 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q641N8 | Q641N8 MOUSE E3 ubiquitin protein ligase Fragment OS Mus musculus GN Nedd4l PE 2 SV 1 | 405,39 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q62504 | MINT MOUSE Mx2 interacting protein OS Mus musculus GN Spen PE 1 SV 2 | 402,58 | βIV5-3 em 3 horas |
| D3Z7C0 | D3Z7C0 MOUSE 39S ribosomal protein L40 mitochondrial OS Mus musculus GN Mrpl40 PE 2 SV 1 | 402,42 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BQ35 | Q8BQ35 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Sptbn1 PE 2 SV 1 | 400,74 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9DBH5 | LMAN2 MOUSE Vesicular integral membrane protein VIP36 OS Mus musculus GN Lman2 PE 2 SV 2 | 398,58 | βIV5-3 em 3 horas |
| P06467 | HBAZ MOUSE Hemoglobin subunit zeta OS Mus musculus GN Hbz PE 2 SV 2 | 397,23 | βIV5-3 em 3 horas |
| E9PX41 | E9PX41 MOUSE Zinc finger SWIM domain containing protein 6 OS Mus musculus GN Zswim6 PE 2 SV 1 | 395,83 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BYH6 | Q8BYH6 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Snrmp200 PE 2 SV 1 | 395,43 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TNN6 | Q3TNN6 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Capg PE 2 SV 1 | 394,79 | βIV5-3 em 3 horas |

