

Ministério da Saúde

FIOCRUZ

Fundação Oswaldo Cruz

**INSTITUTO OSWALDO CRUZ**  
**Pós-Graduação em Biologia Celular e Molecular**

**Lysangela Ronalte Alves**

**Caracterização funcional de complexos mRNA-proteínas  
(mRNPs) em *Trypanosoma cruzi***

Tese apresentada ao Instituto Oswaldo Cruz como parte dos requisitos para obtenção do título de Doutor em Biologia Celular e Molecular.

**Orientador:** Prof. Dr. Samuel Goldenberg

**Curitiba**

2010

A474

Alves, Lysangela Ronalte.

Caracterização funcional de complexos mRNA-proteínas (mRNPs) em *Trypanosoma cruzi* / Lysangela Ronalte Alves. – Curitiba, 2010.

xvii, 186 f. : il. ; 30 cm.

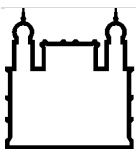
Tese (doutorado) – Instituto Oswaldo Cruz, Pós-graduação em Biologia Celular e Molecular, 2010.

Bibliografia: f. 135-163.

1. *Trypanosoma cruzi*. 2. mRNPs. 3. Regulação da expressão gênica.

I. Título.

CDD 616.9363



Ministério da Saúde

**FIOCRUZ**  
**Fundação Oswaldo Cruz**

**INSTITUTO OSWALDO CRUZ**  
**Pós-Graduação em Biologia Celular e Molecular**

Esta tese intitulada

**Caracterização funcional de complexos mRNA-proteínas (mRNPs)**  
**em *Trypanosoma cruzi***

Defendida por

**Lysangela Ronalte Alves**

Sob orientação de

**Dr. Samuel Goldenberg**

**Aprovada em 23 de março de 2010**

**Pela banca examinadora:**

**Prof<sup>a</sup>. Dr<sup>a</sup>. Yara Traub-Cseko**

**Prof. Dr. José Franco da Silveira**

**Prof. Dr. Stênio Perdigão Fragoso**

**Curitiba**

---

## AGRADECIMENTOS

### **A todos que tornaram esse trabalho possível:**

Inicialmente agradeço ao meu orientador, Dr. Samuel Goldenberg, por ter me aceito como aluna e por toda a confiança depositada em mim, o conhecimento transmitido, o incentivo em todos os momentos, carinho e apoio fundamentais para o desenvolvimento dessa tese.

Ao meu co-orientador de coração, Dr. Alejandro Correa, pelas discussões científicas, sugestões, críticas e pelos momentos de descontração.

A Fabíola, por ter me recebido com tanto carinho, pelo conhecimento compartilhado, pelas sugestões e principalmente pela amizade.

A Dr. Andréa Rodrigues Ávila, pelo carinho, pelo auxílio e discussões, bem como da revisão desta tese, além da amizade que levarei para toda a vida.

Ao Dr. Bruno Dallagiovanna, pelas sugestões, críticas e apoio.

Aos Doutores Marco Aurélio Krieger, Stênio P. Fragoso, Maurílio Soares, Claudia N. Duarte dos Santos, Augusto Sávio Ramos, Christian M. Probst, Daniela P. Pavoni por todas as sugestões, críticas e colaboração que auxiliaram o desenvolvimento deste trabalho.

Aos amigos que fiz, em especial o pessoal do LabReg: Fernanda, Mariana Serpeloni, Sharon, Lêda, Eloise, Haruo, Elizabeth, Flávia, Stéphanie, Hálisson, Priscila e Mariana Ferrarini.

Aos demais amigos Paulo, Alda, Nilson, Vanessa, Edilaine, Alessandra, Josiane, Carla, Andressa, Dani Fiori, Odinéia, Flavinha, Rosana, Lauro, Didi, Ligia, Leo, Camila, Alexandre, Cristina, Marcia, Michel, Thaiana, Fernanda, Felipe, Fernando, Alessandro, Fabricio, Eduardo, Newton, Luana, Vanessa Estela, Tania, Maikon, Meg, Henrique, Rafael, Maykol, Andréia Dallabona, Juliana, Juliane, Frederico, Raquel, Mário, Viviane, Celina, Paola, Cheysa, Rita, Daisy, Ana, Juliano, Marina, Suzana, Guilherme, Giovanni, Mariana, Criscieli, Jaiésa, Patricia Shigunov, Patrícia Morking, Marco, Maria Cristina, Luis, Marcele e Camila.

À Pós-graduação em Biologia Celular e Molecular do IOC. Aos membros da banca Dra Yara Traub-Cseko, Dr. José Franco da Silveira e Dr. Stênio P. Fragoso pela correção criteriosa dessa tese.

À CAPES, Fiocruz e IBMP pelo auxílio financeiro.

**Meu sincero Obrigado.**



---

*Aos meus pais, meu irmão, Helisson e Bianca  
pelo amor e apoio.*

---

*A mente que se abre a uma nova idéia jamais voltará ao seu tamanho original.*

Albert Einstein

---

## LISTA DE ABREVIATURAS

?: porcentagem

ARE: elementos ricos em AU (*AU rich elements*)

ATP: adenosina trifosfato

BCIP: 5-bromo-4-cloro-3-indolil fosfato

BLAST: ferramenta de comparação de sequências do banco de dados Genbank (Basic Local Alignment Tool)

BSA: albumina bovina sérica

CaCl<sub>2</sub>: cloreto de cálcio

cDNA: DNA complementar

cRNA: RNA complementar ao RNA original obtido a partir de transcrição *in vitro*

Cy 3: cianina 3

Cy 5: cianina 5

DAPI: 4',6-diamidino-2-fenilindol, dihidrocloro

dATP: desoxiadenosina trifosfato

dCTP: desoxicitosina trifosfato

DEAE: dietilaminoetil cellulose

DEPC: dietil pirocarbonato

dGTP: desoxiguanosina trifosfato

DIC: contraste interferencial diferencial

Dm: *Didelphis marsupialis*

DMSO: dimetilsulfóxido

DNA: ácido desoxirribonucleico

DNase: desoxirribonuclease

dNTP: desoxirribonucleotídeos trifosfato

DO: Densidade óptica

dTTP: desoxiribotimina trifosfato

---

EDTA: ácido etileno-diamino-tetracético

FC: fold change

FDR: false discovery rate

FISH: hibridação fluorescente *in situ*

g: aceleração da gravidade

GO: gene ontology

HCl: ácido clorídrico

IFI: imunofluorescência indireta

IPTG: isopropyl 1 tio- $\beta$ -D-galactosídeo

kb: quilobase

KCl: cloreto de potássio

kDa: quiloDalton

kDNA: DNA do cinetoplasto

$\text{KH}_2\text{PO}_4$ : fosfato de potássio dihidrogênio

LB: meio de cultura Luria-Bertani

LIT: meio de infusão de fígado e triptose (liver infusion triptose)

M: molar

mA: miliamperagem

mg: miligrama

$\text{MgCl}_2$ : cloreto de magnésio

mL: mililitro

mM: milimolar

MOPS: ácido propanosulfônico (3-N-Morfolino)

mRNA: RNA mensageiro

mRNP: complexo ribonucleoproteico mensageiro

$\text{Na}_2\text{HPO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ : fosfato dibásico de sódio heptahidratado

NaCl: cloreto de sódio

NBT: *nitro blue tetrazolium chloride*

---

---

NCBI: *National Center of Biotechnology Information*

ng: nanograma

NH<sub>4</sub>Cl: cloreto de amônio

nm: nanômetro

°C: graus Célsius

ORF: região de leitura aberta

*P-bodies*: corpos de processamento (*processing bodies*)

PBS: tampão fosfato-salina

PCR: reação em cadeia da polimerase

PEG: polietilenoglicol

pH: potencial hidrogeniônico

PMSF: fluoreto de fenilmetilsulfonil

rATP: riboadenosina trifosfato

rCTP: ribocitidina trifosfato

rGTP: riboguanosina trifosfato

RNA: ácido ribonucléico

RNase: ribonuclease

rpm: rotações por minuto

rUTP: ribouracila trifosfato

rUTP-Alexa: ribouracila trifosfato marcada com o fluoróforo Alexa-flúor-488

SAM: *significance analysis of microarrays*

SDS: sódio dodecil sulfato

SDS-PAGE: eletroforese em gel de poliacrilamida/SDS

SFB: soro fetal bovino

SSC: tampão citrato-salino

TAU: meio urina artificial de triatomíneo

Tris: hidroximetil aminoetano

Tween-20: monolaurato de polioxietileno 20 sorbitana

---

UTR: região não traduzida

V: Volts

$\mu\text{g}$ : micrograma

$\mu\text{L}$ : microlitro

$\mu\text{m}$ : micrômetro

$\mu\text{M}$ : micromolar

---

## LISTA DE TABELAS

<b>Tabela 1.</b> Seqüência nucleotídica dos oligonucleotídeos iniciadores utilizados para amplificação dos genes de interesse.....	37
<b>Tabela 2.</b> Seqüência nucleotídica dos oligonucleotídeos iniciadores utilizados para amplificação dos genes de interesse para FISH.....	54
<b>Tabela 3.</b> Resumo das proteínas identificadas em cada fração.....	67
<b>Tabela 4.</b> Resumo de todas as proteínas identificadas em condições de baixo e alto sal.....	68
<b>Tabela 5.</b> Sub-classificação das proteínas identificadas como processo metabólico na anotação do GO ( <i>gene ontology</i> ).....	69
<b>Tabela 6.</b> Genes selecionados para caracterização.....	75
<b>Tabela 7.</b> Eficiência de amplificação do mRNA extraído.....	105
<b>Tabela 8.</b> Protocolo de marcação das amostras com os fluoróforos Cy3 e Cy5.....	106
<b>Tabela 9.</b> Lista com os genes diferencialmente expressos identificados através da análise de microarranjo ( $FC \geq 2$ ).....	108

---

## LISTA DE FIGURAS

<b>Figura 1:</b> Ciclo de vida do <i>T. cruzi</i> .....	6
<b>Figura 2.</b> Comparação na composição das proteínas presentes em grânulos de estresse e <i>P-bodies</i> .....	26
<b>Figura 3:</b> Ciclo do RNA.....	27
<b>Figura 4:</b> Mapa dos vetores da plataforma Gateway®.....	38
<b>Figura 5:</b> Esquema de recombinações entre os vetores da plataforma Gateway®.....	40
<b>Figura 6.</b> Desenho esquemático do plasmídeo pTcPR-GFPN.....	43
<b>Figura 7.</b> Esquema do Vetor pGEM-T <i>easy</i> .....	55
<b>Figura 8.</b> Comparação das proteínas presentes exclusivamente em cada fração estudada.....	66
<b>Figura 9.</b> Clonagem dos genes de interesse.....	77
<b>Figura 10.</b> Expressão das proteínas recombinantes.....	78
<b>Figura 11.</b> Ensaios de <i>Western blotting</i> para análise da especificidade dos anticorpos.....	81
<b>Figura 12.</b> Padrão de expressão das proteínas selecionadas ao longo do ciclo de vida do <i>T. cruzi</i> .....	83
<b>Figura 13.</b> Ensaios de imunolocalização da proteína ZF-211.70.....	87
<b>Figura 14.</b> Média do número de grânulos que contém a proteína ZF-211.70.....	90
<b>Figura 15.</b> Ensaios de imunolocalização das proteínas EF1- $\alpha$ e PFS.....	92
<b>Figura 16.</b> Ensaios de imunolocalização da proteína PF2 $\alpha$ S.....	97
<b>Figura 17.</b> Análise do padrão de distribuição de PF2 $\alpha$ S em <i>T. cruzi</i> .....	99
<b>Figura 18.</b> Perfil de sedimentação das proteínas EF1- $\alpha$ , PF2 $\alpha$ S, PFS e ZF-211.70 em gradientes de sacarose.....	102
<b>Figura 19.</b> Classificação dos mRNAs identificados nas frações polissomal e pós-polissomal de epimastigotas e parasitas estressados.....	108
<b>Figura 20</b> Localização dos mRNAs que codificam para $\alpha$ -tubulina e PFR2 pela técnica de FISH.....	111



---

## RESUMO

Em tripanossomatídeos a regulação da expressão gênica ocorre principalmente em nível pós-transcricional. Acredita-se que a estabilidade do mRNA e o acesso aos polissomos sejam fortemente regulados, permitindo ao *Trypanosoma cruzi* uma rápida adaptação às diferentes condições ambientais às quais está exposto durante seu ciclo de vida. A regulação pós-transcricional requer uma associação entre mRNAs e determinadas proteínas formando complexos ribonucleoprotéicos (mRNPs). Nosso objetivo foi investigar a dinâmica de associação entre os mRNAs e proteínas, isolando e caracterizando proteínas e complexos protéicos ligados a mRNAs poliA<sup>+</sup> das frações polissomal e pós-polissomal de epimastigotas em fase exponencial de crescimento e epimastigotas sujeitos a estresse nutricional. As amostras obtidas foram analisadas por espectrometria de massas (LC-MS/MS) e posteriormente comparadas. Nós identificamos 542 proteínas e dentre essas 24 estavam presentes em todas as frações analisadas, enquanto que outras eram exclusivas de uma fração específica: epimastigota frações polissomal (0,37%) e pós-polissomal (2,95%); estresse frações polissomal (13,8%) e pós-polissomal (40,78%). Proteínas sabidamente envolvidas com metabolismo de mRNA foram identificadas, sendo que esse resultado é importante para confirmar a confiabilidade da nossa técnica de isolamento das mRNPs. Essa abordagem em larga escala possibilitou uma análise mais completa da composição dos mRNPs e a dinâmica durante o estresse nutricional em *T. cruzi*. A partir dos dados obtidos nós selecionamos 6 proteínas para caracterização: fator de alongação 1-alfa (EF1- $\alpha$ ), proteína de ligação a RNA com domínio dedo de zinco (ZF-211.70), proteína de ligação a RNA com domínio *cold shock* (CD-33.60), prostaglandina F 2 alfa sintase (PF2 $\alpha$ S), prostaglandina F sintase (PFS) e uma proteína hipotética com domínio de fator de replicação A (Hip-11.150). Os anticorpos contra as proteínas EF1- $\alpha$ , ZF-211.70, PF2 $\alpha$ S e PFS apresentaram reatividade específica com uma proteína única de tamanho esperado, já as proteínas CD-33.60 e Hip-11.150 apresentaram uma reatividade baixa ou inexistente em extratos de epimastigotas e por isso não foram utilizadas para os ensaios posteriores. Ensaios de imunofluorescência, sedimentação de polissomos em gradiente de sacarose e expressão ao longo do ciclo de vida nos permitiu uma caracterização inicial das proteínas selecionadas, etapas importantes para aprofundarmos o estudo na regulação de expressão gênica em *T. cruzi*.

---

## ABSTRACT

Gene regulation is mainly posttranscriptional in trypanosomatids. The stability of mRNA and access to polysomes are thought to be tightly regulated, allowing *Trypanosoma cruzi* to adapt to the different environmental conditions during its life cycle. Posttranscriptional regulation requires the association between mRNAs and some proteins to form mRNP complexes. We investigated the dynamic association between proteins and mRNAs, using poli(T) beads to isolate and characterize proteins and protein complexes bound to poli-A+ mRNAs. The protein content of these fractions was analyzed by mass spectrometry (LC-MS/MS). We identified 542 protein component of the mRNP complexes associated with mRNAs. Twenty-four of the proteins obtained were present in all fractions, whereas some other proteins were exclusive to a particular fraction: epimastigote polysomal (0.37%) and postpolysomal (2.95%) fractions; stress polysomal (13.8%) and postpolysomal (40.78%) fractions. Several proteins known to be involved in mRNA metabolism were identified, and this was considered important as it made it possible to confirm the reliability of our mRNP isolation approach. This procedure allowed us to have a first insight into the composition and dynamics of mRNPs in *T. cruzi*. From the results obtained we selected six proteins for characterization: elongation factor 1-alpha (EF1- $\alpha$ ), zinc finger RNA binding protein (ZF-211.70), RNA binding protein with a cold-shock domain (CD-33.60), prostaglandin F 2 alfa synthase (PF2 $\alpha$ S), prostaglandin F synthase (PFS) and a hypothetical protein with a replication factor domain (Hip-11.150). The antibodies produced against EF1- $\alpha$ , ZF-211.70, PF2 $\alpha$ S and PFS recognized a specific protein of expected size in epimastigote protein extracts; however, the CD-33.60 and Hip-11.150 antibodies did not recognized a specific protein and they were not used for further experiments. Immunofluorescence assays, polysome profile in sucrose density gradient and the expression pattern through the parasite life cycle with the selected proteins allowed us a preliminary characterization and further studies will help to elucidate the posttranscriptional regulation and the formation of RNA regulons in *T. cruzi*.

---

## SUMÁRIO

Lista de abreviaturas .....	vii
Lista de Tabelas .....	xi
Lista de Figuras.....	xii
Resumo .....	xiii
Abstract .....	xiv
Sumário .....	xv
1. Introdução.....	1
1.1. <i>Trypanosoma cruzi</i> .....	2
1.1.1. História e taxonomia .....	2
1.1.2. Ciclo de vida e Metaciclo gênese .....	3
1.1.3. Metaciclo gênese <i>in vitro</i> .....	7
1.1.4. Regulação da expressão gênica em tripanossomatídeos.....	8
1.1.4.1. Genoma .....	8
1.1.4.2. Organização Gênica, transcrição e processamento do RNA mensageiro...	11
1.1.4.3. Regulação da expressão gênica .....	13
1.2. mRNPs e Grânulos de RNA .....	19
2. Objetivos.....	28
2.1. Objetivos específicos.....	28
3. Material e Métodos.....	29
3.1. Procedência dos reagentes e materiais .....	29
3.2. Cultivo de <i>T. cruzi</i> .....	31
3.2.1. Epimastigotas em fase logarítmica de crescimento .....	31
3.2.2. Epimastigotas sob estresse nutricional .....	32
3.2.3. Epimastigotas em diferenciação, aderidos ao substrato.....	32
3.2.4. Tripomastigotas metacíclicos .....	32
3.2.5. Amastigotas .....	33
3.2.6. Extratos protéicos de <i>T. cruzi</i> .....	34
3.3. Clonagem e expressão dos genes de interesse.....	35
3.3.1. Amplificação dos genes.....	35
3.3.2. Vetores.....	37

---

3.3.3. Obtenção dos clones de entrada.....	39
3.3.4. Obtenção dos clones de expressão.....	41
3.3.5. Obtenção de clones fusionados a proteína fluorescente verde (GFP) .....	42
3.3.6. Expressão e purificação das proteínas.....	43
3.4. Produção de anticorpos policlonais e análises por <i>Western blotting</i> .....	45
3.5. Ensaio de sedimentação em gradientes de sacarose.....	47
3.6. Transfecção de <i>T. cruzi</i> .....	48
3.6.1. Visualização da Proteína Fluorescente verde GFP.....	49
3.7. Ensaio de imunolocalização por fluorescência indireta .....	50
3.8. Isolamento de mRNPs .....	51
3.9. Ensaio de imunoprecipitação para a análise dos mRNAs presentes nos grânulos – Ribonômica.....	53
3.10. Microarranjo .....	54
3.10.1 Amplificação de RNA <i>in vitro</i> .....	54
3.10.2. Marcação das amostras de cRNA com fluoróforos e hibridação em microarranjo de DNA de <i>T. cruzi</i> .....	54
3.10.3. Leitura,.....	55
3.10.3.1 Normalização.....	56
3.10.3.2 Identificação das diferenças nas comparações de interesse .....	56
3.11. Hibridação Fluorescente <i>in Situ</i> – FISH.....	58
3.11.1. Clonagem dos genes da $\alpha$ -tubulina e PFR2 .....	58
3.11.1.1 Purificação dos produtos de PCR .....	59
3.11.1.2 Clonagem do produto de PCR no vetor pGEM-T <i>easy</i> .....	59
3.11.2. Produção de sondas de RNA marcadas através de transcrição <i>in vitro</i> .....	60
3.11.3 Hibridação fluorescente <i>in situ</i> .....	60
4. Resultados.....	63
4.1.1 Isolamento dos mRNPs .....	63
4.1.2 Comparação entre os mRNPs de epimastigotas em fase logarítmica de crescimento e de epimastigotas sob estresse nutricional .....	64
4.1.3 Proteínas de metabolismo de RNA .....	70
4.4 Seleção de genes de interesse para clonagem em <i>E. coli</i> .....	71
4.1.5 Clonagem e expressão das proteínas recombinantes em <i>E. coli</i> dos genes selecionados.....	74

---

---

4.1.6 Análise da especificidade dos anticorpos policlonais.....	79
4.1.8 Imunolocalização de proteínas e avaliação da resposta a drogas inibidoras de tradução.....	84
4.1.9 Análise dos complexos através de gradientes de sedimentação de sacarose. ....	99
4.2.1. Identificação dos mRNAs presentes nas frações polissomal e pós-polissomal.	103
4.2.2 Aperfeiçoamento da técnica de hibridação fluorescente <i>in situ</i> (FISH) .....	112
5 Discussão .....	115
6 Conclusão.....	132
7. Perspectivas .....	134
8. Referências Bibliográficas.....	135
Anexo 1. Publicações.....	165
Anexo 2. Comparação das sequências de aminoácidos das proteínas selecionadas ....	167
Anexo 3. Cepa transfectante CD-33.60 fusionada a proteína verde fluorescente GFP	185
Anexo 4. Rendimento dos mRNAs obtidos por imunoprecipitação .....	186
Anexo 5. Lista de todas as proteínas identificadas em todas as frações nas condições de alto e baixo sal (versão em CD) .....	187

# 1. INTRODUÇÃO

---

## 1.1 *Trypanosoma cruzi*

### 1.1.1 *História e Taxonomia*

### 1.1.2 *Ciclo de vida e metaciclogênese*

### 1.1.3 *Expressão gênica em tripanosomatídeos*

#### 1.1.3.1 *Genoma*

#### 1.1.3.2 *Organização gênica, transcrição e processamento do RNA mensageiro*

#### 1.1.3.3 *Regulação da expressão gênica*

#### 1.1.3.4 *Controle pós-transcricional*

## 1.2 *mRNPs e Grânulos de mRNA*

---

---

## ***1.1. TRYPANOSOMA CRUZI***

### **1.1.1. HISTÓRIA E TAXONOMIA**

Para entendermos a sucessão de acontecimentos que culminaram com a descoberta da doença de Chagas temos que voltar ao ano de 1907. Naquele ano o cientista brasileiro Carlos Chagas foi solicitado por Oswaldo Cruz para controlar um surto de malária entre operários da Estrada de Ferro Central do Brasil no norte de Minas Gerais. Alertado para a presença do inseto hematófago conhecido entre os moradores da região por "barbeiro", Chagas começou a investigar a possibilidade de ser esse inseto o transmissor de algum parasito ao homem ou a outro vertebrado. Ao examinar os "barbeiros", ele encontrou parasitas flagelados no intestino posterior de alguns exemplares. Chagas aventou a possibilidade de que essas formas parasitárias representassem estágios evolutivos do *Trypanosoma minasense* descrito pelo próprio Chagas em 1907 e que infectavam todos os macacos sagüis da região. Mas ao regressar ao Rio reconheceu como uma espécie nova diferente do *T. minasense* ou "de qualquer outra espécie do mesmo gênero" e escolheu para este parasita o nome de *Trypanosoma cruzi* "em homenagem ao Mestre" (Brener, 1989; Chagas, 1909). Em 1909 Carlos Chagas descreveu em seu trabalho clássico a "Nova tripanozomíase humana", o transmissor, a infecção do homem e a doença (Chagas, 1909).

O interesse no estudo do *T. cruzi* é justificado por ser este o agente causador de uma doença grave que apresenta duas fases. A fase aguda pode gerar quadros de febre, mal-estar e edemas. Indivíduos que evoluem para a fase crônica, podem apresentar manifestações cardíacas ou digestivas (Minter *et al*, 1973; Rassi *et al*, 2000). Até o momento não existe vacina ou tratamento quimioterápico eficiente para a doença de

---

Chagas (WHO, 2005). Além disso, este organismo apresenta características peculiares comparadas a outros eucariotos que os torna um excelente modelo de estudo.

Na classificação taxonômica, o *T. cruzi* faz parte do reino Protozoa, filum Euglenozoa e ordem Kinetoplastida. A ordem Kinetoplastida apresenta como características a presença de uma estrutura proeminente, conhecida como cinetoplasto, que corresponde a uma condensação de DNA localizado no interior de uma mitocôndria única e ramificada por todo o corpo do protozoário (revisto por De Souza, 2002) e a presença de glicossomas, organelas tipo peroxissomos onde estão compartmentalizadas várias vias metabólicas, tais como a maior parte das enzimas da via glicolítica (revisto por Michels *et al.*, 2006). A família Trypanosomatidae contém diversos gêneros, dentre os quais se destaca o gênero *Trypanosoma* que inclui uma série de espécies causadoras de doenças humanas importantes. Além do *T. cruzi*, os protozoários *T. brucei rhodesiense* e *T. brucei gambiense* causam no homem a doença do sono na África Oriental e Ocidental, respectivamente (Dumas, 2000).

### **1.1.2. CICLO DE VIDA E METACICLOGÊNESE**

O *T. cruzi* apresenta um ciclo complexo na natureza. As distintas formas morfológicas foram definidas com base na forma geral da célula (alongada, esférica ou piriforme), na posição do cinetoplasto em relação ao núcleo e o flagelo (anterior, lateral ou posterior) e na maneira como o flagelo emerge da bolsa flagelar (lateral ou central). São observadas formas replicativas epimastigotas que alternam-se com as formas infectivas não-proliferativas tripomastigotas metacíclicas no hospedeiro invertebrado. Enquanto que formas replicativas amastigotas alternam-se com as formas infectivas e não-proliferativas tripomastigotas sanguíneos, sendo estas encontradas no hospedeiro mamífero (De Souza, 1984). Os vetores do *T. cruzi* são insetos hematófagos da ordem Hemiptera, família Reduviidae, subfamília Triatominae. As espécies de maior



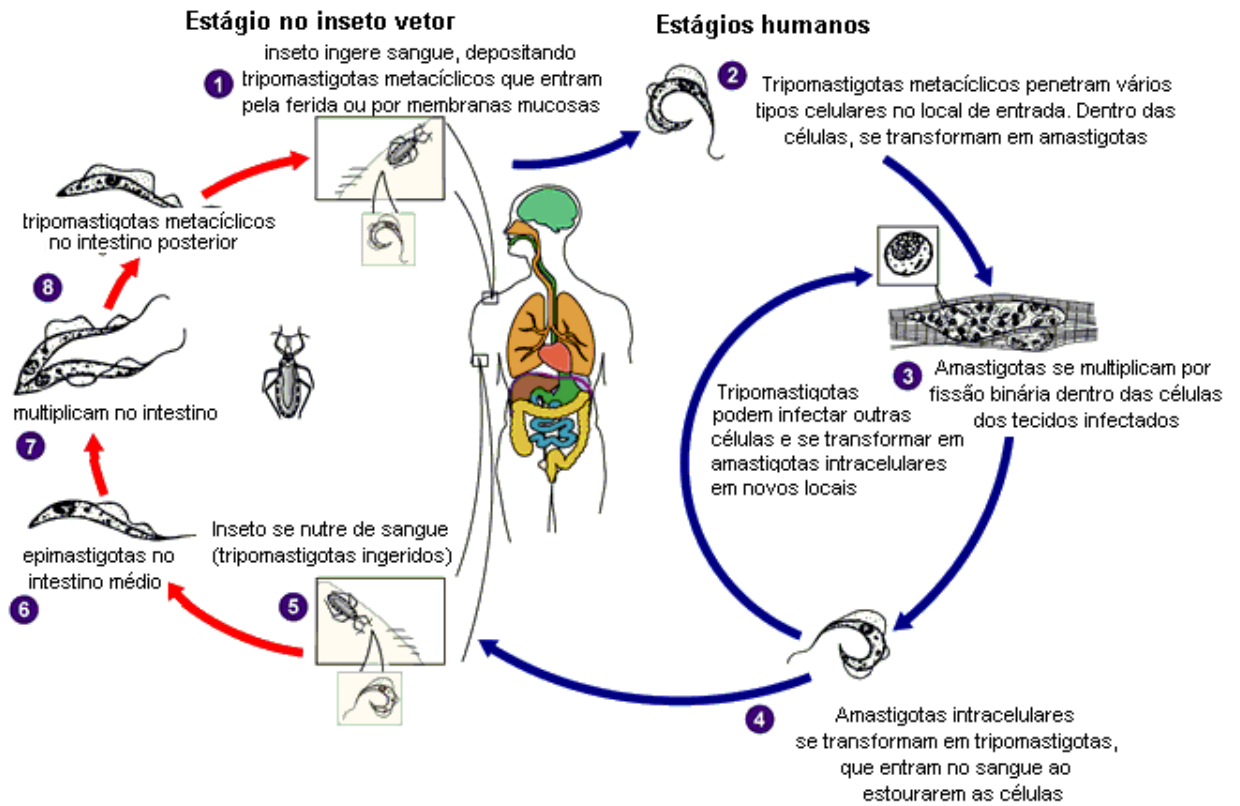
importância epidemiológica são *Triatoma infestans*, *T. dimidiata*, *T. brasiliensis*, *T. sordida*, *Rhodnius prolixus* e *Panstrongylus megistus* (Garcia & Azambuja, 2000; Sherlock, 2000). São reservatórios naturais do *T. cruzi* uma série de mamíferos de pequeno e médio portes, tais como marsupiais e roedores, além de alguns carnívoros (Dias, 2000).

Durante o repasto alimentar do inseto vetor, as formas tripomastigotas do sangue do vertebrado infectado são ingeridas e no estômago do inseto a maior parte dos tripomastigotas sanguíneos se transforma em epimastigotas. No intestino do vetor, os epimastigotas se dividem repetidamente por um processo de fissão binária e podem migrar e aderir à região posterior, cujo ambiente é pobre em nutrientes (Kollien & Schaub, 2000). Neste caso, o estresse nutricional é um dos sinais que desencadeia o processo de diferenciação celular de epimastigotas em tripomastigotas metacíclicos (processo denominado metaciclogênese) que são liberados nas fezes do vetor (Bonaldo *et al.*, 1988; De Souza, 1984; Kollien & Schaub, 2000). No hospedeiro vertebrado, as formas tripomastigotas metacíclicas alcançam a corrente sanguínea através de lesões, discontinuidades da pele ou da mucosa do hospedeiro. Os tripomastigotas podem infectar uma variedade de tipos celulares com algumas poucas exceções, como neutrófilos e basófilos. Dentro das células infectadas, os tripomastigotas metacíclicos permanecem por algumas horas no interior de um compartimento ácido denominado de vacúolo parasitóforo, onde tem início o processo de transformação para as formas replicativas amastigotas com posterior ruptura da membrana do vacúolo. Após sucessivas divisões no citoplasma da célula, as formas amastigotas se transformam em formas tripomastigotas que rompem a célula e são liberadas na corrente sanguínea. Estas podem infectar novas células ou serem ingeridas pelo inseto, onde se diferenciam em epimastigotas completando assim o ciclo, conforme mostrado na Figura 1 (Carvalho & De Souza, 1989; De Souza, 2002).

---

A diferenciação de epimastigotas em tripomastigotas que ocorre dentro do trato digestivo do triatomíneo é conhecida como metaciclogênese. Como destacado anteriormente, a metaciclogênese ocorre quase que exclusivamente no intestino posterior do inseto vetor, os epimastigotas se aderem à superfície do reto e posteriormente são liberados na forma tripomastigota metacíclica (Kollien & Schaub, 2000). Esse processo também foi estabelecido *in vitro* e pode ser utilizado como modelo para estudos dos aspectos biológicos da diferenciação de *T. cruzi* (Contreras *et al.*, 1985, Contreras *et al.*, 1988; Bonaldo *et al.*, 1988). Trabalhos anteriores demonstraram que a expressão gênica estágio-específica precede mudanças morfológicas durante a metaciclogênese (Goldenberg *et al.*, 1984, Contreras *et al.*, 1985; Goldenberg, 1990).

Muitos fatores têm sido identificados como possíveis estimuladores da metaciclogênese (Heath *et al.*, 1990; Fraidenaich *et al.*, 1993). Sabe-se que o estresse nutricional e adesão ao substrato são um dos mais importantes fatores que desencadeiam a esse processo (Contreras *et al.*, 1985; Figueiredo *et al.*, 2000; Kollien a Schaub, 2000). A diferenciação celular em resposta ao estresse é comum a outras células eucarióticas e os mecanismos moleculares que controlam essas vias de resposta ao estresse envolvem a modulação da expressão gênica durante a tradução. Esse controle afeta a taxa geral de síntese proteica e estabilidade do mRNA (Hershey, 1991; Merrick, 1992; Krichevsky *et al.*, 1999; Kuhn *et al.*, 2001; Sattlegger e Hinnebusch, 2005).



**Figura 1:** Ciclo de vida do *T. cruzi* (modificado de [www.dpd.cdc.gov/dpdx](http://www.dpd.cdc.gov/dpdx)).

### 1.1.3. METACICLOGÊNESE *IN VITRO*

A metaciclogênese se refere ao processo de diferenciação de *T. cruzi* das formas epimastigotas em tripomastigotas metacíclicas. Esse processo foi mimetizado *in vitro* (Goldenberg *et al.*, 1985) e tem sido utilizado em nosso instituto para estudos envolvendo a regulação da expressão gênica neste parasita (Ávila, 2003).

Esse processo foi estabelecido *in vitro* em condições quimicamente definidas permitindo isolar células em diferentes etapas de diferenciação (Contreras *et al.*, 1984; Bonaldo *et al.*, 1988). Essa metodologia permite a obtenção de tripomastigotas metacíclicas com as mesmas propriedades biológicas que o parasita que se diferencia no inseto vetor (Contreras *et al.*, 1988).

O processo de metaciclogênese *in vitro*, consiste na transferência de epimastigotas em crescimento em um meio nutricionalmente rico (LIT) para um meio sem qualquer fonte de carbono, TAU (triatomine artificial urine), o que gera um estresse nutricional (Contreras *et al.*, 1985; Goldenberg *et al.*, 1987; Bonaldo *et al.*, 1988; Contreras *et al.*, 1988). Esse meio mimetiza as condições iônicas encontradas na urina do inseto vetor. Após duas horas de incubação nesse meio, os parasitas são transferidos para o meio de diferenciação (TAU3AAG) que consiste do meio TAU suplementado com glucose e três aminoácidos (L-prolina, ácido L-glutâmico e L-aspartico) onde permanecem por 96 horas. Dessa maneira cerca de 80% dos epimastigotas diferenciam-se em tripomastigotas metacíclicas (Contreras *et al.*, 1985; Bonaldo *et al.*, 1988). Outra etapa importante durante a diferenciação além do estresse, é a adesão dos parasitas ao substrato (Bonaldo *et al.*, 1988), semelhante ao que ocorre na parede do intestino posterior do triatomíneo (Zeldon *et al.*, 1984; Schaub, 1994). Durante a adesão, um processo de reprogramação gênica parece ocorrer (Goldenberg *et al.*, 1984; Bonaldo *et al.*, 1988; Kleffmann *et al.*, 1998) bem como alterações na composição da superfície celular (Contreras *et al.*, 1985;

Esteves *et al.*, 1989; de Andrade *et al.*, 1991). Cerca de 24 horas após o início de diferenciação, as formas epimastigotas apresentam resistência à lise pela via alternativa do complemento, característica das formas tripomastigotas metacíclicas (Nogueira *et al.*, 1975). Os níveis gerais de transcrição são diminuídos durante a metaciclogênese (Ferreira *et al.*, 2008), por outro lado observa-se um aumento na expressão de determinados genes somente durante a diferenciação ou em tripomastigotas metacíclicos (Krieger *et al.*, 1999; Ávila *et al.*, 2001; Dallagiovanna *et al.*, 2001; Ávila, 2003, Teixeira & da Rocha, 2003).

#### **1.1.4. REGULAÇÃO DA EXPRESSÃO GÊNICA EM TRIPANOSSOMATÍDEOS**

##### **1.1.4.1. GENOMA**

O *Trypanosoma cruzi* apresenta dois genomas distintos, um nuclear e um mitocondrial contido dentro do cinetoplasto (kDNA). Nos tripanossomatídeos, a mitocôndria é única em cada célula e apresenta características peculiares. Em sua matriz há uma complexa rede de moléculas circulares de DNA, denominada DNA do cinetoplasto (kDNA), composta por milhares de minicírculos e dezenas de maxicírculos concatenados entre si, cujos tamanhos variam de acordo com a espécie de 0,5 a 2,5 kb e 20 a 40 kb respectivamente, contribuindo com até 30% do genoma (Franco da Silveira, 2000; Hong & Simpson, 2003; Liu *et al.*, 2005; Liu & Englund, 2007). Os maxicírculos assemelham-se em função ao DNA mitocondrial encontrado em outros organismos, ou seja, contêm genes que transcrevem RNA ribossômico e mRNAs que codificam para proteínas envolvidas no metabolismo energético da mitocôndria (Shapiro & Englund, 1995). Alguns mRNAs transcritos por genes contidos nos maxicírculos sofrem modificação pós-transcricional por edição de RNA, que consiste na inserção ou deleção de resíduos de uridina para a formação de uma fase aberta de leitura funcional. A

---

especificidade deste processo é controlada por pequenas seqüências de RNA (RNAs guias) transcritas a partir dos minicírculos (Moffett *et al.*, 1997; Ochsenreiter *et al.*, 2008).

A cromatina dos tripanossomas está organizada na forma de filamentos contendo nucleossomos com compactação limitada. Entretanto, os níveis de compactação variam durante o ciclo celular do parasita e estão associados aos padrões de transcrição. Assim, um maior nível de compactação é observado nas formas não replicativas tripomastigotas que apresentam níveis reduzidos de transcrição, quando comparado com as formas replicativas epimastigotas e amastigotas (Elias *et al.*, 2001). Essas variações podem ser atribuídas a diferentes padrões de histonas H1, proteínas que se dissociam mais facilmente dos nucleossomos e conferem à cromatina dos tripanossomatídeos uma estrutura mais aberta do que a de outros eucariotos (Belli, 2000). A ausência de condensação do DNA dificultou a identificação do cariótipo em *T. cruzi*, porém a utilização de eletroforese em campo pulsado e outras técnicas complementares, como por exemplo, hibridação com sondas teloméricas, permitiu uma estimativa do número de cromossomos deste parasita. Através destas análises, calculou-se que o genoma diplóide de *T. cruzi* tinha 87 Mb e era distribuído em 30 a 40 cromossomos, de 0,45 a 4 Mb cada (Cano *et al.*, 1995; revisto por Elias *et al.*, 2009). O conteúdo de DNA total e o número de bandas cromossômicas podem variar de maneira significativa entre as diferentes cepas e clones do *T. cruzi*, inclusive entre clones derivados da mesma cepa (Dvorak *et al.*, 1982; Aymerich & Goldenberg, 1989; revisto por Henriksson *et al.*, 1996). A maioria dos cromossomos ocorre aos pares, mas não é possível excluir a existência de cromossomos presentes em uma única cópia ou em cópias múltiplas. Também foi observada divergência entre cromossomos homólogos, o que pode ser devido a diferenças no número de seqüências repetitivas, particularmente nos domínios sub-teloméricos, e a grandes deleções ou inserções em regiões internas. A diferença de intensidade de fluorescência emitida pelas bandas cromossômicas após serem coradas com brometo de etídeo sugere co-migração de dois ou mais cromossomos (Cano *et al.*, 1995). Mesmo apresentando

---

plasticidade em diferentes cepas do *T. cruzi* nenhuma modificação foi observada durante a diferenciação de epimastigotas em tripomastigotas metacíclicos (Aymerich & Goldenberg 1989).

A sequência completa do genoma de *T. cruzi* foi publicada em 2005 como resultado da colaboração de vários pesquisadores que se uniram em um consórcio formado por três instituições – *The Institute for Genomic Research* (TIGR), *Seattle Biomedical Research Institute* (SBRI) e *Karolinska Institutet* (El-Sayed *et al.*, 2005). A cepa escolhida para tal trabalho foi a CL Brener, por ser bem caracterizada experimentalmente (Zingales *et al.*, 1997). Entretanto, sua natureza híbrida fez com que a obtenção da sequência do genoma fosse uma tarefa difícil. A cobertura genômica foi alta e teve que ser complementada com o seqüenciamento adicional da cepa Esmeraldo, para que fosse possível distinguir os dois haplótipos e auxiliar na montagem. Esse trabalho revelou que o genoma diplóide contém 22.570 genes que codificam proteínas, dos quais cerca de 12.570 representam pares alélicos (El-Sayed *et al.*, 2005). A montagem do genoma consistiu em 5489 *scaffolds* (contendo 8740 *contigs*) totalizando 67 Mb. Baseado nesses dados estima-se que o genoma diploide de *T. cruzi* teria um tamanho que varia de 106.4 and 110.7 Mb. Cerca de 50% do genoma de *T. cruzi* é composto por sequências repetitivas, representadas por retrotransposons, sequências teloméricas e famílias gênicas de proteínas de superfície. As maiores famílias gênicas são as proteínas de superfície associadas à mucina (MASP), trans-sialidades (TS), mucinas e a glicoprotease de superfície gp63, as quais são geralmente específicas deste parasita e perfazem cerca de 18% dos genes codificadores de proteínas (El-Sayed *et al.*, 2005). O seqüenciamento dos genomas de outros dois tripanossomatídeos, *T. brucei* (Berriman *et al.*, 2005) e *L. major* (Ivens *et al.*, 2005), permitiu fazer comparações entre os três patógenos, revelando uma sintenia bastante alta, apesar de terem divergido há mais de 200 milhões de anos (Overath *et al.*, 2001; Stevens *et al.*, 2001).

---

#### 1.1.4.2 ORGANIZAÇÃO GÊNICA, TRANSCRIÇÃO E PROCESSAMENTO DO RNA MENSAGEIRO

Em células eucarióticas os genes que codificam as proteínas estão organizados na forma de exons (seqüências codificantes) e íntrons (seqüências não codificantes) que alternam-se ao longo dos mesmos, e a transcrição é, na maioria dos casos, guiada por uma seqüência promotora situada a montante da região codificadora, reconhecida pela RNA polimerase do tipo II. Ao transcrito primário, em sua extremidade 5', é adicionado um resíduo metilguanossina - trifosfato (m7Gppp, ou *cap*) e, em sua extremidade 3', uma cauda poli-A. Os transcritos primários são processados pelo mecanismo de *cis-splicing* que simultaneamente remove seqüências de íntrons e liga as seqüências de exons adjacentes (Proudfoot *et al.*, 2002; Kornberg, 2007) .

Em contraste, nos tripansossomatídeos não ocorrem íntrons na maioria dos genes e os mesmos estão organizados em *tandem*, separados por regiões intergênicas curtas, sendo transcritos em uma única molécula de RNA policistrônica. Esse RNA policistrônico contém diversos genes que não são necessariamente relacionados a uma determinada via metabólica, diferente do que ocorre nos operons de procariotos. Além disso, os genes de uma mesma unidade policistrônica podem apresentar diferenças significativas em seu nível de expressão, representadas pelas quantidades variáveis de mRNAs maduros e de proteínas observadas na célula. Os transcritos policistrônicos são processados no núcleo em unidades monocistrônicas estáveis e traduzíveis. O processamento do transcrito primário consiste de dois mecanismos distintos, porém acoplados: o *trans-splicing* e a poliadenilação (Clayton, 2002; Lebowitz *et al.*, 1993; Vanhamme & Pays, 1995).

O mecanismo de *trans-splicing* consiste na adição de uma seqüência espécie-específica extremamente conservada, de 39 nucleotídeos, denominada seqüência líder (SL) ou mini-exon, à extremidade 5' do mRNA nascente (Sutton & Boothroyd, 1986).



Nesta reação ocorre o processamento de RNA na qual duas moléculas distintas são associadas para formar um mRNA maduro, daí a denominação *trans-splicing*. O RNA da sequência líder em *T. cruzi* possui 110 nucleotídeos (Zwierzynski & Buck, 1991) é clivado e uma porção de 39 nucleotídeos resultante dessa clivagem é adicionada ao transcrito primário em um sítio caracterizado pelo dinucleotídeo AG e um resíduo de adenosina (Davis, 1996). O complexo enzimático envolvido nesta reação é semelhante ao descrito para o de *cis-splicing* e fatores de *splicing* com funções semelhantes à de outros eucariotos já foram descritos em tripanossomatídeos (Laird, 1989; Liang *et al.*, 2003). A estrutura do *cap* dos tripanossomatídeos é única na natureza, apresentando quatro nucleotídeos altamente modificados em adição à 7-metilguanossina, sendo assim denominado de *cap-4* (m<sup>7</sup>Gpppm<sub>2</sub>6 AmpAmpCmpm<sub>3</sub>Ump) (Bangs *et al.*, 1992).

As reações de *trans-splicing* e poliadenilação ocorrem através de clivagens dentro das regiões intergênicas que apresentam motivos ricos em resíduos de pirimidinas, envolvidos no processamento correto dos mRNAs (Nozaki & Cross, 1995). A distância entre a região rica em pirimidinas e o sítio consenso (AG) para *trans-splicing* e resíduos repetitivos de adenosina, têm influência sobre a adição da cauda poli A. A reação parece ocorrer em uma região a montante situada a uma distância conservada (aproximadamente 100 a 400 nucleotídeos) do sítio de corte (*splice*) Entretanto, até o momento não há evidências para uma sequência sinal consenso conhecida para a poliadenilação em tripanossomatídeos (Clayton, 2002; Lebowitz *et al.*, 1993; Liang *et al.*, 2003; Vanhamme & Pays, 1995).

Os três tipos de RNA polimerases (RNA pol I, RNA pol II e RNA pol III), descritos em eucariotos superiores, já foram identificados em tripanossomatídeos (Das *et al.*, 2008; Palenchar & Bellofatto, 2006). Os genes que codificam as subunidades principais já foram caracterizados (Evers *et al.*, 1989; Jess *et al.*, 1989; Kock *et al.*, 1988; Smith *et al.*, 1989). Entretanto, as RNAs polimerases isoladas de formas epimastigotas de *T. cruzi* apresentam comportamento diferente das RNAs polimerases de mamíferos em relação à

---

sensibilidade à  $\alpha$ -amanitina, dependência de  $Mg^{2+}$ , utilização de DNA simples fita e no reconhecimento de promotores específicos (Hodo & Hatcher, 1986).

Resumidamente, a RNA polimerase I transcreve os genes que codificam os RNAs ribossomais; a RNA polimerase II, os genes que são traduzidos em proteínas; e a RNA polimerase III, pequenos RNAs, tais como tRNAs. Os promotores para as RNA polimerases I e III estão definidos (Laufer & Günzl, 2001; Laufer *et al.*, 1999). Entretanto, apenas alguns promotores de genes que codificam proteínas foram funcionalmente identificados e caracterizados, como o promotor reconhecido pela RNA polimerase II associado à transcrição do mini-éxon (SL-RNA) (Gillinger & Bellofatto, 2001). Outro exemplo são os promotores dos genes dos antígenos VSG e prociclina do *T. brucei* (Günzl *et al.*, 2003; Pays, 2005). A transcrição destes genes é resistente à  $\alpha$ -amanitina, característica de RNA polimerase do tipo I. Entretanto, em relação ao requerimento para cátions divalentes, comportam-se como RNA polimerase II (Lee & Van der Ploeg, 1997). Além disso, alguns resultados mostraram que a RNA polimerase I e promotores ribossomais podem ser usados para transcrever genes que codificam proteínas em tripanossomatídeos (Rudenko *et al.*, 1991; Tyler-Cross *et al.*, 1995; Zomerdijk *et al.*, 1991).

### 1.1.4.3 REGULAÇÃO DA EXPRESSÃO GÊNICA

Como já mencionado anteriormente, o *T. cruzi* passa por diferentes estágios evolutivos em diferentes hospedeiros. Essa complexidade morfológica e funcional implica em expressão de genes distintos pelos diferentes estágios de diferenciação durante o ciclo de vida do parasita (Goldenberg *et al.*, 1985). Assim, a regulação da expressão gênica tem papel decisivo na adaptação deste parasita durante o ciclo de vida.

As características biológicas dos tripanossomatídeos, como a estrutura mais aberta da cromatina, o caráter repetitivo e a distribuição dos genes ao longo do genoma, a edição

---

das moléculas de RNA mitocondrial, o *trans-splicing*, a transcrição policistrônica, as propriedades das RNA polimerases, a ausência de seqüências promotoras típicas e o fato de que genes presentes na mesma unidade policistrônica apresentam níveis de mRNA processado distintos, apontam para a regulação da expressão gênica atuando principalmente, se não exclusivamente, por mecanismos pós-transcricionais. Essas etapas envolvem a estabilidade e localização tanto dos mRNA quanto das proteínas e o acesso dos mRNAs para a maquinaria de tradução. De maneira geral, em eucariotos, a regulação da expressão gênica é, em grande parte, atribuída ao controle do início da transcrição pela RNA polimerase II. No entanto, alguns trabalhos têm sugerido a presença de um controle pós-transcricional elaborado onde cada etapa do metabolismo de um mRNA em células eucarióticas superiores, está sujeita a uma regulação mRNA-específica (Moore, 2005; Keene, 2007).

Em tripanossomatídeos existem poucos exemplos de genes que sejam regulados em nível de processamento de pré-mRNA. Uma relação entre as maquinarias de *splicing* e tradução foi proposta para explicar o nível de expressão reduzido da proteína fosfoglicerato quinase A (*PGKA*) nas duas formas evolutivas do *T. brucei*. Os genes de *PGKA*, *PGKB*, *PGKC* e outros genes não relacionados, são transcritos na mesma unidade policistrônica e apresentam diferenças nos níveis finais de expressão, com redução de *PGKA*. Essa diferença no nível de expressão pode ser relacionada à baixa eficiência de adição do mini-exon ao sítio acceptor de *splicing* (SAS) - devido provavelmente ao padrão diferenciado da seqüência de pirimidina na região intergênica do gene da *PGKA* - à síntese deste mRNA é reduzida com conseqüente baixo nível de expressão desta proteína (Kapotas & Bellofatto, 1993).

Durante o processamento do RNA policistrônico alguns sítios de *trans-splicing* e poliadenilação podem ser mascarados. Como conseqüência, unidades dicistrônicas ou mesmo unidades monocistrônicas, com longas regiões 3' não traduzíveis (3'-UTR) são geradas. Estes mRNAs intermediários podem ser processados posteriormente pelos

---

mecanismos usuais de *trans-splicing* e poliadenilação. Sugere-se que este processamento de pré-mRNA faça parte de um mecanismo de controle de expressão gênica, através do qual RNAs em “estado de latência funcional” possam ser estocados e processados em mRNAs maduros quando requeridos pela célula (Jager *et al.*, 2007). Outro trabalho recente demonstrou que o silenciamento do receptor SRP (*signal-recognition particle*) por RNA de interferência e o estresse por diminuição de pH em *T. Brucei*, reduziram drasticamente a transcrição do SL-RNA, molécula precursora do mini-exon, resultando no bloqueio do processamento de mRNAs por *trans-splicing* e conseqüentemente, na diminuição acentuada de vários mRNAs (Lustig *et al.*, 2007).

A exportação de mRNA e proteínas do núcleo para o citoplasma é um processo regulado em eucariotos. De maneira simplista, proteínas específicas reconhecem o mRNA formando complexos ribonucleoproteicos (mRNPs). Essas proteínas atuam como adaptadores que interagem com um receptor nuclear que direciona o mRNP ao poro nuclear para a exportação (revisto por Rougemaille *et al.* 2008). Até o momento, pouco se sabe sobre o processo de transporte de mRNAs para o citoplasma em tripanossomatídeos. Cuevas e colaboradores (2005) descreveram um fator de exportação nuclear semelhante à proteína Exportina-1 (CRM1 em leveduras) em *T. cruzi* denominada TcCRM1. Esta proteína contém uma região central conservada envolvida na interação com leptomicina B, um inibidor que bloqueia a exportação nuclear. Experimentos de hibridação *in situ* revelaram um acúmulo parcial de RNA poli(A)+ no núcleo e uma redução significativa nos níveis de alguns mRNAs como HSP70, TcUBP1/2 e TcPABP1, quando as células foram tratadas com este inibidor. Estes resultados sugerem fortemente a presença de uma rota de exportação de mRNAs nucleares neste protozoário (Cuevas *et al.*, 2005).

Uma vez que o mRNA maduro foi transportado para o citoplasma, dependendo da condição em que o parasita se encontra, esse mRNA está disponível para a maquinaria de tradução. Em eucariotos a tradução tem início a partir da ligação do complexo ternário eIF4F (eIF4E, eIF4A, eIF4B e eIF4G), via eIF4E, ao *cap* presente na extremidade 5' do

---

mRNA. A interação entre o fator eIF4G, presente no complexo eIF4F, e a proteína PABP (*poly(A) binding protein*) aproxima as regiões 3'-UTR e 5'-UTR promovendo a circularização do mRNA (Mazumder *et al.*, 2003b; Marintchev & Wagner 2004). O eIF4F juntamente com o complexo ribossomal 48S ao encontrarem o primeiro códon AUG, recrutam a subunidade ribossomal 60S para formarem o complexo 80S dando início ao processo de alongação da tradução (revisto por Andersen *et al.*, 2003).

A localização de mRNA é um dos mecanismos de controle pós-transcricional e investigações indicam que o papel da maquinaria de localização de mRNA na regulação da expressão de genes é interligada com o controle da tradução do mRNA (Czaplinski & Singer, 2006). Em diversos organismos a localização de RNAs específicos pode ser visualizada. Em *Saccharomyces cerevisiae* ocorre a localização de transcritos específicos tal como o que codifica para Ash1, no brotamento da célula (Beach & Bloom, 2001). Em embriões de *Drosophila* vários mRNAs se localizam em partes específicas de célula como o mRNA que codifica para a proteína Bicoide que fica no pólo anterior e Nanos que fica no pólo posterior. Essa distribuição é essencial para o desenvolvimento correto do embrião (Tekotte & Davis, 2002). As células neuronais são altamente polarizadas sendo grande o número de mRNAs localizados em dendritos ou porção sináptica dos axônios (Job & Eberwine, 2001). A tradução desses mRNAs é reprimida até que eles atinjam seu destino. Para que essa repressão ocorra evidências mostram que o transporte desses mRNAs ocorre em grânulos (Barbarese *et al.*, 1995; Knowles *et al.*, 1996). Para a localização desses mRNAs algum tipo de sinal é necessário para que esse transporte seja feito. Esses sinais são encontrados em elementos *cis* dentro do RNA. Geralmente esses sinais estão na região 3'-UTR e são reconhecidos por fatores *trans*, na sua maioria proteínas, mas também não se descarta a hipótese de pequenas moléculas de RNA atuando nesses processos (Kloc *et al.*, 2002). A ligação desses fatores *trans* levam a uma mudança conformacional da molécula de RNA e permite assim que outras proteínas se liguem formando mRNPs de transporte. Esses mRNPs de transporte se associam ao

---

citoqueleto carregando o mRNA ao seu local de destino onde este é traduzido (Kloc & Etkin 1994; Heasman *et al.*, 2001).

Outro ponto importante de regulação gênica pós-transcricional se refere à estabilidade do mRNA. Diversos estudos mostram que o acúmulo de mRNAs durante estágios específicos do ciclo de vida ocorre por estabilidade diferencial desse mRNA e não por aumento do nível de transcrição do gene (Teixeira *et al.*, 1999; Coughlin *et al.*, 2000; Bartholomeu *et al.*, 2002; Yamada-Ogatta *et al.*, 2004; da Silva *et al.*, 2006; Gentil *et al.*, 2009). Por outro lado, alguns mRNAs mantêm o mesmo nível de transcritos em diferentes estágios evolutivos, porém observa-se diferenças nos níveis de proteína expressa, sugerindo uma regulação em nível traducional (Thomaz *et al.*, 2000). Outros estudos sugerem ainda que a expressão gênica seja dependente da mobilização do mRNA aos polissomos (Avila *et al.*, 2001) bem como mecanismos que envolvem o bloqueio do alongamento e/ou terminação da tradução (Nardelli *et al.*, 2007).

A investigação de fatores envolvidos na regulação da estabilidade do mRNA revelaram que elementos presentes nas regiões não traduzidas (*UTR – untranslated regions*) são responsáveis por expressão gênica diferencial. Na maioria dos casos, a regulação ocorre através de interações entre fatores regulatórios (*trans*) e sequências específicas (*cis*) dentro destas regiões não traduzíveis. Dados relacionados a esses elementos foram descritos usando ensaios com gene repórter (Teixeira *et al.*, 2003). Por exemplo, os níveis do mRNA da amastina é 68 vezes mais abundante em amastigotas comparado a epimastigotas. Quando a região 3'-UTR foi clonada a montante do gene da luciferase para ensaios de transfecção, a atividade da luciferase foi 7 vezes maior em amastigotas quando comparado a epimastigotas (Teixeira *et al.*, 1995). Outro exemplo de sequências reguladoras dentro da região 3'UTR vem do transcrito do antígeno de superfície FL-160 de *T. cruzi*. A taxa de transcrição desse mRNA se mantém equivalente entre os estágios do ciclo de vida, no entanto, os níveis de mRNA são 80 a 100 vezes maior em tripomastigotas comparado a epimastigotas (Weston *et al.*, 1999). Estudos com

---

o mRNA que codifica a tubulina indicam que sequências reguladoras presentes na região 3'-UTR estão envolvidas na modulação da estabilidade destes transcritos que ocorrem em resposta a mudanças na dinâmica dos microtúbulos em *T. cruzi* (da Silva *et al.*, 2006).

Foram identificados em *T. cruzi* elementos que correspondem à sequências ricas em AU, similares aos motivos ARE, sabidamente envolvidos na desestabilização de mRNAs em eucariotos superiores por interação com determinadas proteínas de ligação ao RNA (RBP – *RNA binding proteins*) (Di Noia *et al.*, 2000; D'orso & Frasch 2001). Elementos presentes na região 5'-UTR pode também estar envolvidos no controle da expressão gênica, como por exemplo o gene que codifica a Tuzina. Análises da porção 5'-UTR deste mRNA indicam que elementos presentes nessa região suprimem a expressão da proteína por processamento deficiente do RNA e iniciação da tradução ineficiente (Teixeira *et al.*, 1999).

Como dito anteriormente, os mecanismos envolvendo degradação e estabilidade do mRNA parecem ser o principal controle de expressão gênica em *T. cruzi*. De fato, proteínas de desadenilação foram identificadas neste parasita (Milone *et al.*, 2004; Schwede *et al.*, 2008), incluindo também as enzimas de degradação de RNA. A degradação do RNA pode ocorrer por ambos os lados, por exoribonucleases (XRN) que degradam no sentido 5'→3' e pelo complexo exossomo que degrada no sentido 3'→5', após remoção da cauda poli(A) (Li *et al.*, 2006; Estevez *et al.*, 2001). Entretanto, até o momento o complexo exossomo foi descrito somente em *T. brucei*, embora o sistema possa ocorrer em *T. cruzi*.

Existem poucos estudos evidenciando a regulação da expressão gênica em nível pós-traducional em tripanossomatídeos. Embora tenham sido identificados vários genes putativos de quinases nos genomas de *T. cruzi*, *T. brucei* e *Leishmania*, a importância do mecanismo de fosforilação estágio-específica e sua implicação na regulação da expressão gênica ainda precisam ser determinadas (Jones *et al.*, 2006; Parsons *et al.*, 2005). No entanto, várias proteínas de *Leishmania* que apresentam modificações pós-traducionais

---

têm sido identificadas através de experimentos em géis bidimensionais (McNicoll *et al.*, 2006).

## 1.2 MRNPs E GRÂNULOS DE RNA

Em células eucarióticas após a transcrição, a “vida” do mRNA é controlada por *RNA-binding proteins*. Dentro do núcleo, essas proteínas estão envolvidas em vários processos, tais como transcrição, *splicing*, processamento e exportação do transcrito do núcleo para o citoplasma (Moore, 2005; Gebauer & Hentze, 2004; Oefinger *et al.*, 2007). Uma vez que o mRNA sai do núcleo, ocorre um remodelamento desses complexos ribonucleoproteicos, controlando o transporte, localização, tradução, estabilidade, estocagem e degradação dos mRNAs (Moore, 2005; Shyu *et al.*, 2008; Culjkovic *et al.*, 2007; Glisovic *et al.*, 2008).

Para vários genes, as seqüências 3' não traduzidas (3'-UTR) do mRNA parecem determinar a abundância do mRNA por modular sua degradação (Tomás & Kelly, 1996; Quijada *et al.* 2000; Coughlin *et al.* 2000; Nozaki & Cross, 1995; McNicoll *et al.*, 2005). Resultados sugerem que um mecanismo alternativo de mobilização diferencial de mRNAs para a maquinaria de tradução é operacional para vários genes de *T. cruzi* (Ávila *et al.*, 2003). Estes resultados corroboram dados obtidos há mais de vinte anos, mostrando a existência de mRNAs estocados no citoplasma não associados a polissomos (Goldenberg *et al.*, 1985).

Apesar de demonstrada a mobilização diferencial, poucas proteínas de ligação ao RNA foram caracterizadas até o momento: poli(A) binding protein (Batista *et al.*, 1994), *spliced leader RNA-binding protein* (Xu *et al.*, 2001), proteínas Pumilio (Dallagiovanna *et al.*, 2005; Dallagiovanna *et al.*, 2008), *RNA binding protein* com motivos CCCH (Morking *et al.*, 2004; Caro *et al.*, 2005), UBP1 e outras proteínas com domínio RRM (D'orso e Frasch, 2002; D'orso *et al.*, 2003; De Gaudenzi *et al.*, 2005).



---

A teoria de operons pós-transcricionais ou “*RNA regulons*” (Keene, 2007) postula que fatores *trans*, sejam eles proteínas ou pequenos RNAs, se associam a múltiplos RNAs para coordenar a expressão gênica. Esse é um modelo bastante adequado para explicar a regulação da expressão gênica em tripanossomatídeos. Estudos recentes demonstram que algumas *RNA binding proteins* (RBP) podem agir como operons pós-transcricionais ligando mRNAs específicos em *T. cruzi*. Algumas proteínas da família PUF, amplamente distribuídas entre os eucariotos, regulam a estabilidade e a tradução de mRNAs por se ligarem a seqüências específicas na região 3'-UTR de alguns transcritos. A proteína Puf5 de *S. cerevisiae* interage diretamente com a proteína Pop2 e recruta simultaneamente as proteínas Ccr4, Dcp1 e Dhh1 (Goldstrohm *et al.*, 2006). A proteína TcPUF6 foi identificada e caracterizada em *T. cruzi*. Ensaio de super-expressão e microarranjo comparando RNAs entre as cepas transfectadas e selvagem, mostrou que TcPUF6 atua na regulação expressão gênica por levar à diminuição dos níveis de mRNAs associados com esta proteína nas populações que super expressam TcPuf6 (Dallagiovanna *et al.*, 2008). A maioria dos mRNAs que se ligam a TcPUF6 codificam proteínas de ligação a RNA, quinases e proteases, indicando uma complexa rede regulatória pós-transcricional em *T. cruzi* (Dallagiovanna *et al.*, 2008). Além disso, a associação *in vivo* desta proteína com a proteína TcDhh1, ortóloga de Dhh1 de leveduras, sugere que TcPuf6 promova a degradação dos seus mRNAs alvos através de interação com a maquinaria de degradação (Dallagiovanna *et al.*, 2008).

A proteína TbPUF9 de *T. brucei* está envolvida no controle da estabilidade durante o ciclo celular. Esta proteína estabiliza os transcritos alvo durante a fase S e ensaios de RNAi contra TbPUF9 resultaram no acúmulo de células na fase G2/M e na desestabilização dos mRNAs alvo desta proteína (Archer *et al.*, 2009).

A presença de *RNA regulons* em tripanossomatídeos possivelmente compensa a ausência de controle transcricional, permitindo, dessa forma, um controle fino e apurado da regulação da expressão gênica nestes parasitas (Goldenberg & Avila, submetido;

Ouellette & Papadopoulou, 2009; Queiroz *et al.*, 2009). A associação de proteínas ao mRNA é bastante dinâmica, ou seja, dependendo do estímulo sofrido pela célula, pode haver rearranjo de proteínas em resposta a essa alteração, como estresse. Dessa forma, dependendo do conjunto de proteínas que se associam aos mRNAs, estas podem controlar o transporte, localização, estabilidade, estocagem e degradação dos mesmos (Moore, 2005; Culjkovic *et al.*, 2007; Glisovic *et al.*, 2008; Keene, 2007). Os complexos resultantes contêm não só proteínas de ligação ao RNA, mas também várias outras proteínas com diferentes funções, tais como subunidades ribossomais, fatores de tradução, enzimas de degradação de mRNA, helicases e proteínas estruturais. Os vários mRNPs formados no citoplasma são definidos com base na presença de determinadas proteínas. Por exemplo, os mRNAs podem se associar com proteínas de iniciação da tradução e serem traduzidos (mRNPs polissomais), ou seqüestrados no citoplasma por outro grupo de proteínas que direcionarão esses RNAs para estocagem e/ou degradação. Esses mRNPs livres no citoplasma podem se associar formando foci citoplasmáticos microscopicamente visíveis que podem diferir em função dependendo das proteínas associadas ou no estímulo que ativa sua formação. Dentre os diversos grânulos de RNA iremos ressaltar os *P-bodies* e os grânulos de estresse.

Os *P-bodies* (corpos de processamento) são agregados multiprotéicos de mRNPs contendo mRNAs que não estão sendo traduzidos associados com proteínas envolvidas com as vias de degradação do RNA e fatores que inibem a tradução. Esses agregados se colocalizam no citoplasma (*foci*) e seu formato é sempre esferoidal, contudo seu número e tamanho variam com as condições celulares, como estresse oxidativo, estado nutricional e tratamento com drogas que interferem no processo de tradução (Teixeira *et al.* 2005). Os *P-bodies* têm um papel fundamental no metabolismo do mRNA e várias proteínas já foram identificadas, como aquelas envolvidas com o “decapping” do mRNA: DCP1, DCP2 e seus ativadores Dhh1, RCK/p54, Pat1, o complexo Lsm1-7, a exonuclease 5' → 3' XRN1 e o complexo CCR4/POP2/NOT também foi encontrado em *P-bodies* de células

---

de mamíferos e leveduras (Cougot *et al.*, 2004; Andrei *et al.* 2005). Os mRNAs são essenciais para a formação dos *P-bodies*, uma vez que seus tamanhos e números são proporcionais ao volume de mRNA que não está sendo traduzido. A inibição da transcrição com actinomicina D e exposição das células à ação de ribonuclease A promovem uma redução de aproximadamente 90% no número de *P-bodies* em *S. cerevisiae*, indicando que a formação destas estruturas é dependente da presença de RNA (Teixeira *et al.* 2005).

Algumas proteínas parecem ser essenciais para a formação dos *P-bodies*, como a GW182 (envolvida na via de degradação por micro RNA), RCK/p54 (Dhh1 em leveduras) e Lsm4, pois a ausência dessas proteínas impede a formação desses grânulos (Ferraiuolo *et al.*, 2005, Andrei *et al.* 2005, Pauley *et al.* 2006).

Os mRNAs associados aos *P-bodies* não estão associados aos ribossomos, pois ao se tratar as células com cicloheximida, um inibidor da tradução que congela o mRNA ao ribossomo, o número de *P-bodies* diminui e, quando a célula é tratada com drogas que dissociam o mRNA do ribossomo, como a puromicina, os *P-bodies* aumentam em tamanho e número (Sheth & Parker, 2003; Cougot *et al.*, 2004; Teixeira *et al.* 2005). Esses dados confirmam a separação espacial entre os mRNAs que estão sendo traduzidos dos que estão associados aos *P-bodies*. Sugere-se ainda que a taxa de tradução do mRNA seja o reflexo da constante competição entre a formação da maquinaria de tradução e a maquinaria de degradação, a qual promoveria a repressão da tradução e agregação do mRNA nos *P-bodies* (Parker & Sheth 2007).

A presença de proteínas de degradação de RNA sugere que os *P-bodies* representam sítios de catálise do RNA. Observações indicam que muitos mRNAs presentes nos *P-bodies* sofrem a retirada do cap e são posteriormente degradados (Sheth & Parker, 2003; Coller & Parker, 2005). Outros estudos, por outro lado, demonstram que os *P-bodies* também podem estar atuando como sítios de armazenagem de mRNAs que podem, eventualmente, retornar a tradução. Experimentos mostraram que mRNAs específicos se

---

acumulam nos *P-bodies* em células em crescimento ou estresse e que os mesmos saem desses grânulos e vão para os polissomos para serem traduzidos quando as condições são alteradas (Brenques & Parker, 2005; Bhattacharyya *et al.* 2006).

Outro tipo de grânulo encontrado em eucariotos é o grânulo de estresse, que diferentemente dos *P-bodies* possui fatores de iniciação de tradução, a subunidade ribossomal 40S e várias proteínas ligadoras de RNA (Anderson & Kedersha, 2006). Estudos indicam que ocorra interação física entre os grânulos de estresse e os *P-bodies* e que os mRNAs possam mover-se entre eles (Kedersha *et al.* 2005). Muitas proteínas são compartilhadas entre esses grânulos (Figura 2) (Kedersha *et al.*, 2005; Hoyle *et al.*, 2007; Buchan & Parker, 2009).

Os complexos de iniciação da tradução ligados a mRNAs que incluem eIF3, o complexo eIF4F (composto por eIF4E, eIF4A e eIF4G), eIF4B, a subunidade ribossomal 40S e PABP-1 formam o cerne de todos os grânulos de estresse, sendo considerados marcadores destas estruturas (Kedersha *et al.*, 2002). Outro grupo de proteínas que compõem os grânulos de estresse são as ligadoras de RNA envolvidas no silenciamento traducional, incluindo TIA-1 (*T cell internal antigen-1*) e TIAR (*TIA-1-related*), FMRP (*Fragile X mental retardation protein*) e FXR1 (*Fragile X mental retardation-related protein-1*), argonauta, CPEB (*cytoplasmic polyadenylation element-binding protein*), pumilio, e Rap55 (*RNA-associated protein 55*), e também proteínas envolvidas na estabilidade de mRNAs, tais como a RNA helicase RCK/p54, a exonuclease 5'→3' XRN1, as proteínas que se ligam a elementos ARE, HuR e TTP (tristetraprolina) que estabilizam e desestabilizam mRNAs, respectivamente, entre outras (Anderson & Kedersha, 2007). Até o momento, os grânulos de estresse não foram observados em *S. cerevisiae*, entretanto, estruturas semelhantes aos grânulos de estresse encontrados em mamíferos, contendo eIF3, eIF4A e RNA, foram observados em *Schizosaccharomyces pombe* submetidos a choque térmico (Dunand-Sauthier *et al.*, 2002; Teixeira *et al.*, 2005). Em mamíferos, os grânulos de estresse são formados em consequência da fosforilação do

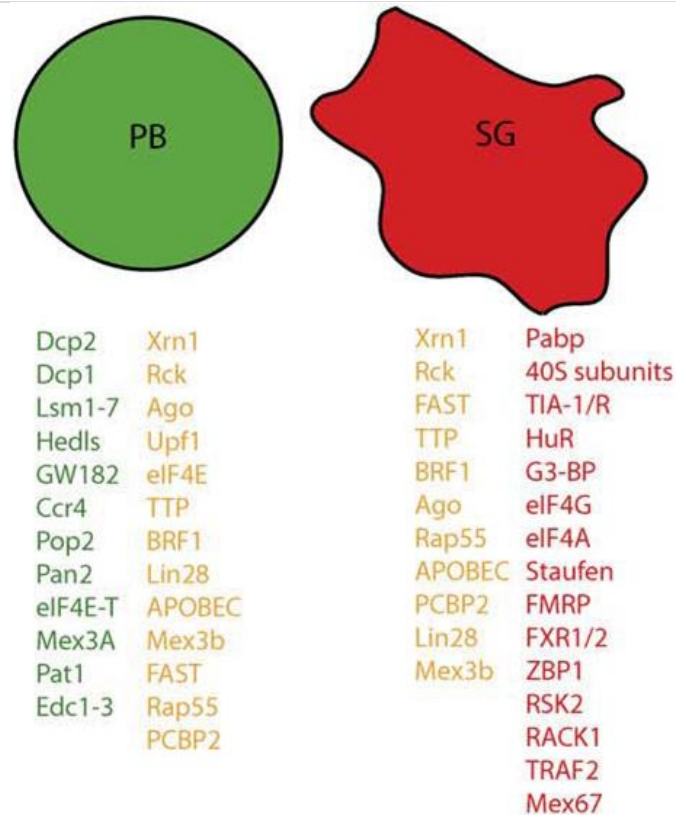
fator de iniciação eucariótico 2 $\alpha$  (eIF2 $\alpha$ ) por quinases ativadas por estresse. A fosforilação de eIF2 $\alpha$  reduz a disponibilidade do complexo ternário eIF2-GTP-tRNA<sup>iMet</sup> resultando num complexo de pré-iniciação 48S deficiente, incapaz de recrutar a subunidade ribossomal 60S bloqueando assim o início da tradução e promovendo a dissociação dos polissomos (Kedersha & Anderson, 2002; Anderson & Kedersha, 2006). A montagem e a dissociação dos grânulos de estresse são reguladas por diferentes vias sinalizadoras que atuam após a fosforilação de eIF2 $\alpha$  (Figura 3). A montagem destes grânulos começa quando proteínas ligadoras de RNA tais como TIA-1, TTP, FMRP e G3BP ligam-se preferencialmente a determinados transcritos que estão ligados ao complexo 48S (formado pela junção da subunidade ribossomal 40S, do fator eIF3 e do complexo ternário eIF2-GTP-tRNA<sup>iMet</sup>) provenientes da dissociação dos polissomos. Após esta primeira etapa de nucleação, a proteína PABP-1 ligada a todos os transcritos poli(A)+ promove a agregação destes pequenos grânulos tornando-os microscopicamente visíveis. Alguns transcritos podem estar ligados a várias proteínas de nucleação o que favorece a agregação, aumentando progressivamente o tamanho dos grânulos. Outras proteínas não ligadoras de RNA são recrutadas a estes complexos através de interações com as proteínas de nucleação o que sugere uma integração dos grânulos de estresse com outras vias de sinalização na célula (Anderson & Kedersha, 2007; Buchan & Parker, 2009).

Parker e Sheth (2007) propõem um modelo relacionando todo o movimento do mRNA do núcleo para o citoplasma, dos polissomos para os *P-bodies* e grânulos de estresse, que foi denominado pelos autores de “ciclo do RNA”. Nesse modelo o mRNA pode se associar aos polissomos sendo eficientemente traduzido em proteínas; caso haja algum defeito no início ou durante a tradução, ou ainda, algum tipo de sinalização, o mRNA interage com componentes da via da degradação do RNA, a tradução é interrompida e o mRNP formado é reunido em *P-bodies*. Esse mRNA pode então ser degradado, manter-se estocado nos *P-bodies* ou retornar à tradução (Figura 3) (Parker & Sheth, 2007; Buchan & Parker, 2009). Os grânulos de estresse representariam regiões de

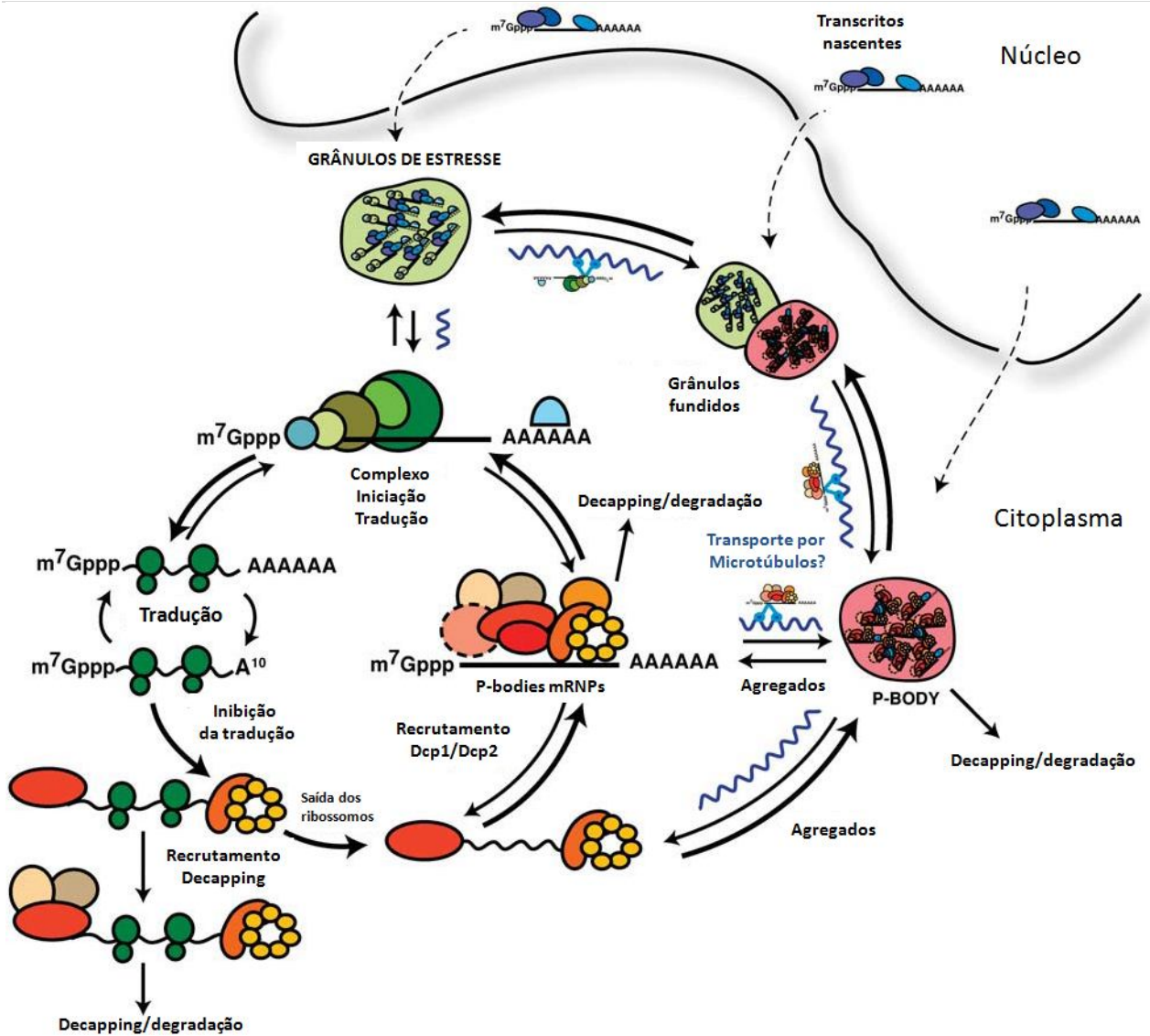
início de tradução que aumentam quando o mRNA está parado durante o processo de iniciação, a associação do mRNA com os fatores de iniciação podem potencializar a re-entrada do mRNA para tradução (Figura 3). Esse ciclo do RNA teria como função um movimento contínuo, permitindo que um sistema de tradução que se tornou defeituoso ou não funcional seja removido e o complexo de tradução formado novamente, reciclando o mRNA através dos *P-bodies*. Esse sistema apresenta analogia ao observado no dobramento de proteínas pelas chaperonas, que podem repetir o dobramento da proteína ou marcá-la para degradação (Parker & Sheth, 2007; Buchan & Parker, 2009). Os mecanismos moleculares desse modelo e a transição entre polissomos, *P-bodies* e grânulos de estresse, e também como ocorre a sinalização de um mRNA para ser degradado ou retornar para a tradução precisa ser elucidado.

Como mencionado anteriormente, existem evidências de uma população de mRNAs não traduzidos no citoplasma de *T. cruzi* (Goldenberg *et al.*, 1985; Avila *et al.*, 2003). Estas observações sugerem a existência de complexos citoplasmáticos envolvidos com a estocagem destes transcritos. Recentemente foi relatado em nosso laboratório, a presença de estruturas citoplasmáticas tipo *P-body* neste parasita (Holetz *et al.*, 2007). Estudos realizados com a proteína TcDhh1 demonstraram que a mesma se encontra tanto livre no citoplasma quanto associada a *foci* citoplasmáticos que variam em número em resposta ao estresse nutricional e ao tratamento com drogas como cicloheximida e puromicina. Ensaios de ribonômica nas formas epimastigotas evidenciaram a presença de mRNAs que estão mais expressos em outras formas durante o ciclo de vida, indicando que esses grânulos podem atuar como sítios de estocagem de mRNAs em *T. cruzi* (Holetz, 2008).

Estudos futuros se fazem necessários para a completa caracterização destes grânulos de RNA em tripanossomatídeos, pela sua importância no controle da expressão gênica. O estudo da dinâmica de associação e formação de outros mRNPs também se faz necessário para a caracterização de *RNA regulons* em tripanossomatídeos.



**Figura 2.** Comparação na composição das proteínas presentes em grânulos de estresse (SG) e *P-bodies* (PB). Componentes observados exclusivamente em *P-bodies* estão em verde; proteínas exclusivas de grânulos de estresse estão anotadas em vermelho e proteínas compartilhadas por ambos estão marcadas em amarelo. Adaptado de Buchan & Parker, 2009.



**Figura 3:** Ciclo do RNA. Um modelo para o destino dos mRNAs entre a maquinaria de tradução, os *P-bodies* e os grânulos de estresse (Adaptado de Buchan & Parker, 2009).



## 2. OBJETIVOS E METAS

O objetivo geral deste trabalho é a caracterização de complexos mRNA-proteínas (mRNPs) em *Trypanosoma cruzi*.

### 2.1 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

1. Isolamento dos complexos mRNA-proteínas (mRNPs);
2. Identificação das proteínas associadas a esses mRNPs;
3. Seleção de genes de interesse para caracterização;
4. Identificação dos mRNAs associados aos complexos mRNPs;
5. Avaliação da funcionalidade dos mRNAs isolados: sequenciamento ou comparação através da técnica de microarranjo;
6. Estabelecimento da técnica de Hibridização fluorescente *in situ* (FISH) em *Trypanosoma cruzi*; Utilização da técnica de FISH para determinar a localização e migração de mRNAs alvo.

### 3. MATERIAIS E MÉTODOS

#### 3.1. PROCEDÊNCIA DOS REAGENTES E MATERIAIS

**Ambion:** kit Amino Allyl MessageAmp™ aRNA.

**Amicon:** microcon 30.

**Amersham-Pharmacia Biotech:** dCTP-Cy3; dCTP-Cy5; dNTPs; inibidores de proteases; RNase H.

**Amershan Bioscience:** membranas de nitrocelulose.

**Applied Biosystems:** kit Big Dye™ Terminator Ready Reaction Mix.

**Appligene:** proteinase K.

**BioRad:** agarose; azul de bromofenol; xilenocianol.

**Cult-lab:** soro fetal bovino.

**Difco:** extrato de levedura; infuso de fígado; triptose.

**Eppendorf:** High-Fidelity Triple Master Enzyme.

**GE:** Kit 2D-quant™, colunas Sephadex g-50.

**Gibco:** gentamicina.

**Invitrogen:** acrilamida; anticorpos secundários Alexa 488 e Alexa 546; bis-acrilamida; BP Clonase™ enzyme mix; Dapi; DTT; EDTA; hexâmeros aleatórios; kit “BioPrime DNA Labeling System”; kit pENTR™ Directional TOPO® Cloning; LR Clonase™ enzyme mix; Platinum® Pfx DNA Polimerase; RNaseOUT™; sacarose; Superscript™ II; Taq DNA polimerase;

**Merck:** acetato de sódio; ácido acético; ácido bórico; ácido clorídrico; álcool isoamílico; citrato de sódio; cloreto de amônia; cloreto de cálcio; cloreto de lítio; cloreto de magnésio; cloreto de potássio; cloreto de sódio; etanol absoluto; fosfato de potássio monobásico; fosfato dibásico de sódio; glicose; hidróxido de sódio; maltose; SDS; sulfato de amônia; sulfato de magnésio.

**Microbiológica:** hemina.

**Millipore:** filtro 0,22  $\mu\text{m}$ .

**Novagen:** microesferas eletromagnéticas oligo (d)T (Straight A's™ mRNA Isolation Systems® Novagen).

**Promega:** fosfatase alcalina; transcriptase reversa (ImProm-IITM Reverse Transcriptase); NBT; BCIP; Kit *Wizard PCR preps*, Kit vetor pGEMT-*easy*.

**Qiagen:** kit RNeasy®, QIAprep Spin Miniprep; coluna de Ni-NTA (nitrilo-triacetic acid - QIAexpress System).

**Roche:** protease inhibitor cocktail EDTA-free

**Sigma-Aldrich:** membranas de diálise.

**Sigma:** ácido L-aspártico; ácido L-glutâmico; adjuvante completo de Freud, adjuvante incompleto de Freud; ampicilina;  $\beta$ -mercaptoetanol; brometo de etídeo; BSA; chaps; cicloheximida; cloranfenicol; coquetel de inibidores de protease; DEAE26 celulose; DEPC; DMSO; E-64; ficoll; heparina; hepes; imidazol; iodeto de propídeo; IPTG; kanamicina; L-prolina; NP-40; n-propil-galato; paraformaldeído; PMSF; poli-L-lisina; proteína A Sepharose; proteína G Sepharose; puromicina; triton X-100; tween 20.

**Syntec:** cetamina.

**TPP:** garrafas para cultivo de células.

**USB:** sacarose; uréia, tio-uréia; polietilenoglicol; persulfato de amônia;

**Vetbrands:** xilasina.

**Vetec:** glicina.

### 3.2. CULTIVO DE *T. CRUZI*

Neste trabalho foram utilizadas células do clone *Dm28c* de *T. cruzi* (Contreras *et al.*, 1988; Goldenberg *et al.*, 1984), obtidas em diferentes etapas do processo de metaciclo-gênese *in vitro*. Este processo de diferenciação das formas epimastigotas em tripomastigotas metacíclicos foi descrito por Contreras e colaboradores (1985) e consiste em um sistema de diferenciação celular que utiliza meio quimicamente definido capaz de estimular a metaciclo-gênese pela simulação das condições físico-químicas encontradas na porção final do intestino do inseto triatomíneo, resultando em parasitas com as mesmas propriedades biológicas encontradas nos parasitas diferenciados no inseto. Com essa técnica é possível obter parasitas em diferentes etapas do processo de diferenciação celular, possibilitando desta forma o estudo dos mecanismos que modulam a expressão de genes estágio-específicos ao longo do processo.

#### 3.2.1. Epimastigotas em fase logarítmica de crescimento

A cultura axênica de *T. cruzi* é mantida em meio LIT - *Liver Infusion Tryptose* (extrato de levedura 15 g/L; fosfato dibásico de sódio 11,56 g/L; glicose 2,2 g/L; hemina 0,02 g/L; infuso de fígado 5 g/L; KCl 0,4 g/L; NaCl 4,4 g/L; soro fetal bovino 10 % (v/v) e triptose 5 g/L. pH 7,2 ajustado com HCl) suplementado com 10% de SFB (soro fetal bovino) a 28 °C e, a cada três dias é feito um repique de  $1 \times 10^6$  células/mL. As formas epimastigotas em fase logarítmica de crescimento são obtidas após 72 e 96 horas de cultivo, onde a densidade celular é de aproximadamente  $2$  a  $3 \times 10^7$  células/mL para 72 horas e  $5$  a  $6 \times 10^7$  células/mL para 96 horas. Estas condições foram estabelecidas de acordo com a curva de crescimento do parasita em meio LIT a 28 °C (Camargo, 1964).

### 3.2.2. Epimastigotas sob estresse nutricional

As formas epimastigotas em final da fase logarítmica de crescimento, ou seja, no quinto dia de cultivo com densidade celular de aproximadamente  $5 \times 10^7$  células/mL, são centrifugadas a  $7.000 \times g$  durante 5 minutos a  $10^\circ\text{C}$ . Após a centrifugação as células são submetidas a estresse nutricional sendo mantidas em meio TAU - *Triatomine Artificial Urine* (NaCl 190 mM; KCl 17 mM; tampão fosfato 8 mM pH 6,0;  $\text{MgCl}_2$  2 mM e  $\text{CaCl}_2$  2 mM), na concentração de  $5 \times 10^8$  células/mL, por duas horas a  $28^\circ\text{C}$  (Contreras *et al.*, 1985).

### 3.2.3. Epimastigotas em diferenciação, aderidos ao substrato

Após o estresse nutricional  $1 \times 10^9$  células são inoculadas em garrafas de cultivo de  $300 \text{ cm}^2$  contendo 200 mL de meio TAU3AAG (TAU suplementado com: ácido L-glutâmico 50 mM; L-prolina 10 mM; ácido L-aspartico 2 mM e glicose 10 mM), numa concentração de  $5 \times 10^6$  células/mL, e incubadas a  $28^\circ\text{C}$  por 24 horas. Durante este período, os parasitas se aderem à parede das garrafas de cultivo. Para obtenção das células aderidas, o sobrenadante da cultura foi desprezado e as formas epimastigotas em diferenciação foram liberadas por forte agitação das garrafas de cultura, em 10 mL de tampão NKM (NaCl 140 mM, KCl 5 mM;  $\text{MgCl}_2$  1,5 mM; hepes 10 mM pH 7,4; cicloheximida  $10 \mu\text{g/mL}$ ; heparina 20 U/mL) (Bonaldo *et al.*, 1988).

### 3.2.4. Tripomastigotas metacíclicos

As formas tripomastigotas metacíclicas são obtidas pela incubação das formas epimastigotas estressadas em meio TAU3AAG, na concentração de  $5 \times 10^6$  células/mL, por 96 horas à 28°C. Nestas condições e sem agitação, as formas epimastigotas aderem-se ao substrato e diferenciam-se nas formas tripomastigotas metacíclicas que ficam livres no sobrenadante da cultura. Ao final das 96 horas, é possível observar que 80 a 90 % das células neste sobrenadante são tripomastigotas metacíclicas (Bonaldo *et al.*, 1988). Para a obtenção do extrato protéico de metacíclicos as células são concentradas por centrifugação – 10.000 x g por 10 minutos a 10°C – ressuspensas em solução de PSG ( $\text{Na}_2\text{HPO}_4$  47,46 mM; NaCl 36,32 mM;  $\text{NaH}_2\text{PO}_4 \cdot \text{H}_2\text{O}$  2,5 mM e glicose 55,5 mM) e purificadas por cromatografia de troca iônica em coluna de DEAE celulose equilibrada em PBS 1X (solução 10X: NaCl 137 mM;  $\text{Na}_2\text{HPO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$  4,3 mM; KCl 2,7 mM e  $\text{KH}_2\text{PO}_4$  1,5 mM) (De Souza, 1984). Para os ensaios de imunofluorescência a etapa de purificação não foi realizada, permitindo a comparação das formas epimastigotas em diferenciação com as formas metacíclicas.

### 3.2.5. Amastigotas

A forma amastigota extracelular foi obtida segundo Contreras e colaboradores (2002) com modificações. Tripomastigotas metacíclicos purificados ( $5 \times 10^8$ ) foram incubados em 33 mL de meio MEMTAU (TAU3AAG 0,429 X pH 6,0; MEM sem Hapes e bicarbonato 0,429 X; MES 20 mM; sacarose 70 mM; hemoglobina 1%; soro fetal bovino 10%) a 37 °C, enriquecido com 5% de SFB, em uma garrafa de cultura de 150 cm<sup>2</sup> e cultivados por três dias numa atmosfera de 5% de CO<sub>2</sub>. Após este período, as células foram lavadas, divididas em duas garrafas de cultura contendo meio de cultura fresco com 10% de SFB, o que favoreceu uma maior multiplicação dos amastigotas e consequente expansão da cultura. Após dois dias sob as mesmas condições, a grande

maioria dos amastigotas se encontrava sedimentada na garrafa de cultura, enquanto que os tripomastigotas metacíclicos não diferenciados e os restos celulares, suspensos. Após remoção cuidadosa do meio de cultura, sem perturbar o sedimento rico em amastigotas, os mesmos foram coletados, lavados e quantificados representando mais de 90% das células presentes.

### **3.2.6. Extratos protéicos de *T. cruzi***

As proteínas totais foram extraídas das formas epimastigotas em fase logarítmica de crescimento, epimastigotas submetidos ao estresse nutricional, epimastigotas aderidas ao substrato, metacíclicos e amastigotas, como mencionado a seguir:  $4 \times 10^8$  células de cada etapa de diferenciação foram centrifugadas a  $7.000 \times g$  por 5 minutos a  $10^\circ\text{C}$  e lavadas três vezes em PBS seguidos pelos mesmos passos de centrifugação. As células foram homogeneizadas em  $150 \mu\text{L}$  de PBS, sobre os quais foram adicionados de  $50 \mu\text{L}$  de tampão de amostra 4x (Tris-HCl 40 mM pH 6,8; glicerol 6%;  $\beta$ -mercaptoetanol 2,5%; SDS 1%; e azul de bromofenol 0,005%). As amostras foram fervidas por 5 minutos e centrifugadas a  $14.000 \times g$  por 10 minutos a  $4^\circ\text{C}$ . Os sobrenadantes contendo extrato protéico de  $1 \times 10^6$  células/ $\mu\text{L}$  foram transferidos para novos tubos e armazenados à  $-80^\circ\text{C}$  até o momento do uso. Para a dosagem da concentração protéica dos extratos foi utilizado o kit 2D-quant (GE) conforme especificações do fabricante.

### 3.3. CLONAGEM E EXPRESSÃO DOS GENES DE INTERESSE

#### 3.3.1. Amplificação dos genes

Os iniciadores para os genes selecionados foram desenhados com o auxílio do programa *Primer Select* (*Laser Gene*, *DNA Star*) e estão listados na Tabela 1. Para a amplificação dos genes, foram testadas diferentes temperaturas e concentrações de reagentes objetivando o melhor desempenho das reações de PCR. As condições de amplificação determinadas para os genes que codificam para EF1- $\alpha$  (fator de alongação 1-alfa), PF2 $\alpha$ S (prostaglandina 2 alfa sintase), PFS (prostaglandina F sintase), Hyp-11.150 (hipotética) e CD-33.60 (ligadora de RNA) foram as seguintes: 100 ng de DNA genômico de *T. cruzi* em uma reação com volume final de 20  $\mu$ L contendo 10 pmol de cada um dos iniciadores, 250  $\mu$ M de dNTPs, 10 mM de MgCl<sub>2</sub> e a enzima *Platinum*<sup>®</sup> Pfx DNA Polimerase diluídos conforme recomendado pelo fabricante. A ciclagem consistiu de um passo inicial de três minutos a 94°C, seguido por 35 ciclos de 15 segundos a 94°C, 30 segundos a 47°C e dois minutos a 68°C. A amplificação do gene que codifica a ZF-211.70 (*zinc finger 211.70*) ocorreu nas mesmas condições citadas, porém a temperatura de anelamento foi aumentada para 51°C. Uma alíquota de 5  $\mu$ L de cada reação foi misturada com tampão de amostra de DNA 1X (azul de bromofenol 0,25 % (p/v); ficoll 400 25 % (p/v) e xilenocianol 0,25 % (p/v), em tampão TBE) e analisada em gel de agarose 1% em tampão TBE (Tris base 108 g/L; ácido bórico 55 g/L e EDTA 8,3 g/L) a fim de se determinar o rendimento e a especificidade da reação.

Os amplicons obtidos foram purificados com PEG (30% PEG 8000 e 30 mM MgCl<sub>2</sub>) para retirar pequenos fragmentos de DNA sintetizados e os iniciadores. Ao produto de PCR foram adicionados quatro volumes de tampão TE (Tris-HCl 10 mM pH 7,6 e EDTA 1 mM) e em seguida acrescentou-se PEG 50% v/v. As soluções foram



completamente homogeneizadas e centrifugadas a 10.000 x *g* por 15 minutos em temperatura ambiente. Após a centrifugação, o sobrenadante foi descartado, e ao sedimento de células foram adicionados 10 µL de tampão TE. Após este processo de purificação, as amostras foram dosadas em espectrofotômetro.