| | | | |
|--------|--|--------|-------------------|
| D3Z7X6 | D3Z7X6 MOUSE Protein Gm5581 OS Mus musculus GN Gm5581 PE 4 SV 2 | 393,92 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BTM5 | Q8BTM5 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Slc2a1 PE 2 SV 1 | 392,53 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9CSU0 | RPR1B MOUSE Regulation of nuclear pre mRNA domain containing protein 1B OS Mus musculus GN Rprd1b PE | 391,92 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q99L13 | 3HIDH MOUSE 3 hydroxyisobutyrate dehydrogenase mitochondrial OS Mus musculus GN Hibadh PE 1 SV 1 | 391,59 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UHR1 | Q3UHR1 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Fn1 PE 2 SV 1 | 390,53 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q571J7 | Q571J7 MOUSE MCG141011 isoform CRA e Fragment OS Mus musculus GN Ppp2r2a PE 2 SV 1 | 387,84 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TGG2 | Q3TGG2 MOUSE Ataxin 2 like protein OS Mus musculus GN Atxn2l PE 2 SV 1 | 385,22 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TB22 | Q3TB22 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Fasn PE 2 SV 1 | 384,59 | βIV5-3 em 3 horas |
| E9QAS9 | E9QAS9 MOUSE Fragile X mental retardation protein 1 homolog OS Mus musculus GN Fmr1 PE 2 SV 1 | 381,95 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TKZ9 | Q3TKZ9 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Nolc1 PE 2 SV 1 | 380,87 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3U6B1 | Q3U6B1 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN G3bp2 PE 2 SV 1 | 379,38 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8CGU0 | Q8CGU0 MOUSE Argonaute 1 protein Fragment OS Mus musculus GN Ago1 PE 4 SV 1 | 376,57 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q569Z6 | TR150 MOUSE Thyroid hormone receptor associated protein 3 OS Mus musculus GN Thrap3 PE 1 SV 1 | 375,59 | βIV5-3 em 3 horas |
| E9Q906 | E9Q906 MOUSE Catenin delta 1 OS Mus musculus GN Ctnnd1 PE 2 SV 1 | 375,48 | βIV5-3 em 3 horas |
| F6QGA9 | F6QGA9 MOUSE Lipoxygenase homology domain containing protein 1 Fragment OS Mus musculus GN Loxhd1 | 374,16 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UKB1 | Q3UKB1 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Pls3 PE 2 SV 1 | 372,14 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q99K51 | PLST MOUSE Plastin 3 OS Mus musculus GN Pls3 PE 1 SV 3 | 372,14 | βIV5-3 em 3 horas |
| F6TXE3 | F6TXE3 MOUSE Protein L isospartate D aspartate O methyltransferase Fragment OS Mus musculus GN P | 366,81 | βIV5-3 em 3 horas |
| E9QM90 | E9QM90 MOUSE Protein 2310035C23Rik OS Mus musculus GN 2310035C23Rik PE 2 SV 1 | 365,77 | βIV5-3 em 3 horas |
| D3YWY7 | D3YWY7 MOUSE Eukaryotic translation initiation factor 4 gamma 1 Fragment OS Mus musculus GN Eif4g1 | 364 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8R5C5 | ACTY MOUSE Beta contractin OS Mus musculus GN Actr1b PE 1 SV 1 | 362,19 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3U878 | Q3U878 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Dazap1 PE 2 SV 1 | 362,17 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3THV0 | Q3THV0 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Bop1 PE 2 SV 1 | 361,39 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TIJ5 | Q3TIJ5 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Bop1 PE 2 SV 1 | 358,04 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TBB4 | Q3TBB4 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Fn1 PE 2 SV 1 | 358 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TAZ3 | Q3TAZ3 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Dync1h1 PE 2 SV 1 | 355,45 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TSR0 | Q3TSR0 MOUSE Exostosin like 2 OS Mus musculus GN Extl2 PE 2 SV 1 | 354,51 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TMW4 | Q3TMW4 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Map2k1 PE 2 SV 1 | 354,36 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3U6A2 | Q3U6A2 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Rbm14 PE 2 SV 1 | 352,09 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3U281 | Q3U281 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Sar1b PE 2 SV 1 | 351,37 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3URH5 | Q3URH5 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Smarca4 PE 2 SV 1 | 351,24 | βIV5-3 em 3 horas |
| P60840 | ENSA MOUSE Alpha endosulfine OS Mus musculus GN Ensa PE 1 SV 1 | 350,97 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9D3U4 | Q9D3U4 MOUSE MCG53108 OS Mus musculus GN Rbm31y PE 2 SV 1 | 349,89 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q812D4 | Q812D4 MOUSE Lingerer protein 2b OS Mus musculus GN Ubap2l PE 2 SV 1 | 348,24 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BJ53 | Q8BJ53 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Ubap2l PE 2 SV 1 | 348,24 | βIV5-3 em 3 horas |
| P39749 | FEN1 MOUSE Flap endonuclease 1 OS Mus musculus GN Fen1 PE 1 SV 1 | 347,36 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q99M86 | Q99M86 MOUSE Flap endonuclease 1 OS Mus musculus GN Fen1 PE 3 SV 1 | 347,36 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TW96 | UAP1L MOUSE UDP N acetylhexosamine pyrophosphorylase like protein 1 OS Mus musculus GN Uap1l1 PE 2 S | 346,6 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q0V930 | Q0V930 MOUSE Tln1 protein OS Mus musculus GN Tln1 PE 2 SV 1 | 341,53 | βIV5-3 em 3 horas |
| E9Q5Q0 | E9Q5Q0 MOUSE Ataxin 2 like protein Fragment OS Mus musculus GN Atxn2l PE 2 SV 2 | 341,13 | βIV5-3 em 3 horas |