**Tabela 1.** Seqüência nucleotídica dos oligonucleotídeos iniciadores utilizados para amplificação dos genes de interesse.

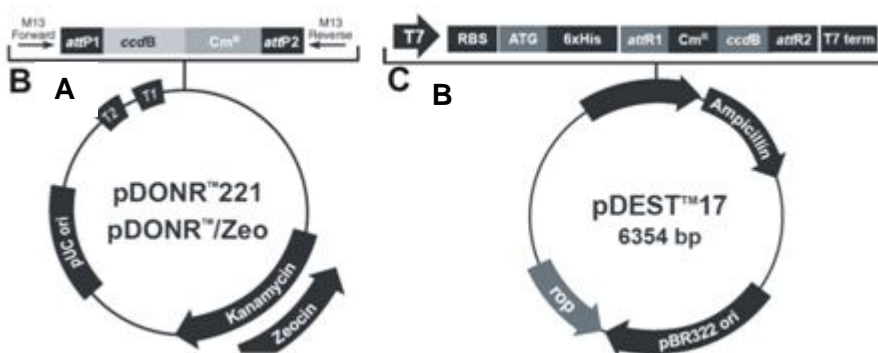
Gene	Seqüência dos oligonucleotídeos
CD-33.60	F 5' GGGGACAAGTTTGTACAAAAAAGCAGGCTGGAAGGAGATAAT <b>GTTCGTGTCTCTCAAATCAGT</b>
	R 5' GGGGACCACTTTGTACAAGAAAGCTGGGTC <b>GAAATCATCGCTGAGACTCTGGTTG</b>
PF2 $\alpha$ S	F 5' GGGGACAAGTTTGTACAAAAAAGCAGGCTGGAAGGAGATAAT <b>GGCGACGTTCCCTGAG</b>
	R 5' GGGGACCACTTTGTACAAGAAAGCTGGGCT <b>TTTGTGTACGTCGGGTAATC</b>
EF1- $\alpha$	F 5' GGGGACAAGTTTGTACAAAAAAGCAGGCTGGAAGGAGATAAT <b>GGGGAAGGACAAGGTG</b>
	R 5' GGGGACCACTTTGTACAAGAAAGCTGGGTC <b>GGACTTGATCGACTTGGG</b>
Hip-11.150	F 5' GGGGACAAGTTTGTACAAAAAAGCAGGCTGGAAGGAGATAAT <b>GCCTCTACTCCGTATCTTGG</b>
	R 5' GGGGACCACTTTGTACAAGAAAGCTGGGTC <b>AAAAAGCTGTGGAACTTTGGGCA</b>
ZF-211.70	F 5' GGGGACAAGTTTGTACAAAAAAGCAGGCTGGAAGGAGATAAT <b>GAGCGGTGTAAGAGGAGGT</b>
	R 5' GGGGACCACTTTGTACAAGAAAGCTGGGTC <b>GTTGGCAGGTCCGTGGTTG</b>
PFS	F 5' GGGGACAAGTTTGTACAAAAAAGCAGGCTGGAAGGAGATAAT <b>GAAATGCAATTACAACCTGTGTC</b>
	R 5' GGGGACCACTTTGTACAAGAAAGCTGGGCT <b>CCTCTCCACCAGGGAAAAAAT</b>

Em negrito está destacada a seqüência do oligonucleotídeo referente ao gene para o qual foi desenhado. A seqüência à montante se refere à região dos sítios *attB* para recombinação. F – *forward* ou direto R - reverso

### 3.3.2. Vetores

Os produtos purificados dos genes selecionados foram clonados em vetores da plataforma de clonagem comercial Gateway<sup>®</sup> (Invitrogen). Essa plataforma é baseada em recombinação utilizando seqüências sítio específicas do bacteriófago lambda (Landy, 1989), permitindo que, a partir do clone de entrada, seja feita a passagem de forma rápida e eficiente, entre vetor e inserto para um segundo vetor, denominado de destino, que pode ser dos mais variados tipos, de acordo com a necessidade de caracterização funcional (Figura 4). Para gerar um clone de entrada, é necessário que ocorra recombinação entre os

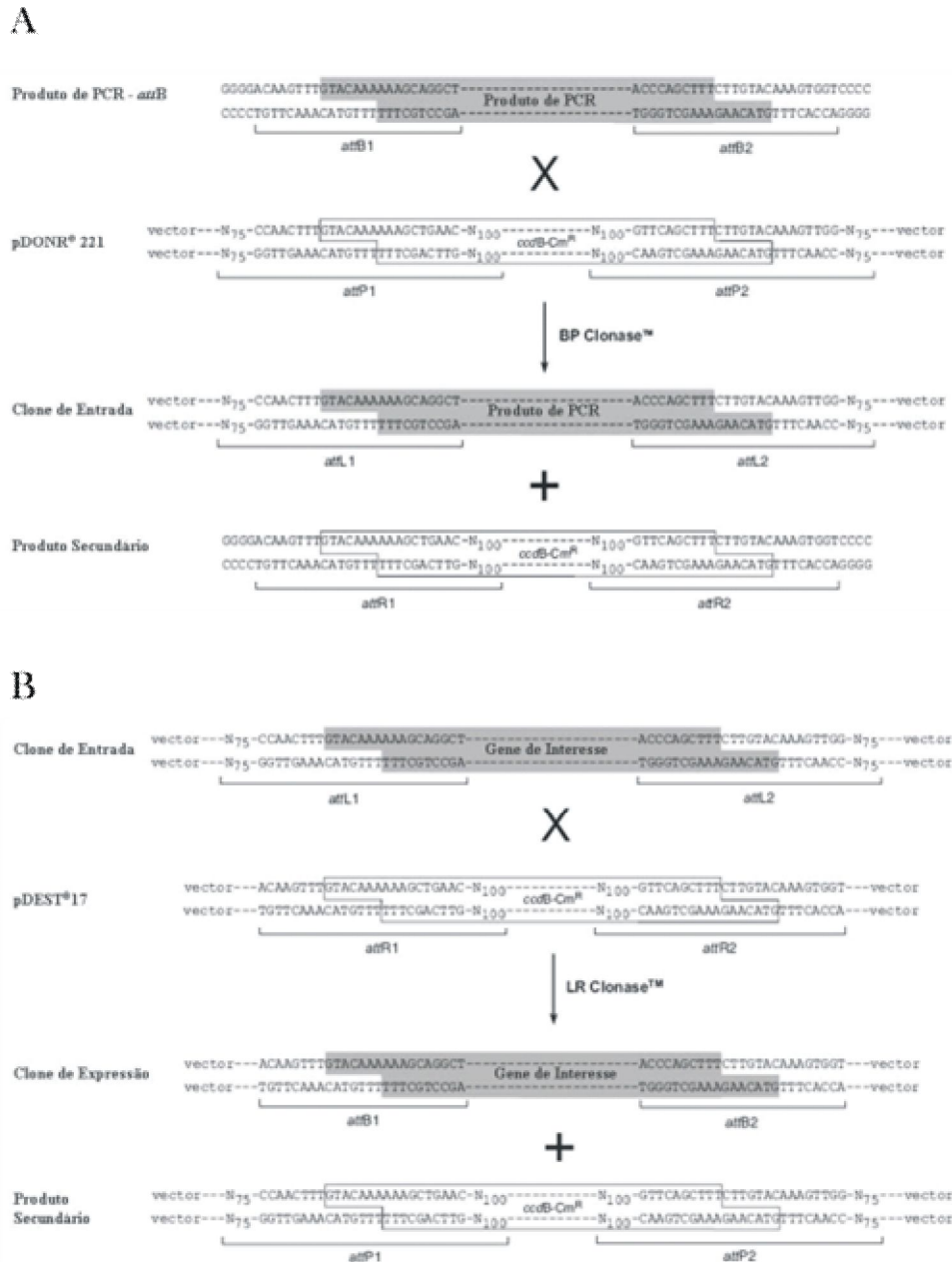
sítios específicos *attB* (*attachment*), inseridos nos produtos de PCR, e *attP* do vetor pDONR<sup>TM</sup>221, dando origem aos sítios *attL* no vetor, e *attR* no produto intermediário. A enzima utilizada nesta reação é formada por uma integrase do bacteriófago lambda (Int) e um fator de integração ao hospedeiro de *Escherichia coli* (IHF) (BP Clonase<sup>TM</sup> enzyme mix). A transferência do inserto para o vetor de destino é facilitada pela recombinação dos sítios *attL* presentes no clone de entrada com os sítios *attR* do vetor (LR Clonase<sup>TM</sup> enzyme mix), originando o clone de expressão (Figura 5). Essas reações são específicas e direcionais. Neste trabalho foi utilizado o vetor de entrada pDONR<sup>TM</sup>221 para os genes EF1- $\alpha$ , PF2 $\alpha$ S, PFS, ZF-211.70, CD-33.60 e Hip-11.150. O vetor pDEST<sup>TM</sup>17 foi escolhido como vetor de destino o qual é apropriado para a expressão heteróloga da proteína de interesse em *E. coli*, fusionada a uma seqüência de seis histidinas em sua extremidade N-terminal (Figura 4).



**Figura 4:** Mapa dos vetores da plataforma Gateway<sup>®</sup> utilizados: A) vetor de entrada pDONR<sup>TM</sup>221 - Em destaque o sítio de inserção do gene com os adaptadores attP1 e attP2 que permitem a recombinação com os adaptadores attB1 e attB2 do gene; B) vetor de expressão pDEST<sup>TM</sup>17, destacando as principais características do vetor, como o promotor T7, a seqüência codificadora de 6 histidinas, sítios attR de recombinação com os sítios attL dos clones de entrada, gene ccdB. (Adaptado do Manual Gateway<sup>®</sup> Technology - Invitrogen).

### 3.3.3. Obtenção dos clones de entrada

A inserção dos produtos de PCR no vetor pDONR<sup>TM</sup>221 foi realizada conforme orientações do fabricante (*Gateway BP clonase Enzyme mix*). A reação foi feita com 150 ng do produto de PCR, 150 ng do plasmídeo pDONR<sup>TM</sup>221 num volume final de 10  $\mu$ L completados com TE e incubada a 25°C por 16 horas. Após esta etapa, foram adicionados 2  $\mu$ g de proteinase K e a reação incubada por 10 minutos a 37°C.



**Figura 5:** Esquema de recombinações entre os vetores da plataforma Gateway®. A) Diagrama esquemático mostrando a recombinação entre os sítios *attB* e *attP*, para a obtenção do clone de entrada. pDONR 221 é um dos vetores disponíveis para entrada na plataforma Gateway. B) Diagrama esquemático mostrando a recombinação entre os sítios *attL* e *attR*, para a obtenção do clone de expressão. pDEST17 foi usado como exemplo de vetor de destinação (Adaptado de Manual Gateway® Technology - Invitrogen).

Após a conclusão dessa etapa, os clones em pDONR<sup>TM</sup>221 foram transformados em células cálcio-competentes de *E.coli* da linhagem DH5 $\alpha$ . Para isso, 1  $\mu$ L da reação BP foi adicionado a 50  $\mu$ L de células cálcio-competentes. Estas células permaneceram no gelo por 30 minutos e, em seguida, foram incubadas a 42°C por 2 minutos, sendo colocadas novamente no gelo. As células foram transferidas para um tubo de ensaio contendo 1 mL de meio LB sem antibióticos para que começassem a expressar o gene de resistência ao antibiótico. Essa incubação foi de 45 min à 37° C sob agitação (220 rpm). Após esse período a cultura foi plaqueada em meio LB sólido contendo kanamicina (25 mg/mL) e incubadas 16 horas a 37° C.

Para verificar a presença de clones com os insertos de interesse, foram feitas PCR de colônia, seguindo o protocolo do fabricante da enzima *Platinum*<sup>®</sup> Pfx DNA Polimerase (Invitrogen). As colônias selecionadas foram inoculadas em 5 mL de meio LB contendo kanamicina (25 mg/mL) e incubadas por 16 horas a 37° C sob agitação (220 rpm). A purificação do plasmídeo foi realizada com o Kit QIAprep Spin Miniprep (Qiagen) conforme orientações do fabricante.

### 3.3.4. Obtenção dos clones de expressão

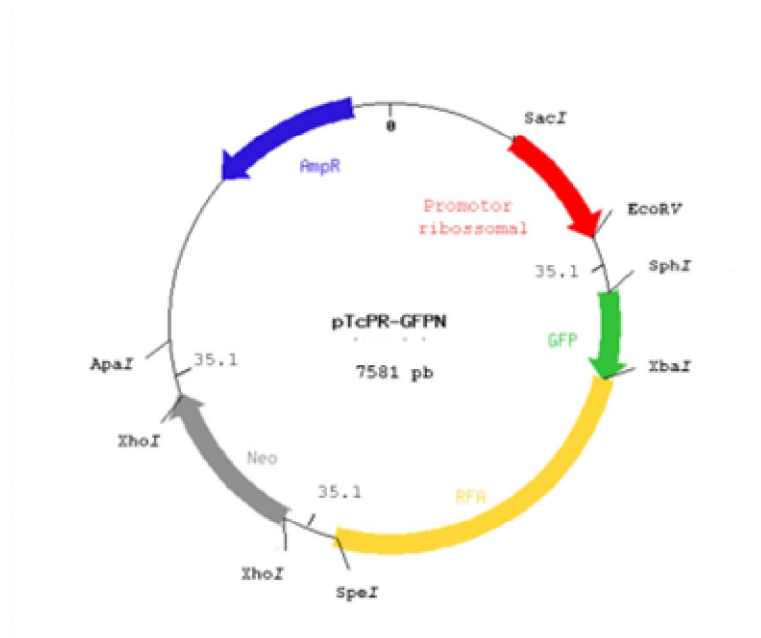
A troca de insertos entre os vetores de entrada e destino, denominada de reação LR, foi realizada conforme orientações do fabricante (*Gateway LR clonase Enzyme mix*). Para isso, 150 ng do vetor de entrada, pDONR<sup>TM</sup>221 ou pENTR<sup>TM</sup>/D-TOPO<sup>®</sup> contendo o gene de interesse, foram adicionadas a 150 ng do vetor pDEST<sup>TM</sup>17, e o volume final da reação foi ajustado para 10  $\mu$ l com TE. A reação foi incubada a 25°C por 16 horas. Após esta etapa, foram adicionados 2  $\mu$ g de proteinase K e a reação incubada por 10 minutos a 37°C.

Células cálcio-competentes da linhagem de *E.coli* DH5 $\alpha$  foram transformadas com o produto da recombinação conforme descrito anteriormente, semeadas em placas de LB contendo ampicilina (100 mg/L) e incubadas a 37 °C durante 16 horas.

A verificação de clones de destino positivos foi realizada através de PCR de colônias conforme descrito anteriormente (Item 3.2.3). O seqüenciamento dos clones obtidos foi realizado com o *Kit BigDye<sup>TM</sup> Terminator ready Reaction Mix* baseado na técnica descrita por Sanger e colaboradores (1977) utilizando os iniciadores que flanqueiam o inserto e/ou vetor. As reações foram aplicadas em um sequenciador automático de DNA, modelo 3100 Genetic analyzer (Applied Biosystems), de acordo com as instruções do fabricante.

### **3.3.5. Obtenção de clones fusionados a proteína fluorescente verde (GFP)**

Foram construídos em nosso instituto vetores para expressão de proteínas em *T.cruzi* que permitem a rápida clonagem de genes através do sistema Gateway® (Batista, 2008). O plasmideo pTcPR-GFPN para *T. cruzi* possui a região 35.1 como intergênica, além da etiqueta GFP, promotores (ribossomal de *T. cruzi* Dm28c e do bacteriófago T7) e resistências a antibióticos (higromicina e G418), permitindo a caracterização de genes de interesse (Figura 6). A reação de recombinação foi realizada como descrito no item acima a partir de clones de entrada (pDONR221) e selecionados por PCR de colônia. Os clones positivos tiveram o DNA plasmidial extraído sendo que esse DNA foi utilizado para transfecção em *T. cruzi* e obtenção de clones que expressam a proteína de interesse fusionada a etiqueta de GFP que permite determinar a localização da proteína no parasita.



**Figura 6.** Desenho esquemático do plasmídeo pTcPR-GFPN. Os sítios das enzimas de restrição estão indicados em preto. AmpR – gene que confere resistência a ampicilina, Neo – gene que confere resistência a Neomicina, GFP – gene que codifica para a proteína fluorescente verde, RFA região de recombinação (adaptado de Batista, 2008).

### 3.3.6. Expressão e purificação das proteínas

A expressão das proteínas foi feita primeiramente em pequena escala a fim de se aperfeiçoar as condições de expressão e verificar a solubilidade das mesmas. Assim, células da linhagem de *E.coli* BL21(DE3) pLysE transformadas com o vetor pDEST<sup>TM</sup>17 contendo o gene de interesse, em fase logarítmica de crescimento ( $DO_{600nm}$  entre 0,6 e 0,8) foram induzidas através da adição de concentrações variáveis de IPTG (0,1 a 1 mM) e incubadas em diferentes temperaturas (20 e 37 °C). Uma vez estabelecidas as condições mais favoráveis, a expressão foi realizada em maior escala. As células foram crescidas em 300 mL de meio LB acrescido de cloranfenicol (25 mg/L) e ampicilina (100 mg/L), e quando atingiram a fase logarítmica de crescimento foram induzidas com 1 mM de IPTG e mantidas a 37 °C sob agitação (200 rpm) por duas horas. Uma alíquota de 5 mL foi



retirada desta cultura antes da adição de IPTG e mantida nas mesmas condições de incubação para servir como controle negativo. Após este período a cultura foi centrifugada a 5.000 x g por 5 minutos a 4°C. O sobrenadante foi descartado, o precipitado ressuspenso em tampão de sonicação (NaCl 300 mM; fosfato de sódio monobásico 50 mM; e imidazol 10 mM ) e sonicado em banho de gelo por 9 ciclos de 15 segundos com intervalos de 1 minuto em potência 8 (*Ultrasonic homogeneizer, Cole-Parmer*). Após a lise as células foram centrifugadas a 10.000 x g por 15 minutos a 4°C para a obtenção das frações denominadas solúveis e insolúveis. A fração solúvel é constituída pelo sobrenadante obtido após a centrifugação, a qual foi armazenada a -20°C. O precipitado foi ressuspenso em tampão de solubilização (NaCl 300 mM; NaH<sub>2</sub>PO<sub>4</sub> 100 mM; Tris-HCl 10 mM pH 8,0; imidazol 10 mM e uréia 8 M) e em seguida sonicado e centrifugado conforme descrito acima. O sobrenadante desta centrifugação foi denominado fração insolúvel e armazenado a -20°C. Alíquotas das frações (solúvel, insolúvel e controle não-induzido) foram analisadas em gel SDS-PAGE (tampão SDS-PAGE: glicina 192 mM; Tris 25 mM; SDS 0,1%) conforme descrito por (Laemmli, 1970).

A clonagem dos genes de interesse no vetor de expressão pDEST<sup>TM</sup>17 possibilitou a inserção de um resíduo de 6 histidinas na porção amino-terminal das proteínas. As proteínas recombinantes foram purificadas por cromatografia de afinidade em coluna de Ni-NTA. O NTA interage com os íons (Zn<sup>2+</sup>, Ni<sup>2+</sup>, Mn<sup>2+</sup>) e estes com a cauda de histidinas. A eluição das proteínas foi obtida pela adição de imidazol, um análogo estrutural da histidina, que se liga à resina de Ni-NTA deslocando a proteína.

A coluna de afinidade contendo a resina Ni-NTA (Qiagen) previamente empacotada (1 mL de resina), foi lavada e equilibrada com 10 volumes de tampão de sonicação. Feito isso, a solução de proteína solubilizada (proveniente da fração insolúvel descrita acima) foi aplicada na coluna. Esta mistura foi incubada por uma hora a temperatura ambiente em agitador orbital ou por 16 horas à 4°C. Após a incubação, a solução contendo as

proteínas que não se ligaram à resina foi recolhida, sendo denominada *flowthrough* (FT). Para retirar proteínas contaminantes da resina, foram feitas cinco lavagens com 10 mL de tampão de lavagem (NaCl 300 mM; NaH<sub>2</sub>PO<sub>4</sub> 100 mM; imidazol 20 mM e uréia 8 M) e as amostras provenientes deste processo foram armazenadas para verificar a qualidade do processo de purificação. Para eluir a proteína de interesse, foram adicionados 500 µL de tampão de eluição (NaCl 300 mM; NaH<sub>2</sub>PO<sub>4</sub> 100 mM ; 300 mM imidazol e uréia 8 M) à resina e este processo foi repetido por mais 5 vezes. Todas as amostras (alíquotas do FT, dos lavados e dos eluídos) foram analisadas em gel SDS-PAGE e armazenadas a -20 °C.

Para obter proteínas recombinantes com maior grau de pureza, as frações eluídas com imidazol foram aplicadas em gel SDS-PAGE preparativo. A concentração de acrilamida utilizada foi de 13%, utilizando 15 mA de corrente elétrica por gel. Após a corrida, o gel foi corado com KCl 100 mM e a banda referente à proteína de interesse foi removida. Para retirar a proteína desejada da matriz do gel de acrilamida foi utilizado o processo de eletroeluição. A banda foi colocada em uma membrana de diálise (Sigma-Aldrich) com 1 mL de tampão de SDS-PAGE. Feito isto, as membranas com as extremidades seladas foram colocadas dentro de uma cuba eletroforética contendo tampão SDS-PAGE e submetidas a uma corrente de 50 mA por 2 horas. Após este período, o líquido presente dentro da membrana foi coletado e a concentração de proteína foi dosada por espectrofotometria.

#### **3.4. PRODUÇÃO DE ANTICORPOS POLICLONAIS E ANÁLISES POR *WESTERN BLOTTING***

A proteína recombinante ZF-211.70 foi inoculada em camundongos da linhagem BALB/c. Para a primeira imunização foram utilizados 50 µg de proteína recombinante recuperada do gel preparativo como descrito anteriormente. A proteína foi diluída em 1 volume do adjuvante Freund completo e administrada por via intraperitoneal em cinco

camundongos machos. Uma semana após a primeira inoculação os animais receberam a segunda dose do antígeno misturada em igual volume do adjuvante Freund incompleto. Foram realizadas três inoculações subseqüentes com intervalos de sete dias. Após a última inoculação procedeu-se à coleta do soro. Os animais foram sedados com 0,2 mg de cetamina e 2 mg de xilasina, o sangue foi coletado por punção cardíaca, incubado por 5 minutos a 37°C e em seguida centrifugado por 10 minutos a 1.500 x g, para a obtenção do soro que foi aliquoteado e armazenado a -20 °C.

As proteínas recombinantes EF1- $\alpha$ , PF2 $\alpha$ S e PFS foram utilizadas para imunização em coelhos. As imunizações em coelhos foram feitas pelo serviço de produção de anticorpos do laboratório de imunologia do Centro de Biotecnologia da Universidade Federal do Rio Grande do Sul. Foram utilizados 100  $\mu$ g de proteína purificada para cada inoculação em dois animais. Foram realizadas quatro inoculações com intervalos de catorze dias. Dez dias após a última inoculação o sangue dos animais foi coletado aliquoteado e armazenado a -20 °C..

Para os ensaios de *Western blotting* (Towbin *et al.*, 1979), aproximadamente 200 ng de proteína recombinante e extrato protéico de epimastigotas equivalentes a  $5 \times 10^6$  células ou 10  $\mu$ g de proteínas foram submetidos à eletroforese em gel SDS-PAGE. Após a eletroforese, as proteínas foram transferidas para uma membrana de nitrocelulose por duas horas a 60 V ou 16 horas à 20 V. Terminada a transferência, a membrana foi corada com solução de Ponceau (Ponceau S 0,5% e ácido acético 1%) para verificar a qualidade da transferência e em seguida descorada em água destilada e incubada em solução de bloqueio (PBS, Tween 20 0,1% e leite em pó desnatado 5%) por uma hora à temperatura ambiente ou 16 horas a 4 °C. Após essa incubação, a membrana foi colocada em 1 mL de PBS/Tween 0,1% contendo o anticorpo primário (policlonal obtido) permanecendo por uma hora a 37 °C e, em seguida, lavada três vezes por 5 minutos com 50 mL de PBS/Tween 0,1%. A membrana foi incubada com o segundo anticorpo anti-IgG de camundongo ou coelho conjugado com fosfatase alcalina, diluído em PBS/Tween 0,1% e

incubada por 45 minutos a temperatura ambiente. As membranas foram novamente lavadas como descrito acima. A seguir as membranas foram reveladas com 66  $\mu\text{L}$  de NBT (cromógeno) e 33  $\mu\text{L}$  de BCIP (substrato), diluídos em 10 mL de tampão para fosfatase alcalina (Tris-HCl 100 mM pH 9,5; NaCl 100 mM e  $\text{MgCl}_2$  5 mM). A reação de revelação foi bloqueada através da lavagem da membrana em EDTA 1 mM diluído em água.

### 3.5. ENSAIOS DE SEDIMENTAÇÃO EM GRADIENTES DE SACAROSE

Os polissomos de *T. cruzi* foram purificados e separados em gradientes de densidade de sacarose segundo Holetz, 2008. O extrato citoplasmático de  $10^9$  células (epimastigotas em fase logarítmica de crescimento e epimastigotas sob estresse nutricional) foi incubado com 100  $\mu\text{g/mL}$  de cicloheximida por 10 minutos em temperatura ambiente para a estabilização de mRNAs envolvidos na tradução na forma de polissomos. As células foram centrifugadas a 7.000 x g por 10 minutos a 4°C e lavadas duas vezes com tampão TKM (Tris-HCl 10 mM pH 7,4; KCl 300 mM e  $\text{MgCl}_2$  10 mM) suplementado com cicloheximida. Após descartar o sobrenadante, as células foram ressuspensas em 900  $\mu\text{L}$  de TKM suplementado com 100  $\mu\text{g/mL}$  de cicloheximida, 10  $\mu\text{g/mL}$  de heparina, 10  $\mu\text{M}$  de E-64 e 1 mM de PMSF. A suspensão foi transferida para novo tubo contendo 100  $\mu\text{L}$  de tampão e lise (tampão TKM acrescido de 10% de NP-40 e 2 M de sacarose) e homogeneizada por pipetagem. A lise foi monitorada em microscópio. O lisado foi então centrifugado a 16.000 x g por 5 minutos a 4°C e o sobrenadante (500  $\mu\text{L}$  equivalentes a  $5 \times 10^8$  células) foi adicionado no topo do gradiente de sacarose linear (15 - 55%) preparado em tampão TKM acrescido dos inibidores já mencionados. O gradiente foi centrifugado a 192.000 x g por 2 horas a 4 °C em ultra centrífuga Beckman com rotor SW40.

Para os ensaios de dissociação de polissomos com EDTA, o sobrenadante obtido após a lise foi tratado com 100 mM de EDTA, incubado por 30 minutos em gelo com

agitação em vórtex a cada 5 minutos e adicionado sobre o gradiente de sacarose preparado nas mesmas condições citadas, porém, sem adição de cicloheximida.

Nos ensaios de dissociação com puromicina,  $10^9$  células das diferentes etapas de diferenciação de *T. cruzi* foram incubadas com 2 mM de puromicina por uma hora a 28°C. Após a incubação as células foram centrifugadas a 7.000 x g por 10 minutos a 4°C e lavadas duas vezes com tampão TKM-P (Tris-HCl 10 mM pH 7,4; KCl 500 mM; MgCl<sub>2</sub> 2 mM). As condições de lise foram as mesmas já mencionadas para os testes com cicloheximida alterando-se apenas a composição do tampão de lise (tampão TKM-P acrescido de 10% de NP-40, 2 M de sacarose e 2 mM de puromicina). O sobrenadante obtido após a lise foi adicionado no topo do gradiente de sacarose preparado com tampão TKM-P e centrifugado em ultracentrífuga como descrito acima.

Após a centrifugação dos gradientes de sacarose, 500 µL de cada fração foram coletados utilizando o equipamento ISCO. Este equipamento destina-se à coleta e quantificação de frações de gradientes de densidade e fornece um perfil de absorbância contínuo (280 nm) à medida que as frações são coletadas. O fracionamento é obtido com a introdução de uma solução pesada (sacarose 60%) que é injetada perfurando-se a base do tubo que contém o gradiente previamente centrifugado. As frações foram aplicadas em gel SDS-PAGE (30 µL de cada fração), submetidas à eletroforese e ensaiadas por *Western blotting* com os anti-soros para as proteínas deste trabalho.

### **3.6. TRANSFECCÃO DE *T. CRUZI***

Formas epimastigotas de *T. cruzi* foram cultivadas em meio LIT até  $2 \times 10^7$  células/mL. Os parasitas ( $1 \times 10^8$  células) foram coletados por centrifugação a 7.000 x g por 5 min a 4°C. O sedimento celular foi lavado com PBS estéril e ressuspenso em 1 ml de solução de eletroporação. Volumes correspondentes a 400 µL da suspensão de células foram transferidos para cubetas de eletroporação estéreis (0,2 cm de GAP) (BioAgency) e

pré-resfriadas. O controle do experimento foi apenas a suspensão de parasitas. Após 10 minutos no gelo, as amostras foram submetidas a 2 pulsos de 450 volts, 500  $\mu$ F, utilizando o eletroporador GenePulser® II Apparatus (Bio-Rad). As amostras foram incubadas novamente por 5 a 10 minutos no gelo e em seguida transferidas para garrafas de cultura de 25 cm<sup>2</sup>, contendo 10 mL de meio LIT (suplementado com 10.000 U de penicilina e estreptomicina a 10  $\mu$ g/mL). As culturas foram então incubadas a 28 °C. Após 24 horas de incubação adicionou-se o antibiótico G418 na concentração de 300  $\mu$ g/mL. As culturas foram mantidas por sucessivas passagens (diluição de 1:10) em meio LIT suplementado com G418 a cada 8-10 dias, até a ausência de proliferação celular na cultura controle. Após 3 ou 4 passagens, um volume de cultura ( $5 \times 10^5$  parasitas) resistente ao antibiótico G418 (transfectada com o cassete NEO) foi então espalhado sobre meio LIT solidificado, suplementado com G418 300  $\mu$ g/mL, para obtenção de clones de parasitas. Os parasitas foram testados quanto a localização da proteína no parasita por imunofluorescência direta (Anexo 3).

### 3.6.1. Visualização da Proteína Fluorescente verde GFP

As células de *T. cruzi* transfectadas com os vetores pTcPR-GFPN, foram visualizadas ao microscópio de fluorescência após o seguinte procedimento: As lâminas foram tratadas com poli-L-lisina por 20 min a 37°C. Epimastigotas em fase logarítmica de crescimento ( $5 \times 10^6$ ) foram centrifugados por 1 min a 5.000 x g e lavados 2 vezes com PBS nas mesmas condições de centrifugação. O sedimento de células lavadas foi ressuspenso em 50  $\mu$ L de PBS e 10  $\mu$ L destes foram adicionados às lamínulas e incubados por 3 min para aderir. O excesso de parasitas foi removido com uma lavagem em PBS. As lâminas foram seladas em lamínula, seladas com esmalte e visualizadas ao microscópio de fluorescência Nikon Eclipse E 600 (Anexo 3).

### 3.7. ENSAIOS DE IMUNOLocalização POR FLUORESCÊNCIA INDIRETA

Para verificar a localização celular das proteínas selecionadas foi utilizada a técnica de imunofluorescência utilizando os anticorpos policlonais obtidos neste trabalho. Foram realizados também ensaios de co-localização entre as proteínas ZF-211.70 (ligadora de RNA) e TcDhh1, utilizando para isso anti-soros gentilmente cedidos por Fabiola B. Holetz. Vários ensaios foram realizados até que a melhor diluição de cada anti-soro fosse determinada. Para os ensaios com os soros obtidos antes das inoculações das proteínas recombinantes em camundongos ou coelhos (pré-imune), foi utilizada a menor diluição como controle.

Os parasitas em estágios distintos de diferenciação foram centrifugados a 5.000 x g por 2 minutos, lavados duas vezes em PBS e ressuspensos na mesma solução de lavagem numa densidade de  $10^7$  células. As células foram adicionadas em lâminas com campos delimitados por teflon previamente tratados com poli-L-lisina. Em cada campo foram adicionados  $2 \times 10^6$  parasitas e as lâminas foram incubadas em câmara úmida por 10 minutos. Após esta etapa, o excesso de solução foi retirado com pipeta e os parasitas aderidos foram fixados com paraformaldeído 4% em PBS durante 10 minutos. As células foram lavadas duas vezes com PBS e este processo se repetiu entre cada etapa seguinte. As células foram tratadas com  $\text{NH}_4\text{Cl}$  50 mM por 10 minutos, permeabilizadas com Triton X-100 0,1% em PBS durante 2 minutos e bloqueadas BSA 1% em PBS por 16 horas a 4°C e esta solução também foi utilizada para diluir os anticorpos. Os parasitas foram incubados com o anticorpo primário durante uma hora a 37°C e lavados três vezes por imersão em PBS por 5 minutos. O anticorpo secundário foi adicionado e as etapas de incubação e lavagem repetidas. O núcleo e o cinetoplasto das células foram corados com DAPI (1  $\mu\text{g}/\text{mL}$ ) diluídos em solução de bloqueio durante 15 minutos. Após esta etapa as lâminas foram lavadas cinco vezes por imersão em PBS e sobre cada campo foram

adicionados 10  $\mu$ L de n-propil-galato. As lâminas foram seladas com lamínulas e observadas no microscópio de fluorescência Nikon E600 com a objetiva de 100 x. As imagens foram capturadas usando a câmera CoolSnap (*Media Cybernetics*) e analisadas com o programa Image Pro-Plus v. 4.5.1.22 (*Media Cybernetics*).

Nos ensaios de co-localização os anticorpos primários obtidos em camundongo e coelho foram diluídos na mesma solução de bloqueio. O mesmo protocolo foi utilizado para os anticorpos secundários anti-IgG de camundongo e coelho marcados com os fluoróforos Alexa 488 e Alexa 546 utilizados em uma diluição de 1:400. O tratamento das células com cicloheximida e puromicina foi o mesmo descrito no item 3.5 e as análises de co-localização foram realizadas com o programa descrito acima.

### 3.8. ISOLAMENTO DE MRNPS

Para o isolamento da fração polissomal ( $5 \times 10^9$ ) as formas epimastigotas e epimastigotas sob estresse nutricional foram incubadas com 100  $\mu$ g/ml de cicloheximida. Os parasitas foram então centrifugados por 5 min a 7000 x g. O sedimento de parasitas foi lavado duas vezes com tampão NKM (NaCl 140 mM; KCl 5 mM e MgCl<sub>2</sub> 1,5 mM) suplementado com cicloheximida e 5 mM de 2-mercaptoetanol e lisados com adição de 1% de Nonidet P-40. A lise foi acompanhada em microscópio ótico e interrompida com 250 mM de sacarose. O lisado foi centrifugado a 10.000 x g por 30 min à 4°C. As frações polissomal e pós-polissomal foram separadas por ultracentrifugação a 192.000 x g por 2 horas à 4°C em um colchão de sacarose 2 M (Goldenberg *et al.*, 1985).

O sedimento de polissomos (fração polissomal) foi solubilizado em tampão de ressuspensão (NaCl 100 mM; Tris-HCl 10 mM pH 7,5; NP-40 0,2% e EDTA 10 mM). O sobrenadante (fração pós-polissomal) também foi acrescido de 10 mM de EDTA para dissociação de ribossomos. Os mRNPs do sedimento de polissomos e do sobrenadante pós-polissomal foram isolados através da incubação com 20 mg/mL de microesferas



eltromagnéticas oligo-(d)T devidamente equilibradas no mesmo tampão de ressuspensão dos polissomos acrescidas de 40 U/mL de RnaseOUT<sup>TM</sup>. O sistema foi incubado durante 16 horas a 4°C. As microesferas ligadas aos mRNPs foram capturadas com o uso de estante imantada, lavadas duas vezes com tampão de lavagem (NaCl 150 mM ou 300 mM; TrisHCl 10 mM pH 7,5; EDTA 10 mM e NP-40 0,2%), ressuspensas em 1 mL do mesmo tampão e transferidas para um tubo de 1,5 mL. Nessa etapa, dois tratamentos foram realizados separadamente: um protocolo para o isolamento das proteínas e outro para o isolamento dos mRNAs. As proteínas foram eluídas após a fervura das microesferas com 50 µL de SDS 0,2% por cinco minutos. Após o resfriamento em gelo, foram adicionados à mistura 350 µL de tampão de proteômica (uréia 7M; tio-uréia 2M; CHAPS 2%; Triton 2%; DTT 1%; nuclease 1:100 e inibidor de protease 1:100). As microesferas foram capturadas e o sobrenadante foi mantido à temperatura ambiente por 30 minutos para ação da nuclease do tampão. As amostras foram estocadas a -80 °C e enviadas para a análise por espectrometria de massas acoplada a cromatografia líquida de alta resolução. Estas análises foram feitas em parceria com o laboratório chefiado pelo Dr. Gregory Buck na Virginia Commonwealth University (VCU). Os mRNAs foram eluídos após a adição de 100 µL de Tris-HCl 10 mM pH 7,5 aquecido á 65°C por 5 minutos. As microesferas foram capturadas e o sobrenadante contendo os mRNAs foi coletado em tubo novo e imediatamente purificados com o kit RNeasy® de acordo com o protocolo “*Animal Cells I*” com o passo adicional de tratamento com DNase na própria coluna, eluídos com 60 µL de água e dosados em espectrofotômetro.

### 3.9. ENSAIOS DE IMUNOPRECIPITAÇÃO PARA A ANÁLISE DOS MRNAs PRESENTES NOS GRÂNULOS – RIBONÔMICA

Os ensaios de imunoprecipitação foram realizados com os anticorpos anti EF1- $\alpha$ , PF2 $\alpha$ S e PFS com extratos citoplasmáticos de epimastigotas em fase logarítmica de crescimento e epimastigotas submetidos a estresse nutricional.

Os anticorpos foram incubados com a resina contendo proteína A Sepharose durante 16 horas a 4 °C em agitador orbital. Para isso, 50  $\mu$ L de anti-soro foram misturados com 150  $\mu$ L da resina e 1  $\mu$ L de RNaseOUT™. Após a incubação, a resina foi coletada por centrifugação.

Os extratos citoplasmáticos de *T. cruzi* foram obtidos durante a etapa de incubação do anti-soro com a resina. Para isso,  $2 \times 10^9$  parasitas foram lavados com PBS conforme descrito no item 3.3.6. e incubados com 2 mL de tampão de lise IMP1 (KCl 100 mM; MgCl<sub>2</sub> 5 mM; Hepes 10 mM pH 7,0 e NP-40 0,5%) por duas horas em gelo, sob moderada agitação. A lise dos parasitas foi monitorada em microscópio ótico. O extrato citoplasmático foi obtido após centrifugação a 7.000 x g por 20 minutos a 4°C e 1 mL deste extrato, referente à lise de  $2 \times 10^9$  parasitas, foi incubado com a resina previamente ligada aos anticorpos ou aos soros pré-imune, como descrito acima, por 2 horas a 4°C sob agitação branda.

Após a incubação a resina foi coletada por centrifugação e o sobrenadante obtido (denominado FT = *flowthrough*) serviu como controle. A resina foi lavada três vezes com tampão IMP1. Os RNAs presentes no sobrenadante (FT) e na resina (IP = imunoprecipitado) foram purificados com o kit RNeasy® de acordo com o protocolo “*Animal Cells I*” com o passo adicional de tratamento com DNase na própria coluna, eluídos com 60  $\mu$ L de água e dosados em espectrofotômetro (Anexo 4).

### 3.10. MICROARRANJO

#### 3.10.1 Amplificação de RNA *in vitro*

A amplificação do RNA foi realizada utilizando-se o kit Amino Allyl MessageAmp™ aRNA conforme protocolo do fabricante. O cDNA foi purificado em colunas de afinidade do próprio kit e a transcrição ocorreu após a adição de dNTPs 10mM, T7 *reaction buffer* e T7 *enzyme mix*, por 14 horas a 37°C. Após esta incubação, o DNA foi degradado com DNase I. O cRNA foi purificado em colunas de afinidade do próprio kit e eluído com 100 µL de água. A quantidade e a qualidade do cRNA foram determinadas através do equipamento NanoDrop™ 1000 (Thermo Scientific).

#### 3.10.2. Marcação das amostras de cRNA com fluoróforos e hibridação em microarranjo de DNA de *T. cruzi*

As amostras de cRNA foram convertidas em cDNA e a marcação ocorreu durante a síntese da 2ª fita. As amostras de cRNA (2 µg) foram retro-transcritas utilizando-se 2000 pmol de hexâmeros aleatórios, 25 pmol de cada dNTP, 2 µL de transcriptase reversa nas condições tampões recomendadas para a enzima, 60U de RNaseOUT™, em um volume final de 30 µL, durante 2 horas a 42 °C. O RNA foi degradado após a adição de 15 µL de NaOH 0,1 N e incubação a 70 °C, por 10 minutos. O pH da solução foi neutralizado com a adição de 15 µL de HCl 0,1 N e as amostras foram concentradas e purificadas após a adição de 400 µL de H<sub>2</sub>O e centrifugação em colunas Microcon 30 a 12.000 x g. A segunda fita foi sintetizada num volume final de 50 µL por duas horas a 37°C, com 20 µL de *Random Primers Solution* e 40 U da enzima *Klenow* (ambos os reagentes do kit

*BioPrime DNA Labeling System*), 6 nmol de dATPs, dGTPs e dTTPs, 3 nmol de dCTPs e 2 nmol de dCTP-Cy3 ou dCTP-Cy5. Após quatro lavagens com 400  $\mu$ L de H<sub>2</sub>O em colunas microcon 30, as amostras foram concentradas em 20  $\mu$ L, misturadas com 100  $\mu$ L de solução de hibridação (SSC 6 X; Denhardt's 5 X; DNA de esperma de salmão tipo III fragmentado e desnaturado 0,25 mg/ml; SDS 0,5 % e formamida 50 %), desnaturadas e colocadas sobre as lâminas de microarranjo previamente posicionadas na estação de hibridização (*GeneTAC HybStation – PerkinElmer*).

As etapas de hibridação e lavagens pós-hibridação foram totalmente automatizadas. As hibridações ocorreram durante 16 horas a 42 °C. As lavagens pós-hibridação foram realizadas com a solução de lavagem (SDS 0,01 % (p/v) e SSC 0,5 X), seguida pela lavagem com a solução de SSC 0,06 X, duas vezes por 5 minutos à temperatura ambiente com cada solução.

### **3.10.3. Leitura, análise e tratamento das imagens e sinais obtidos**

Após as lavagens pós-hibridação, as lâminas foram secas por centrifugação e escaneadas usando o sistema *Array Express* (Perkin Elmer). O sistema conta com um laser e dois canais com faixas de comprimentos de onda específicos para excitar os fluoróforos Cy3 e Cy5. A fluorescência emitida pelos fluoróforos é captada por um detector. A imagem formada por cada comprimento de onda foi registrada em formato TIFF e utilizada posteriormente nas análises utilizando o programa Spot. Este software determina o posicionamento, a área e as fronteiras de cada spot para cada canal de fluorescência, criando uma máscara formada pelos spots do microarranjo. Em seguida, o software R (*R Development Core and Team*) foi usado para remover dos spots a fluorescência inespecífica presente no restante da lâmina. A cada pixel de um spot é atribuído um valor numérico que varia de 0 a 65.535, de acordo com a intensidade de fluorescência de cada um deles. O valor atribuído a um spot é determinado pela mediana

dos valores dos pixels que o compõe. O *software Bioconductor* (Dudoit *et al.*, 2003) foi usado para transformar os valores de intensidade em logaritmo de base dois.

### 3.10.3.1 Normalização dos Dados

Os dados de intensidade de fluorescência do microarranjo devem ser normalizados antes de serem comparados para determinar a ocorrência de expressão diferencial. Isso se faz necessário porque há grandes diferenças na quantidade absoluta de mRNA entre diferentes estágios morfológicos do *T. cruzi*. Somado a isso, passos intermediários do processo como amplificação de mRNA, marcação com fluoróforos e hibridização, são susceptíveis a variação, com conseqüente introdução de erros. Na etapa de obtenção das imagens do microarranjo, todas essas variáveis podem contribuir para a geração de um sinal mais forte nos estágios do *T. cruzi* em que determinado mRNA seja mais abundante, sem que isso de fato represente um padrão aumentado de expressão quando comparado aos demais mRNAs deste mesmo estágio. Assim, algumas regras foram aplicadas para tornar os dados conseguidos até esta etapa do microarranjo mais próximos aos níveis de mRNA presentes nas amostras iniciais.

O software utilizado para a normalização foi o LIMMA. O critério escolhido foi o de normalização global não-linear pelo método de Lowess, um método conservador que maximiza a semelhança entre as amostras e que considera outras variáveis no momento da normalização, como o pino utilizado para depositar a sonda, a intensidade média do spot ou/e a região do microarranjo na qual a sonda foi depositada. A normalização foi feita em cada lâmina do microarranjo e em seguida entre lâminas, a fim de corrigir as diferenças de intensidade média em cada lâmina por meio da equalização das curvas de distribuição de intensidade das sondas de todos os microarranjos de um experimento.

### 3.10.3.2 Identificação das diferenças nas comparações de interesse

A fim de comparar duas amostras para saber quais genes foram diferencialmente expressos, foi aplicado o teste SAM (*Significance Analysis of Microarrays*), uma versão modificada do teste t de Student que contempla em suas análises as peculiaridades presentes em experimentos de microarranjo.

### 3.11. HIBRIDAÇÃO FLUORESCENTE *IN SITU* – FISH

#### 3.11.1. Clonagem dos genes da $\alpha$ -tubulina e PFR2

Os genes escolhidos para a padronização da técnica de hibridação fluorescente *in situ* foram os que codificam para a  $\alpha$ -tubulina e para a PFR2. Os oligonucleotídeos foram desenhados para permitir a clonagem de uma porção dos genes e não sua sequência completa. No caso da  $\alpha$ -tubulina o fragmento amplificado possui aproximadamente 90 pb enquanto que para a PFR2 o amplicon obtido possui 330 pb (Tabela 2). Essa variação no tamanho foi utilizada como mais um parâmetro visando aperfeiçoar a técnica.

Para a amplificação do gene da  $\alpha$ -tubulina e PFR as condições de amplificação determinadas foram as seguintes: 100 ng de DNA genômico de *T. cruzi* em uma reação com volume final de 20  $\mu$ L contendo 10 pmol de cada um dos iniciadores, 250  $\mu$ M de dNTPs, 10 mM de  $MgCl_2$  e a enzima *Taq* DNA Polimerase (Promega) diluídos conforme recomendado pelo fabricante. A ciclagem consistiu de um passo inicial de três minutos a 94 °C, seguido por 35 ciclos de 30 segundos a 94 °C, 30 segundos a 60 °C e 45 segundos a 72 °C. Para amplificar o gene que codifica para a PFR2 a temperatura de anelamento dos oligonucleotídeos foi de 55°C sendo que a sequência das etapas foi idêntica para ambos os genes.

**Tabela 2.** Sequência nucleotídica dos oligonucleotídeos iniciadores utilizados para amplificação dos genes de interesse para FISH.

Gene	Sequência dos oligonucleotídeos
$\alpha$ -tubulina	F 5' TCGGCGGAGAAGGCATACCAC
	R 5' TCATCATCGACGCCGGCTCAAACA
PFR2	F 5' AACGCGAAGAAGCACTCGG
	R 5' GATCTGCTGCACCGTCTTG

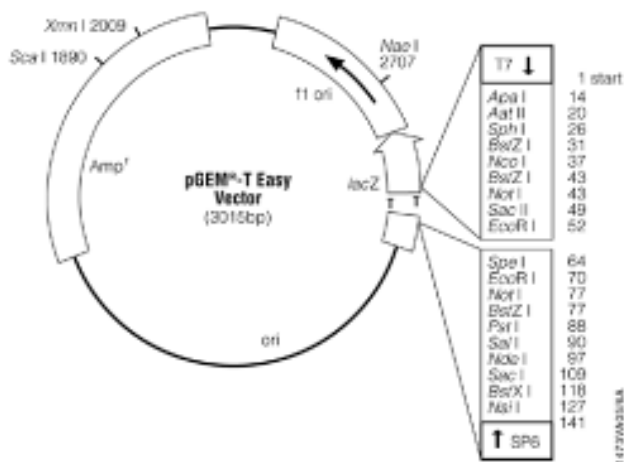
F- *forward* (direto), R - reverso

### 3.11.1.1 Purificação dos produtos de PCR

Para a purificação dos produtos de PCR utilizou-se o *Kit Promega* (Wizard PCR Preps) DNA Purification System seguindo protocolo do fabricante.

### 3.11.1.2 Clonagem do produto de PCR no vetor pGEM-T *easy*

A clonagem dos fragmentos amplificados foi realizada no vetor pGEM-T *easy* (Promega). O pGEM-T *easy* é um vetor desenhado para clonagem de produtos de PCR. A ligação foi realizada seguindo protocolo do Kit pGEM-T *easy* da Promega (Figura 7). Os plasmídeos ligados foram transformados em *E. coli* cepa XL1-Blue e os clones positivos foram selecionados inicialmente pela coloração da colônia e posteriormente por PCR de colônia conforme procolo do fabricante (Figura 7).



**Figura 7.** Esquema do Vetor pGEM-T *easy* com o sítio de clonagem em destaque. (Technical Manual pGEM-T e pGEM-T easy Vector systems).



### 3.11.2. Produção de sondas de RNA marcadas através de transcrição *in vitro*

As sondas de RNA da  $\alpha$ -tubulina e PFR2 foram produzidas por transcrição *in vitro* em presença de um dNTP fluorescente *Alexa flúor 488-5 UTP* (Molecular Probes). Esse sistema de transcrição possui as RNA polimerases T7/SP6 para produzir ribossondas sentido e anti-sentido segundo protocolos descritos pelo fabricante (Molecular Probes).

Para esse procedimento foram usados 10 mM de rATP, rCTP e rGTP, 0.75 mM de rUTP, 1mM de rUTP-Alexa, tampão para T7 RNA Polimerase (NaCl 25 mM; Tris-HCl 20 mM pH 8.0; MgCl<sub>2</sub> 4 mM e espermidina 1 mM) ou tampão para SP6 RNA Polimerase (20mM Tris-HCl 20 mM pH 7,5; MgCl<sub>2</sub> 3 mMe espermidina 1 mM), inibidor de RNase 40U/mL, 500 ng de DNA linearizado , 2-4 U/mL de T7 e SP6 Polimerases. A reação foi incubada por duas horas a 37°C para T7 e 40°C para SP6. Para a remoção de nucleotídeos livres a solução foi purificada em colunas Sephadex g50 conforme recomendação do fabricante (GE healthcare).

### 3.11.3 Hibridação fluorescente *in situ*

A técnica de FISH foi realizada seguindo o protocolo adaptado de Zeiner e colaboradores (2003). Todas as soluções utilizadas no protocolo descrito abaixo foram preparadas ou tratadas de modo que ficassem RNase free.

Parasitas em fase logarítmica de crescimento ou parasitas sob estresse nutricional foram utilizados para este ensaio. Para tanto, 10<sup>7</sup> parasitas foram centrifugados a 7000 x g por 5 minutos a 4°C e lavados duas vezes em PBS nas mesmas condições de centrifugação. As células foram ressuspensas em 1 mL de tampão de fixação (4% de p-formaldeído, 5% de ácido acético em PBS) e fixadas por 20 minutos à temperatura ambiente. Para a remoção da fluorescência do p-formaldeído as células foram tratadas

com  $\text{NH}_4\text{Cl}$  50 mM por 10 minutos. As células foram então lavadas duas vezes com PBS por 5 minutos a 7000 x g e ressuspensas de modo que ficassem  $5 \times 10^6$  por poço da lâmina. As células aderiram na lâmina por 10 minutos em temperatura ambiente e foram posteriormente desidratadas a  $80^\circ\text{C}$  por 10 minutos. Em seguida foram feitas várias etapas de lavagem: inicialmente duas vezes com SSC 2 X por 5 minutos cada e em seguida duas vezes com formamida 50% e SSC 2 X por 5 minutos cada. Concentrações variáveis de sonda foram testadas (0,1 ng até 10 ng) e diluídas em 20  $\mu\text{l}$  de tampão de hibridação (2,5 mg/ml de tRNA, 0,02% de BSA, formamida 50%, SSC 2X e 40 U/mL de inibidor de RNase – RNaseOUT™). A sonda foi desnaturada a  $75^\circ\text{C}$  por 3 minutos e a hibridação foi realizada em câmara úmida á  $37^\circ\text{C}$  por 16 horas. Várias etapas de lavagem foram realizadas em tampão com concentrações decrescentes de tampão, aumentando o rigor da hibridação, favorecendo assim as interações específicas: duas com formamida 40% em SSC 2X por 5 minutos cada, duas vezes com SSC 2X por 5 minutos cada e por último uma vez SSC 1X por 5 minutos. O núcleo e o cinetoplasto foram corados com  $1\mu\text{g/mL}$  de DAPI por 10 minutos seguido de quatro lavagens com SSC 1 X por 5 minutos. Em cada poço da lâmina foi adicionado 10  $\mu\text{l}$  de N-propil galacto coberto por lamínula e selada com esmalte. A visualização das imagens foi feita no microscópio de fluorescência Nikon E600 com a objetiva de 100 x. As imagens foram capturadas usando a câmara CoolSnap (*Media Cybernetics*) e analisadas com o programa Image Pro-Plus v. 4.5.1.22 (*Media Cybernetics*).

## 4. RESULTADOS

### 4.1 SESSÃO 1 – PROTEÍNAS

4.1.1 Isolamento dos mRNPs

4.1.2 Comparação entre os mRNPs de epimastigotas em fase logarítmica de crescimento e de epimastigotas sob estresse nutricional

4.1.3 Proteínas de metabolismo de RNA

4.1.4 Seleção de genes de interesse para clonagem em *E.coli*

4.1.5 Clonagem e expressão das proteínas recombinantes em *E. coli* dos genes selecionados

4.1.6 Produção de anticorpos policlonais

4.1.7 Análise da expressão das proteínas ao longo do ciclo de vida

4.1.8 Imunolocalização de proteínas e avaliação da resposta a drogas inibidoras de tradução

4.1.9 Análise dos complexos através de gradientes de sedimentação de sacarose

### 4.2 SESSÃO 2 -RNA

4.2.1 Identificação dos mRNAs presentes nas frações polissomal e pós-polissomal de epimastigotas em fase logarítmica de crescimento

4.2.2 Aperfeiçoamento da técnica de hibridação fluorescente *in situ* (FISH)

## 4.1 PROTEÍNAS

### 4.1.1 Isolamento dos mRNPs

Para o isolamento de complexos mRNA-proteínas de *T. cruzi* utilizamos parasitas em fase logarítmica de crescimento e submetidos a estresse nutricional. Para a caracterização desses mRNPs foram isolados complexos proteicos associados a mRNAs não traduzidos (fração pós-polissomal) ou traduzidos (fração polissomal). Inicialmente separamos essas duas frações por ultracentrifugação do lisado pós-mitocondrial em um colchão de sacarose de 2 M. Esse procedimento permitiu a separação do sedimento correspondente a polissomos do sobrenadante pós-polissomal. O sobrenadante dessa centrifugação contém complexos mRNP não associados a polissomas. Os complexos mRNA-proteína de cada fração foram incubados com microesferas oligo(d)T na presença de 10 mM de EDTA para minimizar a interferência ribossomal. Duas concentrações de sal foram utilizadas: 150 mM de NaCl, denominada baixo sal, que visou a manutenção da condição mais próxima a fisiológica e 300 mM de NaCl, que visou a diminuição de ligações espúrias mRNA-proteína ou proteína-proteína, permitindo então a identificação do cerne dos complexos mRNP. Os complexos ligados às microesferas oligo-dT foram lavados e eluídos em tampão de proteômica. Dessa maneira, o conteúdo protéico obtido de cada fração foi tripsinizado e os peptídeos resultantes foram submetidos à análise do tipo 2D Nano LC-MS/MS. Os espectros de massas gerados foram comparados aos espectros deduzidos a partir de seqüências de proteínas depositadas em banco de dados de *T. cruzi*. Os experimentos foram realizados em triplicata e apenas as proteínas identificadas com valores de probabilidade iguais ou menores a 0,001 e que estavam presentes em pelo menos dois experimentos referentes a cada fração foram consideradas

para garantir a confiabilidade dos dados. Um total de 542 proteínas foram identificadas, das quais 24 foram comuns às quatro frações analisadas. Dentre essas incluem-se as *poly(A)-binding protein 1 e 2* (PABP1 e PABP2). De todas as proteínas identificadas, algumas foram encontradas exclusivamente em determinada fração: polissomal de epimastigotas 0,37%; pós-polissomal de epimastigotas, 2,95%; polissomal de estresse 13,8% e pós-polissomal de estresse 40,78% (Figura 8). A lista com todas as proteínas identificadas estão listadas no anexo 5 (versão em CD).

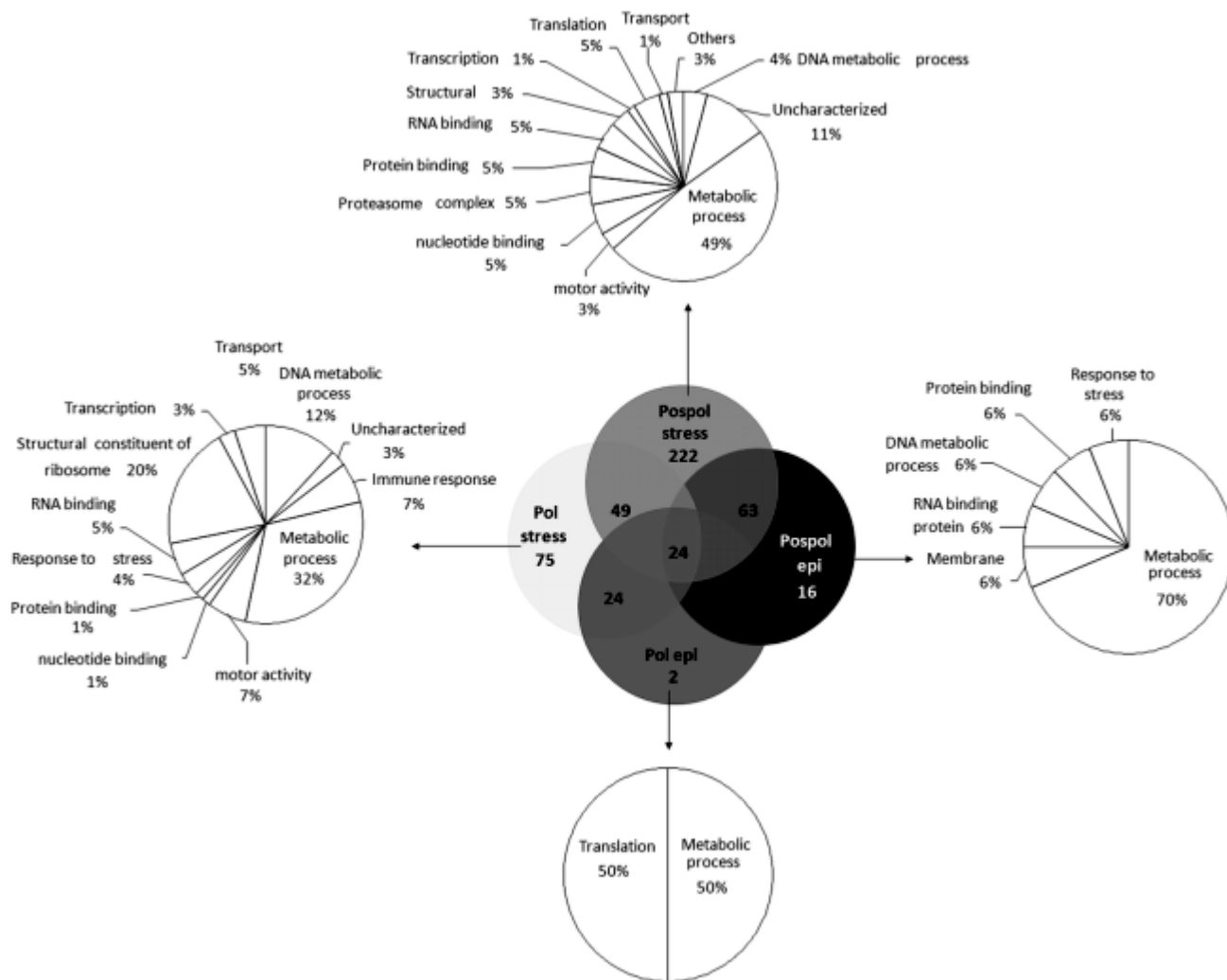
#### **4.1.2 Comparação entre os mRNPs de epimastigotas em fase logarítmica de crescimento e de epimastigotas sob estresse nutricional**

A partir dos dados obtidos, as proteínas identificadas foram classificadas de acordo com sua função ou envolvimento em processos biológicos. Os programas utilizados foram o Goanna (McCarthy *et al.*, 2006) e Blast2go (Gotz *et al.*, 2008) e os resultados estão sumarizados na Tabela 3. Uma das proteínas mais abundantes identificadas foi a PABP1, como esperado. O perfil protéico de epimastigotas se mostrou menos complexo comparado aos parasitas submetidos a estresse nutricional. A porcentagem de proteínas ribossomais identificadas também foi menor em estresse, consistente com o tamanho reduzido dos polissomos em virtude da reduzida taxa de tradução inerente a condição de ausência de nutrientes (Tabela 3).

A maior porcentagem de proteínas exclusivas foi encontrada em complexos mRNPs isolados de parasitas estressados. De acordo com os resultados podemos especular que o estresse nutricional gera uma resposta que modifica a composição de proteínas associadas à mRNAs traduzidos e estimula a formação de complexos associados a mRNA não traduzidos no citoplasma. Por exemplo, proteínas associadas com metabolismo de DNA, membrana, atividade motora e transcrição foram detectadas em complexos livres de

polissomas somente em condições de estresse. Uma hipótese é que essas proteínas estariam no citoplasma em epimastigotas, mas durante o estresse teriam sido mobilizadas aos mRNPs juntamente com determinados mRNAs para estocagem ou degradação (Figura 8 e Tabela 3). Além disso, o número de proteínas identificadas nas condições de estresse (particularmente na fração pós-polissomal) foi maior que o número total de proteínas identificadas em epimastigotas não estressados, corroborando os resultados observados em outros eucariotos, onde durante o estresse a taxa de tradução diminui, resultando na dissociação dos mRNAs dos polissomos e a consequente associação com outras proteínas (Figura 8 e Tabela 3). Algumas proteínas únicas da fração pós-polissomal de estresse são componentes do complexo proteassomo, envolvidos em degradação de proteínas e mRNAs (Konstantinova *et al.*, 2008). Surpreendentemente, proteínas relacionadas a metabolismo foram a segunda maior fração de proteínas identificadas (Tabelas 3 e 5).

Para confirmar que a identificação das proteínas metabólicas não se tratava de artefato, o isolamento foi repetido nas mesmas condições anteriores exceto pela concentração de sal que foi aumentada para 300 mM de NaCl (alto sal), visando eliminar ligações fracas entre mRNA-proteína e proteína-proteína. Mesmo assim, proteínas metabólicas continuaram sendo identificadas em condições de alto sal, sugerindo um possível papel na regulação gênica em *T. cruzi* (Tabela 4). Ensaios de imunoprecipitação com anticorpos contra proteínas de ligação a RNA de *T. cruzi*, tais como TcDhh1, TcZFP2 e uma *RNA-binding protein* com domínio ALBA, também mostraram interações com proteínas de metabolismo (Holetz, 2008, Morking, em preparação e Preti, comunicação pessoal). Dentre as proteínas classificadas como atuantes em processos metabólicos as mais abundantes foram aquelas envolvidas com óxido-redução, seguido de glicólise e proteólise (Tabela 5).



**Figura 8.** Comparação das proteínas presentes exclusivamente em cada fração estudada. As proteínas foram classificadas por GO (Gene Ontology), para função molecular/processos biológicos. Pol epi – fração polissomal de epimastigotas, Pospol epi – fração pós-polissomal de epimastigotas, Pol stress – fração polissomal de estresse e Pospol stress – fração pós-polissomal de estresse (Alves *et al.*, 2010).

**Tabela 3.** Resumo das proteínas identificadas em cada fração.

GO Função/Processo Biológico	%			
	P Epi	PP Epi	P Str	PP Str
Atividade Motora	0,0	0,0	<b>2,1</b>	<b>1,9</b>
Citoesqueleto	3,8	2,5	4,2	2,8
Constituinte estrutural de ribossomos	39,6	5,1	28,8	9,8
DNA - processos metabólicos	0,0	0,0	<b>6,4</b>	<b>4,4</b>
Ligação a RNA	10,4	7,6	8,1	6,8
Ligação ácido nucleico	6,6	7,6	1,7	1,4
Ligação nucleotídeo	1,9	6,8	5,5	9,6
Ligação proteína	3,4	7,6	4,8	12,3
Membrana	0,0	0,0	<b>2,1</b>	<b>2,1</b>
Processo Metabólico	26,8	47,6	20,2	24,9
Proteólise/Complexo proteassomo	0,0	0,0	0,0	2,3
Resposta a estresse	0,0	3,4	2,1	1,9
Tradução	5,7	7,6	2,1	4,4
Transcrição	0,0	0,0	<b>2,1</b>	<b>2,3</b>
Transporte	0,9	1,7	6,4	3,5
Não-caracterizadas	0,9	2,5	3,4	8,4
Outras	0,0	0,0	0,0	1,2

(P Epi) polissomal de epimastigotas, (PP Epi) pós-polissomal de epimastigotas, (P Str) polissomal de estresse e (PP Str) pós-polissomal de estresse. Funções exclusivas de proteínas identificadas na condição de estresse estão indicadas em negrito e daquelas exclusivas da fração pós-polissomal de estresse estão em itálico.

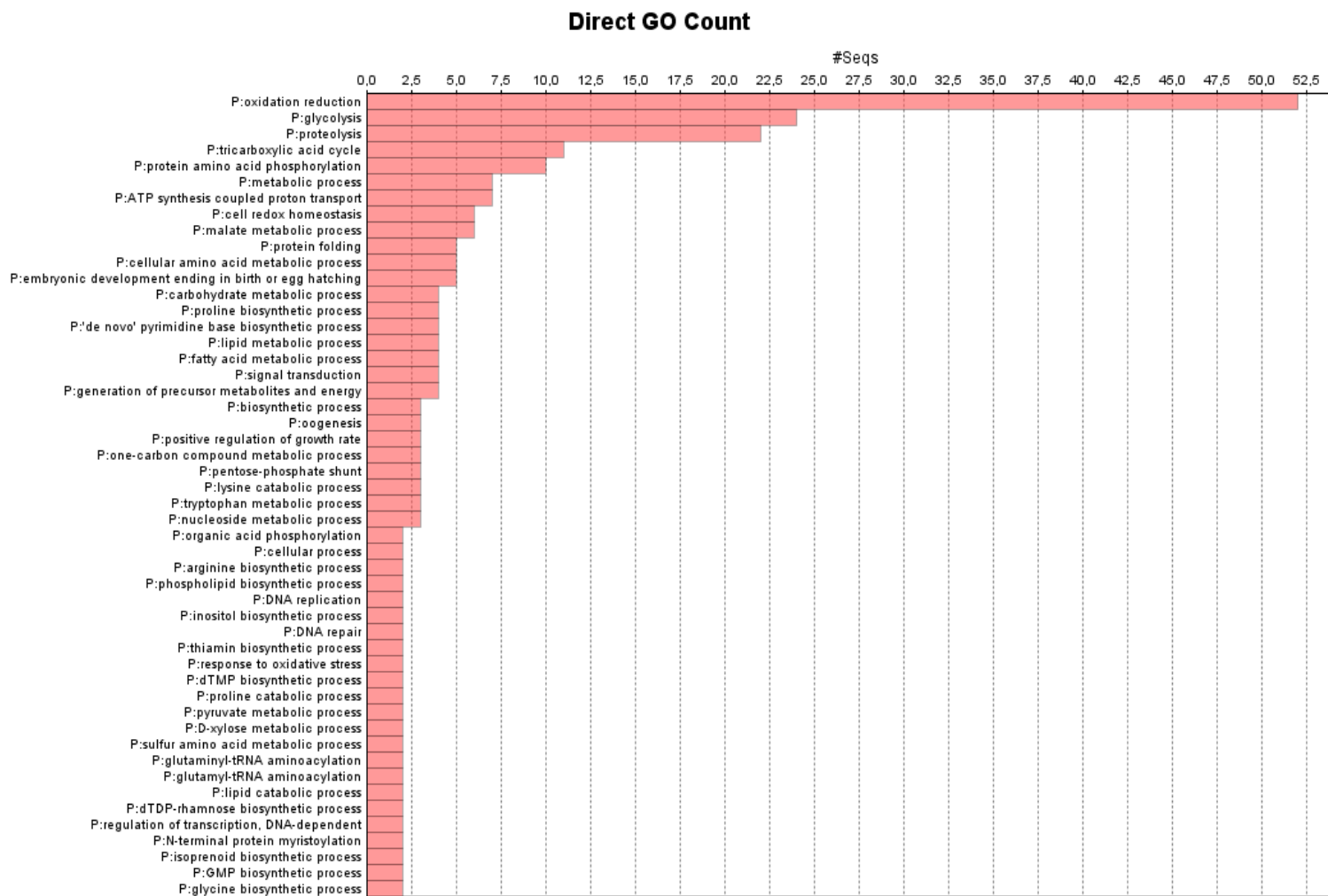


**Tabela 4.** Resumo de todas as proteínas identificadas em condições de baixo e alto sal.

<b>GO Função/Processo biológico</b>	<b>%</b>	
	<b>Baixo sal</b>	<b>Alto sal</b>
Atividade Motora	2,2	0,6
Citoesqueleto	2,4	2,6
Constituinte estrutural de ribossomos	13,1	39,0
DNA - Processo Metabólico	4,6	1,3
Ligação a RNA	7,0	10,4
Ligação Ácido Nucleico	0,9	0,0
Ligação Nucleotídeo	3,7	3,9
Ligação Proteína	4,5	1,9
Membrana	0,9	0,0
Processo Metabólico	41,7	28,6
Proteólise/ Complexo proteassomo	1,8	0,0
Resposta e estresse	1,8	1,9
Resposta Imune	1,8	1,9
Tradução	3,7	3,2
Transcrição	0,9	0,6
Transporte	1,8	1,3
Não caracterizadas	5,7	2,6
Outros	0,9	0,0

As proteínas identificadas em condições de isolamento com baixo sal (n= 542) e alto sal (n= 154) e classificadas para função molecular/processos biológicos.

**Tabela 5.** Sub-classificação das proteínas identificadas como processo metabólico na anotação do GO (*gene ontology*).



### 4.1.3 Proteínas de metabolismo de RNA

Visando confirmar a confiabilidade da metodologia, foi feita uma procura nos dados obtidos neste trabalho por proteínas com função conhecida e que estão sabidamente envolvidas no metabolismo de RNA em outros organismos. Exemplos destas proteínas que foram identificadas em nossas análises são: NOT1 componente do complexo desadenilase CCR4-POP2-NOT1 (Tucker *et al.*, 2002); TIA-1-like, uma proteína ligadora de RNA envolvida com repressão traducional estando também envolvida com a formação dos grânulos de estresse (Anderson & Kedersha, 2002); Dhh1, uma RNA helicase componente de *P-bodies* e grânulos de estresse (Sheth & Parker, 2003); TcUBP1, uma proteína ligadora de RNA que atua desestabilizando os transcritos aos quais se liga em *T. cruzi* (D'orso & Frasch, 2002); Ataxina-2-like, proteína de ligação ao RNA envolvida com *P-bodies*, grânulos de estresse e interação com polissomos (Satterfield & Pallanck, 2006); eIF2 $\alpha$ , subunidade do fator de iniciação eucariótico 2 (eIF2) envolvida também com formação de grânulos de estresse (Anderson & Kedersha, 2002).

Foram também identificadas outras 20 proteínas de ligação a RNA e 8 RNA helicases não caracterizadas até o momento. Além de proteínas contendo motivos conhecidos de ligação a RNA tais como RRM (RNA recognition motif), CCCH (domínios tipo dedo de zinco) e domínios tipo *cold shock*, nós também identificamos um número de proteínas sem domínios de ligação a RNA conhecidos. Os complexos ribonucleoproteicos (mRNPs) consistem de transcritos ligados a um repertório variável de proteínas que podem interagir diretamente com esse transcrito bem como indiretamente através de interações proteína-proteína (Hieronymus & Silver, 2004). Tendo em vista essa definição de mRNPs podemos inferir a partir dos nossos resultados que nós isolamos complexos mRNPs ao invés de simplesmente proteínas ligadoras de RNA.

A partir desses resultados dentre as 542 proteínas obtidas, seis foram selecionadas para caracterização, a fim de identificarmos os parceiros que interagem com essas proteínas bem como quais os mRNAs que se ligam a elas para então estudarmos mRNPs de maneira mais específica.

#### 4.4 Seleção de genes de interesse para clonagem em *E. coli*

A abordagem utilizada neste trabalho permitiu a identificação de proteínas associadas à mRNAs que dificilmente seriam preditas estarem envolvidas com metabolismo de RNA se utilizadas outras metodologias. A partir dos dados obtidos, seis genes de interesse foram selecionados (Tabela 6 A, B e C). Os critérios para a seleção dos genes foram: em quais frações as proteínas foram identificadas sendo que nós tentamos selecionar uma proteína de cada fração ou frações relacionadas, por exemplo, somente fração polissomal ou somente em estresse; o número de peptídeos únicos identificados e os valores de “e” correspondentes, aos domínios que apresentavam e a peculiaridade em relação a sua função.

Um dos genes selecionados foi o fator de alongação 1-alfa (EF1- $\alpha$ ) que foi identificado em todas as frações. EF1- $\alpha$  possui três domínios: o EF1- $\alpha$  I responsável pela ligação à GTP, o II é responsável pelo reconhecimento da extremidade 3' do tRNA e o domínio III faz a ligação do aminoacil-tRNA ao ribossomo (Anexo 2A). Em *T. cruzi* essa proteína possui um peso estimado de 43 kDa e é bastante conservada entre tripanossomatídeos com um valor de identidade de cerca de 95% (Anexo 2 A). Quando comparado a *Homo sapiens*, a similaridade é de 76%.

Duas outras proteínas identificadas em nosso experimento estão classificadas como pertencentes à classe de prostaglandinas sintases, e estão nomeadas como F 2 alfa sintase e F sintase. A partir da sequência de aminoácidos dessas proteínas foi feito um alinhamento com proteínas presentes no banco de dados GenBank (Refseq) e também uma análise de domínios. Para a proteína denominada prostaglandina F 2 alfa sintase a

busca em banco de dados identificou além da própria proteína, várias cópias de uma proteína anotada como desidrogenase cujas diferenças entre as sequências correspondem a substituições pontuais de poucos aminoácidos. Além dessas desidrogenases, os alinhamentos mostraram que a proteína também possui alta similaridade com uma proteína NADH de *Leishmania*: flavina oxidorreductase de *Leishmania braziliensis* com 45% de identidade e *L. infantum* e *major* com 43% de identidade cada (Anexo 2 B). Ao se comparar a sequência de aminoácidos da prostaglandina F 2 alfa sintase de *T. cruzi* contra o banco de dados de proteínas de *H. sapiens* (RefSeq), nenhuma similaridade foi encontrada. Com relação ao domínio dessa proteína, a similaridade foi com o domínio de NADH: oxidase (Anexo 2 B).

A segunda proteína tipo prostaglandina sintase selecionada está anotada no genoma de *T. cruzi* como prostaglandina F sintase e o alinhamento com sequências do banco de dados GenBank (RefSeq) mostrou similaridade com duas Aldo-ceto redutases de *T. cruzi*, com valores de identidade de 96% e 94%. Comparado com outros organismos as maiores similaridades foram encontradas com sequências de *L. major* (58%) e *L. braziliensis* (57%) (Anexo 2 C). Quando essa proteína foi alinhada contra o banco de dados de *H. sapiens* a similaridade foi com proteínas da família alfa-ceto redutases com 38% de identidade. Análise de domínios dessa proteína indicou a presença de um domínio alfa-ceto redutase (Anexo 2 C).

Duas proteínas de ligação a RNA também foram selecionadas. Uma delas com um domínio tipo *cold shock* e outra com domínio dedo de zinco C-x8-C-x5-C-x3-H. A proteína ligadora de RNA selecionada para caracterização que possui um domínio tipo dedo de zinco apresenta um arranjo bastante conservado de cisteínas e histidina, C-x(8)-C-x(5)-C-x(3)-H, pertencente ao tipo C3H1 de dedos de zinco que é conservada em eucariotos, sendo identificada desde leveduras até mamíferos. Em *T. cruzi*, o peso estimado dessa proteína dedo de zinco é de 31 kDa e ela foi identificada nas frações polissomais de epimastigota e estresse e na fração pós-polissomal de estresse. Ao compararmos a sequência de aminoácidos dessa proteína de *T. cruzi* com

sequências do banco de dados do GenBank (RefSeq), a similaridade é maior com *T. brucei* (57%), *L. infantum* (42%) e *Leishmania major* (42%) (Anexo 2 E).

A outra proteína ligadora de RNA está anotada como *mitochondrial RNA-binding protein* e apresenta um domínio tipo *cold shock* (CSD) e um domínio rico em glicina (GRD). Em *T. cruzi* o tamanho estimado dessa proteína é de 16 kDa e ela foi identificada somente na fração polissomal de epimastigotas e estresse. Quando a sequência de aminoácidos dessa proteína de *T. cruzi* foi comparada com sequências de banco de dados GenBank (RefSeq) apresentou alta similaridade com proteínas de *T. brucei* (85%), *L. major* (82%) e *Leishmania infantum* (81%), seguido de similaridade mediana com plantas: *Arabidopsis thaliana* (50%), *Oryza sativa* (49%) entre outras (Anexo 2 D). Além da conservação, o gene que codifica para esta proteína possui cópia única no genoma de *T. cruzi*, tornando-a um alvo interessante para construção de cepas nocaute para auxiliar na determinação de seu papel no metabolismo de RNA em *T. cruzi*.

O gene que codifica para uma proteína hipotética foi selecionado por esta proteína ter aparecido exclusivamente na fração pós-polissomal de parasitas estressados e a partir da análise da sequência de aminoácidos identificou-se um domínio presente também em um fator de replicação A, proteína 3. Essa proteína está envolvida na replicação, recombinação e reparo do DNA (revisado por Wold, 1997). Estudos recentes indicam que a mesma está envolvida no ciclo celular e em pontos de checagem do DNA (Zou *et al* 2006; Salas *et al* 2009). Em *T. cruzi*, essa proteína possui um peso molecular teórico de 14 kDa. Os resultados de busca em banco de dados GenBank (RefSeq) mostrou similaridade também com proteínas hipotéticas em outros tripanossomatídeos (Anexo 2 F).

#### 4.1.5 Clonagem e expressão das proteínas recombinantes em *E. coli* dos genes selecionados

Após a seleção das proteínas de interesse em *T. cruzi*, os genes que codificam as proteínas EF1- $\alpha$ , hipotética, denominada a partir de agora Hip-11.150; ligadora de RNA dedo de zinco (ZF-211.70), ligadora de RNA com domínio cold-chock (CD-33.60), prostaglandina F2 $\alpha$  sintase (PF2 $\alpha$ S) e a prostaglandina F sintase (PFS) foram escolhidos para iniciarmos os trabalhos de clonagem, expressão das proteínas recombinantes e produção de anticorpos. Para isso, foram utilizados os vetores da plataforma Gateway<sup>®</sup> (Invitrogen), que utiliza em sua tecnologia a propriedade de recombinação do bacteriófago lambda, que se integra no cromossomo da bactéria *Escherichia coli*. Os oligonucleotídeos foram sintetizados com ajuda do programa *PrimerSelect* (*Lasergene DNA star*) e foi levado em conta a necessidade dos sítios de recombinação que foram desenhados a montante do gene de interesse conforme a especificação do fabricante (Tabela 1). Os clones obtidos no vetor de entrada pDONR e de expressão pDEST foram confirmados por PCR e seqüenciamento (Figura 9).

A partir dos clones obtidos no vetor destinado a expressão pDEST obtivemos as proteínas recombinantes. Na porção N-terminal foi inserida uma cauda de 6 histidinas que permitiu a purificação por cromatografia de afinidade em coluna de Ni-NTA (*nitrilo-tri-acetic acid*) (cromatografia de afinidade por quelante de íons metálicos). O NTA interage com os íons ( $Zn^{2+}$ ,  $Ni^{2+}$ ,  $Mn^{2+}$ ) e estes com a cauda de seis resíduos de histidina. Dessa forma, as proteínas EF1- $\alpha$ , Hip-11.150; CD-33.60, ZF-211.70, PF2 $\alpha$ S e PFS foram purificadas em quantidades suficientes para imunização de camundongos e/ou coelhos, objetivando a obtenção de anticorpos policlonais específicos contra as proteínas selecionadas (Figura 10).

**Tabela 6.** Genes selecionados para caracterização.

Proteína	Nomenclatura	Domínio	valor e-domínio	Fração identificada
Fator de elongação 1 alfa	EF1- $\alpha$	Fator de elongação GTP domínio de ligação GTP e elongação domínio C-terminal	7,20E-114	Todas as frações
Prostaglandina H sintase	PFS	Família Aldo/ceto redutase	1,10E-136	Todas as frações
Prostaglandina H 2 alfa sintase	PF2aS	NA DH: flavina oxidoreductase /NADH oxidase	1,10E-10	Pós-polissomal epimastigota e estresse
Ligadora de RNA	ZF-211.70	Dedo de zinco tipo C-x8-C-x5-C-x3-H	7,80E-03	Polissomal epimastigota, estresse e Pós-polissomal estresse
Ligadora de RNA	CD-33.60	Ligação DNA/RNA tipo Cold-shock	3,10E-15	Polissomal epimastigota e estresse
Hipotética	Hyp-11.150	Fator de replicação oA proteína 3	5,30E-03	Pós-polissomal estresse

BAIXO SAL	Fração	Número de peptídeos únicos identificados														
		Polissomal Epi				Polissomal stress			Pos polissomal Epi			Pos polissomal stress				
		P	E	P	S	Rep 1	Rep 2	Rep 3	Rep 1	Rep 2	Rep 3	Rep 1	Rep 2	Rep 3	Rep 1	Rep 2
PFS	X X X X	x	7	3	X	4	2	10	10	11	14	8	12			
CD-33.60	X X	6	6	5	7	4	3	x	x	x	2	x	x			
EF1- $\alpha$	X X X X	3	7	3	8	6	6	7	7	9	8	8	7			
ZF-211.70	X X	x	3	2	1	1	2	x	x	1	x	2	3			
Hyp-11.150		x	x	x	x	x	x	2	x	x	2	1	1			
PF2aS		x	x	x	x	x	x	x	1	x	1	1	1			

ALTO SAL	Fração	Número de peptídeos únicos identificados														
		Polissomal Epi				Polissomal stress			Pos polissomal Epi			Pos polissomal stress				
		P	E	P	S	Rep 1	Rep 2	Rep 3	Rep 1	Rep 2	Rep 3	Rep 1	Rep 2	Rep 3	Rep 1	Rep 2
PFS	X X X X	1	1	3	x	1	1	2	5	4	4	9	10			
CD-33.60	X X	2	3	4	3	4	3	x	x	x	1	1	x			
EF1- $\alpha$	X X X X	1	1	x	1	x	x	x	1	2	3	5	2			
ZF-211.70	X	2	1	x	x	x	x	x	x	x	x	2	x			
Hyp-11.150																
PF2aS	X	1	1	x	x	x	x	x	x	x	x	1	x			

**C**

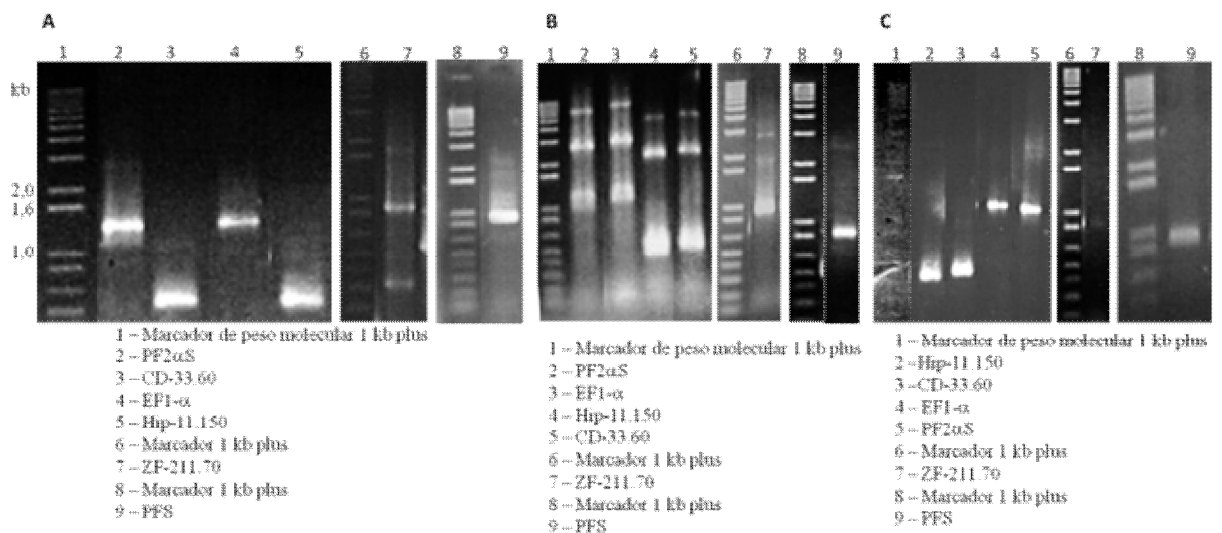
BAIXO SAL	Fração	E-value														
		Polissomal Epi				Polissomal stress			Pos polissomal Epi			Pos polissomal stress				
		P	E	P	S	Rep 1	Rep 2	Rep 3	Rep 1	Rep 2	Rep 3	Rep 1	Rep 2	Rep 3	Rep 1	Rep 2
PFS	X X X X	x	3,5E-11	5,5E-12	X	5,1E-10	1,8E-08	1,3E-10	2,7E-11	6,2E-12	8,5E-10	1,3E-11	6,8E-11			
CD-33.60	X X	1,1E-08	7,5E-09	1,9E-10	1,8E-08	2,1E-08	1,0E-06	x	x	x	1,1E-08	x	x			
EF1- $\alpha$	X X X X	5,6E-11	5,8E-09	2,4E-12	1,2E-10	1,8E-10	1,6E-10	2,2E-08	2,4E-11	4,3E-10	3,2E-12	8,2E-11	2,2E-11			
ZF-211.70	X X	x	1,1E-12	1,4E-06	9,0E-08	1,1E-06	2,7E-06	x	x	5,6E-05	x	5,3E-10	5,7E-08			
Hyp-11.150		x	x	x	x	x	x	6,4E-09	x	x	1,2E-03	4,1E-03	1,1E-03			
PF2aS		x	x	x	x	x	x	x	1,4E-07	x	2,9E-07	1,1E-06	1,2E-07			

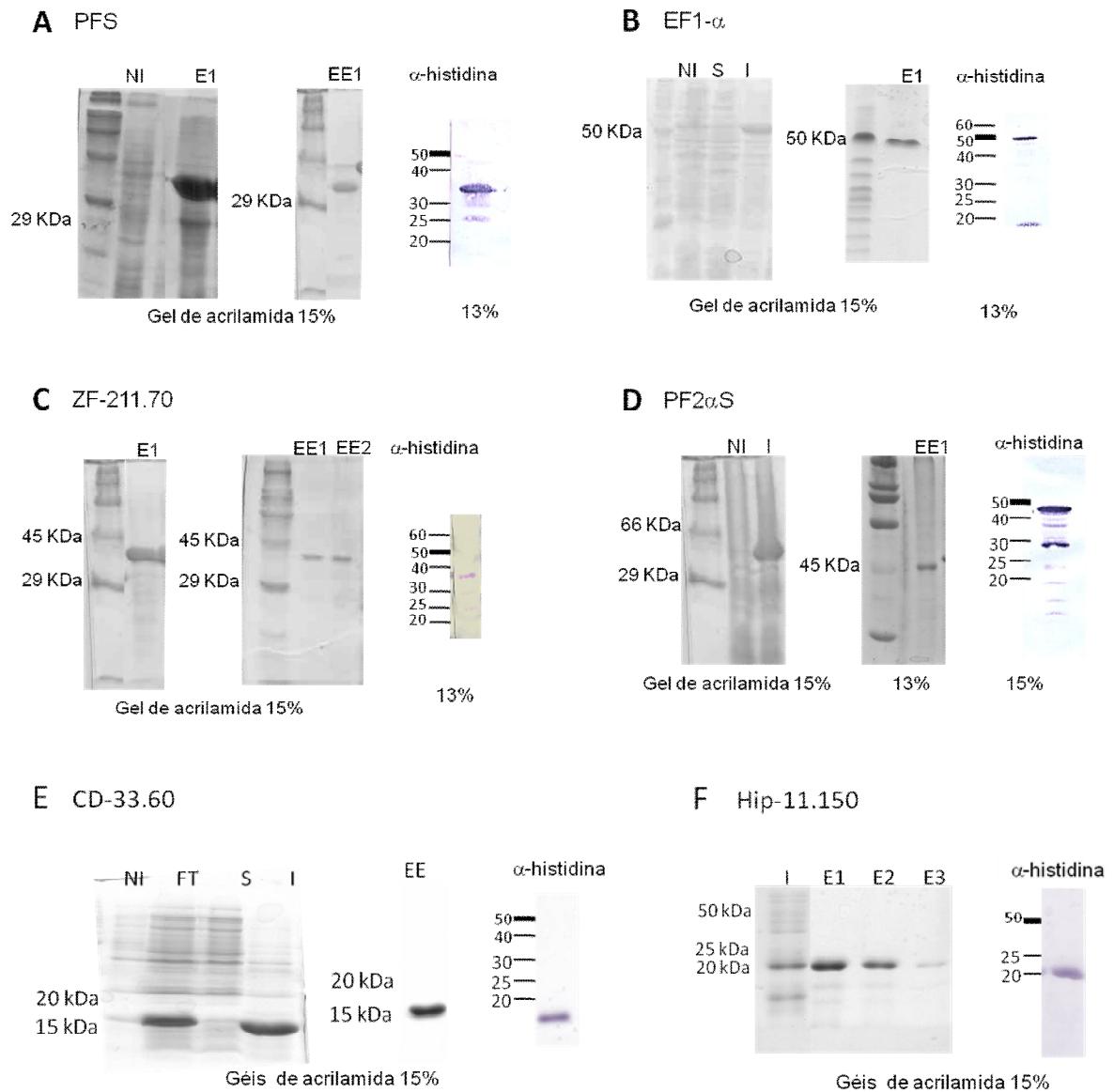
ALTO SAL	Fração	E-value														
		Polissomal Epi				Polissomal stress			Pos polissomal Epi			Pos polissomal stress				
		P	E	P	S	Rep 1	Rep 2	Rep 3	Rep 1	Rep 2	Rep 3	Rep 1	Rep 2	Rep 3	Rep 1	Rep 2
PFS	X X X X	6,8E-13	3,2E-10	1,3E-13	x	6,8E-14	1,3E-09	1,3E-12	3,2E-09	6,6E-10	9,1E-13	1,0E-11	3,9E-10			
CD-33.60	X X	8,6E-07	3,3E-07	1,8E-10	2,1E-08	1,2E-09	1,1E-08	x	x	x	7,0E-08	2,5E-05	x			
EF1- $\alpha$	X X X X	3,3E-03	1,2E-08	x	1,2E-08	x	x	x	6,3E-09	2,0E-08	5,3E-08	1,6E-09	1,9E-07			
ZF-211.70	X	3,1E-05	8,0E-04	x	x	x	x	x	x	x	x	7,3E-09	x			
Hyp-11.150																
PF2aS	X	1,3E-03	4,9E-08	x	x	x	x	x	x	x	x	2,3E-04	x			



Em A – informações gerais acerca dos genes selecionados para caracterização. Em B – número de peptídeos únicos identificados na análise proteômica dos mRNPs por fração em cada réplica obtida. Em C análise dos genes selecionados por valor de E, por fração e em cada réplica obtida. Epi – epimastigota, P E – polissomal de epimastigotas, P S - polissomal de estresse, PP E – pós-polissomal de epimastigota, PP S – pós-polissomal de estresse, Rep – réplicas.



**Figura 9.** Clonagem dos genes de interesse. Amplificação dos genes de interesse, clonagem no vetor de entrada pDONR e clonagem no vetor de expressão pDEST. A – Amplificação dos genes de interesse a partir de iniciadores específicos. Para essa etapa de PCR utilizou-se a enzima de alta fidelidade PFU. B – Confirmação da clonagem no vetor de entrada pDONR por PCR. C – Confirmação da clonagem no vetor de expressão pDEST.

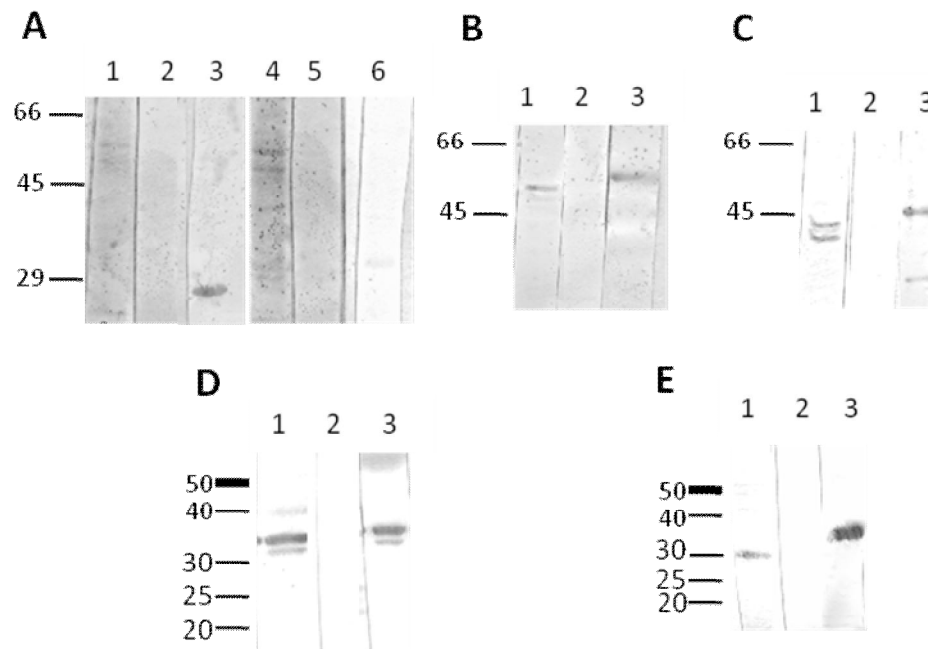


**Figura 10.** Expressão das proteínas recombinantes em sistema heterólogo utilizando o vetor de expressão pDEST e purificação das proteínas por coluna de Ni-NTA e/ou gel preparativo **A** – Expressão e purificação da proteína PFS. Na primeira coluna Gel SDS-PAGE corado com coomassie blue. NI – não induzido e E1 fração eluída a partir da purificação em coluna Ni-NTA. Na coluna central resultado de eletroeluição (EE) da proteína a partir de gel preparativo. Na terceira coluna confirmação da purificação da proteína correta por *western blotting* utilizando anticorpo específico contra a cauda de histidina ( $\alpha$ -histidina). **B** - Expressão e purificação da proteína EF1- $\alpha$ . Na primeira coluna Gel SDS-PAGE corado com coomassie blue. NI – não

induzido, S – fração solúvel e I – fração insolúvel. Na coluna central a fração eluída E1. Na terceira coluna confirmação da purificação. **C** - Expressão e purificação da proteína ZF-211.70. Na primeira coluna Gel SDS-PAGE corado com coomassie blue. E1 fração eluída. Na coluna central resultado de eletroeluição (EE1 e EE2) da proteína a partir de gel preparativo. Na terceira coluna confirmação da purificação. **D** - Expressão e purificação da proteína PF2 $\alpha$ S. Na primeira coluna Gel SDS-PAGE corado com coomassie blue. NI – não induzido, I – induzido. Na coluna central resultado de eletroeluição (EE1) da proteína a partir de gel preparativo. Na terceira coluna confirmação da purificação. **E** - Expressão e purificação da proteína CD-33.60. Na primeira coluna Gel SDS-PAGE corado com coomassie blue. NI – não induzido, FT – Fração Total, S – solúvel, I – insolúvel. Na coluna central resultado de eletroeluição (EE) da proteína a partir de gel preparativo. Na quarta coluna confirmação da purificação. **F** - Expressão e purificação da proteína Hip-11.150. Na primeira coluna Gel SDS-PAGE corado com coomassie blue resultado de purificação em coluna Ni-NTA E1, E2 e E3 eluídos. Na segunda coluna resultado confirmação da purificação. O anticorpo  $\alpha$ -histidina foi utilizado em todos os ensaios em uma diluição 1:10.000.