| | | | |
|--------|---|--------|-------------------|
| Q3UDX7 | Q3UDX7 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Samhd1 PE 2 SV 1 | 340,98 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UD30 | Q3UD30 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Iif3 PE 2 SV 1 | 340,6 | βIV5-3 em 3 horas |
| S4R294 | S4R294 MOUSE Protein PRRC2C OS Mus musculus GN Prrc2c PE 4 SV 1 | 338,65 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9WV55 | VAPA MOUSE Vesicle associated membrane protein associated protein A OS Mus musculus GN Vapa PE 1 SV | 338,2 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TAP5 | Q3TAP5 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Tra2a PE 2 SV 1 | 337,24 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q5DTZ2 | Q5DTZ2 MOUSE MKIAA1251 protein Fragment OS Mus musculus GN Macf1 PE 2 SV 1 | 337,1 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q6NZC1 | Q6NZC1 MOUSE Ipo5 protein Fragment OS Mus musculus GN Ipo5 PE 2 SV 1 | 336,95 | βIV5-3 em 3 horas |
| D6RGB5 | D6RGB5 MOUSE Exosome complex component RRP45 OS Mus musculus GN Exosc9 PE 2 SV 1 | 329,9 | βIV5-3 em 3 horas |
| B0V2M9 | B0V2M9 MOUSE Lysine specific demethylase 4B OS Mus musculus GN Kdm4b PE 2 SV 1 | 324,55 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q99M31 | HSP7E MOUSE Heat shock 70 kDa protein 14 OS Mus musculus GN Hspa14 PE 2 SV 2 | 321,83 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8CC88 | VWA8 MOUSE von Willebrand factor A domain containing protein 8 OS Mus musculus GN Vwa8 PE 2 SV 2 | 320,59 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q99J36 | THUM1 MOUSE THUMP domain containing protein 1 OS Mus musculus GN Thumpd1 PE 1 SV 1 | 310,56 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3U716 | Q3U716 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Cars PE 2 SV 1 | 308,16 | βIV5-3 em 3 horas |
| P18572 | BASI MOUSE Basigin OS Mus musculus GN Bsg PE 1 SV 2 | 300,44 | βIV5-3 em 3 horas |
| F6SSU6 | F6SSU6 MOUSE Coiled coil domain containing protein 176 Fragment OS Mus musculus GN Ccdc176 PE 2 SV | 297,51 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8VIE5 | Q8VIE5 MOUSE BetaIV spectrin sigma1 OS Mus musculus GN Sptbn4 PE 2 SV 1 | 297,34 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TJH1 | Q3TJH1 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Gnai3 PE 2 SV 1 | 296,25 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9DBH4 | Q9DBH4 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Vwa8 PE 2 SV 1 | 296,22 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8CHP8 | PGP MOUSE Phosphoglycolate phosphatase OS Mus musculus GN Pgp PE 2 SV 1 | 295,99 | βIV5-3 em 3 horas |
| P24527 | LKHA4 MOUSE Leukotriene A 4 hydrolase OS Mus musculus GN Lta4h PE 1 SV 4 | 295,44 | βIV5-3 em 3 horas |
| B0V2M7 | B0V2M7 MOUSE Lysine specific demethylase 4B Fragment OS Mus musculus GN Kdm4b PE 2 SV 1 | 294,29 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q45VK5 | Q45VK5 MOUSE Interleukin enhancer binding factor 3 OS Mus musculus GN Iif3 PE 2 SV 1 | 291,87 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q91W67 | UBL7 MOUSE Ubiquitin like protein 7 OS Mus musculus GN Ubl7 PE 1 SV 2 | 290,43 | βIV5-3 em 3 horas |
| A8DUP3 | A8DUP3 MOUSE Beta globin OS Mus musculus GN Hbbt1 PE 3 SV 1 | 290,12 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9DCU1 | Q9DCU1 MOUSE Glutathione S transferase OS Mus musculus GN Gsta3 PE 2 SV 1 | 290,03 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q32NY6 | Q32NY6 MOUSE COUP transcription factor 1 OS Mus musculus GN Nr2f1 PE 2 SV 1 | 288,05 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8CCE5 | Q8CCE5 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Top2a PE 2 SV 1 | 284,61 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q05BN4 | Q05BN4 MOUSE Srrm2 protein Fragment OS Mus musculus GN Srrm2 PE 2 SV 1 | 283,37 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BZ69 | Q8BZ69 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Ubp2l1 PE 2 SV 1 | 281,63 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q61414 | K1C15 MOUSE Keratin type I cytoskeletal 15 OS Mus musculus GN Krt15 PE 1 SV 2 | 279,44 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q61191 | HCFC1 MOUSE Host cell factor 1 OS Mus musculus GN Hcfc1 PE 1 SV 2 | 279,17 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q62432 | SMAD2 MOUSE Mothers against decapentaplegic homolog 2 OS Mus musculus GN Smad2 PE 1 SV 2 | 275,68 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UNG0 | Q3UNG0 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Lamc1 PE 2 SV 1 | 273,67 | βIV5-3 em 3 horas |
| P46938 | YAP1 MOUSE Yorkie homolog OS Mus musculus GN Yap1 PE 1 SV 2 | 268,37 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3U3X7 | Q3U3X7 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Trim25 PE 2 SV 1 | 254,82 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UDA2 | Q3UDA2 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Dync1i2 PE 2 SV 1 | 248,56 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UUU4 | Q3UUU4 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Sept6 PE 2 SV 1 | 240,13 | βIV5-3 em 3 horas |
| S4R2E2 | S4R2E2 MOUSE Protein PRRC2C Fragment OS Mus musculus GN Prrc2c PE 4 SV 1 | 240,07 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8CGH5 | Q8CGH5 MOUSE Iqgap1 protein Fragment OS Mus musculus GN Iqgap1 PE 2 SV 1 | 233,17 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9CSF1 | Q9CSF1 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Gtf2f1 PE 2 SV 1 | 229 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8CCK1 | Q8CCK1 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Pcdhb9 PE 2 SV 1 | 224,17 | βIV5-3 em 3 horas |