#### 4.1.6 Análise da especificidade dos anticorpos policlonais

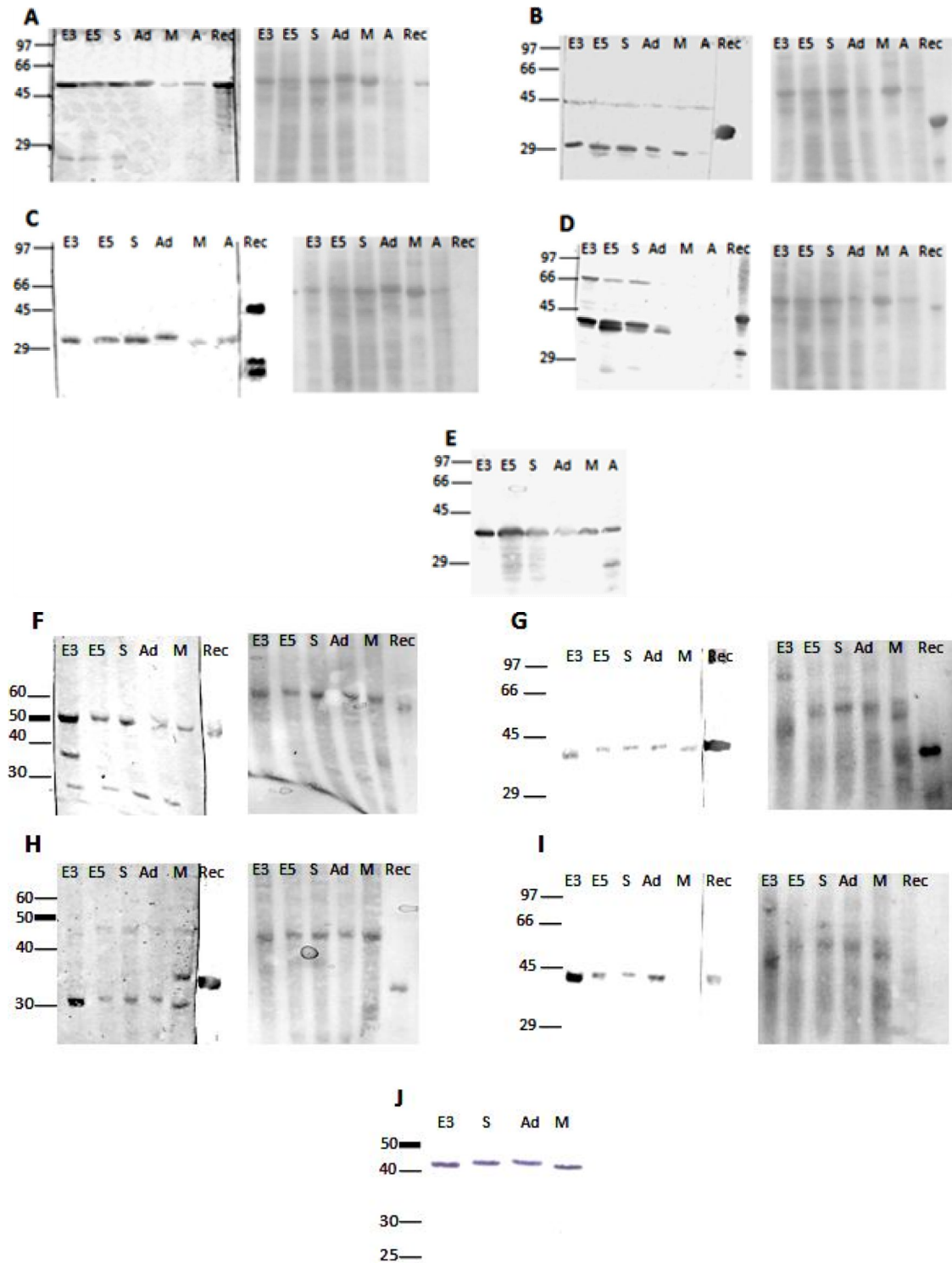
A especificidade de cada anti-soro quanto ao reconhecimento da proteína recombinante e da proteína nativa de *T. cruzi*, bem como a qualidade do soro controle (pré-imune), foram avaliadas por ensaios de *Western blotting*. Todos os anti-soros tiveram reatividade confirmada contra a proteína recombinante (Figura 11). Entretanto, os anti-soros para as proteínas hip-11.150 e CD-33.60, produzidos em coelhos, apresentaram reatividade baixa ou inexistente em extratos de epimastigotas (Figura 11 A). Diferente do resultado obtido com os anti-soros para as proteínas EF1- $\alpha$ , PF2 $\alpha$ S e PFS (produzidos em coelho) e ZF-211.70 (produzido em camundongo) que demonstraram claramente a reatividade com uma proteína única de tamanho esperado em epimastigotas (Figura 11 B, C, D e E). Dessa forma, demos continuidade ao trabalho apenas com os anti-soros que reconheceram especificamente as proteínas de *T.cruzi*.



**Figura 11.** Ensaio de *Western blotting* para análise da especificidade dos anticorpos. Todos os testes foram feitos com extrato protéico da forma epimastigota 3 dias. **A** – Anticorpos produzidos em coelhos: CD-33.60 (1, 2 e 3) e Hip-11.150 (4, 5 e 6). 1 – soro imune diluição 1:100, 2 – soro pré-imune 1:100, 3 – proteína recombinante CD-33.60 (200 ng). 4 – soro imune diluição 1:100, 5 – soro pré-imune 1:100, 6 – proteína recombinante Hip-11.150 (100 ng). **B** – Anticorpo produzido em coelho contra EF1- $\alpha$ . 1 – soro imune diluição 1:500, 2 – soro pré-imune 1:500, 3 – proteína recombinante EF1- $\alpha$  (150 ng). **C** – Anticorpo produzido em coelho contra PF2 $\alpha$ S. 1 – soro imune 1:1000, 2 – soro pré-imune 1:1000, 3 – proteína recombinante PF2 $\alpha$ S (200 ng). **D** – Anticorpo produzido em coelho contra PFS. 1 – soro imune diluição 1:1000, 2 – soro pré-imune 1:1000, 3 – proteína recombinante PFS (500 ng). **E** – Anticorpo produzido em camundongo contra ZF-211.70. 1 – soro imune diluição 1:500, 2 – soro pré-imune 1:500, 3 – proteína recombinante ZF-211.70 (300 ng).

#### 4.1.7 Análise da expressão das proteínas ao longo do ciclo de vida

Ensaio de *Western blotting* também foram realizados com extratos protéicos das formas epimastigota de 3 dias de cultivo, epimastigota de 5 dias de cultivo, epimastigota sob estresse nutricional, epimastigota aderido por 24 horas, tripomastigota metacíclico e amastigota, para análise da expressão dessas proteínas ao longo do ciclo de vida do parasita. A expressão das proteínas EF1- $\alpha$ , PFS e ZF-211.70 foi constitutiva ao longo do ciclo de vida do protozoário (Figura 12 A, B, C, F, G e H), já a expressão da proteína PF2 $\alpha$ S foi regulada, pois a proteína foi detectada apenas nas formas epimastigotas, epimastigotas sob estresse nutricional e epimastigotas aderidos por 24 horas. Nas formas tripomastigotas e amastigotas não houve expressão dessa proteína (Figura 12 D e I). Os ensaios de *Western blotting* do ciclo de vida foram realizados levando-se em conta o número de células ( $5 \times 10^6$ ) e como normalizador usamos um anticorpo policlonal anti-GAPDH (Figura 12 E). Também realizamos o ensaio por concentração de proteínas (10  $\mu$ g) e como normalizador utilizamos um anticorpo policlonal anti-actina (Figura 12 J). O anticorpo anti-GAPDH foi gentilmente cedido por Flávia Sá Pereira de Souza e o anticorpo anti-actina foi gentilmente cedido por Ligia Kalb. Os tamanhos das proteínas recombinantes se referem a proteína nativa acrescentada da cauda de histidinas, o que leva a um aumento de cerca de 6 kDa.



**Figura 12.** Padrão de expressão das proteínas selecionadas ao longo do ciclo de vida do *T. cruzi*. Extratos das formas (E3) epimastigotas 3 dias, (E5) epimastigotas 5 dias, (S) epimastigotas sob

estresse nutricional, (Ad) epimastigotas em diferenciação aderidos ao substrato, (M) metacíclicos e (A) amastigotas, obtidos em condições desnaturantes. Os extratos analisados de A a E foram feitos por número de parasitas ( $5 \times 10^6$ ) e os extratos analisados de F a J foram feitos por concentração de proteína (10 $\mu$ g). **A** e **F**- os extratos foram analisados por *Western blotting* com o soro imune para a proteína EF1-a na diluição de 1:250, à direita membrana após a transferência corada com Ponceau. **B** e **G** – soro imune para a proteína PFS na diluição de 1:1000. **C** e **H** - soro imune para a proteína ZF-211.70 na diluição de 1:500. **D** e **I** - soro imune para a proteína PF2 $\alpha$ S na diluição de 1:500. **E** – controle com o soro imune para a proteína GAPDH na diluição de 1:1000. **J** – controle com o soro imune para a proteína actina na diluição de 1:1000.



#### 4.1.8 Imunolocalização de proteínas e avaliação da resposta a drogas inibidoras de tradução

A fim de determinar a localização celular das proteínas EF1- $\alpha$ , ZF-211.70, PF2 $\alpha$ S e PFS, realizamos ensaios de imunofluorescência utilizando os anticorpos policlonais obtidos contra estas proteínas.

A proteína ZF-211.70 apresentou um padrão de fluorescência levemente granular distribuído por todo o citoplasma do *T. cruzi* nas formas epimastigotas com aproximadamente  $18,1 \pm 1,8$  grânulos por célula (Figura 13 A). Nos parasitas estressados houve uma redução sutil quanto ao número de grânulos que caiu para  $12,2 \pm 1,7$  grânulos. Nas formas em diferenciação (aderidos ao substrato por 24 horas) houve uma redução maior no número de grânulos para  $5,2 \pm 0,51$ . Apesar da redução no número de grânulos foi observado um aumento no tamanho dos mesmos (Figura 13 A e Figura 14). Embora esta proteína apresente um nível de expressão constante durante todo o ciclo de vida do protozoário, as formas tripomastigotas metacíclicas apresentaram um padrão de intensidade de fluorescência diminuído comparadas às outras formas analisadas (Figura 13 A).

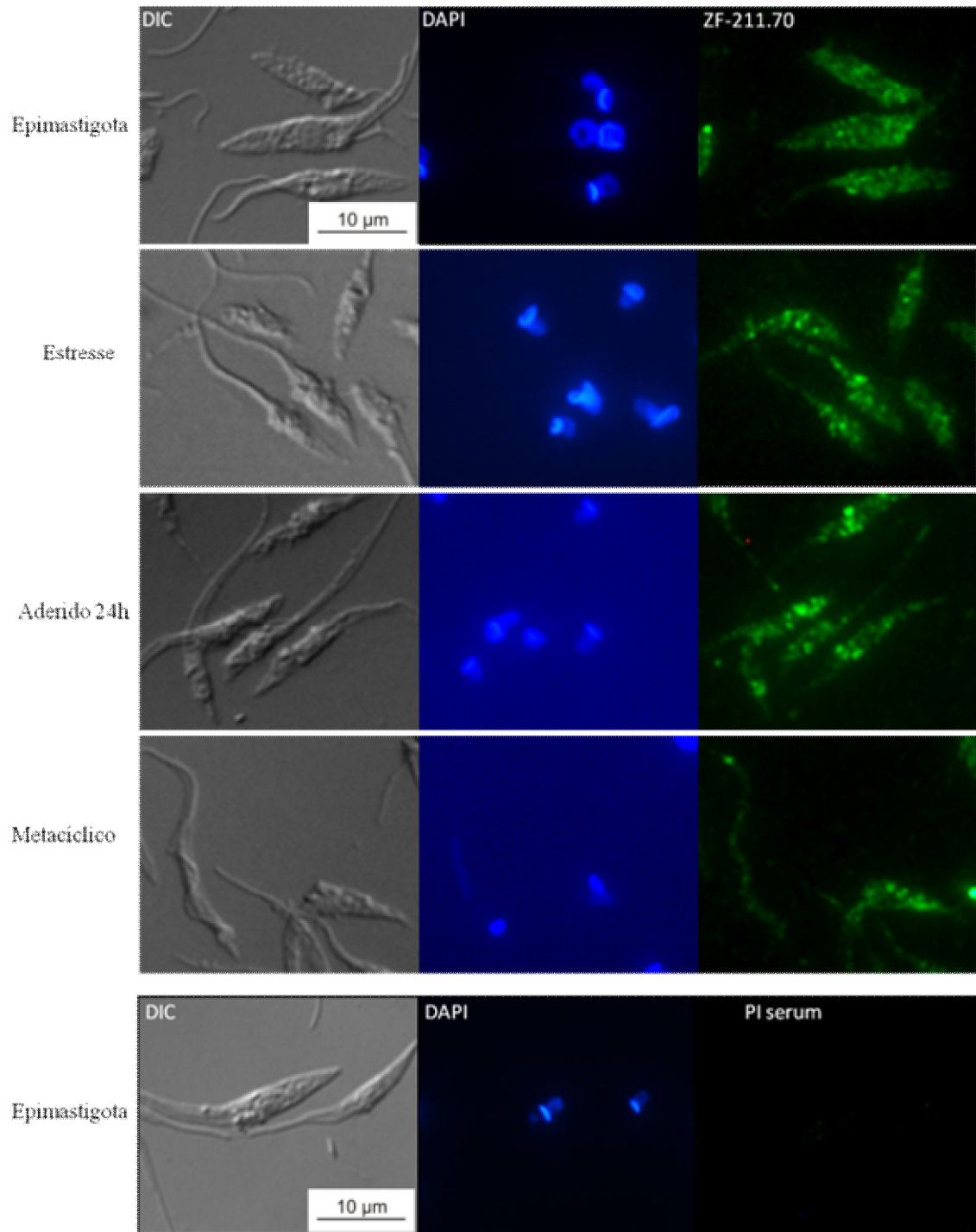
Outra questão analisada foi se condições que comprometem a tradução em *T. cruzi*, como o tratamento com drogas que inibem o início ou o alongamento da tradução, podem afetar o padrão granular observado nesse parasita.

Inicialmente avaliou-se os efeitos das drogas puromicina e cicloheximida em epimastigotas em crescimento exponencial. As células não tratadas apresentaram um padrão levemente granular distribuído pelo citoplasma do *T. cruzi* (Figura 13 B). O tratamento com  $100 \mu\text{g/mL}$  cicloheximida não causou uma diferença significativa no número e/ou tamanho dos grânulos em comparação com o parasita sem tratamento, pois foram observados  $18,1 \pm 1,8$  grânulos por célula em epimastigotas não tratados contra  $15,6 \pm 0,92$  nos tratados (Figuras 13 B e Figura 14). A única alteração visível observada foi um aumento na granulação da proteína nas formas epimastigotas

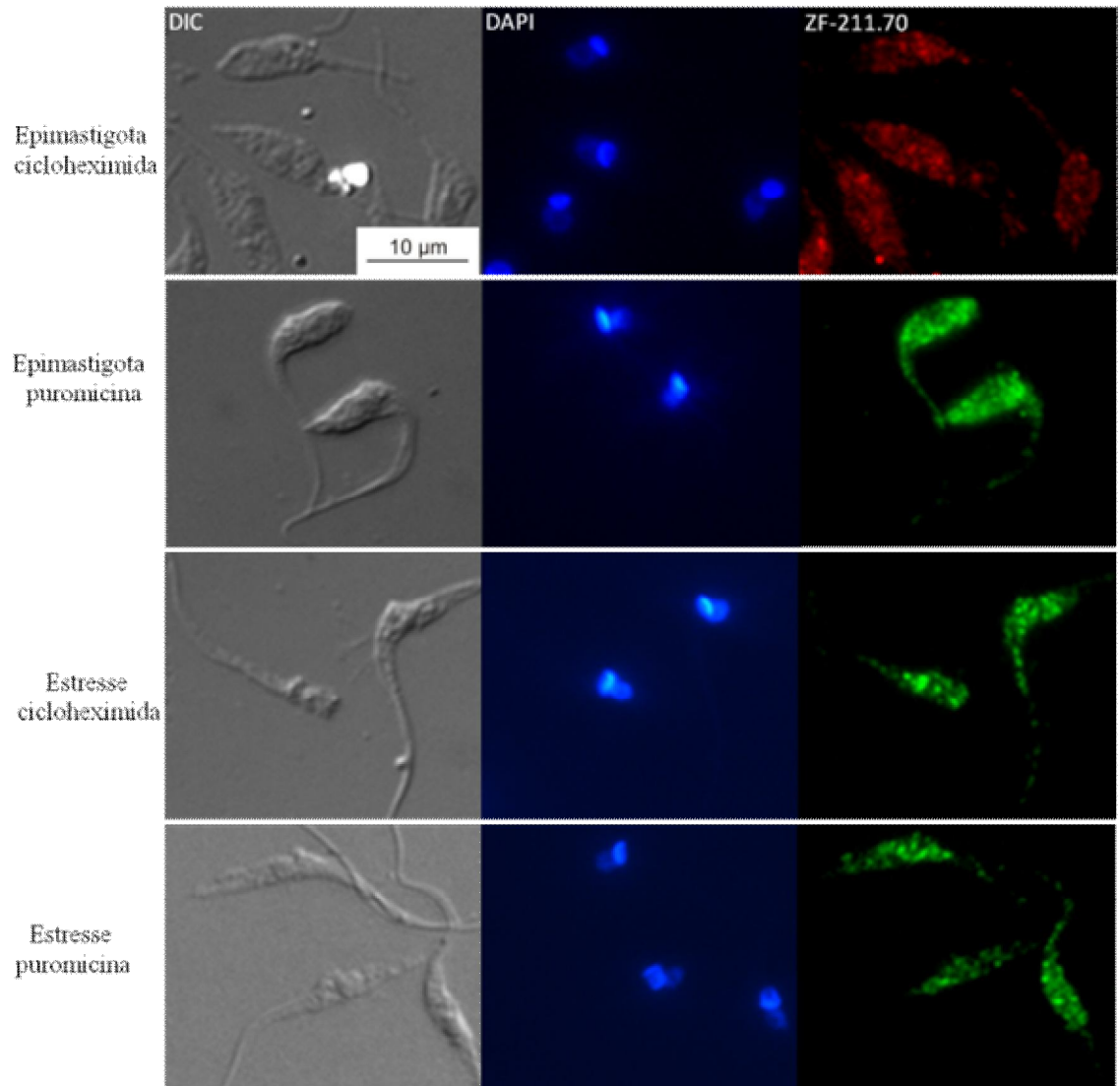
tratadas com 2 mM de puromicina:  $21,5 \pm 0,65$  grânulos por célula comparado com  $18,1 \pm 1,8$  grânulos por célula de epimastigotas não tratados (Figura 14). Nos epimastigotas sob estresse nutricional nenhuma alteração visível foi observada no tratamento com cicloheximida ( $11,8 \pm 0,59$  grânulos por célula) comparado aos parasitas estressados não tratados que apresentaram  $12,2 \pm 1,7$  grânulos por célula (Figura 13 B e Figura 14). O tratamento com puromicina levou a um ligeiro aumento no número de grânulos por célula: de  $12,2 \pm 1,7$  em parasitas estressados não tratados para  $14,6 \pm 0,62$  grânulos por célula no tratamento com puromicina (Figura 13 B e Figura 14).

O ensaio de co-localização com a proteína TcDhh1 foi realizado para checarmos se ZF-211.70 poderia estar associada a estruturas tipo *P-bodies*. Para tanto, utilizamos epimastigotas em fase logarítmica de crescimento e epimastigotas sob estresse nutricional. Tanto nas formas epimastigotas quanto nos parasitas estressados ocorre pouca co-localização dos grânulos, sendo que a maioria parece estar adjacente, sem sobreposição (Figura 13 C).

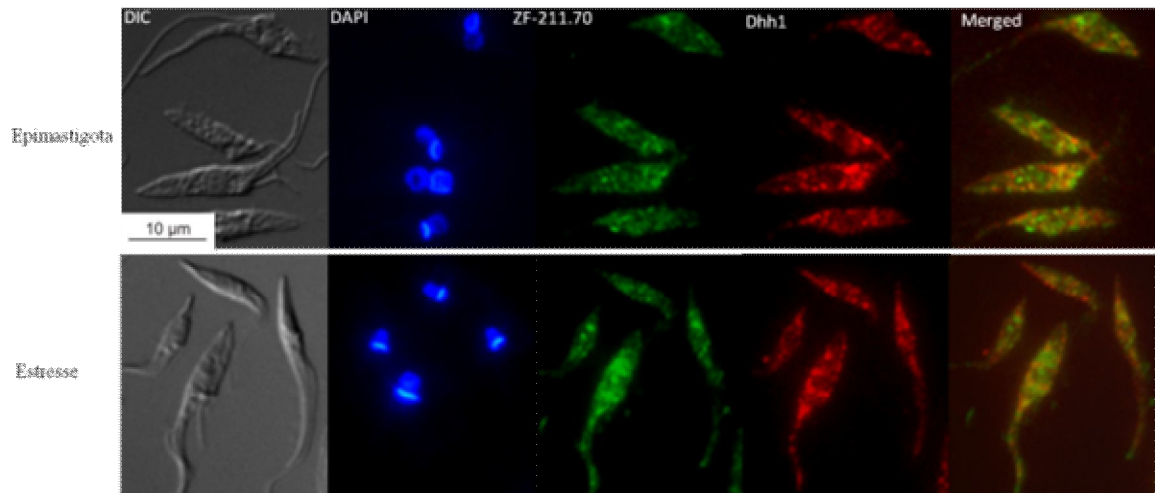
A



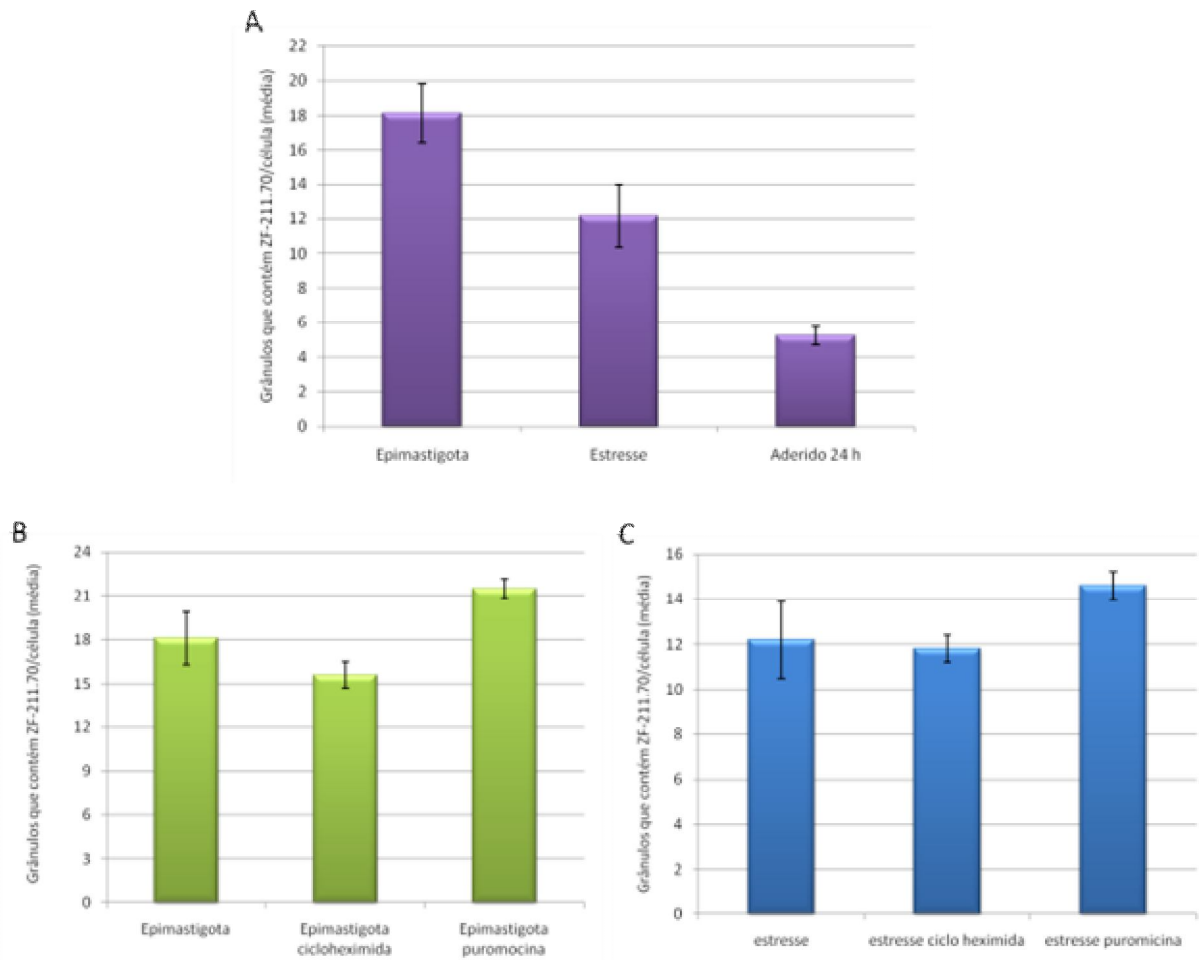
B



C



**Figura 13.** Ensaios de imunolocalização da proteína ZF-211.70 (A, B e C) em formas epimastigotas em fase logarítmica de crescimento, epimastigotas sob estresse nutricional, epimastigotas em diferenciação aderidos ao substrato por 24 horas e tripomastigotas metacíclicos. Os tratamentos com as drogas cicloheximida (100 µg/mL) ou puromicina (2 mM) foram feitos com epimastigotas em crescimento logarítmico e epimastigotas sob estresse nutricional. O anticorpo foi testado na diluição 1:100. Nos ensaios de co-localização com a proteína TcDhh1 o antisoro foi produzido em coelho e utilizado na diluição 1:100. Os anticorpos secundários (1:400) utilizados foram: anti-camundongo marcado com o fluoróforo Alexa 488 e anti-coelho marcado com Alexa-546. Núcleos e cinetoplastos foram corados com DAPI e sobrepostos (Merged). Barra = 10 µm. DIC – contraste interferencial diferencial. PI serum – soro pré-imune utilizado na mesma diluição do respectivo soro imune.

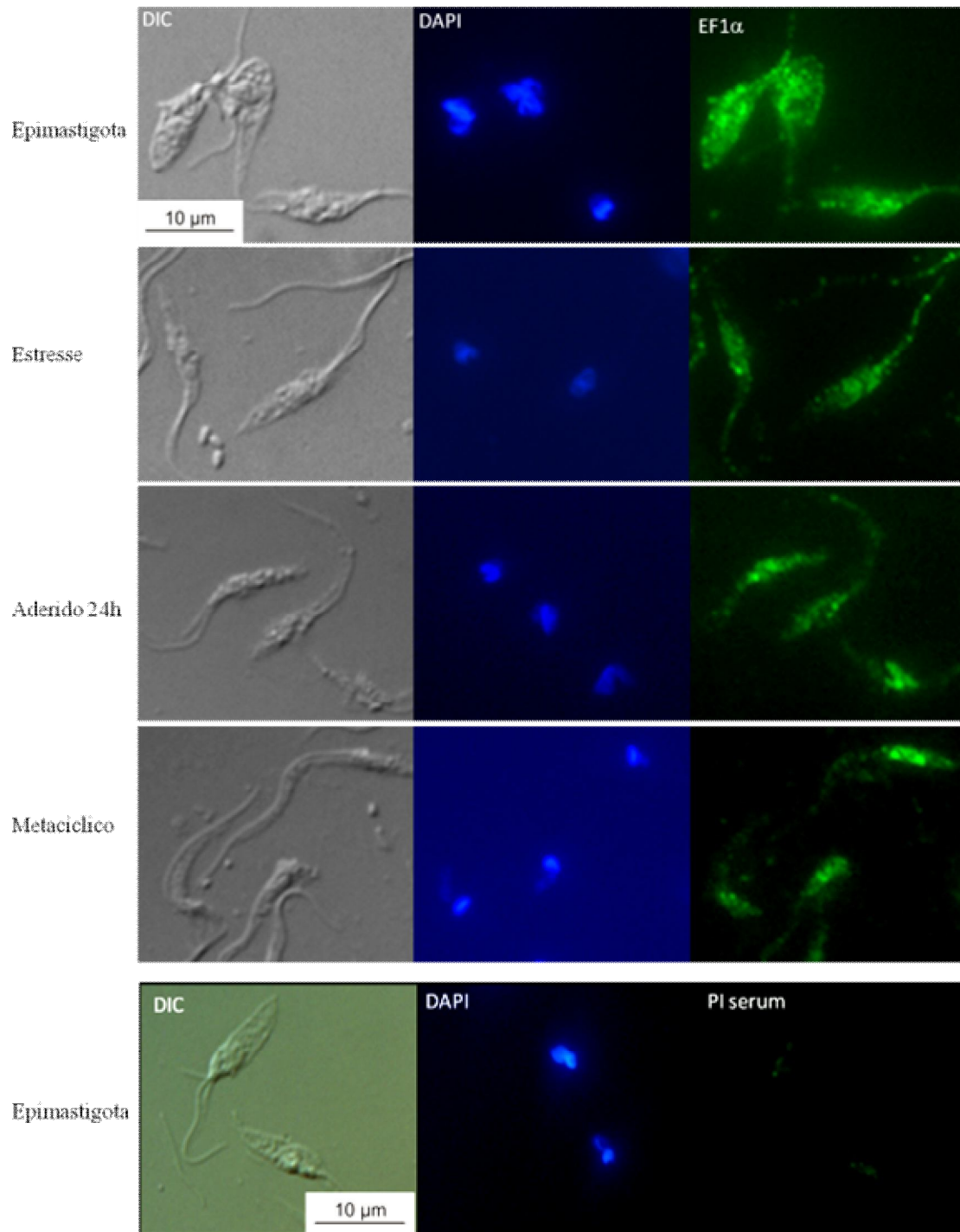


**Figura 14.** Média do número de grânulos que contém a proteína ZF-211.70. Média por célula (eixo y)  $\pm$  o desvio padrão (n = 90). (A) Média do número de grânulos que contém a proteína ZF-211.70 em diferentes etapas do ciclo de vida: epimastigotas em crescimento exponencial (epimastigota), epimastigotas sob estresse nutricional (estresse), epimastigotas em diferenciação aderidos ao substrato por 24 horas (aderido 24 h). (B) Média do número de grânulos que contém a proteína ZF-211.70 em epimastigotas com diferentes tratamentos como cicloheximida e puromocina. (C) Média do número de grânulos que contém a proteína ZF-211.70 em parasitas estressados com diferentes tratamentos como cicloheximida e puromocina.

Nas formas epimastigotas do *T. cruzi*, a proteína EF1- $\alpha$  apresentou um padrão de fluorescência granular distribuído por todo o citoplasma (Figura 15 A). Nos parasitas estressados, em diferenciação aderidos ao substrato e tripomastigotas metacíclicos houve uma diminuição significativa na distribuição da proteína na célula com uma tendência de concentração na região anterior do parasita (Figura 15 A). O tratamento com as drogas cicloheximida e puromicina não causaram alterações na distribuição de EF1- $\alpha$  no citoplasma de *T. cruzi* tanto em epimastigotas em fase logarítmica de crescimento quanto em parasitas sob estresse nutricional (Figura 15 B). Apesar de EF1- $\alpha$  estar envolvida com a elongação da tradução sua localização celular não sofreu alteração em resposta ao tratamento com drogas que inibem o início e a elongação da tradução.

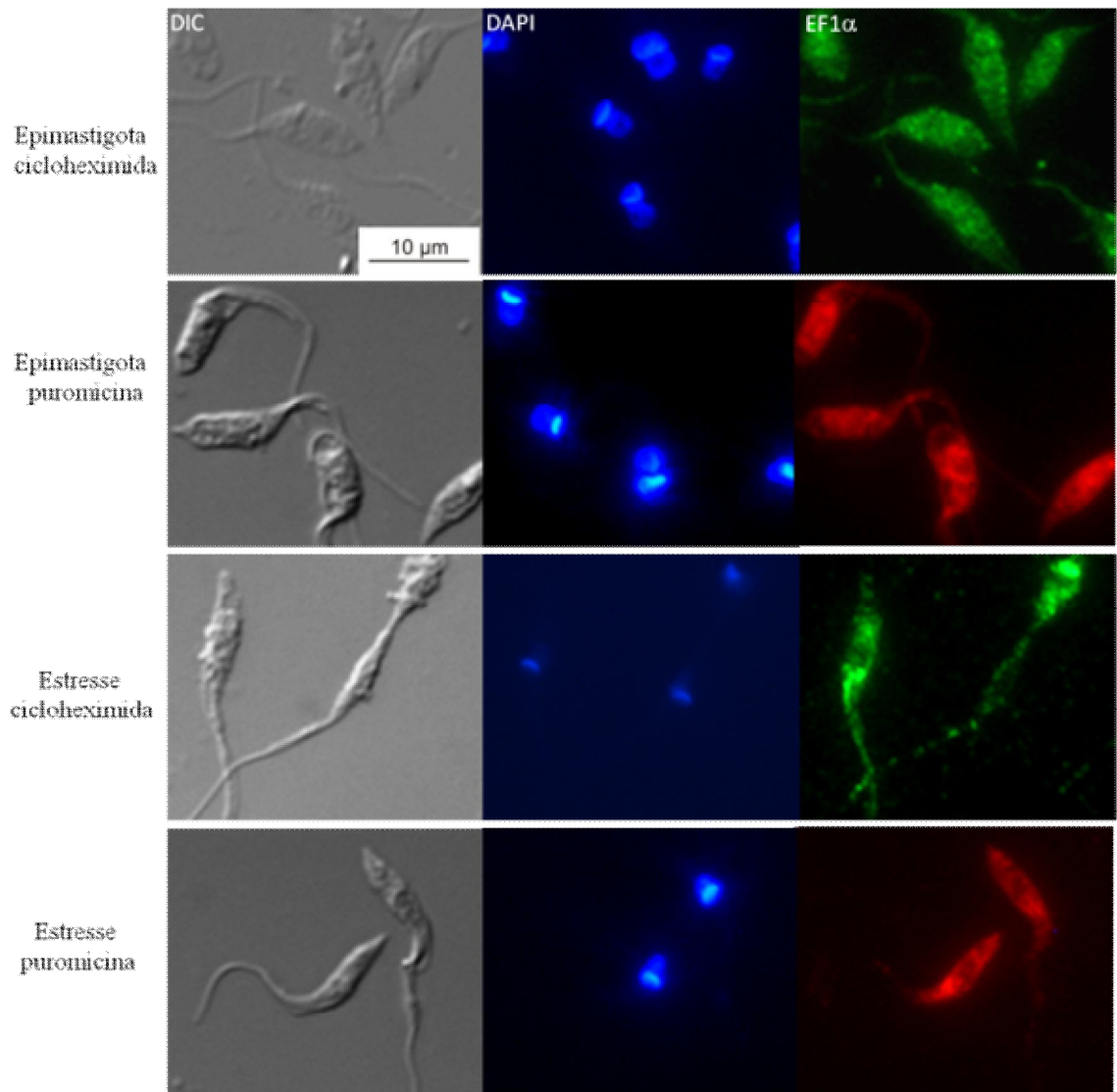
A proteína PFS apresentou uma localização pouco distribuída pelo citoplasma de epimastigotas com uma marcação pronunciada na porção anterior entre o flagelo e o cinetoplasto (Figura 15 C). Esse padrão se manteve em todas as formas analisadas (estresse, aderido 24 horas e tripomastigotas) e também não se alterou após tratamento com as drogas cicloheximida e puromicina (Figura 15 D).

A

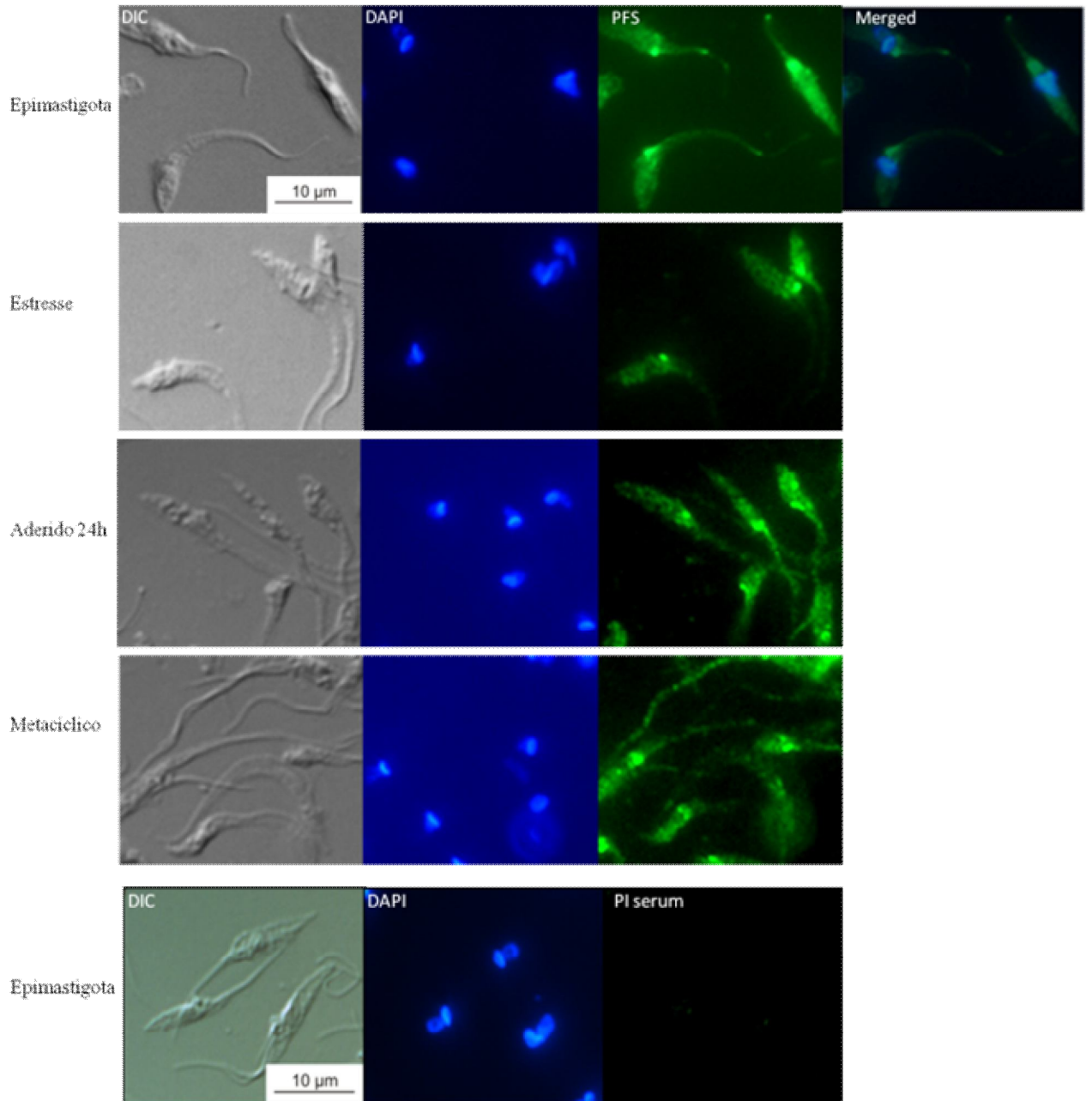




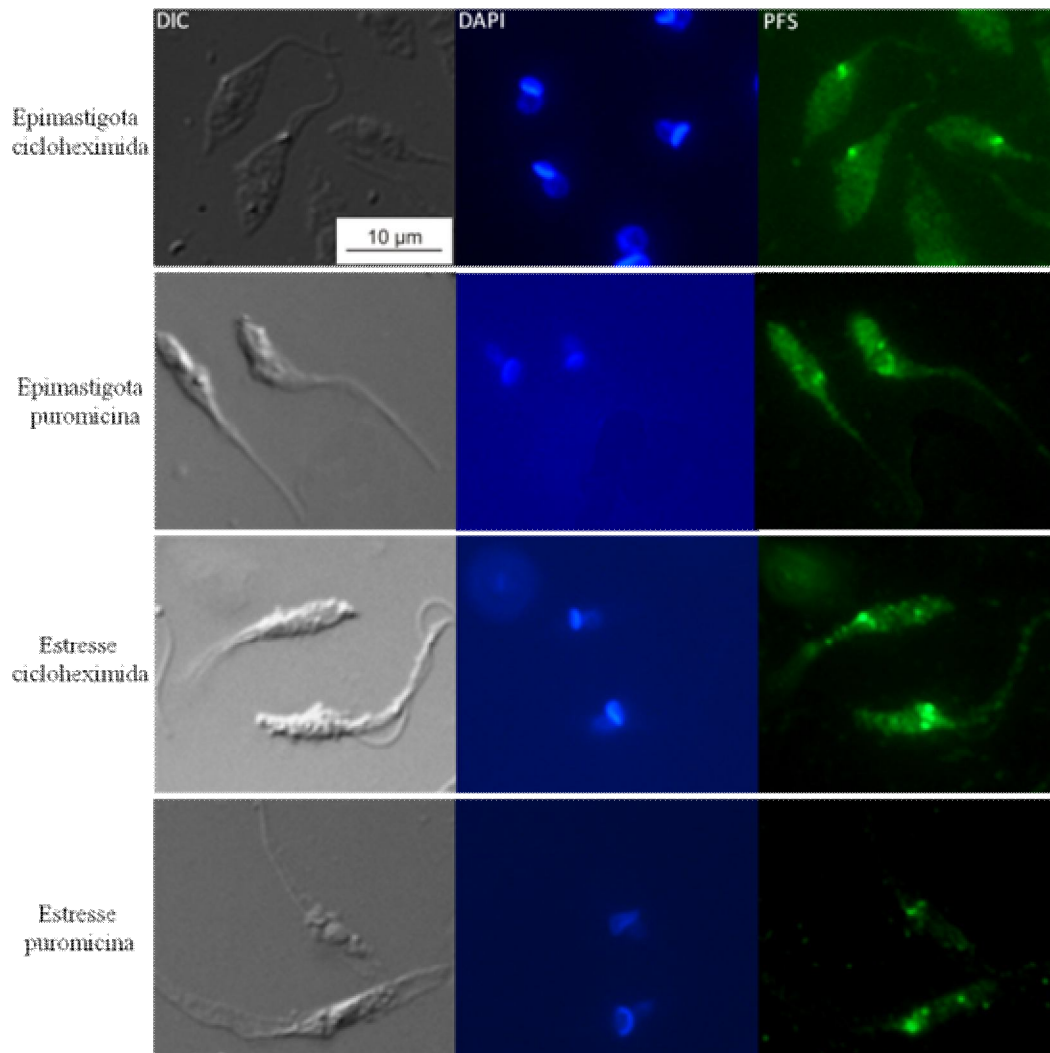
B



C



D

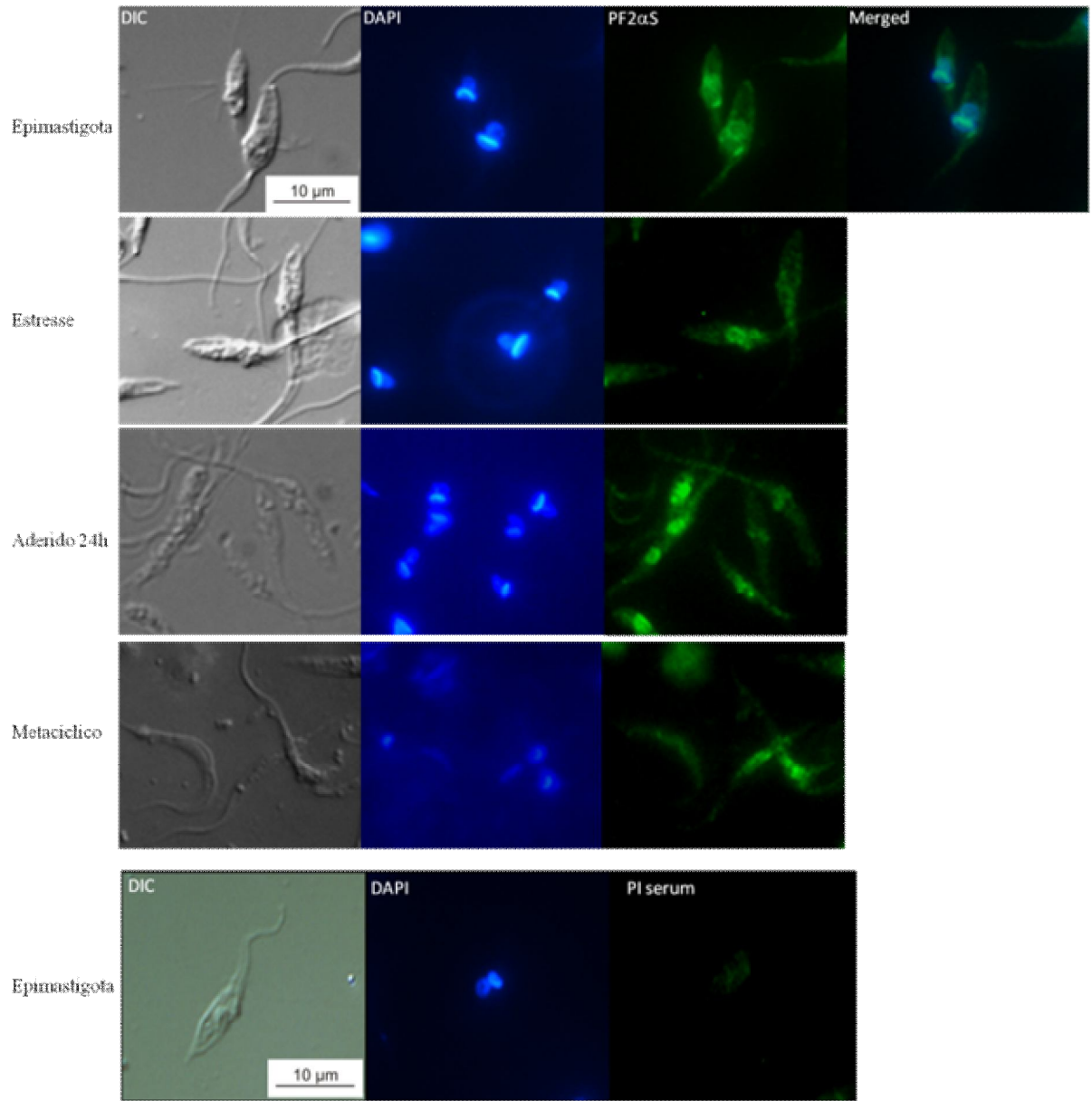


**Figura 15.** Ensaio de imunolocalização das proteínas EF1- $\alpha$  (A e B) e PFS (C e D) em formas epimastigotas em fase logarítmica de crescimento, epimastigotas sob estresse nutricional, epimastigotas em diferenciação aderidos ao substrato por 24 horas e tripomastigotas metacíclicos. Os tratamentos com as drogas cicloheximida (100  $\mu\text{g}/\text{mL}$ ) ou puromicina (2 mM) foram feitos com epimastigotas em crescimento logarítmico e epimastigotas sob estresse nutricional. Os anticorpos foram testados nas seguintes diluições: EF1- $\alpha$  (1:100) e PFS (1:500) Os anticorpos secundários (1:400) utilizados foram: anti-coelho marcado com Alexa 488 e anti-coelho marcado com Alexa-546. Núcleos e cinetoplastos foram corados com DAPI e sobrepostos (Merged). Barra = 10  $\mu\text{m}$ . DIC – contraste interferencial diferencial. PI serum – soro pré-imune utilizado nas mesmas diluições dos respectivos soros imunes.

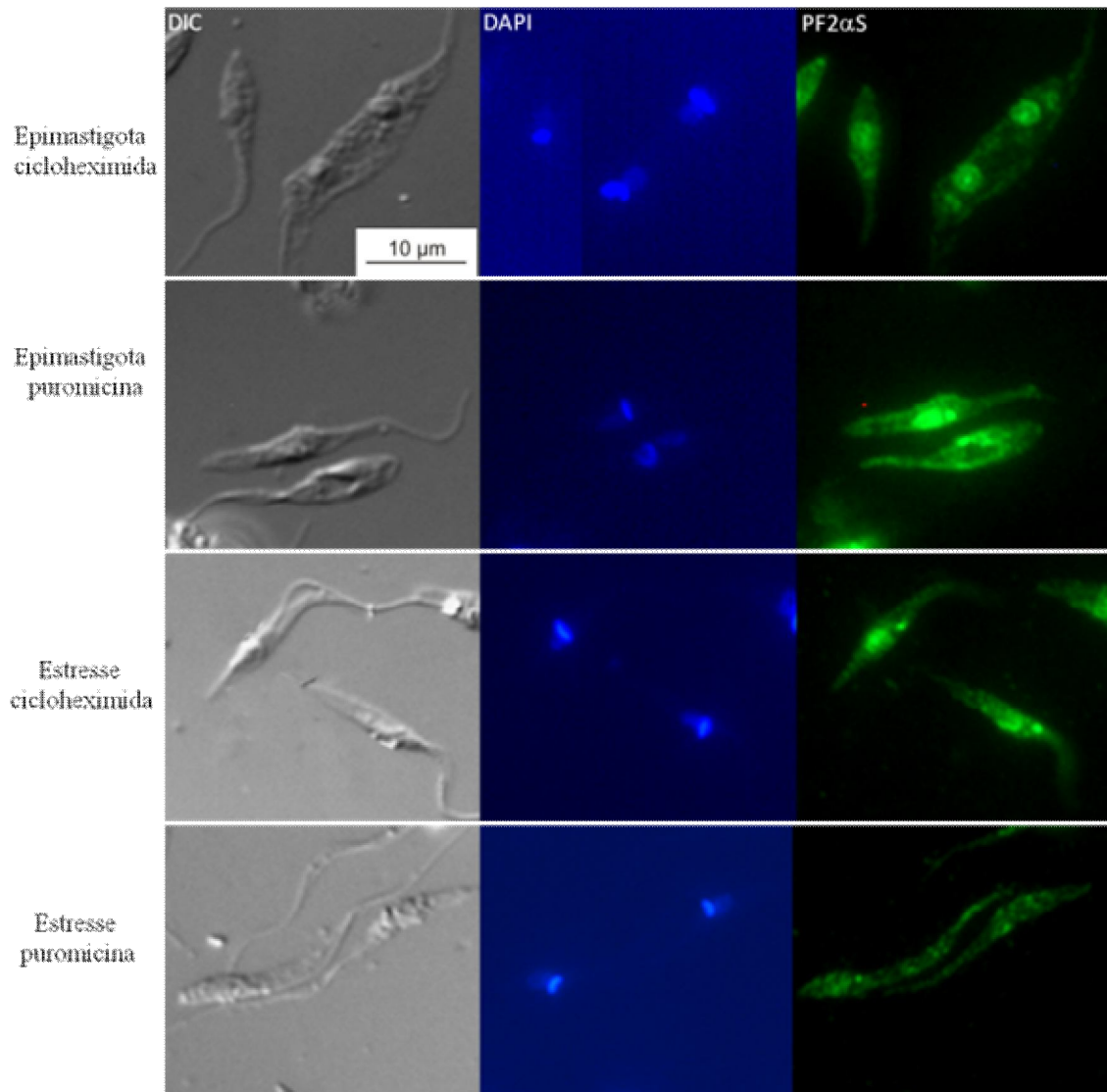
Em epimastigotas a proteína PF2 $\alpha$ S apresentou uma marcação nuclear em quase 100% dos parasitas assim como uma marcação pontual na porção anterior entre o flagelo e o cinetoplasto semelhante à PFS (Figura 16 A). Em parasitas estressados houve uma diminuição da marcação nuclear, com apenas 30% dos parasitas apresentando marcação nuclear (Figura 16 A). Esse padrão se manteve nos parasitas em diferenciação aderidos ao substrato (Figura 16 A). Nas formas tripomastigotas metacíclicas a marcação nuclear foi extremamente fraca (Figura 16 A). Ao tratarmos os epimastigotas com cicloheximida nenhuma alteração foi observada, com todos os parasitas apresentando marcação nuclear (Figura 16 B e Figura 17). No entanto, ao tratarmos as células com puromicina houve uma diminuição significativa no número de parasitas com marcação nuclear em cerca de 50% dos parasitas observados (Figura 16 B e Figura 17). Nos parasitas estressados o tratamento com cicloheximida não alterou o padrão de marcação, onde apenas 30% das células continuaram com o núcleo marcado. Ao tratarmos os parasitas estressados com puromicina a marcação nuclear praticamente desapareceu ficando distribuída pelo citoplasma na forma de grânulos (Figura 16 B e Figura 17).

Os soros pré-ímmune correspondentes as inoculações das proteínas analisadas não detectaram qualquer proteína nos ensaios de imunofluorescência.

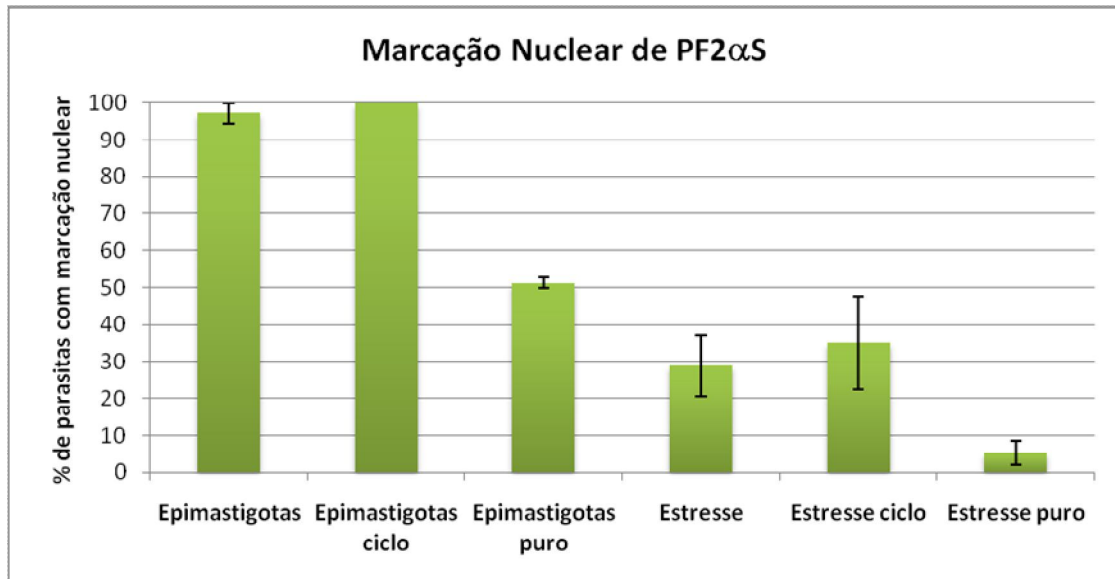
A



B



**Figura 16.** Ensaios de imunolocalização da proteína PF2 $\alpha$ S (A e B) em formas epimastigotas em fase logarítmica de crescimento, epimastigotas sob estresse nutricional, epimastigotas em diferenciação aderidas ao substrato por 24 horas e tripomastigotas metacíclicas. Os tratamentos com as drogas cicloheximida (100  $\mu$ g/mL) ou puromicina (2 mM) foram feitos com epimastigotas em crescimento logarítmico e epimastigotas sob estresse nutricional. O anticorpo foi testado na diluição 1:250. Os anticorpos secundários (1:400) utilizado foi anti-coelho marcado com Alexa 488. Núcleos e cinetoplastos foram corados com DAPI e sobrepostos (Merged). Barra = 10  $\mu$ m. DIC – contraste interferencial diferencial. PI serum – soro pré-imune utilizado na mesma diluição do soro imune.



**Figura 17.** Análise do padrão de distribuição de PF2 $\alpha$ S em *T. cruzi*. Foram utilizados epimastigotas em fase logartítmica de crescimento (Epimastigotas) e epimastigotas sob estresse nutricional (Estresse). Os parasitas foram tratados com as drogas cicloheximida (ciclo) e puomicina (puro). Após o ensaio de imunolocalização por imunofluorescência indireta, o padrão de distribuição de PF2 $\alpha$ S foi avaliado quanto a presença ou ausência de marcação nuclear nos parasitas submetidos ou não ao tratamento com as drogas puomicina e cicloheximida. O experimento foi realizado em triplicata e indicam a porcentagem de parasitas que possuíam marcação nuclear de PF2 $\alpha$ S.

#### 4.1.9 Análise dos complexos através de gradientes de sedimentação de sacarose.

Para investigar se as proteínas EF1- $\alpha$ , PF2 $\alpha$ S e PFS estão presentes em complexos protéicos citoplasmáticos analisamos o perfil de sedimentação e a distribuição destas proteínas em gradientes de densidade de sacarose (15-55%). Os extratos protéicos das formas epimastigotas em fase logarítmica de crescimento e epimastigotas sob estresse nutricional foram tratados com cicloheximida ou EDTA ou puromicina, adicionados aos gradientes e centrifugados a 192.000 x g por 2 horas a 4°C em ultra centrífuga Beckman com rotor SW40. As frações foram coletadas e analisadas por *Western blotting* utilizando os anti-soros contra as proteínas EF1- $\alpha$ , PF2 $\alpha$ S e PFS.

Um perfil de sedimentação típico de polissomos foi obtido quando o extrato das formas epimastigotas foi tratado com cicloheximida, uma droga que inibe a função do fator de tradução eEF2, que atua na translocação do peptidil-tRNA do sítio A do ribossomo para o sítio P, bloqueando dessa maneira a elongação da tradução e mantendo os ribossomos associados ao mRNA. Neste gradiente as proteínas EF1- $\alpha$ , PF2 $\alpha$ S e PFS foram detectadas desde as frações leves até a fração correspondente aos polissomos com três ribossomos (Figura 18 I).

Para os ensaios de dissociação dos polissomos, os extratos foram tratados com puromicina, um antibiótico que causa a liberação prematura da cadeia polipeptídica em construção no ribossomo e com EDTA, um quelante de íons divalentes. Nestes ensaios, um perfil de dissociação característico foi obtido e a distribuição de EF1- $\alpha$  (Figura 18 I A), PF2 $\alpha$ S (Figura 18 I B) e PFS (Figura 18 I C) nos gradientes de sacarose foi semelhante ao tratamento com cicloheximida.

Nos gradientes de epimastigotas sob estresse nutricional tratados com cicloheximida, os polissomos foram menores e menos abundantes e as proteínas EF1- $\alpha$ , PF2 $\alpha$ S e PFS estavam presentes em todas as frações inclusive nas mais pesadas

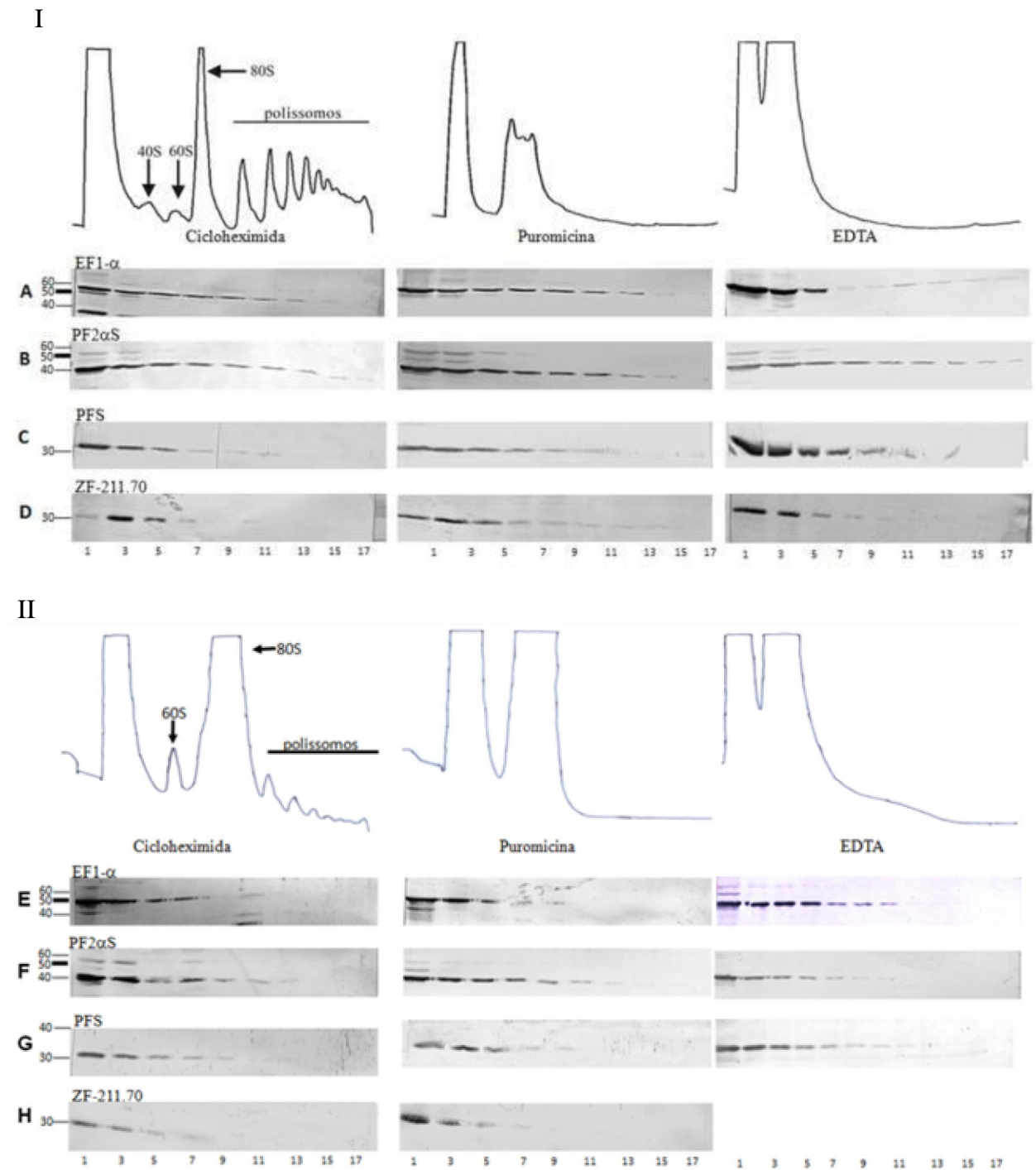


(Figura 18 II). O padrão de migração das proteínas EF1- $\alpha$ , PF2 $\alpha$ S e PFS após tratamento com puromicina e EDTA em parasitas estressados foi semelhante ao obtido com epimastigotas submetidos aos mesmos tratamentos (Figura 18 II E, F e G).

Ao se tratar o extrato das formas epimastigotas com cicloheximida, a proteína ZF-211-70 foi detectada somente nas frações leves até a fração correspondente a um ribossomo (Figura 18 I D).

Já com o tratamento com puromicina, o padrão de distribuição mudou e a proteína ZF-211.70 foi detectada até nas frações mais pesadas do gradiente. O tratamento com EDTA levou a um perfil de distribuição de ZF-211.70 semelhante ao tratamento com cicloheximida nos gradientes de sacarose. Esse resultado era esperado uma vez que ZF-211.70 possui um íon zinco em seu sítio ativo sendo este quelado pelo EDTA, o que levou a perda da função dessa proteína.

Em parasitas sob estresse nutricional tratados com cicloheximida, os polissomos foram menores e menos abundantes confirmando a queda na taxa de tradução. Nos gradientes de epimastigotas sob estresse nutricional tratados com cicloheximida a proteína ZF-211.70 estava presente até as frações correspondentes a um ribossomo (Figura 18 II H). Após o tratamento com puromicina, a proteína ZF-211.70 migrou um pouco mais para as frações mais pesadas quando comparada com cicloheximida, corroborando os dados obtidos com epimastigotas (Figura 18 II H). O ensaio de estresse com EDTA não foi realizado por causar a perda de função da proteína.



**Figura 18.** Perfil de sedimentação das proteínas EF1- $\alpha$ , PF2 $\alpha$ S, PFS e ZF-211.70 em gradientes de sacarose. Gradiente de sacarose (15 – 55%) de epimastigotas (I) e parasitas estressados (II). As células foram tratadas com cicloheximida, puromicina e/ou EDTA. As posições das subunidades 40S, 60S, o

monômero 80S e polissomos estão indicados. As frações foram analisadas por *Western blotting* com os soros contra as proteínas: **A** e **E**- EF1- $\alpha$  diluição 1:250, **B** e **F** - PGF2 $\alpha$ S 1:500, **C** e **G** - PFS 1:1000 e **D** e **H** - ZF-211.70 1:250.

## 4.2 SESSÃO 2 – RNA

### 4.2.1. Identificação dos mRNAs presentes nas frações polissomal e pós-polissomal.

Com o isolamento dos mRNPs presentes nas frações polissomal e pós-polissomal de parasitas em escala logarítmica de crescimento e parasitas sob estresse nutricional foi feito em paralelo a análise dos mRNAs associados a estes complexos através de ensaios de microarranjo. O desenho experimental destas análises consistiu em comparar os mRNAs provenientes da fração polissomal (Pol) com os da fração pós-polissomal (PP) de epimastigotas e parasitas submetidos a estresse nutricional através de ensaios de hibridação competitiva em microarranjos de DNA.

A avaliação das amostras por microarranjo é complexa por ser extremamente influenciada por ruídos relacionados aos procedimentos técnicos e aqueles inerentes à complexidade dos sistemas biológicos. As causas do ruído são diversas e estão presentes de maneira desigual em diferentes experimentos distintos de microarranjo. Assim, para tentar controlar o ruído técnico bem como o ruído biológico, as amostras foram obtidas através de três experimentos, realizados com o mesmo rigor técnico (replicatas técnicas) a partir de culturas distintas de *T. cruzi* (replicatas biológicas). A Tabela 7 mostra as quantidades de RNA obtidas após a purificação das amostras com o kit RNeasy (antes da amplificação) e após a etapa de purificação dos cRNAs amplificados, presentes nas amostras Pol e PP tanto de epimastigotas quanto de parasitas estressados (Tabela 7). O protocolo de marcação das amostras com os fluoróforos Cy3 e Cy5 está representado na Tabela 8.

**Tabela 7.** Eficiência de amplificação do mRNA extraído.

Condição	Amostra	Réplica	Pré-amplificação	Pós-amplificação
			ng/uL	ng/uL
A l t o s a l	Polissomal Epimastigota	1	57,6	1974,09
		2	39,6	1643,22
		3	84,4	2850,89
	Pós-polissomal Epimastigota	1	inválido	276,51
		2	inválido	505,19
		3	17,6	1515,28
	Polissomal Estresse	1	31,2	2631,14
		2	26,8	2157,7
		3	52,8	2503,27
	Pós-polissomal Estresse	1	inválido	1256,81
		2	inválido	600,56
		3	inválido	1275,13
B a i x o S a l	Polissomal Epimastigota	1	76,9	1558,03
		2	10,89	1559,82
		3	66,04	2102,34
	Pós-polissomal Epimastigota	1	1,15	858,56
		2	1,66	1534,66
		3	5,56	1683,62
	Polissomal Estresse	1	52,96	2626,79
		2	94,14	1849,43
		3	57,74	415,9
	Pós-polissomal Estresse	1	7,51	2200,18
		2	72,25	1502,58
		3	15,87	1986,81

**Tabela 8.** Protocolo de marcação das amostras com os fluoróforos Cy3 e Cy5.

Condição	Fluoróforo	
	Cy3	Cy5
B a s i a x l o	Pol Epi 1	PP Epi 1
	PP Epi 2	Pol Epi 2
	Pol Epi 3	PP Epi 3
	PP Str 1	Pol Str 1
	Pol Str 2	PP Str 2
	PP Str 3	Pol Str 3
A l t o  s a l	PP Epi 1	Pol Epi 1
	Pol Epi 2	PP Epi 2
	PP Epi 3	Pol Epi 3
	Pol Str 1	PP Str 1
	PP Str 2	Pol Str 2
	Pol Str 3	PP Str 3

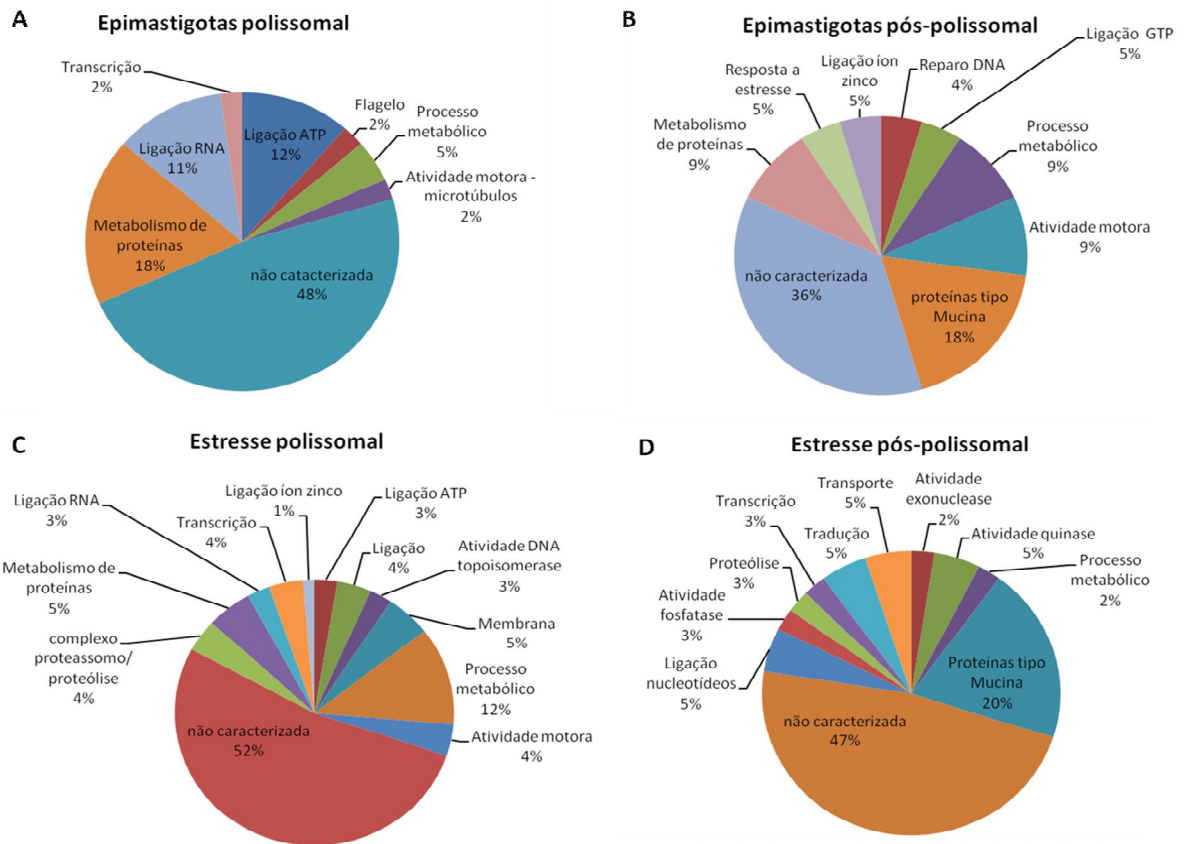
Epi – epimastigotas em escala logarítmica de crescimento, Str – epimastigotas sob estresse nutricional

Os fluoróforos possuem diferenças em sua estrutura, capacidade de incorporação ao alvo, emissão de fluorescência e foto-estabilidade. Estes fatores podem interferir nos dados coletados ocasionando uma quantificação diferencial dos dois fluoróforos, de acordo com a intensidade dos mesmos. No entanto, a variabilidade adicionada pelo uso dos fluoróforos pode ser compensada. Assim, duas réplicas tiveram o mesmo protocolo de marcação (Cy5 x Cy3) e na terceira réplica houve a inversão dos corantes (Cy3 x Cy5) numa tentativa de anular efeitos de incorporação fluoróforo-específica.

Apesar de termos realizado o desenho experimental em triplicata tanto alto sal quanto baixo sal, os ensaios de hibridação foram feitos com a triplicata de baixo sal em epimastigotas e triplicata de baixo sal e uma réplica de alto sal de parasitas estressados. Essa discrepância ocorreu em decorrência da quebra da estação de hibridação, o que impossibilitou a continuidade dos experimentos.

O critério de análise adotado para comparar os genes diferencialmente representados entre as amostras Pol e PP foi um *fold change* – FC - de duas vezes (número de vezes em que um gene difere em nível de expressão entre duas amostras em comparação). Esse critério mais rigoroso teve que ser usado pelo fato de não termos observado diferenças estatisticamente significativas entre as frações polissomal e pós-polissomal. Estipulando o FC de duas vezes nós diminuímos o número de genes selecionados, porém aumentamos a confiabilidade dessa seleção. Nesse critério nenhuma sonda controle presente na lâmina de microarranjo foi identificada aumentando a confiabilidade da nossa seleção.

A partir de escolha do FC igual ou maior que 2 nós obtivemos 44 genes com expressão aumentada na fração polissomal e 24 genes com expressão aumentada na fração pós-polissomal de epimastigotas, 76 genes com expressão aumentada na fração polissomal e 40 genes na fração pós-polissomal de parasitas estressados (Figura 19).



**Figura 19.** Classificação dos mRNAs identificados de epimastigotas em fase logarítmica de crescimento nas frações polissomal  $n=44$  (A), pós-polissomal  $n=24$  (B) bem como epimastigotas sob estresse nutricional frações polissomal  $n=76$  (C) e pós-polissomal  $n=40$  (D) quanto a atuação em função, processos biológicos e componente celular.



**Tabela 9.** Lista com os genes diferencialmente expressos identificados através da análise de microarranjo ( $FC \geq 2$ ).

**Epimastigota - genes com expressão aumentada (2x)**

hypothetical protein, conserved  
 ATP-dependent DEAD/H RNA helicase, putative  
 dynein heavy chain, putative  
 cyclophilin, putative,PPIase, putative,rotamase, putative,peptidyl-prolyl cis-trans isomerase, putative  
 hypothetical protein, conserved  
 hypothetical protein, conserved  
 N(2), N(2)-dimethylguanosine tRNA methyltransferase, putative  
 kinesin, putative  
 hypothetical protein, conserved  
 hypothetical protein  
 RNA helicase, putative  
 hypothetical protein, conserved  
 hypothetical protein, conserved  
 C-terminal motor kinesin, putative  
 protein kinase, putative,serine/threonine protein kinase, putative  
 DNA-damage inducible protein DDII-like protein, putative  
 hypothetical protein, conserved  
 calcium-translocating P-type ATPase, putative  
 hypothetical protein, conserved  
 RNA-binding protein, putative  
 proteasome alpha 3 subunit, putative  
 succinyl-CoA ligase [GDP-forming] beta-chain, putative  
 mitochondrial DNA-directed RNA polymerase, putative  
 hypothetical protein, conserved  
 hypothetical protein, conserved  
 hypothetical protein, conserved  
 orotidine-5-phosphate decarboxylase/orotate phosphoribosyltransferase, putative,OMPDCase-OPRTase,  
 putative  
 serine/threonine protein kinase, putative,protein kinase, putative  
 hypothetical protein, conserved  
 tyrosine phosphatase, putative  
 hypothetical protein, conserved  
 hypothetical protein, conserved  
 hypothetical protein, conserved  
 hypothetical protein, conserved  
 hypothetical protein, conserved  
 ATP-dependent zinc metallopeptidase, putative,metallo-peptidase, clan MA(E), family M41, putative  
 hypothetical protein, conserved

hypothetical protein, conserved  
hypothetical protein, conserved  
paraflagellar rod component, putative  
hypothetical protein, conserved  
protein kinase A regulatory subunit, putative

**Epimastigotas – genes com expressão diminuída (2x)**

hypothetical protein, conserved  
D-isomer specific 2-hydroxyacid dehydrogenase-protein, putative  
hypothetical protein, conserved  
ras-family member, GTP-binding protein, putative  
O-6 methyl-guanine alkyl transferase, putative  
mitotic centromere-associated kinesin (MCAK), putative  
hypothetical protein  
serine/threonine protein kinase, putative  
serine-palmitoyl-CoA transferase, putative  
mucin-associated surface protein (MASP), putative  
mucin-associated surface protein (MASP), putative  
hypothetical protein, conserved  
hypothetical protein, conserved  
hypothetical protein, conserved  
hypothetical protein, conserved  
hypothetical protein, conserved  
NUDIX hydrolase, putative  
mucin TcMUCII, putative  
hypothetical protein, conserved  
hypothetical protein, conserved  
hypothetical protein  
mucin-associated surface protein (MASP), putative  
chaperonin HSP60 mitochondrial precursor, putative  
dynein heavy chain, putative

**Estresse - genes com expressão aumentada (2x)**

hypothetical protein, conserved  
hypothetical protein, conserved  
hypothetical protein, conserved  
hypothetical protein, conserved  
Tb-291 membrane-associated protein-like, putative  
hypothetical protein, conserved  
hypothetical protein, conserved  
hypothetical protein, conserved

glycyl-tRNA synthetase, putative  
kinesin, putative  
hypothetical protein, conserved  
hypothetical protein, conserved  
DNA topoisomerase IB, large subunit, putative  
mitochondrial DNA-directed RNA polymerase, putative  
ATP synthase, putative  
DNA topoisomerase II, putative  
tyrosine aminotransferase  
hypothetical protein, conserved  
hypothetical protein, conserved  
hypothetical protein  
pyruvate dehydrogenase (lipoamide) kinase, putative  
hypothetical protein, conserved  
hypothetical protein, conserved  
R27-2 protein, putative  
hypothetical protein, conserved  
acetylornithine deacetylase-like, putative  
long-chain-fatty acid-CoA ligase protein, putative, acyl-CoA synthetase, putative, fatty acid thiokinase, long chain, putative  
retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative  
hypothetical protein, conserved  
hypothetical protein, conserved  
hypothetical protein, conserved  
axoneme central apparatus protein, putative  
hypothetical protein, conserved  
DNA-directed RNA polymerase III largest subunit, putative  
hypothetical protein, conserved  
hypothetical protein, conserved  
hypothetical protein, conserved  
hypothetical protein  
MCAK-like kinesin, putative  
delta-1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase, putative  
protein kinase, putative  
t-complex protein 1, eta subunit, putative  
hypothetical protein, conserved

**Estresse – genes com expressão diminuída (2x)**

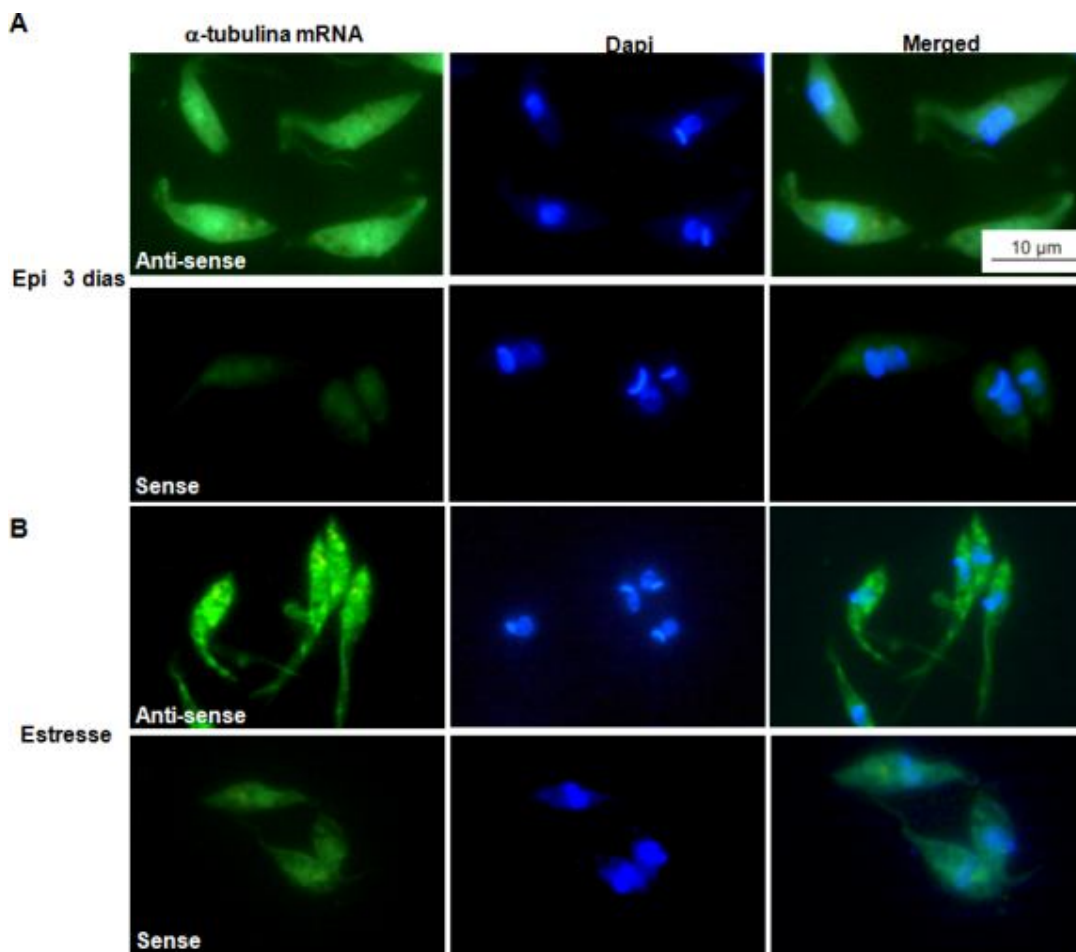
hypothetical protein, conserved  
protein kinase ck2 regulatory subunit, putative  
protein kinase, putative

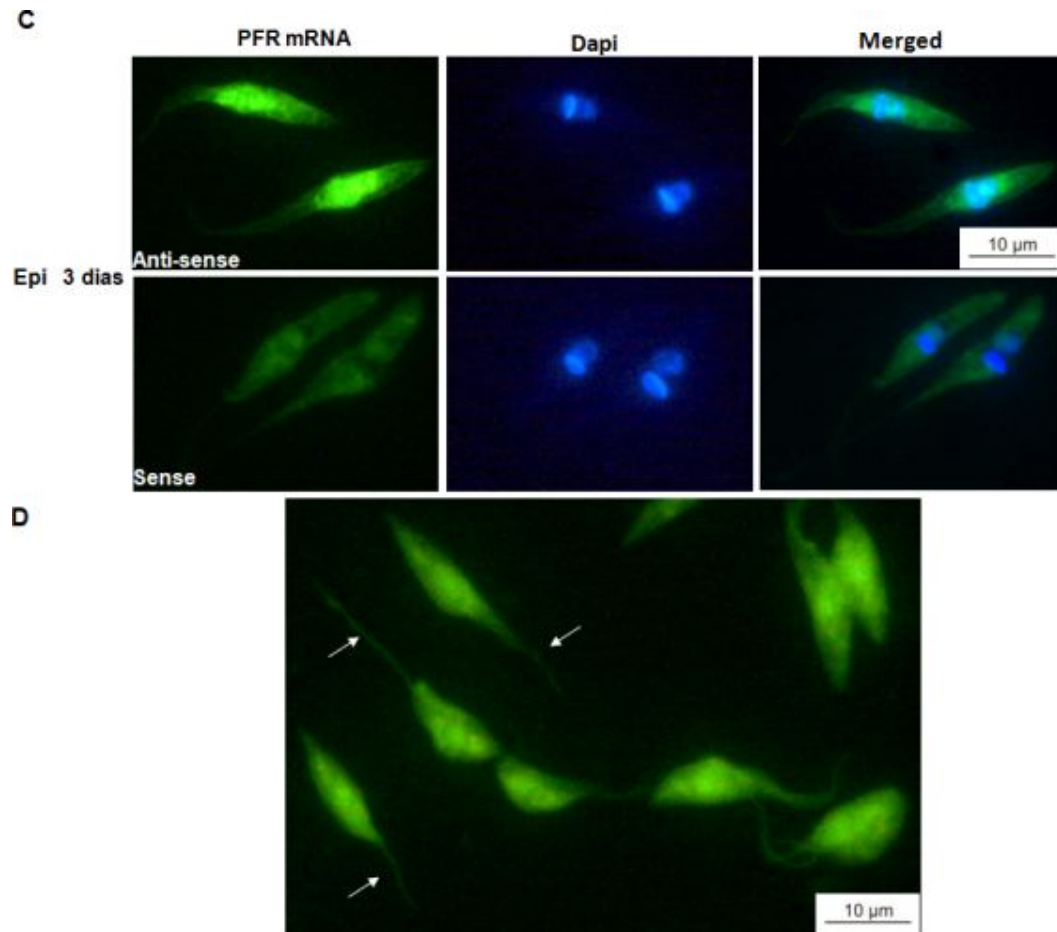
guanin nucleotide-binding protein, putative  
hypothetical protein, conserved  
calpain-like cysteine peptidase, putative  
hypothetical protein  
hypothetical protein, conserved  
hypothetical protein, conserved  
hypothetical protein, conserved  
hypothetical protein, conserved  
hypothetical protein, conserved  
mucin-associated surface protein (MASP), putative  
hypothetical protein, conserved  
mucin TcMUCII, putative  
hypothetical protein, conserved  
ankyrin repeat protein, putative  
mucin TcMUCII, putative  
mucin TcMUCII, putative  
hypothetical protein, conserved  
hypothetical protein  
elongation factor 1-gamma (EF-1-gamma, pseudogene), putative  
hypothetical protein, conserved  
mitochondrial carrier protein, putative  
mucin-associated surface protein (MASP), putative  
hypothetical protein, conserved  
hypothetical protein  
mucin-associated surface protein (MASP), putative  
clathrin assembly sigma-adaptin protein complex 4, putative  
mucin TcSMUGS, putative  
hypothetical protein, conserved  
ribosomal protein L24, putative  
mucin TcMUC (pseudogene), putative  
mucin TcMUCII, putative  
hypothetical protein

#### 4.2.2 Aperfeiçoamento da técnica de hibridação fluorescente *in situ* (FISH)

A técnica de hibridação fluorescente *in situ*, é uma ferramenta bastante útil para a detecção de sequências específicas de DNA ou RNA em células e tecidos. Ela utiliza sondas que podem ser diretamente marcadas (nucleotídeo marcado com fluoróforo) ou através de moléculas secundárias fluorescentes (anticorpo secundário marcado com fluoróforo). Essa técnica é útil para visualização da localização de mRNAs alvo e também para a confirmação de resultados obtidos a partir de ensaios de ribonômica. A utilização da metodologia de hibridação *in situ* por fluorescência poderá contribuir para a compreensão do papel da localização de mRNPs como mecanismo pós-transcricional de controle da expressão gênica em *T. cruzi*. Para aperfeiçoarmos a técnica selecionamos sondas para o mRNA da  $\alpha$ -tubulina por ser abundante, facilitando sua visualização e para o mRNA que codifica para a proteína PFR2 (Paraflagellar Rod protein 2). A proteína PFR2 é um componente do citoesqueleto que se localiza ao longo do flagelo próximo ao axonema, emergindo da bolsa flagelar em kinetoplastida (Vickerman, 1962). PFR2 foi escolhida por ser uma proteína específica de flagelo. Como a localização da proteína é específica duas hipóteses são possíveis: ou a proteína é sintetizada no citoplasma e transportada para a porção anterior do parasita ou então o mRNA da PFR2 é transportado até a base do flagelo e a proteína é sintetizada naquele local específico. Para testar ambas as hipóteses nós então sintetizamos sondas para detecção do mRNA da PFR2. A síntese dos oligonucleotídeos foi desenhada de modo a termos a fita *anti-sense* que se anela ao mRNA alvo bem como a fita *sense*, cuja sequência é igual a do mRNA alvo e por isso usada como controle dos experimentos. Diferentes concentrações de sondas foram testadas sendo que a que gerou melhores resultados foi 1 ng (Figura 20). Em epimastigotas em crescimento exponencial o padrão de distribuição do mRNA da  $\alpha$ -tubulina mostrou-se disperso de maneira homogênea no citoplasma (Figura 20 A). A fluorescência obtida com a sonda anti-sense foi mais intensa quando comparada à

sonda sense, mas essa ainda fluoresce com certa intensidade, o que faz com que seja necessário o melhoramento da técnica visando minimizar essa fluorescência do controle (Figura 20 A). Em epimastigotas sob estresse nutricional o padrão de distribuição do mRNA da  $\alpha$ -tubulina apresentou um padrão de fluorescência mais granular, indicando uma mobilização desse mRNA para grânulos de estocagem e/ou degradação (Figura 20 B). O padrão de fluorescência com as sondas para o mRNA da PFR2 ficou distribuído no citoplasma, com uma concentração maior na porção anterior e em algumas células é possível visualizar uma fluorescência ao longo do flagelo do parasita indicando uma possível localização desse mRNA perto da região onde o mesmo é traduzido (Figura 20 C e D).





**Figura 20.** Localização dos mRNAs que codificam  $\alpha$ -tubulina e PFR2 pela técnica de FISH. **A** – Localização da sonda para  $\alpha$ -tubulina marcada com Alexa flúor-UTP (50 ng) em epimastigotas em crescimento logarítmico. No painel inferior o padrão de localização com a sonda sense (controle) também marcada com Alexa flúor-UTP **B** - Localização da sonda para  $\alpha$ -tubulina marcada com Alexa flúor-UTP (50 ng) em epimastigotas sob estresse nutricional. No painel inferior o padrão de localização com a sonda sense (controle). **C** - Localização da sonda para PFR2 marcada com Alexa flúor-UTP (50 ng) em epimastigotas em crescimento logarítmico. No painel inferior o padrão de localização com a sonda sense (controle). **D** – aumento do campo para evidenciar os parasitas com marcação do mRNA para PFR2 flagelar em epimastigotas em crescimento logarítmico. Núcleos e cinetoplastos foram corados com DAPI e sobrepostos (Merged).

## 5 DISCUSSÃO

A expressão gênica em *T. cruzi* apresenta algumas peculiaridades como a ausência de promotores típicos para a enzima RNA polimerase II, a transcrição ter início dentro de uma região intercistrônica e ocorrer em ambas as direções além de dezenas a centenas de genes de função não relacionadas são transcritos numa mesma unidade policistrônica (Martinez-Calvillo *et al.*, 2003) e apresentarem diferentes níveis na expressão de suas proteínas (Gibson *et al.*, 1988). Estas e outras características já descritas indicam que a regulação da expressão gênica nestes organismos seja majoritariamente pós-transcricional, possivelmente baseada em mecanismos que envolvam a estabilidade dos mRNAs e/ou sua disponibilidade para serem traduzidos, além daqueles que afetam a estabilidade ou atividade de proteínas.

Nos últimos anos, várias pesquisas têm indicado que operons pós-transcricionais e a formação de grânulos de RNA são estruturas chave na regulação da expressão gênica (Moore, 2005). Assim, tendo em vista a importância dos mecanismos de regulação pós-transcricional em tripanossomatídeos, resolvemos investigar a presença e composição de complexos mRNA-proteínas (mRNPs) em *T. cruzi* e verificar o papel destes complexos na regulação da expressão gênica do parasita.

O isolamento de proteínas e complexos protéicos ligados a mRNAs através de uma técnica mais abrangente permitiu uma visão global das proteínas que interagem com os mRNAs e sua dinâmica quando se compara um parasita em crescimento exponencial ao parasita sob estresse nutricional.

Algumas das proteínas identificadas foram específicas de parasitas estressados e suas anotações funcionais indicam se tratarem de proteínas envolvidas com proteólise. Esse resultado evidencia que nessa condição de estresse vias de degradação estão ativadas em resposta a essa condição adversa a qual o parasita é submetido. Pode-se especular que os mRNAs que estão associados a essas proteínas que estão sendo



destinadas à degradação estejam também sendo degradados. Os dados gerados também possibilitaram observar que em parasitas estressados o número de proteínas ribossomais identificadas na fração polissomal foi menor quando comparado a epimastigotas e maior na fração pós-polissomal de estresse. Isto indica que a tradução está diminuída em parasitas estressados com desassociação dos polissomos, fazendo com que as proteínas antes associadas a eles fiquem livres no citoplasma sendo identificadas na fração pós-polissomal (Figura 8 e Tabela 3).

As proteínas envolvidas com metabolismo foram as mais representadas em todas as frações analisadas. Esse fato foi inesperado, mas ao buscarmos na literatura dados sobre funções não-canônicas de proteínas metabólicas observamos que enzimas multifuncionais podem atuar tanto em vias metabólicas quanto na regulação da expressão gênica em procariotos e eucariotos. Exemplos disto são: a gliceraldeído-3-fosfato-desidrogenase (Singh and Green, 1993), inosina monofosfato desidrogenase (McLean *et al.*, 2004), acetil-CoA carboxilase (Benson *et al.*, 2008), lipin-1 (Reue and Zhang, 2007), aminoacil-tRNA sintetase (Martinis *et al.*, 1999), Llv5p, que é requerida para a síntese de aminoácidos de cadeia ramificada (Bateman *et al.*, 2002), fosfofrutoquinase (Rabinovitz, 1991) e Arg5,6, um enzima mitocondrial envolvida na biossíntese da arginina que também participa na transcrição de genes alvo no núcleo e na mitocôndria (Hall *et al.*, 2004).

Para explorar as funções das proteínas classificadas com atuantes no metabolismo fizemos um sub-classificação que possibilitou observar que as funções mais representadas foram correspondentes a oxido-redução, glicólise e proteólise, sendo que proteólise foi a função correspondente a proteínas majoritariamente identificadas em parasitas estressados como discutido acima (Tabela 5).

Além das evidências da literatura, o aumento da concentração de NaCl para 300 mM ajudou a identificar as mRNPs *core* e a descartar a hipótese de contaminação das amostras com proteínas de metabolismo (Tabela 4). Foram identificadas 154 proteínas que foram classificadas quanto à função e/ou processo biológico. Grupos de proteínas

de ligação a RNA e proteínas ribossomais estão mais representados em alto sal do que baixo sal. Isso pode ser explicado pelo fato dessas proteínas serem de forte interação com o RNA e no caso das de ligação a RNA indicam que estas formam o cerne de muitos mRNPs. Um exemplo de proteínas que ligam RNA e formam cerne de mRNPs é a TcPUF6, que está envolvida com degradação dos mRNAs alvo e forma grânulos citoplasmáticos de mRNPs em *T. cruzi* que se co-localizam com TcDhh1, proteína componente de *P-bodies* (Dallagiovanna *et al.*, 2008). Outro exemplo é a proteína TTP (tristetraprolina), proteína ligadora de RNA com domínio dedo de zinco CCCH, que se liga especificamente a elementos ARE (elementos ricos em AU) dentro da região 3' não traduzida dos mRNAs alvo. TTP se liga a diferentes mRNAs, tais como o que codifica para o fator de necrose alfa (TNF- $\alpha$ ), interleucina 3 e ciclooxigenase 2 (revisto por Cao, 2004). A ligação de TTP nos elementos ARE resulta na desestabilização desses mRNAs. TTP atua na nucleação de grânulos de estresse (revisto por Anderson & Kedersha, 2009).