| | | | |
|--------|--|--------|-------------------|
| Q3TTX2 | Q3TTX2 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Sptbn1 PE 2 SV 1 | 223,68 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BRQ6 | Q8BRQ6 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Dnajc9 PE 2 SV 1 | 222,57 | βIV5-3 em 3 horas |
| H3BLQ0 | H3BLQ0 MOUSE Serine threonine protein phosphatase 2A 65 kDa regulatory subunit A beta isoform OS Mus | 222,51 | βIV5-3 em 3 horas |
| F6SJS2 | F6SJS2 MOUSE Host cell factor 1 Fragment OS Mus musculus GN Hcfc1 PE 4 SV 1 | 216,89 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UPG9 | Q3UPG9 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Macf1 PE 2 SV 1 | 211,3 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TPD2 | Q3TPD2 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Iqgap1 PE 2 SV 1 | 208,13 | βIV5-3 em 3 horas |
| J3QJX0 | J3QJX0 MOUSE Cullin 4B OS Mus musculus GN Cul4b PE 2 SV 1 | 206,94 | βIV5-3 em 3 horas |
| B9EJ29 | B9EJ29 MOUSE Plexin A4 OS Mus musculus GN Plxna4 PE 2 SV 1 | 196,67 | βIV5-3 em 3 horas |
| E9Q4F8 | E9Q4F8 MOUSE Protein Ankrd11 OS Mus musculus GN Ankrd11 PE 2 SV 2 | 196,67 | βIV5-3 em 3 horas |
| E9Q4X2 | E9Q4X2 MOUSE Protein Ugg2 OS Mus musculus GN Ugg2 PE 2 SV 1 | 196,67 | βIV5-3 em 3 horas |
| F6W8R9 | F6W8R9 MOUSE Nesprin 2 Fragment OS Mus musculus GN Syne2 PE 4 SV 1 | 196,67 | βIV5-3 em 3 horas |
| P70206 | PLXA1 MOUSE Plexin A1 OS Mus musculus GN Plxna1 PE 1 SV 1 | 196,67 | βIV5-3 em 3 horas |
| P70207 | PLXA2 MOUSE Plexin A2 OS Mus musculus GN Plxna2 PE 1 SV 2 | 196,67 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UH27 | Q3UH27 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Asap2 PE 2 SV 1 | 196,67 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UJA5 | Q3UJA5 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Asap1 PE 2 SV 1 | 196,67 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q67FY2 | BCL9L MOUSE B cell CLL lymphoma 9 like protein OS Mus musculus GN Bcl9l PE 1 SV 1 | 196,67 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q6PI66 | Q6PI66 MOUSE Syne2 protein Fragment OS Mus musculus GN Syne2 PE 2 SV 1 | 196,67 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BUZ9 | Q8BUZ9 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Elmsan1 PE 2 SV 1 | 196,67 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8VCZ6 | SGSM3 MOUSE Small G protein signaling modulator 3 OS Mus musculus GN Sgsm3 PE 1 SV 1 | 196,67 | βIV5-3 em 3 horas |
| P33175 | KIF5A MOUSE Kinesin heavy chain isoform 5A OS Mus musculus GN Kif5a PE 1 SV 3 | 192,15 | βIV5-3 em 3 horas |