Uma abordagem utilizada durante a análise dos dados foi evidenciar a identificação de proteínas sabidamente envolvidas com o metabolismo de RNA que foi essencial para confirmarmos a eficiência da metodologia utilizada. Uma das proteínas identificadas foi a NOT1, que faz parte do complexo CCR4-CAF1-NOT1 de degradação de mRNAs. A degradação do mRNA pode ser ativada pelo encurtamento da cauda poli(A) na extremidade 3' expondo o transcrito à ação do exossomo, um complexo de exonucleases 3' a 5' (Tucker *et al.*, 2001). A desadenilação é um importante passo na tradução e estabilidade do mRNA e o principal complexo é CCR4-CAF1-NOT1, altamente conservado em eucariotos (Tucker *et al.*, 2002). NOT1 é o cerne do complexo, ligando CCR4 e CAF1. CCR4 é a subunidade catalítica da desadenilase e contém o domínio exonucleásico 3' a 5' (Tucker *et al.*, 2001; Tucker *et al.*, 2002). A proteína NOT1 foi detectada exclusivamente na fração pós-polissomal de parasitas estressados, consistente com a hipótese de que ocorre a liberação de muitos mRNAs dos ribossomos com consequente rearranjo dos transcritos a serem destinados a tradução em resposta ao estresse ou ainda reprimidos ou degradados e nesse caso faz

sentido que essa proteína tenha sido identificada na fração não envolvida na tradução de parasitas estressados, onde a taxa de degradação de mRNA é maior (van Hoof & Parker, 2002).

Outra identificação interessante foi uma proteína TIA-1-like em todas as frações analisadas tanto em epimastigotas quanto em estresse. TIA-1 (*T-cell intracellular antigen 1*) é uma proteína de ligação ao RNA com motivos RRM (*RNA-recognition motif*). Ela possui 3 motivos RRM na porção amino-terminal e um domínio rico em glutamina na região carboxi-terminal (Kawakami *et al.*, 1994). TIA-1 é conhecida por reprimir a tradução dos mRNAs que codificam para o fator de necrose alfa (TNF- $\alpha$ ) e ciclooxigenase 2 (COX-2) (Förch & Valcárcel, 2001). Tem também papel na regulação de *splicing* alternativo de pré-mRNAs. A repressão traducional por TIA-1 ocorre em resposta a estresse (Anderson & Kedersha, 2002). A ativação de certas proteínas quinases resultam na fosforilação da subunidade alfa do fator de iniciação eucariótico 2 (eIF2 $\alpha$ ), uma proteína que carrega o tRNA<sub>i</sub><sup>met</sup> para a subunidade ribossomal menor para formar o complexo terciário e disparar a tradução. Durante o estresse o resultado é a inibição da tradução pela fosforilação da proteína eIF2 $\alpha$  por diminuir a formação do complexo ternário, conseqüentemente inibindo a tradução. Nessas condições, TIA-1 pode interagir com o complexo de iniciação incompetente ligando-se à região 5' do mRNA (Anderson & Kedersha, 2002). A agregação dos transcritos promovida pela TIA-1 é o primeiro passo em direção à formação dos grânulos de estresse, que são sítios de repressão traducional (Anderson & Kedersha, 2002). As múltiplas funções de TIA-1 no controle da tradução é similar em células sujeitas a estresse ou não, o que demonstra sua importância no metabolismo do mRNA. A identificação dessa proteína TIA-1-like em todas as frações analisadas sugere que essa tenha um papel importante em *T. cruzi* assim como em outros eucariotos atuando tanto em processos nucleares quanto citoplasmáticos e podendo estar associadas a polissomos neste parasita.

Nós também identificamos a proteína Dhh1, que pertence a uma subfamília de DEAD box helicases altamente conservada. Essa proteína é também conhecida como RCK/p54 em humanos (Coller *et al.*, 2001). Ela estimula a retirada do cap 5' por interagir com várias proteínas envolvidas nesse processo, incluindo a DCP1, juntamente com Lsm1 e Pat1, que aumentam a taxa de *decapping* (Coller *et al.*, 2001). Em leveduras, Dhh1 é necessária para a repressão global da tradução, pelo endereçamento dos mRNAs alvo para retirada do cap e pela promoção da associação dos mRNAs em *P-bodies* (Sheth & Parker, 2003). *P-bodies* são sítios onde o mRNA pode ter seu cap removido e degradado ou estocado para subsequente tradução (Sheth & Parker, 2003). A formação dos *P-bodies* é dinâmica e responde a condições de estresse aumentando em número e tamanho. Drogas também influenciam na dinâmica dos *P-bodies*, pois quando o processo de alongação da tradução é bloqueado por inibidores como a cicloheximida, ocorre uma diminuição no número destas estruturas. Por outro lado, quando os mRNAs se dissociam dos polissomos devido a inibição do início da tradução causada por drogas como puromicina, o número e o tamanho dos *P-bodies* aumenta consideravelmente (Sheth & Parker, 2003; Teixeira *et al.*, 2005), indicando então que o número e o tamanho destas estruturas depende da quantidade de mRNA disponível para a degradação. Em *T. cruzi*, TcDhh1 forma mRNPs semelhantes a *P-bodies* ou grânulos de estresse, que podem estar envolvidos com regulação da expressão gênica através da estocagem/degradação de mRNAs (Holetz *et al.*, 2007). A proteína TcDhh1 foi identificada em todas as frações, tanto em epimastigotas em crescimento logarítmico quanto em parasitas estressados, consistente com o descrito em *T. cruzi*, onde TcDhh1 é uma proteína importante formando grânulos tipo *P-bodies* e atuando possivelmente com repressão e/ou degradação de mRNAs (Holetz *et al.*, 2007; Holetz *et al.*, submetido).

TcUBP1 é uma proteína de ligação de RNA rica em U e contém um único motivo RRM. Atua como um fator *trans* na desestabilização de mRNAs por se ligar a elementos ricos em AU das regiões 3' não traduzidas do mRNA da SMUG mucina (D'orso & Frasch, 2002; De Gaudenzi *et al.*, 2005). Nós identificamos TcUBP1 em

todas as frações de epimastigotas em crescimento logarítmico como também de parasitas estressados.

Ataxina-2 tem sido relacionada a vários processos biológicos, incluindo formação do filamento de actina, secreção e apoptose (Huynh *et al.*, 1999; Ralser *et al.*, 2005). Em humanos, a ataxina-2 está envolvida com uma desordem neurodegenerativa chamada SCA2 (*spinocerebellar ataxia type 2*) (Huynh *et al.*, 1999). Essa desordem é caracterizada por uma expansão das repetições GAG aumentando a região poliglutamina da proteína (Huynh *et al.*, 1999). A função da ataxina-2 ainda não foi estabelecida, mas ela tem sido relacionada com metabolismo de RNA. Esta proteína contém uma repetição poliQ, um domínio LSm (*Like Sm*) que liga RNA e um motivo de ligação a PABP/Pab1 (PAM2) (Huynh *et al.*, 1999). Ataxina-2 foi também identificada associada a polissomos e interagindo com a proteína ligadora de poli(A) (PABP1), que tem um importante papel no controle da tradução e regulação na degradação do mRNA (Ralser *et al.*, 2005). Ataxina-2 interage com a RNA helicase DDX6 (ortóloga de Dhh1 em leveduras), que é um provável componente dos *P-bodies*. Alterações no nível de Ataxina-2 afeta a associação dos *P-bodies* e leva a mudanças na distribuição de TIA-1 em grânulos de estresse. Todos esses resultados sugerem um possível papel na estocagem e degradação do RNA (Satterfield & Pallanck, 2006). Duas proteínas com características de ataxina-2-like foram identificadas em nossas análises: uma presente em todas as frações e outra somente nas frações polissomal e pós-polissomal de parasitas estressados.

eIF2 $\alpha$  é a subunidade do fator de iniciação eucariótico 2 (eIF2). Durante a iniciação da tradução, GTP ligado a eIF2 entrega tRNA<sub>i</sub><sup>met</sup> à subunidade ribossomal 40S. A formação do complexo 80S envolve a hidrólise do GTP gerando GDP, resultando na liberação do eIF2-GDP. Para que uma nova rodada de tradução possa ocorrer, o GDP precisa ser repostado por GTP. Durante o estresse, a subunidade eIF2 $\alpha$  é fosforilada, diminuindo a disponibilidade de eIF2-GTP- tRNA<sub>i</sub><sup>met</sup> levando a associação em grânulos de estresse (Anderson & Kedersha, 2002; Nonhoff *et al.*, 2007). Nós

detectamos eIF2 $\alpha$  exclusivamente na fração pós-polissomal de parasitas estressados, consistente com os resultados obtidos em outros organismos nos quais essa proteína é componente chave de grânulos de estresse, indicando que esta possa fazer parte de grânulos de RNA em *T. cruzi* formados em condições de estresse.

A partir da identificação das 542 proteínas, seis foram selecionadas para caracterização: EF1- $\alpha$ , PF2 $\alpha$ S, PFS, ZF-211.70, CD-33.60 e Hip-11.150 (Tabela 6).

Em nossos resultados, a proteína EF1- $\alpha$  foi identificada em todas as frações tanto de epimastigotas quanto de parasitas estressados. Esta proteína liga GTP e nessa forma interage com aminoacil tRNA carregando-o para o sítio A do ribossomo (Pedersen *et al.*, 2000). O controle dos níveis desta proteína é importante para o funcionamento celular normal por atuar como regulador do ciclo celular, sendo que a super-expressão de EF1- $\alpha$  está associada a diversos tipos de tumores (Miyazaki *et al.*, 2006). EF1- $\alpha$  também foi descrita como uma proteína ligadora de actina em várias espécies (Murray *et al.*, 1996; Gross & Kinzy, 2005). Essa associação de EF1- $\alpha$  com actina é uma função não canônica, que pode indicar seu envolvimento com diversos processos celulares como metabolismo (Lau *et al.*, 2006), organização do citoesqueleto (Liu *et al.*, 1996a) e expressão gênica. Em fibroblastos de embriões de galinha foi demonstrado que EF1- $\alpha$  faz a conexão entre a maquinaria de tradução e o citoesqueleto responsável pela localização de mRNAs. EF1- $\alpha$  se liga ao mRNA da  $\beta$ -actina e faz a ancoragem entre esse mRNA e a F-actina nas protrusões desses fibroblastos (Liu *et al.*, 2002). Também se co-localiza com mRNAs poliadenilados e ribossomos (Bassel *et al.*, 1994). EF1- $\alpha$  também é encontrada em grânulos de RNA que são transportados por microtúbulos em neurônios (Bassel *et al.*, 1998). A partir dos resultados que obtivemos onde a proteína EF1- $\alpha$  foi identificada em todas as frações tanto em epimastigotas quanto em estresse e comparando com os dados obtidos na literatura podemos inferir que essa proteína desempenhe também um papel importante em *T. cruzi* podendo atuar tanto na

elongação da tradução quanto na ancoragem entre os transcritos e o citoesqueleto para o transporte de mRNAs no citoplasma.

A proteína anotada no genoma de *T. cruzi* como prostaglandina F 2-alfa sintase (PF2 $\alpha$ S) apresenta um domínio que se caracteriza por uma dobra barril-TIM, primeiramente descrito na proteína triosefosfato isomerase (TIM ou TPI) que catalisa a interconversão de D-gliceraldeído fosfato (D-GAP) em dihidroxiacetona fosfato (DHAP) (Mande *et al.*, 1994). A dobra barril-TIM consiste em oito folhas  $\beta$  paralelas voltadas para a porção interna sendo recobertas por oito  $\alpha$  hélices na porção exterior (Mande *et al.*, 1994). Essa dobra TIM é a dobra mais comum encontrada em enzimas depositadas no banco de dados de proteínas (PDB) que possuem estruturas conhecidas. É encontrada em diferentes famílias de enzimas e catalisa reações completamente distintas e não relacionáveis (Hegyi & Gerstein, 1999). Um exemplo de enzima com esse domínio é a dimetilamina desidrogenase que catalisa a formação de metilamina e formaldeído a partir de dimetilamina e água (Yang *et al.*, 1995). A proteína PFS possui um domínio pertencente à família alfa-ceto redutases que incluem a aldeído redutase, aldose redutase, xilose redutase, rho cristalina entre outras (revisado por Barski *et al.*, 2008). Elas catalisam transformações redox atuando em biossíntese, metabolismo intermediário e detoxificação, possuindo diversos substratos como glucose, esteróides, lipídios e poluentes ambientais (Barski *et al.*, 2008). A estrutura dessas proteínas é similar e também fazem parte da família dobra barril-TIM com um motivo de ligação a NAD(P) na porção C-terminal (Borhani *et al.*, 1992).

Prostaglandinas (PGs) atuam em diversos tecidos de mamíferos como mediadores de uma ampla variedade de respostas fisiológicas. Elas são sintetizadas a partir do ácido araquidônico via um intermediário endoperóxido instável pela ciclooxigenase (COX) e é eventualmente convertido por sintases específicas para um de vários produtos relacionados tais como PGD<sub>2</sub>, PGE<sub>2</sub> e PGF<sub>2a</sub> (Smith & DeWitt, 1996). Prostaglandinas desempenham um papel essencial em processos inflamatórios, regulação do tônus vascular, aborto espontâneo, disfunção ovariana, infertilidade,

sonolência, broncoconstrição, dor, febre, imunossupressão entre outros (Samuelson, 1979; Mathe *et al.*, 1977; Oliw *et al.*, 1983; Dubois *et al.*, 1998; Hayashi, 2000; Nencioni *et al.*, 2004; Shibata *et al.*, 2002; Ward *et al.*, 2002). A produção de prostaglandinas não está restrita a mamíferos, estudos demonstraram a produção de PGs por parasitas tais como cestóides, nematóides e protozoários (Alam, 1986; Kubata *et al.*, 1998; Baley & Chadee, 2000; Kubata *et al.*, 2000). Em *Schistosoma mansoni* a produção de PGs parece estar associada com a transformação da cercária em schistossômulo (Fusco *et al.*, 1986), enquanto que no protozoário *Amoeba proteus* PGs parecem atuar como sinalizadores durante a fagocitose, uma vez que parece elicitar a formação de vacúolo (Prusch *et al.*, 1989). Prostaglandinas são encontradas em níveis elevados em animais infectados com *Trypanosoma congolense* e no fluido cérebro-espinhal de humanos com infecção crônica por *T. brucei gambiense* (Mutaryoba *et al.*, 1989; Pentreath *et al.*, 1990). Na forma sanguínea do *T. brucei*, uma morte celular programada tipo apoptose (PCD – *programmed cell death*) é induzida pela prostaglandina D2 (PGD2) (Figarella *et al.*, 2005). PGD2 é produzida e secretada na forma *stumpy* de *T. brucei* (Kubata *et al.*, 2002) que se mostrou mais sensível a este composto que a forma alongada do parasita (Figarella *et al.*, 2005). A infecção por *T. cruzi* é caracterizada por imunossupressão na fase aguda com um declínio na resposta linfoproliferativa aos antígenos de *T. cruzi* (Pinge-Filho *et al.*, 1999; Michelin *et al.*, 2005). Outra característica da infecção é a elevada síntese de PGE2 (Michelin *et al.*, 2005). PGE2 é um potente imunomodulador e poderia contribuir para a imunossupressão observada durante a infecção de *T. cruzi* (revisado por Kubata *et al.*, 2007). A descoberta de PGs em *T. cruzi* pode indicar um papel importante para as mesmas na doença de Chagas (revisado por Kubata *et al.*, 2007). A prostaglandina F2 $\alpha$  (PGF2 $\alpha$ ) está associada com abortos durante a infecção pelo *T. cruzi* e também desencadeia a diferenciação/transformação em diversos parasitas e está envolvida com o aumento da habilidade de parasitas penetrarem as células hospedeiras (revisado por Kubata *et al.*, 2007).



A identificação de proteínas com domínios amplamente distribuídos e com funções bastante distintas permite inferir que talvez em *T. cruzi* estas tenham uma função não canônica e possam estar envolvidas com o metabolismo de RNA. Os resultados com relação à caracterização destas duas prostaglandinas sintase em *T. cruzi* serão discutidos mais detalhadamente a seguir.

A proteína ZF-211.70 de ligação de RNA apresenta um domínio tipo de dedos de zinco interage com mRNAs, preferencialmente na porção 3' não traduzida (Lai *et al.*, 2000; Cao, 2004; revisado por Hall, 2005; Brown, 2005). Em 2004, Hudson e colaboradores determinaram a estrutura da proteína TIS11d ligada ao mRNA alvo. Essa proteína possui dois domínios dedo de zinco C3H1 e ambos se dobram formando domínios compactados e independentes que são mantidos unidos por uma sequência conectora (*linker*). Em cada domínio, forma-se uma alfa hélice logo após a primeira cisteína, seguida de uma segunda hélice entre a segunda e terceira cisteínas, ficando sempre todas expostas para a superfície onde fazem a ligação ao mRNA (Hudson *et al.*, 2004). Outros exemplos de proteínas tipos dedo de zinco incluem a tristetraprolina (TTP), que em mamíferos atua desestabilizando o mRNA do fator TNF- $\alpha$  e de outros 23 transcritos (Lai *et al.*, 2006). No mRNA de TNF- $\alpha$ , TTP reconhece a sequência UUAUUUAUU (ARE) na região 3' não traduzida (Lai *et al.*, 2006).

A proteína CD-33.60 apresenta um domínio tipo *cold-shock* (CSD) que é distribuído entre procariotos, archaea e eucariotos. Foi inicialmente descrito em procariotos e incluem as principais proteínas de resposta a choque frio CspA e CspB (Graumann & Marahiel, 1996), em eucariotos descrito originalmente no fator de regulação gênica Y-box (Sommerville & Ladomery, 1996). Em *H. sapiens* a proteína Y-box atua como regulador transcricional e traducional (Kohno *et al.*, 2003; Raffetseder *et al.*, 2003; Evdokimova *et al.*, 2006). Proteínas que apresentam esse domínio ligam DNA simples fita e RNA preferencialmente em regiões ricas em poli-pirimidina (Al-Fageeh & Smales, 2006). Estudos mostraram que a proteína Lin28 de *H. sapiens* contém o motivo CSD e também um motivo dedo de zinco CCCH

retroviral-like. Sua função ainda não está totalmente esclarecida, mas demonstrou-se que sob estresse essa proteína se localiza em grânulos de estresse e em condições normais a mesma se localiza em *P-bodies* (Balzer & Moss, 2007). Mutações no domínio CSD levou ao acúmulo da proteína no núcleo indicando que se movimenta do núcleo ao citoplasma ligada a mRNAs e que possa atuar na tradução ou estabilidade de mRNAs (Balzer & Moss, 2007). O domínio rico em glicina (GRD) em proteínas de ligação ao RNA é bastante comum em plantas e está envolvido com resposta ao frio, ao estresse e com o ciclo circadiano (Sachetto-Martins *et al*, 2000; Schoning *et al*, 2008).

Os anti-soros obtidos em coelho para as proteínas CD-33.60 e Hip-11.150 não reagiram especificamente em extrato protéico das formas epimastigotas de *T. cruzi* e por isso demos prosseguimento ao trabalho com as proteínas cujos anti-soros foram específicos em *T. cruzi* (Figura 11).

As proteínas EF1- $\alpha$ , ZF-211.70 e PFS são expressas constitutivamente enquanto a proteína PF2 $\alpha$ S não é expressa nas formas tripomastigota metacíclico e amastigota, indicando um nível de regulação na expressão da mesma ao longo do ciclo de vida.

A localização da proteína ZF-211.70 apresentou um padrão granular nas formas epimastigotas. Já nas formas estressadas e aderidas 24 horas o padrão observado foi de diminuição no número de grânulos com aumento de seu tamanho quando comparado a epimastigotas (Figura 13 A e Figura 14). Em metacíclicos, a intensidade de marcação diminuiu (Figura 13 A e Figura 14). Esses resultados sugerem que a proteína ZF-211.70 tenha um papel importante ao longo do ciclo de vida, pois se comporta de maneira dinâmica com diminuição no número de grânulos, porém com aumento no tamanho dos mesmos. Podemos propor que ZF-211.70 esteja associada à mRNPs que estocam mRNAs em epimastigotas. No caso de metacíclicos, a intensidade de detecção da proteína foi muito menor, mas isto provavelmente não reflete a diminuição da expressão da proteína visto que foi identificada em ensaios de *Western*

*blotting* ao longo de todo o ciclo de vida. O que ocorre provavelmente é a desassociação desses mRNPs maiores e por isso, não são observados grânulos microscópicos.

Para testar a hipótese de que ZF-211.70 esteja associada à mRNPs que estocam mRNAs em epimastigotas, foram feitos tratamentos com drogas que interferem de maneiras diferentes com a acessibilidade de mRNAs no citoplasma pois inibem a tradução ou pela manutenção dos polissomos ou pela dissociação dos mesmos. Primeiro, formas epimastigotas e epimastigotas submetidas a estresse nutricional foram tratadas com cicloheximida, uma droga que inibe o processo de elongação da tradução mantendo os mRNAs associados aos polissomos. Após o tratamento, as células não apresentaram alteração no número de grânulos quando comparadas àquelas não tratadas (Figura 13 B e Figura 14). Por outro lado, quando as células foram tratadas com puromicina, uma droga que promove a dissociação dos polissomos, foi observado um sutil aumento no número de grânulos (Figura 13 B e Figura 14). Esses dados diferem dos observados para a proteína TcDhh1. A proteína TcDhh1 é uma RNA helicase componente de *P-bodies* e cujo padrão de localização é bastante alterado com o tratamento com as drogas cicloheximida e puromicina. Após o tratamento com cicloheximida, as células exibiram uma considerável redução no número de grânulos de TcDhh1 quando comparadas àquelas não tratadas. No entanto, quando as células foram tratadas com puromicina, foi observado um aumento significativo no número e na intensidade de fluorescência dos grânulos (Holetz *et al.*, 2007). Esse fato pode indicar que ZF-211.70 interaja com mRNAs específicos que ficam armazenados no citoplasma e ao tratarmos com cicloheximida não foi observada nenhuma alteração significativa pois esses mRNAs não estavam sendo traduzidos. Por outro lado, o aumento discreto observado com o tratamento com puromicina, pode indicar que os grânulos que contém ZF-211.70 sejam estruturas levemente dinâmicas que respondem somente quando mRNAs são liberados no citoplasma levando a um aumento no número dos grânulos (Figura 13 B).

Ensaios de colocalização de ZF-211.70 com a proteína TcDhh1, mostraram que as duas proteínas não co-localizam (Figura 13 C). Esses resultados indicam que ZF-211.70 possivelmente não interage com TcDhh1 estando envolvida com a formação de mRNPs diferentes daqueles que contêm TcDhh1. Isto leva a ideia de que existam complexos com funções diferentes na regulação da expressão gênica, que contenham grupos específicos de mRNAs, corroborando de certa forma para a teoria de *RNA regulons* em tripanossomatídeos (Ouellette & Papadopoulou, 2009; Queiroz *et al.*, 2009).

EF1- $\alpha$  apresentou um padrão granular distribuído por todo o citoplasma do parasita em todas as formas analisadas. O tratamento com as drogas cicloheximida e puromicina não causaram nenhuma alteração evidente na distribuição de EF1- $\alpha$  no citoplasma do parasita e na forma dos grânulos. Como já discutido anteriormente, em outros organismos, a proteína EF1- $\alpha$  está envolvida com diversas funções não canônicas na célula além da elongação da tradução, como transporte de mRNA através de interação com actina e regulador do ciclo celular, indicando que esta seja essencial para o correto funcionamento celular e por isso, talvez essas drogas não tenham alterado drasticamente seu padrão de distribuição, pelo menos ao que pode ser observado por análises de microscopia (Figura 13 D e E).

A proteína PFS apresentou um padrão levemente granular e uma marcação mais pronunciada na porção anterior do parasita entre o flagelo e o cinetoplasto em todas as formas do ciclo de vida analisadas e o tratamento com as drogas cicloheximida e puromocina não afetaram esse padrão de localização (Figura 13 F e G). A explicação para esse padrão fixo de distribuição pode ser por uma função pontual e extremamente necessária para o funcionamento celular. A região em que essa proteína se encontra pode estar envolvida com a bolsa flagelar, uma invaginação da membrana plasmática onde o flagelo emerge do citoplasma (revisto por Field & Carrington, 2009). A bolsa flagelar está envolvida com diversos processos celulares, tais como exocitose/endocitose, polaridade celular, divisão celular, tráfico e virulência (revisto

por Field & Carrington, 2009). Esse resultado é bastante interessante, pois como discutido anteriormente as prostaglandinas estão possivelmente envolvidas com interação parasita-hospedeiro. Por PFS estar possivelmente próxima a uma região de excitose e como a localização se mostrou fixa em todas as formas de vida analisadas, podemos inferir que a posição desta prostaglandina sintase seja necessária para algum tipo de resposta do parasita. Pelo fato de existirem diferentes funções para as prostaglandinas, não seria surpresa se esta também atuasse de alguma maneira na regulação do metabolismo de RNA em *T. cruzi*.

O perfil de localização da proteína PF2 $\alpha$ S em epimastigotas foi quase que inteiramente nuclear, apenas complementada por uma marcação pontual entre o cinetoplasto e o flagelo, semelhante ao observado para PFS. No entanto, em parasitas estressados e formas em diferenciação aderidas ao substrato, esse padrão se altera e somente cerca de 30 % das células apresentam essa marcação nuclear (Figura 13 H). Além disso, a expressão de PF2 $\alpha$ S foi negativa em tripomastigotas (Figura 13 H) com intensidade de marcação muito fraca, confirmando o ensaio de *Western blotting* (Figura 12). Ao tratarmos os parasitas em crescimento exponencial com cicloheximida nenhuma alteração significativa foi observada e praticamente 100% das células apresentaram marcação nuclear de PF2 $\alpha$ S (Figura 13 H e 15). O mesmo padrão ocorreu em parasitas estressados tratados com cicloheximida onde os mesmos 30% das células apresentaram marcação nuclear (Figura 13 I e 15). Por outro lado, o tratamento com puromicina em epimastigotas em crescimento exponencial causou uma diminuição para cerca de 50% da marcação nuclear de PF2 $\alpha$ S e em parasitas estressados caiu para menos de 5% com o surgimento de padrão granular evidente (Figura 13 I e 15). Esses resultados indicam que quando as células são submetidas a estresse, a proteína PF2 $\alpha$ S sai do núcleo em resposta a essa alteração. Ao tratarmos as formas epimastigotas e estresse com puromicina houve um deslocamento da proteína do núcleo para o citoplasma indicando que em situações de bloqueio de tradução pela dissociação de polissomos desencadeados por estresse e acentuado pela droga, PF2 $\alpha$ S

migra do núcleo para o citoplasma. Assim como foi discutido para PFS, essa outra prostaglandina sintase também apresenta a marcação na região que parece ser a bolsa flagelar, indicando uma conservação parcial da localização da mesma em epimastigotas. Já o padrão de localização nuclear observado para PF2 $\alpha$ S sugere que esta possa atuar em uma cascata regulatória de resposta no metabolismo do RNA a essa alteração que a célula está sofrendo. Esse padrão de migração já foi descrito em outras proteínas. A proteína TIA-1 já discutida anteriormente apresenta uma localização nuclear sob condições celulares normais com funções no *splicing* de pré-mRNAs (Le Guiner, 2001). Já em condições adversas TIA-1 migra do núcleo para o citoplasma sendo caracterizada como uma proteína promotora de nucleação de grânulos de estresse, pois é capaz de promover a agregação dos grânulos (revisto por Anderson & Kedersha, 2007).

Os resultados obtidos com os gradientes de polissomos de epimastigotas sugerem que EF1- $\alpha$ , PF2 $\alpha$ S e PFS façam parte de grandes complexos que co-sedimentam com os polissomos, mas que não estão associados à maquinaria de tradução ou não se desfazem quando os polissomos são dissociados e que EF1- $\alpha$  apesar de estar envolvido na tradução, pode também estar presente em complexos pesados atuando em outros processos celulares como mRNPs que estão estocando mRNAs (Figura 16 I).

Diferenças neste padrão de sedimentação foram observadas com os resultados da proteína ZF-211.70. Esta proteína provavelmente está livre no citoplasma ou associada a complexos leves mesmo quando a tradução é inibida através do tratamento com cicloheximida tanto em epimastigotas em crescimento exponencial quanto estressados (Figura 16 I D e II H). No entanto, a dissociação dos polissomos causado pela droga puromicina fez com que a proteína ZF-211.70 migrasse para frações mais pesadas do gradiente. Como a puromicina libera os mRNAs do complexo de tradução, acreditamos que a proteína ZF-211.70 pode estar se associando aos mRNAs liberados no citoplasma e, em associação com outras proteínas, formando complexos mRNPs maiores que acabam então sedimentando nas frações mais pesadas do gradiente. O

mesmo efeito foi observado para parasitas estressados, fortalecendo essa hipótese (Figura 16 I D e II H).

A partir do isolamento inicial de mRNPs usando as microesferas poliT para capturar esses complexos, nós separamos uma fração para a análise de proteômica e outra para análise dos mRNAs presentes nas frações polissomal e pós-polissomal de epimastigotas em crescimento exponencial e parasitas sob estresse nutricional. Analisando os resultados dos mRNAs obtidos, o perfil geral observado dos genes selecionados no microarranjo é que esses estão enriquecidos em determinadas funções ou processos metabólicos, indicando que o critério utilizado de  $FC \geq 2$  foi capaz de identificar mudanças com um alto grau de coerência biológica. Ao analisarmos os mRNAs selecionados, o perfil geral é de que genes associados com ligação a RNA estão sendo expressos em epimastigotas. Esse resultado corrobora o observado para tripanossomatídeos cuja regulação da expressão gênica se dá por mecanismos pós-transcricionais que envolvem a associação de proteínas ligadoras de RNA aos transcritos para direcioná-los dentro da célula. As recentes hipóteses de operons pós-transcricionais também corroboram esse resultado observado (Ouellette & Papadopoulou, 2009; Queiroz *et al.*, 2009). Genes que expressam proteínas envolvidas com o metabolismo proteico também estão bastante representados na fração polissomal, ou seja, que estão sendo expressos em epimastigotas. Dentro dessa classificação as mais abundantes são proteínas quinases e fosfatases, indicando que provavelmente cascatas regulatórias estão ativas e que o parasita esteja em um momento de metabolismo intenso (Figura 19 A). Já quando analisamos os genes que estão aumentados na fração pós-polissomal de epimastigotas, ou seja, genes que não estão sendo expressos nessa forma, o padrão observado difere da fração polissomal como esperado (Figura 19 B). Proteínas tipo mucina II ou proteínas associadas à mucina (MASP) foram a classe mais representada. As mucinas são glicoproteínas de superfície, codificadas por centenas de genes, responsáveis pela proteção e infectividade do *T. cruzi* modulando a resposta imune do hospedeiro. Embora os membros desta família sejam expressos durante todo o ciclo de vida do protozoário, as

proteínas do grupo TcMUCII são específicas das formas tripomastigotas (Buscaglia *et al.*, 2004). Da mesma forma, as proteínas da família MASP são expressas predominantemente nas formas tripomastigotas (Atwood *et al.*, 2005).

Quando comparamos os resultados obtidos com epimastigotas e estresse pode-se observar um padrão mais complexo com mais grupos identificados (Figura 19 C e D). Esse aumento de complexidade observado nos nossos resultados pode ser explicado pela reprogramação gênica que está ocorrendo em virtude da situação de estresse (Figura 19 C). Esses resultados de mRNAs corrobora os nossos dados de proteômica, onde ocorre um rearranjo dinâmico das proteínas em resposta ao estresse (Figura 4). Dos genes que estão aumentados em parasitas estressados (fração polissomal) um grupo identificado está envolvido com proteólise e proteínas do complexo proteassomo, indicando que esteja ocorrendo degradação de determinadas proteínas em decorrência dessa situação de estresse (Figura 19 C). Dentre os genes que estão aumentados na fração pós polissomal, ou seja, os que não estão sendo traduzidos em parasitas estressados observamos proteínas tipo mucina e MASP assim como em epimastigotas corroborando os dados que essas proteínas são expressas quase que exclusivamente em tripomastigotas (Figura 19 D).

Através da técnica de hibridação fluorescente *in situ* FISH foi possível a visualização dos mRNAs da  $\alpha$ -tubulina e da PFR2, sendo que o primeiro apresentou disperso em todo o citoplasma do parasita em crescimento exponencial e levemente granular em parasitas estressados. Esse resultado indica que esteja havendo algum tipo de mobilização em resposta ao estresse como a formação de grânulos de RNA de estocagem e/ou degradação. Já o mRNA que codifica para PFR2 apresentou uma maior concentração na porção anterior do parasita sendo também possível visualizar uma marcação ao longo do flagelo (Figura 20). Essa observação corrobora a hipótese de que o mRNA que codifica para a proteína PFR2 seja transportado até a região anterior para a tradução.



## 6. CONCLUSÃO

1. Proteínas que fazem parte de complexos mRNPs foram isoladas e identificadas nas frações polissomal e pós-polissomal de epimastigotas em fase logarítmica de crescimento e epimastigotas sob estresse nutricional.
2. mRNAs foram isolados das frações polissomal e pós-polissomal de epimastigotas em fase logarítmica de crescimento e epimastigotas sob estresse nutricional e hibridados em microarranjo revelando um padrão de mobilização ao longo da metaciclogênese.
3. Os genes EF1- $\alpha$ , PF2 $\alpha$ S, PFS, ZF-211.70, CD-33.60 e Hip-11.150 foram clonados, as proteínas foram expressas e anticorpos policlonais obtidos.
4. A proteína ZF-211.70 não tem expressão regulada ao longo do ciclo de vida sendo expressa nas formas epimastigota, estresse, aderido, tripomastigota e amastigota. A localização desta proteína apresentou um padrão granular de distribuição citoplasmática em todas as formas analisadas, sendo que houve um aumento no tamanho dos grânulos com redução em número nas formas estresse e aderido 24 horas. Os grânulos são drasticamente reduzidos em número e na intensidade de fluorescência nas formas infectivas tripomastigotas metacíclicas. O tratamento com cicloheximida não causou nenhuma alteração significativa tanto em epimastigotas quanto em parasitas estressados. Já o tratamento com puromicina causou um sutil aumento no número de grânulos em epimastigotas e parasitas estressados. A proteína ZF-211.70 encontra livre no citoplasma e em complexos leves independente de polissomos, no entanto o tratamento com puromicina fez com que essa se associasse a complexos mais pesados.

5. A proteína EF1- $\alpha$  não tem expressão regulada ao longo do ciclo de vida. A localização da proteína EF1- $\alpha$  apresentou um padrão levemente granular que ao longo do ciclo de vida se concentrou mais na porção anterior do parasita. O tratamento com as drogas cicloheximida e puomicina não levaram a nenhuma alteração nesse padrão. EF1- $\alpha$  se encontra em complexos pesados independente de polissomos nas formas epimastigota e em parasitas estressados.
6. A proteína PFS não tem expressão regulada ao longo do ciclo de vida. A proteína PFS apresentou uma marcação pronunciada entre o flagelo e o cinetoplasto. Essa marcação não se alterou ao longo do ciclo de vida e nem com tratamento com cicloheximida e puomicina. PFS se encontra em complexos pesados independente de polissomos nas formas epimastigota e em parasitas estressados.
7. A proteína PF2 $\alpha$ S não é expressa nas formas tripomastigotas metacíclicas e amastigotas. PF2 $\alpha$ S apresentou uma marcação nuclear em epimastigotas sendo que essa marcação diminui com a saída da proteína do núcleo para o citoplasma em parasitas estressados. O tratamento com cicloheximida não alterou a localização da proteína. Já o tratamento com puomicina causou uma migração da proteína do núcleo para o citoplasma em 70% dos epimastigotas e 95% de parasitas estressados. PF2 $\alpha$ S se encontra em complexos pesados independente de polissomos nas formas epimastigota e em parasitas estressados.
8. Os dados obtidos a partir do experimento de microarranjo não mostraram diferenças estatisticamente significativas entre as populações polissomal e pós-polissomal. Com o critério de  $FC \geq 2$  alguns genes foram selecionados e agrupados em relação a sua função e/ou processo celular.

## 7. PERSPECTIVAS

Para uma caracterização mais profunda do papel dessas proteínas na formação de complexos mRNA-proteínas, ensaios de imunoprecipitação e ribonômica serão fundamentais para definirmos a composição das proteínas e mRNAs que interagem com as proteínas selecionadas. O aperfeiçoamento da técnica de FISH será fundamental para visualizarmos a localização dos mRNAs alvo bem como para confirmarmos os dados obtidos no ensaio de ribonômica. Estudos mais aprofundados com as proteínas analisadas também serão feitos como ensaios de ligação de RNA com as proteínas ZF-211.70 e CD-33.60. Construção de cepas nocaute para o gene que codifica CD-33.60 também é uma abordagem interessante por ser este um gene de cópia única no genoma de *T. cruzi* sendo que o domínio presente nesta proteína não foi ainda caracterizado em tripanossomatídeos. Ensaio de microscopia eletrônica para a determinação mais precisa da localização de PFS também será realizado.

## 8. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Alam, M. Ionophore A23187 stimulates *Entamoeba histolytica* to release prostaglandin F2 alpha. *Prostaglandins Leukot Med.* 1986 Jun;22(3):259-64.
- Al-Fageeh M. B., Smales M.C. Control and regulation of the cellular responses to cold shock: the responses in yeast and mammalian systems. *Biochem. J.* 2006, 397, 247–259.
- Alves, L.R.; Avila, A.R.; Correa, A.D.; Holetz, F.B.; Mansur, F.C.B.; Manque, P. A.; Menezes, J.P.B; Buck, G.; Krieger, M.A.; Goldenberg, S. Proteomic analysis reveals the dynamic association of proteins with translated mRNAs in *Trypanosoma cruzi*. *Gene*, 2010, 452, 72-78.
- Andersen, G.R.; Nissen, P.; Nyborg, J. Elongation factors in protein biosynthesis. *Trends Biochem Sci.* 2003, 28(8): 434-441.
- Anderson P. & Kedersha N. Visibly stressed: the role of eIF2, TIA-1 and stress granules in protein translation. *Cell Stress Chaperones.* 2002, 7, 213-221.
- Anderson, P. & Kedersha, N. RNA granules. *J. Cell. Biol.* 2006, 172, 803 - 808.
- Anderson, P. & Kedersha, N. Stress granules: the Tao of RNA triage. *Trends Biochem. Sci.* 2007, 33, 141 - 150.
- Anderson, P.; Kedersha, N. Stress granules. *Curr Biol.* 2009, 19(10): R397-398.
- Andrade M.J.; Esteves M.J.; Angluster J.; Gonzales-Pedromo M.; Goldenberg S. Changes in cell surface carbohydrates of trypanosome cruzi during metacyclogenesis under chemically defined conditions. *J. Gen. Microbiol.* 1991, 137: 2845-2849.
- Andrei, M.A., Ingelfinger, D., Heintzmann, R., Achsel, T., Rivera-Pomar, R., & Lührmann, R. A role for eIF4E and eIF4E-transporter in targeting mRNPs to

- mammalian processing bodies. *RNA*, 2005, 11, 717 - 727.
- Archer S.K.; Luu V.D.; de Queiroz R.A.; Brems S.; Clayton C. *Trypanosoma brucei* PUF9 regulates mRNAs for proteins involved in replicative processes over the cell cycle. *PLoS Pathog.* 2009 ;5(8):e1000565.
- Atwood, J.A., Weatherly, D.B., Minning, T.A., Bundy, B., Cavola, C., Opperdoes, F.R., Orlando, O., & Tarleton, R.L. The *Trypanosoma cruzi* proteome. *Science*, 2005, 309: 473 – 476.
- Ávila A.R.; Yamada-Ogatta S.F.; da Silva Monteiro V.; Krieger M.A.; Nakamura C.V.; de Souza W.; Goldenberg S. Cloning and characterization of the metacyclogenin gene, which is specifically expressed during *Trypanosoma cruzi* metacyclogenesis . *Mol. Biochem. Parasitol.* 2001, 117(2): 169-177.
- Ávila A.R.; Dallagiovanna B.; Yamada-Ogatta S.F.; Monteiro-Góes V.; Krieger M.A.; Fragoso S.P.; Goldenberg S. Stage-specific gene expression during *Trypanosoma cruzi* metacyclogenesis. *Gen. Mol. Res.* 2003, 2(1): 159-168.
- Aymerich, S. & Goldenberg, S. The karyotype of *Trypanosoma cruzi* Dm28c: comparison with other *T. cruzi* strains and trypanosomatids. *Exp. Parasitol.* 1989, 69: 107-115.
- Balzer E., Moss E.G. Localization of the Developmental Timing Regulator Lin28 to mRNP Complexes, *P-bodies* and Stress Granules. *RNA Biol.* 2007, 4:1, 16-25
- Bangs, J.D., Crain, P.F., Hashizume, T., McCloskey, J.A., & Boothroyd, J.C. Mass spectrometry of mRNA cap 4 from trypanosomatids reveals two novel nucleosides. *J. Biol. Chem.* 1992, 267: 9805–9815.
- Barbarese, E.; Koppel, D.E.; Deutscher, M.P.; Smith, C.L.; Ainger, K.; Morgan, F.; Carson, J.H. Protein translation components are colocalized in granules in oligodendrocytes. *J. Cell. Sci.* 1995, 108(Pt 8): 2781-2890.
- Barski O.A., Tipparaju S.M., Bhatnagar A. The aldo-keto reductase superfamily and

- its role in drug metabolism and detoxification. *Drug Metab Rev.* 2008, 40(4):553-624.
- Bartholomeu, D.C.; Silva, R.A.; Galvão, L.M.; El-Sayed, N.M.; Donelson, J.E.; Teixeira, S.M. *Trypanosoma cruzi*: RNA structure and post-transcriptional control of tubulin gene expression. *Exp. Parasitol.* 2002, 102(3-4): 123-133.
- Bassell G.J., Powers C.M., Taneja K.L., Singer R.H. Single mRNAs visualized by ultrastructural in situ hybridization are principally localized at actin filament intersections in fibroblasts. *J. Cell. Biol.* 1994, 126: 863-876.
- Bassell G.J., Zhang H., Byrd A.L., Femino A.M., Singer R.H., Taneja K.L., Lifshitz L.M., Herman I.M., Kosik K.S. Sorting of beta-actin mRNA and protein to neurites and growth cones in culture. *J Neurosci.* 1998, 1;18(1):251-65.
- Bateman J.M.; Iacovino M.; Perlman P.S.; Butow R.A. Mitochondrial DNA instability mutants of the bifunctional protein Ilv5p have altered organization in mitochondria and are targeted for degradation by Hsp78 and the Pim1p protease. *J. Biol. Chem.* 2002, 277(49): 47946-47953.
- Batista J.A.; Teixeira S.M.; Donelson J. E.; Kirchhoff L.V.; de Sá C.M.; Characterization of a *Trypanosoma cruzi* poly(A)-binding protein and its genes. *Mol. Biochem. Parasitol.* 1994, 67(2): 301-312.
- Batista M. Construção de vetores para caracterização de genes de *Trypanosoma cruzi* em um sistema para clonagem em alta demanda. Dissertação de mestrado. 2008, Departamento de Biologia Celular e Molecular, Universidade Federal do Paraná, Curitiba.
- Bhattacharyya, S.N.; Habemacher, R.; Martine, U.; Closs, E.; Filipowicz, W. Stress-induced reversal of microRNA repression and mRNA P-body localization in human cell. *Cold Spring Harb Symp Quant Biol.* 2006, 71: 513-521.
- Beach, D.L.; Bloom, K. ASH1 mRNA localization in three acts. *Mol. Biol. Cell,* 2001,

- 12(9): 2567-2577.
- Belley A. & Chadee, K. Production of prostaglandin E(2) by *Entamoeba histolytica* via a novel cyclooxygenase. Arch Med Res. 2000, 31(4 Suppl): S74-75.
- Belli, S.I. Chromatin remodeling during the life cycle of trypanosomatids. Int. J. Parasitol. 2000, 30, 679 - 687.
- Benjamini, Y.; Drai, D.; Elmer, G.; Kafkafi N.; Golani, I. Controlling the false Discovery rate in behavior genetics research. Behav Brain Res. 2001, 125(1-2): 279-284.
- Benson B.K; Meades G. Jr.; Grove A.; Waldrop G.L. DNA inhibits catalysis by the carboxyltransferase subunit of acetyl-CoA carboxylase: implications for active site communication. Protein Sci. 2008, 17(1): 34-42.
- Berriman, M., Ghedin, E., & Hertz-Fowler, C.e.a. The genome of the African trypanosome *Trypanosoma brucei*. Science 2005, 309: 416-422.
- Bonaldo M.C.; Souto-Padron T.; de Souza W.; Goldenberg S. Cell-substrate adhesion during *Trypanosoma cruzi* differentiation. J. Cell Biol. 1988, 106: 1349-1358.
- Borhani D.W., Harter T.M., Petrash J.M. The crystal structure of the aldose reductase.NADPH binary complex. J Biol Chem. 1992, 267(34): 24841-24847.
- Brecht, M. & Parsons, M. Changes in polysome profiles accompany trypanosome development. Mol. Biochem. Parasitol., 1998, 97, 189-198.
- Brener, Z. A descoberta (Homenagem aos 80 anos da descoberta da Doença de Chagas). Mem. Inst. Oswaldo Cruz, 1989, 84, 16.
- Bregues, M.; Teixeira, D.; Parker, R. Movement of eukaryotic mRNAs between polysomes and cytoplasmic processing bodies. Science, 2005, 310(5747): 486-489.
- Brown R.S. Zinc finger proteins: getting a grip on RNA. Curr Opin Struct Biol. 2005,

- 15(1): 94-98.
- Buchan J.R.; Parker R. Eukaryotic Stress Granules: The Ins and Outs of Translation. *Mol. Cell. Rev.* 2009, 36: 932-941.
- Buscaglia, C.A., Campo, V.A., Di Noia, J.M., Torrecilhas, A.C.T., De Marchi, C.R., Ferguson, M.A.J., Frasch, A.C.C., & Almeida, I.C. The surface coat of the mammal-dwelling infective Trypomastigote stage of *Trypanosoma cruzi* is formed by highly diverse immunogenic mucins. *J. Biol. Chem.* 2004, 279: 15860 – 15869.
- Camargo, E.P. Growth and differentiation in *Trypanosoma cruzi*. *Rev. Inst. Med. Trop. São Paulo.* 1964, 6, 93 - 100.
- Cano, M.I., Gruber, a., Vasquez, M., Cortes, A., Levin, M.J., Gonzales, A., Degraeve, W.M., Rondinelli, E., Zingales, B., Ramirez, J.L., Alonso, C., Requema, J.M., & Franco da Silveira, J. *Trypanosoma cruzi* genome project: molecular karyotype of clone CL Brener. *Mol. Biochem. Parasitol.* 1995, 71, 273 – 278.
- Cao H. Expression, purification, and biochemical characterization of the antiinflammatory tristetraprolin: a zinc-dependent mRNA binding protein affected by posttranslational modifications. *Biochem.* 2004, 2;43(43): 13724-13738.
- Caro F.; Bercovich N.; Atorrasagasti C.; Levin M.J.; Vazquez M.P.; Links Protein interactions within the TcZFP zinc finger family members of *Trypanosoma cruzi*: implications for their functions. *Biochem Biophys Res Commun.* 2005, 333(3):1017-10125.
- Carvalho, T.M. & De Souza, W. Early events related with the behavior of *Trypanosoma cruzi* within an endocytic vacuole in mouse peritoneal macrophages. *Cell Struct. Funct.* 1989, 14: 383 - 392.
- Chagas, C. Nova tripanosomiase humana. Estudo sobre a morfologia e o ciclo evolutivo do *Schizotrypanum cruzi* n.gen., n.sp., agente etiolojico de nova



- entidade morbida no homem. Mem. Inst. Oswaldo Cruz 1909, 1: 159-218.
- Clayton C. Life without transcriptional control? From fly to man and back again. EMBO J. 2002, 21(8): 1881-1888.
- Coller, J.M. & Parker, R. General translation repression by activators of mRNA decapping. Cell, 2005, 122, 875 - 886.
- Coller J.M., Tucker M., Sheth U., Valencia-Sanchez M. A., Parker R. The DEAD box helicase, Dhh1p, functions in mRNA decapping and interact with both the decapping and deadenylase complexes. RNA. 2001, 7, 1717-1727.
- Contreras V.T.; Sales J.M.; Thomas, N.; Morel C.M.; Goldenberg S. *In vitro* differentiation of *Trypanosoma cruzi* under chemically defined conditions. Mol. Biochem. Parasitol. 1985, 16: 315-327.
- Contreras V.T.; Araujo-Jorge T.C.; Bonaldo M.C.; Thomaz N.; Barbosa H.S.; Meirelles M.N. Goldenberg S. Biological aspects of the Dm 28c clone of *Trypanosoma cruzi* after metacyclogenesis in chemically defined media. Mem. Inst. Oswaldo Cruz 1988, 83: 123-133.
- Contreras, V.T.; Navarro, M.C.; de Lima, A.R.; Arteaga, R.; Duran, F.; Askue, J.; Franco, Y. Production of amastigotes from metacyclic trypomastigotes of *Trypanosoma cruzi*. Mem. Instit. Oswaldo Cruz, 2002, 8, 1213-1220.
- Coughlin, B.C., Teixeira, S.M., Kirchhoff, L.V., & Donelson, J.E. Amastin mRNA abundance in *Trypanosoma cruzi* is controlled by a 3'-untranslated region position-dependent cis-element and an untranslated region-binding protein. J. Biol. Chem., 2000, 275, 12051-12060.
- Cougot, N., Babajko, S., & Séraphin, B. Cytoplasmic foci are sites of mRNA decay in human cells. J. Cell. Biol. 2004, 165, 31 - 40.
- Cuevas, I.C., Frasch, A.C., & D'Orso, I. Insights into a CRM1-mediated RNA-nuclear export pathway in *Trypanosoma cruzi*. Mol. Biochem. Parasitol. 2005, 139, 15 –

24.