| E0CX62 | E0CX62 MOUSE Proteasome subunit alpha type 3 OS Mus musculus GN Psma3 PE 2 SV 2 | 187,2 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UE86 | Q3UE86 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Ganab PE 2 SV 1 | 187,11 | βIV5-3 em 3 horas |
| A0FF38 | A0FF38 MOUSE Glucose 6 phosphate 1 dehydrogenase OS Mus musculus GN G6pd2 PE 3 SV 1 | 173,63 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q5SWU9 | ACACA MOUSE Acetyl CoA carboxylase 1 OS Mus musculus GN Acaca PE 1 SV 1 | 171,25 | βIV5-3 em 3 horas |
| E9PWX8 | E9PWX8 MOUSE Microtubule associated serine threonine protein kinase 4 OS Mus musculus GN Mast4 PE 2 | 165,8 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q61762 | KCNA5 MOUSE Potassium voltage gated channel subfamily A member 5 OS Mus musculus GN Kcna5 PE 2 SV 2 | 165,8 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q6P1E8 | EFCB6 MOUSE EF hand calcium binding domain containing protein 6 OS Mus musculus GN Efcab6 PE 2 SV 2 | 165,8 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q6ZPY7 | KDM3B MOUSE Lysine specific demethylase 3B OS Mus musculus GN Kdm3b PE 2 SV 2 | 165,8 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BGV9 | ATG4D MOUSE Cysteine protease ATG4D OS Mus musculus GN Atg4d PE 1 SV 1 | 165,8 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8CG65 | SSPO MOUSE SCO spondin OS Mus musculus GN Sspo PE 2 SV 2 | 165,8 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9CPW7 | ZMAT2 MOUSE Zinc finger matrin type protein 2 OS Mus musculus GN Zmat2 PE 2 SV 1 | 165,8 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TC83 | Q3TC83 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Nle1 PE 2 SV 1 | 164,73 | βIV5-3 em 3 horas |
| A2AGL3 | RYR3 MOUSE Ryanodine receptor 3 OS Mus musculus GN Ryr3 PE 1 SV 1 | 161,98 | βIV5-3 em 3 horas |
| P24549 | AL1A1 MOUSE Retinal dehydrogenase 1 OS Mus musculus GN Aldh1a1 PE 1 SV 5 | 159,93 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q05CS8 | Q05CS8 MOUSE Tpr protein Fragment OS Mus musculus GN Tpr PE 2 SV 1 | 142,1 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UIA4 | Q3UIA4 MOUSE Aldehyde dehydrogenase family 1 subfamily A3 isoform CRA d OS Mus musculus GN Aldh1a3 | 141,06 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q62148 | AL1A2 MOUSE Retinal dehydrogenase 2 OS Mus musculus GN Aldh1a2 PE 2 SV 2 | 141,06 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q6P6I3 | Q6P6I3 MOUSE ATPase H transporting lysosomal V1 subunit B1 OS Mus musculus GN Atp6v1b1 PE 2 SV 1 | 140,59 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q91WH7 | Q91WH7 MOUSE ATPase H K exchanging gastric alpha polypeptide OS Mus musculus GN Atp4a PE 2 SV 1 | 130,32 | βIV5-3 em 3 horas |
| A8E1K5 | A8E1K5 MUHVK M86 protein OS Murid herpesvirus 1 strain K181 GN M86 PE 4 SV 1 | 128,64 | βIV5-3 em 3 horas |

| | | | |
|--------|--|--------|-------------------|
| H2A2B7 | H2A2B7 MUHV1 M86 protein OS Murid herpesvirus 1 GN M86 PE 4 SV 1 | 128,64 | βIV5-3 em 3 horas |
| E9Q3T7 | E9Q3T7 MOUSE Adenylosuccinate lyase OS Mus musculus GN Adsl PE 2 SV 1 | 127,81 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8R384 | Q8R384 MOUSE Myh11 protein OS Mus musculus GN Myh11 PE 2 SV 1 | 127,48 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BVI9 | Q8BVI9 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Slc25a4 PE 2 SV 1 | 123,7 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q2NKI3 | Q2NKI3 MOUSE Gna12 protein OS Mus musculus GN Gna12 PE 2 SV 1 | 122,99 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8C928 | Q8C928 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Epb4 1I2 PE 2 SV 1 | 118,4 | βIV5-3 em 3 horas |
| B9EJV3 | GRB1L MOUSE GREB1 like protein OS Mus musculus GN Greb1I PE 2 SV 1 | 114,9 | βIV5-3 em 3 horas |
| B9EKK8 | B9EKK8 MOUSE Uncharacterized protein OS Mus musculus GN 1700017B05Rik PE 2 SV 1 | 114,9 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q5F226 | FAT2 MOUSE Protocadherin Fat 2 OS Mus musculus GN Fat2 PE 2 SV 1 | 114,9 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q61526 | ERBB3 MOUSE Receptor tyrosine protein kinase erbB 3 OS Mus musculus GN Erbb3 PE 1 SV 2 | 114,9 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8BNT0 | Q8BNT0 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus PE 2 SV 1 | 114,9 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8CGR7 | UPP2 MOUSE Uridine phosphorylase 2 OS Mus musculus GN Upp2 PE 2 SV 1 | 114,79 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3UUS6 | Q3UUS6 MOUSE Putative uncharacterized protein OS Mus musculus GN Top2a PE 2 SV 1 | 114,74 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q6PB65 | Q6PB65 MOUSE Myh10 protein Fragment OS Mus musculus GN Myh10 PE 2 SV 1 | 114,02 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8VC28 | AK1CD MOUSE Aldo keto reductase family 1 member C13 OS Mus musculus GN Ak1c13 PE 1 SV 2 | 109,45 | βIV5-3 em 3 horas |
| B9EKH4 | B9EKH4 MOUSE Lrrc43 protein OS Mus musculus GN Lrrc43 PE 2 SV 1 | 106,82 | βIV5-3 em 3 horas |
| E9PU99 | E9PU99 MOUSE Obscurin OS Mus musculus GN Obscn PE 2 SV 2 | 106,82 | βIV5-3 em 3 horas |
| E9Q153 | E9Q153 MOUSE Plectin OS Mus musculus GN Plec PE 2 SV 1 | 106,82 | βIV5-3 em 3 horas |
| E9QKX4 | E9QKX4 MOUSE Plectin OS Mus musculus GN Plec PE 2 SV 1 | 106,82 | βIV5-3 em 3 horas |
| F6TJX7 | F6TJX7 MOUSE Obscurin Fragment OS Mus musculus GN Obscn PE 4 SV 1 | 106,82 | βIV5-3 em 3 horas |
| F6XPZ0 | F6XPZ0 MOUSE Lipoxygenase homology domain containing protein 1 Fragment OS Mus musculus GN Loxhd1 | 106,82 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3TA53 | Q3TA53 MOUSE Putative uncharacterized protein Fragment OS Mus musculus GN Limk1 PE 2 SV 1 | 106,82 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q3U0J8 | TBD2B MOUSE TBC1 domain family member 2B OS Mus musculus GN Tbc1d2b PE 1 SV 2 | 106,82 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8CIQ7 | DOCK3 MOUSE Deducator of cytokinesis protein 3 OS Mus musculus GN Dock3 PE 1 SV 1 | 106,82 | βIV5-3 em 3 horas |
| D3YVS3 | D3YVS3 MOUSE Uncharacterized protein OS Mus musculus GN Gm5356 PE 4 SV 1 | 102,35 | βIV5-3 em 3 horas |
| P46660 | AINX MOUSE Alpha internexin OS Mus musculus GN Ina PE 1 SV 2 | 100,32 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q80TQ3 | Q80TQ3 MOUSE MKIAA0845 protein Fragment OS Mus musculus GN Nefh PE 2 SV 1 | 100,32 | βIV5-3 em 3 horas |
| P35969 | VGFR1 MOUSE Vascular endothelial growth factor receptor 1 OS Mus musculus GN Flt1 PE 1 SV 1 | 95,52 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8VCD0 | Q8VCD0 MOUSE Kinase insert domain protein receptor OS Mus musculus GN Kdr PE 2 SV 1 | 95,52 | βIV5-3 em 3 horas |
| A2AJH3 | A2AJH3 MOUSE Glycylpeptide N tetradecanoyltransferase OS Mus musculus GN Nmt2 PE 2 SV 1 | 94,83 | βIV5-3 em 3 horas |
| S4R2L9 | S4R2L9 MOUSE Protein PRRC2C Fragment OS Mus musculus GN Prrc2c PE 4 SV 1 | 93,58 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8CHH9 | SEPT8 MOUSE Septin 8 OS Mus musculus GN Sept8 PE 1 SV 4 | 90,26 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q8VBX2 | Q8VBX2 MOUSE BetaIV spectrin sigma6 A OS Mus musculus GN Sptbn4 PE 2 SV 1 | 84,91 | βIV5-3 em 3 horas |
| H3BKY7 | H3BKY7 MOUSE Receptor type tyrosine protein kinase FLT3 OS Mus musculus GN Flt3 PE 2 SV 1 | 84,06 | βIV5-3 em 3 horas |
| P35918 | VGFR2 MOUSE Vascular endothelial growth factor receptor 2 OS Mus musculus GN Kdr PE 1 SV 1 | 84,06 | βIV5-3 em 3 horas |
| O08821 | O08821 MOUSE Cytoplasmic dynein heavy chain Fragment OS Mus musculus GN Dync1h1 PE 2 SV 1 | 83,27 | βIV5-3 em 3 horas |
| Q9WV27 | AT1A4 MOUSE Sodium potassium transporting ATPase subunit alpha 4 OS Mus musculus GN Atp1a4 PE 1 SV 3 | 79,44 | βIV5-3 em 3 horas |
| G3X9H8 | G3X9H8 MOUSE E3 ubiquitin protein ligase OS Mus musculus GN Nedd4I PE 4 SV 1 | 73,98 | βIV5-3 em 3 horas |
| P14240 | L LYCVA RNA directed RNA polymerase L OS Lymphocytic choriomeningitis virus strain Armstrong GN L | 72,11 | βIV5-3 em 3 horas |
| S4R1L5 | S4R1L5 MOUSE Baculoviral IAP repeat containing protein 6 OS Mus musculus GN Birc6 PE 4 SV 1 | 71,51 | βIV5-3 em 3 horas |
| S4R2K9 | S4R2K9 MOUSE Ankyrin 3 Fragment OS Mus musculus GN Ank3 PE 4 SV 1 | 71,51 | βIV5-3 em 3 horas |

SÚMULA CURRICULAR

DADOS PESSOAIS

Nome: José Matheus Camargo Bonatto
Local e data de nascimento: 10/12/1984

EDUCAÇÃO

Colégio Anglo Cidade de Itu, Itu, 2002.

Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2007.

Bacharel e Licenciado em Ciências Biológicas

Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2010.

Mestre em Ciências, área de concentração: Genética e Melhoramento

OCUPAÇÃO

Bolsista de Doutorado, Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo, 2010/08798-3, de agosto de 2010 à janeiro de 2014.

PUBLICAÇÕES

Artigo completo

GARAVELLO, NM, PENA, DA, **BONATTO, JMC**, DUARTE, ML, COSTA-JUNIOR, HM, SCHUMACHER, RI, FORTI, FL, SCHECHTMAN, D. Activation of protein kinase C delta by $\psi\delta$ RACK peptide promotes embryonic stem cell proliferation through ERK 1/2. Journal of Proteomics, 2013.

Resumo em congresso

BONATTO, JMC, SCHECHTMAN, D. Characterization of β IPKC targets in the Nucleus of Murine Embryonic Stem Cells. In: XLI Annual Meeting of SBBq, Foz do Iguaçu / PR, 2012.