Culjkovic B.; Topisirovic I.; Borden K.L.B. Controlling gene expression through RNA regulons. *Cell Cycle* 2007, 6(1): 65-69.

Czaplinski, K. & Singer, R.H. Pathways for mRNA localization in the cytoplasm. *Trends Biochem. Sci.* 2006, 31(12): 687-693.

D'orso, I. & Frasch, A.C. Functionally different AU- and G-rich cis-elements confer developmentally regulated mRNA stability in *Trypanosoma cruzi* by interaction with specific RNA-binding proteins. *J. Biol. Chem.* 2001, 276(19): 15783-15793.

D'orso I.; De Gaudenzi J.G.; Frasch A.C. RNA-binding proteins and mRNA turnover in trypanosomes. *Trends Parasitol.* 2003, 19: 151-155.

D'orso I.; Frasch A.C. TcUBP-1, an mRNA destabilizing factor from trypanosomes, homodimerizes and interacts with novel AU-rich element and Poly (A)-binding proteins forming a ribonucleoprotein complex. *J. Biol. Chem.* 2002, 277: 50520-50528.

Dallagiovanna B.; Plazanet-Menut C.; Ogatta S.F.; Avila A.R.; Krieger M.A.; Goldenberg S. *Trypanosoma cruzi*: a gene family encoding chitin-binding-like proteins in posttranscriptionally regulated during metacyclogenesis. *Exp. Parasitol.* 2001, 99(1): 7-16.

Dallagiovanna B.; Perez L.; Sotelo-Silveira J.; Smircich P.; Duhagon M.; Garat B. *Trypanosoma cruzi*: molecular characterization of TcPUF6, a Pumilio protein. *Exp. Parasitol.* 2005, 109: 260-264.

Dallagiovanna B.; Correa A.; Probst C.M.; Holetz F. B.; Smircich P.; de Aguiar A.; Mansur F.; da Silva C.V.; Mortara R.A.; Garat B. Functional genomic characterization of mRNAs associated with TcPUF6, a Pumilio-like protein from *Trypanosoma cruzi*. *J. Biol. Chem.* 2008, 283: 8266-8273.

Das, A., Banday, M., & Bellofatto, V. RNA polymerase transcription machinery in

- trypanosomes. *Eukaryot. Cell.* 2008, 7: 429-434.
- Da Silva, R.A.; Bartholomeu, D.C; Teixeira, S.M. Control of tubulin gene expression in *Trypanosoma cruzi*. *Int. J. Parasitol.* 2006, 36(1): 87-96.
- Davis, R.E. Spliced leader RNA *trans-splicing* in metazoa. *Parasitol. Today*, 1996, 12(1): 33-40.
- De Gaudenzi J.; Frasch A.C.; Clayton C. RNA-binding domain protein in kinetoplastids: a comparative analysis. *Eukaryotic Cell* 2005, 4: 2106-2114.
- De Souza, W. Cell Biology of *Trypanosoma cruzi*. *Int. Rev. Cyt.* 1984, 86, 197-283.
- De Souza, W. Basic Cell Biology of *Trypanosoma cruzi*. *Curr. Pharm. Des.* 2002, 8, 269 - 285.
- Dias, J.C.P. Epidemiologia. In *Trypanosoma cruzi* e Doença de Chagas (eds Z. Brener, Z.A. Andrade & M. Barral-Neto), 2000, p. 48 - 74. Guanabara Koogan, Rio de Janeiro.
- Di Noia, J.M., D'Orso, I., Sanchez, D.O., & Frasch, A.C. AU-rich elements in the 3'-untranslated region of a new mucin-type gene family of *Trypanosoma cruzi* confers mRNA instability and modulates translation efficiency. *J. Biol. Chem.* 2000, 275, 10218 - 10227.
- Dubois, R.N.; Abramson, S.B.; Crofford, L.; Gupta, R.A.; Simon, L.S.; Van De Putte, L.B.; Lipsky, P.E. Cyclooxygenase in biology and disease. *FASEB J.* 1998, 12(12): 1063-1073.
- Dudoit, S.; Gentleman, R.C.; Quackenbush J. Open source software for the analysis of microarray data. *Biotechniques*, 2003, 45-51 Suppl.
- Dumas, M. Sleeping sickness, a reemerging sickness. *Bull. Acad. Natl. Med.* 2000, 184, 1867-1885.
- Dunand-Sauthier, I., Walker, C., Wilkinson, C., Gordon, C., Crane, R., Norbury, C., & Humphrey, T. Sum1, a component of the fission yeast eIF3 translation initiation

- complex, is rapidly relocalized during environmental stress and interacts with components of the 26S proteasome. *Mol. Biol. Cell*, 2002, 13, 1626 - 1640.
- Dvorak J.A.; Hall, T.E.; Crane, M.S.; Engel, J.C.; McDaniel J.P.; Uriegas R. *Trypanosoma cruzi*: flow cytometric analysis. I. Analysis of total DNA/organism by means of mithramycin-induced fluorescence. *J. Protozool.* 1982, 29(3): 430-437.
- Elias, M.C., Marques-Porto, R., Freymuller, E., & Schenkman, S. Transcription rate modulation through the *Trypanosoma cruzi* life cycle occurs in parallel with changes in nuclear organisation. *Mol. Biochem. Parasitol.* 2001, 112, 79 – 90.
- Elias M.C.; Nardelli S.C.; Schenkman S. Chromatin and nuclear organization in *Trypanosoma cruzi*. *Future Microbiol.* 2009, 4: 1065-1074.
- El-Sayed, N.M., Myler, P.J., & Bartholomeu, D.C. e.a. (2005) The genome sequence of *Trypanosoma cruzi* etiologic agent of Chagas disease. *Science*, 2005, 309, 409 - 415.
- Evdokimova V., Ruzanov P., Anglesio M.S., Sorokin A.V., Ovchinnikov L.P., Buckley J., Triche T.J., Sonenberg N., Sorensen P.H. Akt-mediated YB-1 phosphorylation activates translation of silent mRNA species. *Mol. Cell. Biol.* 2006 26: 277–292
- Estevez M.G.; Gonzales-Pedromo M.; Salviano C.S.; Angluster J.; Goldenberg S. Changes in fatty acid composition associated with differentiation of *Trypanosoma cruzi*. *FEMS Microbiol. Lett.* 1989, 50(1-2): 31-34.
- Estévez, A.M.; Kempf, T.; Clayton, C. The exosome of trypanosome brucei. *EMBO J.* 2001, 20(14): 3831-3839.
- Evers, R., Hammer, A., Kock, J., Jess, W., Borst, P., Memet, S., & Cornelissen, A.W. *Trypanosoma brucei* contains two RNA polymerase II largest subunit genes with an altered C-terminal domain. *Cell*, 1989, 56: 585-597.

- Ferraiuolo, M.A., Lee, C.S., Ler, L.W., Hsu, J.L., Costa-Mattioli, M., Luo, M.J., Reed, R., & Sonenberg, N. A nuclear translation-*like* factor eIF4AIII is recruited to the mRNA during *splicing* and functions in nonsense-mediated decay. Proc. Natl. Acad. Sci. 2004, 101, 4118 - 4123.
- Ferreira L.R.P., Dossin F.M., Ramos, T.C., Freymüller E., Schenkman S. Active transcription and ultrastructural changes during *Trypanosoma cruzi* metacyclogenesis. An. Acad. Bras. Cienc. 2008, 80(1), 157-166.
- Field M.C. & Carrington M. The trypanosome flagellar pocket. Nat. Rev. Microbiol. 2009, 7(11): 775-786.
- Figarella K., Rawer M., Uzcategui N.L., Kubata B.K., Lauber K., Madeo F., Wesselborg S., Duszenko M. Prostaglandin D2 induces programmed cell death in *Trypanosoma brucei* bloodstream form. Cell Death Differ. 2005 12(4):335-46
- Figueiredo R.C.B.Q.; Rosa D.S.; Soares M.J. Differentiation of *Trypanosoma cruzi* epimastigotes: metacyclogenesis and adhesion to substrate are triggered by nutritional stress. J. Parasitol. 2000, 86: 1213-1218.
- McCarthy F.M., Wang N., Magee G. B., Nanduri B., Lawrence M. L., Camon E. B., Barrell D. G., Hill D. P., Dolan M. E., Williams W. P., Luthe D. S., Bridges S. M., Burgess S. C. AgBase: a functional genomics resource for agriculture. BMC Genomics, 2006, 7:229
- Förch P & Valcárcel J. Molecular mechanisms of gene expression regulation by the apoptosis-promoting protein TIA-1. Apoptosis. 2001, 6(6), 463-468.
- Fraidenraich D.; Peña C.; Isola E.L.; Lammel E.M.; Coso O.; Añel A.D.; Pongor S.; Baralle F.; Torres H.N.; Flawia M.M.; Stimulation of *Trypanosoma cruzi* adenylate cyclase by an alpha D-globin fragment from *Triatoma* hindgut: effect on differentiation of epimastigote to trypomastigote forms. Proc. Nat. Acad. Sci. USA 1993, 90: 10140-10144.
- Franco da Silveira, J. Biologia Molecular do *Trypanosoma cruzi*. In *Trypanosoma*

- cruzi* e Doença de Chagas (eds Z. Brener, Z.A. Andrade & M. Barral-Neto), 2000, pp. 127 - 152. Guanabara Koogan.
- Fusco A.C., Salafsky B., Delbrook K. *Schistosoma mansoni*: production of cercarial eicosanoids as correlates of penetration and transformation. *J Parasitol.* 1986, 72(3): 397-404.
- Garcia, E.S. & Azambuja, P. Fisiologia de Triatomíneos: desenvolvimento, reprodução e interação com *Trypanosoma cruzi*. In *Trypanosoma cruzi* e Doença de Chagas (eds Z. Brener, Z.A. Andrade & M. Barral-Neto), 2000, p. 41 - 47. Guanabara Koogan, Rio de Janeiro.
- Gebauer F. & Hentze M W. Molecular mechanisms of translational control *Nature Rev. Mol. Cell Biol.* 2004, 5: 827-835.
- Gentil, L.G.; Cordero, E.M.; do Carmo, M.S.; dos Santos, M.R.; da Silveira, J.F. Posttranscriptional mechanisms involved in the control of expression of the stage-specific GP82 surface glycoprotein in *Trypanosoma cruzi*. *Acta Trop.* 2009, 109(2): 152-158.
- Gibson, W.C., Swinkels, B.W., & Borst, P. Post-transcriptional control of the differential expression of phosphoglycerate kinase genes in *Trypanosoma brucei*. *J. Mol. Biol.* 1988, 201, 315 - 325.
- Gillinger, G. & Bellofatto, V. Trypanosome spliced leader RNA genes contains the first identified RNA polymerase II promoter in these organisms. *Nucleic Acids. Res.* 2001, 29: 1556-1564.
- Glisovic T.; Bachorik J.L.; Yong J.; Dreyfuss G. RNA-binding proteins and post-transcriptional gene regulation. *FEBS Lett.* 2008, 1-10.
- Goldenberg, S., Contreras, V.T., Salles, J.M., Bonaldo, M.C., Lima Franco, M.P.A., Linss, J., Lafaille, J., Valle, D., & Morel, C.M. (1984) Facts and hypothesis on *Trypanosoma cruzi* differentiation. *Mem. Inst. Oswaldo Cruz* 1984, 79 (suppl).

- Goldenberg S, Salles J.M.; Contreras V.T.; Lima Franco M. P.A.; Katzin A. M.; Colli W.; Morel C. Characterization of messenger RNA from epimastigotes and metacyclic trypomastigotes of *Trypanosoma cruzi*. FEBS Letts 1985, 180: 265–270.
- Goldenberg S.; Contreras V.T.; Bonaldo M.C.; Salles J.M.; Lima-Franco M.P.A.; Lafaille J.; Gonzales-Pedromo M.; Lins J.; Morel C.M. *In vitro* differentiation systems for the study of differential gene expression during *Trypanosoma cruzi* development. In: Molecular strategies of parasitic invasion. 1987, 203-212.
- Goldenberg S. *Trypanosoma cruzi* as a model system for studying cell differentiation. Parasites: Molecular biology, Drug and Vaccine Design 1990, 1-6.
- Goldstrohm, A.C., Hook, B.A., Seay, D.J., & Wickens, M. PUF proteins bind Pop2p to regulate messenger RNAs. Nat. Struct. Mol. Biol. 2006, 13, 533 - 539.
- Götz S., García-Gómez J.M., Terol J., Williams T.D., Nagaraj S.H., Nueda MJ., Robles M., Talón M., Dopazo J., Conesa A. High-throughput functional annotation and data mining with the Blast2GO suite. Nucleic Acids Res. 2008, 36(10): 3420-3435.
- Graumann P.L. & Marahiel M.A. A superfamily of proteins that contain the cold-shock domain. Trends Biochem Sci 1998; 23:286-290.
- Gross S.R., Kinzy T.G. Translation elongation factor 1A is essential for regulation of the actin cytoskeleton and cell morphology. Nat Struct Mol Biol. 2005, 12(9):772-778.
- Günzl, A., Bruderer, T., Laufer, G., Schimanski, B., Tu, L.C., Chung, H.M., Lee, P.T., & Lee, M.G. RNA polymerase I transcribes procyclin genes and variant surface glycoprotein gene expression sites in *Trypanosoma brucei*. Eukaryot. Cell, 2003, 2: 542 – 551
- Heasman, J.; Wessely, O.; Langland R.; Craig, E.J.; Kessler, D.S. Vegetal localization of maternal mRNAs is disrupted by VegT depletion. Dev. Biol. 2001, 240(2):

377-386.

- Hall D. A.; Zhu H.; Zhu X.; Royce T.; Gerstein M.; Snyder M. Regulation of gene expression by a metabolic enzyme. *Science* 2004, 306: 482-484.
- Hall T.M. Multiple modes of RNA recognition by zinc finger proteins. *Curr Opin Struct Biol.* 2005, 15(3):367-373.
- Hayashi H., Uchiyama N., Kawamata H., Takagi R., Abe Y., Kumazaki T. Interaction between non-ionic contrast medium and prostaglandin E1 incorporated in lipid microspheres: in-vitro comparative study of direct and non-direct mixing. *Radiat Med.* 2000, 18(4): 219-225.
- Heath S.; Hieny S.; Sher A. A cyclic AMP inducible gene expressed during the development of infective stages of *Trypanosoma cruzi*. *Mol. Biochem. Parasitol.* 1990, 43: 133-142.
- Hegyí H., Gerstein M. The relationship between protein structure and function: a comprehensive survey with application to the yeast genome. *J Mol Biol.* 1999, 23;288(1):147-64.
- Henriksson, J., Aslund, L., & Pettersson, U. Karyotype variability in *Trypanosoma cruzi*. *Parasitol. Today* 1996, 12: 108–114.
- Hershey J.W. Translational control in mammalian cells. *Annu. Rev. Biochem.* 1991, 60: 717-755.
- Hieronimus, H. & Silver P.A A systems view for mRNP biology. *Genes Dev.* 2004, 18: 2845-2860.
- Hodo, H.G. & Hatcher, F.M. Multiple DNA-dependent RNA polymerases in *Trypanosoma cruzi*. *Mol. Biochem. Parasitol.* 1986, 19: 77-81.
- Holetz F.B., Correa A., Ávila A.R., Nakamura C.V., Krieger M.A., Goldenberg S. Evidence of P-body-like structures in *Trypanosoma cruzi*. *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 2007, 356, 1062-1067.



- Holetz, F.B. Grânulos de processamento de mRNA em *Trypanosoma cruzi*. Tese de Doutorado. 2008, Instituto Oswaldo Cruz, Fiocruz, Rio de Janeiro.
- Hong M. & Simpson L. Genomic organization of *Trypanosoma brucei* kinetoplast DNA minicircles. 2003, 154(2): 265-279.
- Hoyle, N.P., Castelli, L.M., Campbell, S.G., Holmes, L.E.A., Ashe, M.P. Stress-dependent relocalization of translationally primed mRNPs to cytoplasmic granules that are kinetically and spatially distinct from P-bodies. *J. Cell Biol.* 2007, 179, 65 – 74.
- Hudson B.P., Martinez-Yamout M.A., Dyson H.J., Wright P.E. Recognition of the mRNA AU-rich element by the zinc finger domain of TIS11d. *Nat Struct Mol Biol.* 2004, 11(3):257-264.
- Huynh D.P., Del Bigio M.R., Ho D.H., Pulst S.M. Expression of ataxin-2 in brains from normal individuals and patients with Alzheimer's disease and spinocerebellar ataxia 2. *Ann Neurol.*, 1999, 45, 232-241.
- Ivens, A.C., Peacock, C.S., & Worthey, E.A.e.a. The genome of the kinetoplastid parasite, *Leishmania major*. *Science* 2005, 309: 436-442.
- Jager, A.V., De Gaudenzi, J.G., Cassola, A., D'Orso, I., & Frasch, A.C. mRNA maturation by two-step *trans-splicing*/polyadenylation processing in trypanosomes. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 2007, 104, 2035 – 2042.
- Jess, W., Hammer, A., & Cornelissen, A.W. Complete sequence of the gene encoding the largest subunit of RNA polymerase I of *Trypanosoma brucei*. *FEBS Lett.* 1989, 249: 123-128.
- Job, C. & Eberwine J. Localization and translation of mRNA in dendrites and axons. *Nat. Rev. Neurosci.* 2001, 2(12): 889-898.
- Jones, A., Faldas, A., Foucher, A., Hunt, E., Tait, A., Wastling, J.M., & Turner, C.M. Visualisation and analysis of proteomic data from the procyclic form of

- Trypanosoma brucei*. Proteomics, 2006, 6, 259 - 267.
- Kapotas, N. & Bellofatto, V. 1993 Differential response to RNA *trans-splicing* signals within the phosphoglycerate kinase gene cluster in *Trypanosoma brucei*. Nucleic Acids. Res. 1993, 21, 4067- 4072.
- Kawakami A., Tian Q., Streuli M., Poe M., Edelhoff S., Disteché C. M., Anderson P. J. Intron-exon organization and chromosomal localization of the human TIA-1 gene. Immunol. 1994, 152(10), 4937-4945.
- Kedersha, N. & Anderson, P. Stress granules: sites of mRNA triage that regulate mRNA stability and translatability. Biochem. Soc. Trans. 2002, 30, 963 - 969.
- Kedersha, N., Chen, S., Gilks, N., Li, W., Miller, I.J., Stahl, J., & Anderson, P. Evidence that ternary complex (eIF2-GTP-tRNA(i)(Met))-deficient preinitiation complexes are core constituents of mammalian stress granules. Mol. Biol. Cell, 2002, 13, 195 - 210.
- Kedersha, N.; Stoecklin, G.; Ayodele, M.; Yacono, P.; Lykke-Andersen, J.; Fritzler, M.J.; Scheuner, D.; Kaufman, R.J.; Golan, D.E.; Anderson, P. Stress granules and processing bodies are dynamically linked sites of mRNP remodeling. J. Cell Biol. 2005, 169(6): 871-884.
- Keene J.D. RNA regulons: coordination of post-transcriptional events. Nat. Rev. Genet. 2007, 8, 533-543.
- Kleffmann T.; Schmidt J.; Schaub G. Attachment of *Trypanosoma cruzi* epimastigotas to hydrophobic substrates and use of this property to separates stages and promote metacyclogenesis. J. Eukaryot. Microbiol. 1998, 45(5): 648-655.
- Kloc, M.; Zearfoss, N.R.; Etkin, L.D. Mechanisms of subcellular mRNA localization. Cell, 2002, 108(4): 533-544.
- Kloc, M. & Etkin, L.D. Delocalization of Vg1 mRNA from the vegetal cortex in *Xenopus* oocytes after destruction of Xlirt RNA. Science, 1994, 265(5175):

1101-1103.

- Knowles, R.B.; Sabry, J.H.; Martone, M.E.; Deenrick, T.J.; Ellisman, M.H.; Bassell, G.J.; Kosik, K.S. Translocation of RNA granules in living neurons. *J. Neurosci.* 1996, 16(24): 7812-7820.
- Kock, J., Evers, R., & Cornelissen, A.W., 8753-72. Structure and sequence of the gene for the largest subunit of trypanosomal RNA polymerase III. *Nucleic Acids. Res.* 1988, 16: 8753-8772.
- Kohno K., Izumi H., Uchiumi T., Ashizuka M., Kuwano M. The pleiotropic functions of the Y-box-binding protein, YB-1. *Bioessays* 2003, 25:691–698.
- Kollien A.H. & Schaub G.A. The development of *Trypanosoma cruzi* in triatomine. *Parasitol. Today* 2000, 16: 381-387.
- Konstantinova I.M.; Tsimokha A.S.; Mittenberg A.G. Role of proteasomes in cellular regulation. *Int. Rev. Cell Mol. Biol.* 2008, 267:59-124.
- Kornberg, R.D. The molecular basis of eukaryotic transcription. *Cell. Death Differ.* 2007, 14: 1989–1997.
- Krichevsky A.M.; Metzger E.; Rosen H. Translational control of specific genes during differentiation of HL-60 cells. *J. Biol Chem.* 1999, 274(20): 14295-14305.
- Krieger M.A.; Ávila A.R.; Ogatta S.F.Y.; Plazanet-Menut C.; Goldenberg S. Differential gene expression during *Trypanosoma cruzi* metacyclogenesis. *Mem. Inst. Oswaldo Cruz* 1999, 94(1): 165-168.
- Kubata, B.K.; Duszenko M., Kabututu Z., Rawer M., Szallies A., Fujimori K., Inui T., Nozaki T., Yamashita K., Horii T., Urade Y., Hayaishi O. Identification of a novel prostaglandin F2a synthase in *Trypanosoma brucei*. *J. Exp. Med.* 2000, 192, 1327–1337.
- Kubata B.K., Kabututu Z., Nozaki T., Munday C.J., Fukuzumi S., Ohkubo K., Lazarus M., Maruyama T., Martin S.K., Duszenko M., Urade Y. A key role for old

- yellow enzyme in the metabolism of drugs by *Trypanosoma cruzi*. J Exp Med. 2002, 196(9): 1241-1251.
- Kubata B.K., Duszenko M., Martin K.S., Urade Y. Molecular basis for prostaglandin production in hosts and parasites. Trends Parasitol. 2007 23(7): 325-331.
- Kuhn R. M.; DeRisi J.L.; Brown P.O.; Sarnow P. Global and specific translational regulation in the genomic response of *Saccharomyces cerevisiae* to a rapid transfer from a fermentable to a nonfermentable carbon source. Mol. Cell. Biol. 2001, 21: 916-927.
- Laemmli, U.K. Cleavage of structural proteins during the assembly of the head of bacteriophage T4. Nature, 1970, 227, 680 - 685.
- Lai W.S., Carballo E., Thorn J.M., Kennington E.A., Blackshear P.J. Interactions of CCCH zinc finger proteins with mRNA. Binding of tristetraprolin-related zinc finger proteins to Au-rich elements and destabilization of mRNA. J Biol Chem. 2000, 9;275(23):17827-37.
- Lai W.S., Parker J.S., Grissom S.F., Stumpo D.J., Blackshear P.J. Novel mRNA targets for tristetraprolin (TTP) identified by global analysis of stabilized transcripts in TTP-deficient fibroblasts. Mol Cell Biol. 2006, 26(24):9196-9208.
- Laird, P.W. Trans *splicing* in trypanosomes--archaism or adaptation? Trends Genet. 1989, 5: 204-208.
- Landy, A. Dynamic, structural, and regulatory aspects of lambda site-specific recombination. Annu. Rev. Biochem., 1989, 58, 913 - 949.
- Lau J., Castelli L.A., Lin E.C., Macaulay S.L. Identification of elongation factor 1alpha as a potential associated binding partner for Akt2. Mol Cell Biochem. 2006, 286(1-2):17-22.
- Laufer, G. & Günzl, A. *In vitro* competition analysis of procyclin gene and variant surface glycoprotein gene expression site transcription in *Trypanosoma brucei*.

- Mol. Biochem. Parasitol. 2001, 113: 55-65.
- Laufer, G., Schaaf, G., Bollgonn, S., & Günzl, A. *In vitro* analysis of alfa-amanitin-resistant transcription from the rRNA, procyclic acidic repetitive protein and variant surface glycoprotein gene promoters in *Trypanosoma brucei*. Mol. Cell Biol. 1999, 19: 5466-5473.
- Lebowitz, J.H., Smith, H.Q., Rusche, L., & Beverley, S.M. Coupling of poly(A) site selection and *trans-splicing* in *Leishmania*. Gene. Dev., 1993, 7: 996 - 1007.
- Le Guiner C., Lejeune F., Galiana D., Kister L., Breathnach R., Stévenin J., Del Gatto-Konczak F. TIA-1 and TIAR activate *splicing* of alternative exons with weak 5' splice sites followed by a U-rich stretch on their own pre-mRNAs. J Biol Chem. 2001, 276(44): 40638-40646.
- Lee, M.G. & Van der Ploeg, L.H. Transcription of protein-coding genes in trypanosomes by RNA polymerase I. Annu. Rev. Microbiol. 1997, 51: 463-489.
- Li, C.H., Irmer, H., Gudjonsdottir-Planck, D., Freese, S., Salm, H., Haile, S., Estevez, A.M., & Clayton, C. Roles of a *Trypanosoma brucei* 5'-3' exoribonuclease homolog in mRNA degradation. RNA, 2006, 12, 2171 – 2186.
- Liang, X., Haritan, A., Uliel, S., & Michaeli, S. (2003) trans and cis *Splicing* in Trypanosomatids: Mechanism, Factors, and Regulation. Eukaryot. Cell, 2, 830 - 840.
- Liu G., Tang J., Edmonds B.T., Murray J., Levin S., Condeelis J. F-actin sequesters elongation factor 1alpha from interaction with aminoacyl-tRNA in a pH-dependent reaction. J Cell Biol. 1996a, 135(4):953-963.
- Liu G., Grant W.M., Persky D., Latham V.M. Jr, Singer R.H., Condeelis J. Interactions of elongation factor 1alpha with F-actin and beta-actin mRNA: implications for anchoring mRNA in cell protrusions. Mol Biol Cell. 2002, 13(2):579-592.

- Liu B.; Liu Y.; Motyka S.A.; Agbo E.E.; Englund P.T. Fellowship of the rings: the replication of kinetoplast DNA. *Trends Parasitol.* 2005, 21(8): 363-369.
- Liu Y.; Englund P.T. The rotational dynamics of kinetoplast DNA replication. *Mol. Microbiol.* 2007, 64(3): 676-690.
- Lustig, Y., Sheiner, L., Vagima, Y., Goldshmidt, H., Das, A., Bellofatto, V., & Michaeli, S. Spliced-leader RNA silencing: a novel stress-induced mechanism in *Trypanosoma brucei*. *EMBO J.* 2007, 8, 408 – 413.
- Mande S.C., Mainfroid V., Kalk K.H., Goraj K., Martial J.A., Hol W.G. Crystal structure of recombinant human triosephosphate isomerase at 2.8 Å resolution. Triosephosphate isomerase-related human genetic disorders and comparison with the trypanosomal enzyme. *Protein Sci.* 1994, 3(5):810-821.
- Martinez-Calvillo, S., Yan, S., Nguyen, D., Fox, M., Stuart, K., & Myler, P.J. Transcription of *Leishmania major* Friedlin chromosome 1 initiates in both directions within a single region. *Mol. Cell*, 2003, 11, 1291 - 1299.
- Marintchev, A. & Wagner, G. Translation initiation: structures, mechanisms and evolution. *Q. Rev. Biophys.* 2004, 37(3-4): 197-284.
- Martinis S.A.; Plateau P.; Cavarelli J.; Florentz C. Aminoacyl-tRNA synthetases: a new image for a classical family. *Biochimie.* 1999, 81(7): 683-700.
- Mazumder, B., Seshadri, V., & Fox, P. Translational control by the 3'-UTR: the ends specify the means. *Trends Biochem. Sci.* 2003b, 28, 91 - 98.
- McLean J.E.; Hamaguchi N.; Belenky P.; Mortimer S.E.; Stanton M.; Hedstrom L. Inosine 5'-monophosphate dehydrogenase binds nucleic acids *in vitro* and *in vivo*. *Biochem. J.* 2004, 379(2): 243-251.
- McNicoll, F., Muller, M., Cloutier, S., Boilard, N., Rochette, A., Dube, M., & Papadopoulou, B. Distinct 3'-Untranslated Region Elements Regulate Stagespecific mRNA Accumulation and Translation in *Leishmania*. *J. Biol.*

- Chem. 2005, 208, 35238 – 35246.
- McNicoll, F., Drummelsmith, J., Muller, M., Madore, E., Boilard, N., Ouellette, M., & Papadopoulou, B. A combined proteomic and transcriptomic approach to the study of stage differentiation in *Leishmania infantum*. *Proteomics*, 2006, 6, 3567 – 3581.
- Merrick W.C. Mechanism and regulation of eukaryotic protein synthesis. *Microbiol. Rev.* 1992, 56(2): 291-315.
- Miyazaki H., Patel V., Wang H., Ensley J.F., Gutkind J.S., Yeudall W.A. Growth factor-sensitive molecular targets identified in primary and metastatic head and neck squamous cell carcinoma using microarray analysis. *Oral Oncol* 2006, 42: 240–256
- Michelin M.A., Silva J.S., Cunha F.Q. Inducible cyclooxygenase released prostaglandin mediates immunosuppression in acute phase of experimental *Trypanosoma cruzi* infection. *Exp Parasitol.* 2005, 111(2): 71-79.
- Michels P.A.; Bringaud F.; Herman M.; Hannaert V. Metabolic functions of glycosomes in trypanosomatids. *Biochim. Biophys. Acta.* 2006, 1763(12): 1463-1477.
- Milone, J.; Wilusz, J.; Bellofatto, V. Characterization of deadenylation in trypanosome extracts by poly(A)-binding protein Pab1p. *RNA*, 2004, 10(3): 448-457.
- Minter D.M., Minter-Goedbloed E., Marsden P.D., Miles M.A., Macedo V. Domestic risk factor – an attempt to assess risk of infection with *Trypanosoma cruzi* in houses in Brazil. *Trans. R. Trop. Med. Hyg.* 1973, 67(2): 290.
- Moffett, L.K., Stefan, H., & Kenneth, D.S. RNA editing: getting U into RNA. *Trends Biochem. Sci.* 1997, 22, 162 - 166.
- Moore M.J. From birth to death: the complex lives of eukaryotic mRNAs. *Science* 2005, 309: 1514-1518.

- Morking P.A.; Dallagiovanna B.M.; Foti L.; Garat B.; Picchi G.F.; Umaki A.C.; Probst C.M.; Krieger M.A.; Goldenberg S. Fragoso S.P. TcZFP1: a CCCH zinc finger protein of *Trypanosoma cruzi* that binds poly-C oligoribonucleotides *in vitro*. *Biochem Biophys Res Commun*. 2004, 319(1): 169-177.
- Murray J.W., Edmonds B.T., Liu G., Condeelis J. Bundling of actin filaments by elongation factor 1 alpha inhibits polymerization at filament ends. *J Cell Biol*. 1996, 135(5):1309-1321.
- Mutayoba B.M., Meyer H.H., Osaso J., Gombe S. Trypanosome-induced increase in prostaglandin F(2alpha) and its relationship with corpus luteum function in the goat. *Theriogenology*. 1989 32(4): 545-555.
- Nardelli, S.C.; Avila, A.R.; Freund, A.; Motta, M.C.; Manhães, L.; de Jesus, T.C.; Schenkman, S.; Fragoso, S.P.; Krieger, M.A.; Goldenberg S.; Dallagiovanna, B. Small-subunit rRNA processome proteins are translationally regulated during differentiation of *Trypanosoma cruzi*. *Eukaryot. Cell*, 2007, 6(2): 337-345.
- Nencioni A., Lauber K., Grünebach F., Van Parijs L., Denzlinger C., Wesselborg S, Brossart P. Cyclopentenone prostaglandins induce lymphocyte apoptosis by activating the mitochondrial apoptosis pathway independent of external death receptor signaling. *J Immunol*. 2003 171(10): 5148-5156.
- Nogueira N.; Bianco C.; Cohn Z. Studies on the selective lysis and purification of *Trypanosoma cruzi*. *J. Exp.Med*. 1975, 142: 225-229.
- Nonhoff U., Ralser M., Welzel F., Piccini I., Balzereit D., Yaspo M.L., Lehrach H., Krobitsch S. Ataxin-2 interacts with the DEAD/H-box RNA helicase DDX6 and interferes with *P-bodies* and stress granules. *Mol Biol Cell*. 2007, 18(4), 1385-1396.
- Nozaki, T. & Cross, G.A.M. (1995) Effects of 3'-untranslated and intergenics regions on gene expression in *Trypanosoma cruzi*. *Mol. Biochem. Parasitol.*, 75, 55 - 67.
- Oefinger M.; Wei K.E.; Rogers R.; DeGrasse J.A.; Chait B.T.; Aichison J.D.; Rout



- M.P. Comprehensive analysis of diverse ribonucleoprotein complexes. *Nat. Methods* 2007, 4(11): 951-956.
- Ochsenreiter, T., Cipriano, M., & Hajduk, S.L. Alternative mRNA editing in trypanosomes is extensive and may contribute to mitochondrial protein diversity. *PLoS ONE* 2008, 3, e1566.
- Oullette M., Papadopoulou B. Coordinated gene expression by post transcriptional regulons in African trypanosomes. *J. Biol.* 2009, 8(11): 100-104.
- Overath, P., Haag, J., Lischke, A., O'Huigin, C. The surface structure of trypanosomes in relation to their molecular phylogeny. *Int. J. Parasitol.* 2001, 31, 468-471.
- Palenchar, J.B. & Bellofatto, V. Gene transcription in trypanosomes. *Mol. Biochem. Parasitol.*, 2006, 146, 135 – 141.
- Parker, R. & Sheth, U. P bodies and the control of mRNA translation and degradation. *Mol. Cell*, 2007, 25, 635 - 646.
- Parsons, M., Worthey, E.A., Ward, P.N., & Mottram, J.C. Comparative analysis of the kinomes of three pathogenic trypanosomatids: *Leishmania major*, *Trypanosoma brucei* and *Trypanosoma cruzi*. *BMC Genom.* 2005, 6, 127 - 145.
- Pauley, K.M.; Eystathioy, T.; Jakymiw, A.; Hamel, J.C.; Fritzler, M.J.; Chan, E.K. Formation of GW bodies is a consequence of microRNA genesis. *EMBO Rep.* 2006, 7(9): 904-910.
- Pays, E. Regulation of antigen gene expression in *Trypanosoma brucei*. *Trends Parasitol.* 2005, 21: 517-520.
- Pedersen, L.; Andersen, G.R.; Knudsen, C.R.; Kinzy, T.G.; Nyborg, J. Crystallization of the yeast elongation factor complex eEF1A-eEF1B alpha. *Acta Crystallogr D Biol Crystallogr.* 2001, 57(pt1): 159-161.
- Pentreath V.W., Rees K., Owolabi O.A., Philip K.A., Doua F. The somnogenic T lymphocyte suppressor prostaglandin D2 is selectively elevated in cerebrospinal

- fluid of advanced sleeping sickness patients. *Trans R Soc Trop Med Hyg.* 1990, 84(6): 795-799.
- Pinge-Filho P., Tadokoro C.E., Abrahamsohn I.A. Prostaglandins mediate suppression of lymphocyte proliferation and cytokine synthesis in acute *Trypanosoma cruzi* infection. *Cell Immunol.* 1999, 193(1): 90-98.
- Proudfoot, N., Furger, A., & Dye, M. Integrating mRNA processing with transcription. *Cell*, 2002, 108: 501 - 512.
- Prusch R.D., Goette S.M., Haberman P. Prostaglandins may play a signal-coupling role during phagocytosis in *Amoeba proteus*. *Cell Tissue Res.* 1989, 255(3): 553-557.
- Queiroz R., Benz C., Fallenberg K., Hoheisel J.D., Clayton C. Transcriptome analysis of differentiating trypanosomes reveals the existence of multiple post-transcriptional regulons. *BMC Genomics.* 2009, 10:495.
- Quijada, L., Soto, M., Alonso, C., & Requena, J.M. (2000) Identification of a putative regulatory element in the 3'-untranslated region that controls expression of HSP70 in *Leishmania infantum*. *Mol. Biochem. Parasitol.*, 110, 79 – 91.
- Rabinovitz M. Evidence for a role of phosphofructokinase and tRNA in the polyribosome disaggregation of amino acid deficiency. *FEBS Lett.* 1991, 283(2): 270-272.
- Rabinovitz M. The phosphofructokinase-uncharged tRNA interaction in metabolic and cell cycle control: an interpretive review. *Nucleic Acids Symp Ser.* 1995; 33: 182-189.
- Raffetseder U., Frye B., Rauen T., Jurchott K., Royer H.D., Jansen P.L., Mertens P.R. *Splicing* factor SRp30c interaction with Y-box protein-1 confers nuclear YB-1 shuttling and alternative splice site selection. *J Biol Chem.* 2003, 278: 18241–18248.

- Ralser M., Albrecht M., Nonhoff U., Lengauer T., Lehrach H., Krobitsch S. An integrative approach to gain insights into the cellular function of human ataxin-2. *J. Mol. Biol.* 2005, 346, 203-214.
- Rassi A. Jr., Rassi A., Little W.C. Chaga's heart disease. *Clin. Cardiol.* 2000, 23(12): 883-889.
- Reue K. & Zhang P. The lipin protein family: dual roles in lipid biosynthesis and gene expression. *FEBS Lett.* 2007, 582(1): 90-96.
- Rougemaille M.; Dieppois G.; Kisseleva-Romanova, E.; Gudipati, R.K.; Lemoine, S.; Blugeon, C.; Boulay, J.; Jensen, T.H.; Stutz, F.; Devaux, F.; Libri D. THO/Sub2p functions to coordinate 3'-end processing with gene-nuclear pore association. *Cell.* 2008, 135(2): 308-321.
- Rudenko, G., Chung, H.M., Pham, V.P., & Van der Ploeg, L.H. RNA polymerase I can mediate expression of CAT and neo protein-coding genes in *Trypanosoma brucei*. *EMBO J.* 1991, 10: 3387-3397.
- Sachetto-Martins G., Franco L.O., de Oliveira D.E. Plant glycine-rich proteins: a family or just proteins with a common motif? *Biochim. Biophys. Acta.* 2000 1492(1): 1-14.
- Salas T.R., Petrusseva I., Lavrik O., Saintome' C. Evidence for direct contact between the RPA3 subunit of the human replication protein A and single-stranded DNA. *Nuc. Acids Res.* 2009, 37(1): 38-46.
- Sanger, F., Nicklen, S., & Coulson, A.R. DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. *Proc. Natl. Acad. Sci.*, 1977, 74, 5463 - 5467.
- Satterfield T.F. & Pallanck L.J. Ataxin-2 and its homolog ATX-2, physically assemble with polyribosomes. *Hum. Mol. Genet.* 2006, 15, 2523-2532.
- Sattlegger E. & Hinnebusch A.G. Polyribosome binding by GCN1 is required for full activation of eukaryotic translation initiation factor 2{alpha} kinase GCN2

- during amino acid starvation. *J Biol Chem.* 2005, 280(16): 16514-16521.
- Shapiro T.A.; Englund P.T. The structure and replication of kinetoplast DNA. *Annu. Rev. Microbiol.* 1995, 49: 117-143.
- Schaub G.A. Pathogenicity of trypanosomatids on insects. *Parasitol. Today* 1994, 10: 463-468.
- Shibata T., Ikomi F., Ohhashi T. Plasma-mediated potentiation in prostanoid-induced contractions in isolated canine external jugular veins. *Jpn J Physiol.* 2002, 52(5): 441-448.
- Schöning J.C., Streitner C., Meyer I.M., Gao Y., Staiger D. Reciprocal regulation of glycine-rich RNA-binding proteins via an interlocked feedback loop coupling alternative *splicing* to nonsense-mediated decay in *Arabidopsis*. *Nucleic Acids Res.* 2008, 36(22):6977-6987.
- Schwede, A.; Ellis, L.; Luther, J.; Carrington, M.; Stoecklin, G.; Clayton, C. A role for Caf1 in mRNA deadenylation and decay in trypanosomes and human cells. *Nucleic Acids Res.* 2008, 36(10): 3374-3388.
- Sherlock, I.A. Vetores. In *Trypanosoma cruzi* e Doença de Chagas (eds Z. Brener, Z.A. Andrade & M. Barral-Neto), 2000, p. 21 - 40. Guanabara Koogan, Rio de Janeiro.
- Sheth, U. & Parker, R. Decapping and decay of messenger RNA occur in cytoplasmic processing bodies. *Science*, 2003, 300, 805 -808.
- Shyu A.; Wilkinson M.F.; Hoof A.V. Messenger RNA regulation: to translate or to degrade. *EMBO J.* 2008, 27(3): 471-481.
- Singh R. & Green M.R. Sequence-specific binding of transfer RNA by glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase. *Science* 1993, 259(5093): 365-368.
- Smith, J.L., Levin, J.R., & Agabian, N. (1989) Molecular characterization of the *Trypanosoma brucei* RNA polymerase I and III largest subunit genes. *J. Biol.*

- Chem. 1989, 264: 18091-18099.
- Smith, W.L.; Dewitt, D.L. Prostaglandin endoperoxide H synthases-1 and -2. *Adv Immunol.* 1996, 62: 167-215.
- Sommerville J, Lodomery M. Transcription and masking of mRNA in germ cells: involvement of Y-box proteins. *Chromosoma.* 1996, 104(7):469-478.
- Stevens, J.R., Noyes, H.A., Schofield, C.J., & Gibson, W. The molecular evolution of Trypanosomatidae. *Adv. Parasitol.* 2001, 48: 1-56.
- Sutton, R.E. & Boothroyd, J.C. Evidence for trans *splicing* in trypanosomes. *Cell,* 1986, 14: 527-535.
- Teixeira, S.M.; Kirchhoff, L.V.; Donelson, J.E. Post-transcriptional elements regulating expression of mRNAs from the amastin/tuzin gene cluster of *Trypanosoma cruzi*. *J. Biol. Chem.* 1995, 270(38): 22586-22594.
- Teixeira, S.M.; Kirchhoff, L.V.; Donelson, J.E. *Trypanosoma cruzi*: suppression of tuzin gene expression by its 5'-UTR and spliced leader addition site. *Exp. Parasitol.* 1999, 93(3): 143-151.
- Teixeira D.; Sheth U.; Valencia-Sanchez M. A.; Brengues M.; Parker, R. Processing bodies require RNA for assembly and contain nontranslating mRNAs. *RNA.* 2005, 11: 371-382.
- Teixeira S.M.R. & da Rocha W.D. Control of gene expression and genetic manipulation in the Trypanosomatidae. *Gen. Mol. Res.* 2003, 2(1): 148-158.
- Tekotte, H & Davis, I. Intracellular mRNA localization: motors move messages. *Trends Genet.* 2002, 18(12): 636-642.
- Thomas, M.C.; Garcia-Pérez, J.L.; Alonso C.; Lopez M.C. Molecular characterization of KMP11 from *Trypanosoma cruzi*: a cytoskeleton-associated protein regulated at the translational level. *DNA Cell. Biol.* 2000, 19(1): 47-57.
- Tomás, A.M. & Kelly, J.M. Stage-regulated expression of cruzipain, the major

- cysteine proteinase of *Trypanosoma cruzi*, is associated with enhanced metacyclogenesis. Eur. J. Biochem. 1996, 244, 596 - 603.
- Towbin, H., Staehelin, T., & Gordon, J. Electrophoretic transfer of proteins from polyacrylamide gels to nitrocellulose sheets: procedure and some applications. Proc. Natl. Acad. Sci., 1979, 76, 4350 - 4354.
- Tucker M., Valencia-Sanchez M.A., Staples R.R., Chen J., Denis C.L., Parker R. The transcription factor-associated Ccr4 and Caf1 proteins are components of the major cytoplasmic mRNA deadenylase in *Saccharomyces cerevisiae*. Cell. 2001. 104, 377-386.
- Tucker, M., Staples R.R., Valencia-Sanchez M.A., Muhlrads D., Parker R. Ccr4p is the catalytic subunit of a Ccr4p/Pop2p/Notp mRNA deadenylase complex in *Saccharomyces cerevisiae*. EMBO J. 2002, 21, 1427–1436.
- Tyler-Cross, R.E., Short, S.L., Floeter-Winter, L.M., & Buck, G.A. (1995) Transient expression mediated by the *Trypanosoma cruzi* rRNA promoter. Mol. Biochem. Parasitol. 1995, 72: 23-31.
- van Hoof A., Parker R. Messenger RNA degradation: beginning at the end. Curr. Biol., 2002. 12(8), 285-287.
- Vanhamme L. & Pays E. Control of gene expression in trypanosomes. Microbiol Rev. 1995, 59(2):223-240.
- Vickerman, K. The mechanism of cyclical development in trypanosomes of the *Trypanosoma brucei* sub-group: an hypothesis based on ultrastructural observations. Trans R Soc Trop Med Hyg. 1962, 56, 487-495.
- Ward C., Dransfield I., Murray J., Farrow S.N., Haslett C., Rossi A.G. Prostaglandin D2 and its metabolites induce caspase-dependent granulocyte apoptosis that is mediated via inhibition of I kappa B alpha degradation using a peroxisome proliferator-activated receptor-gamma-independent mechanism. J Immunol.

- 2002, 168(12): 6232-6243.
- Weston, D.; La Flamme, A.C.; Van Voorhis W.C. Expression of *Trypanosoma cruzi* surface antigen FL-160 is controlled by elements in the 3' untranslated, the 3' intergenic, and the coding regions. *Mol. Biochem. Parasitol.* 102(1): 53-66.
- WHO World Health Organization. Report of the Scientific Working Group on Chagas Disease. Buenos Aires, Argentina 17-20 April 2005, Vol. 2008.
- Wold MS. Replication protein A: a heterotrimeric, single-stranded DNA-binding protein required for eukaryotic DNA metabolism. *Annu Rev Biochem.* 1997, 66:61-92.
- Xu Y.; Liu L.; Lopez-Estrano C.; Michaelis S. Expression studies on clustered trypanosomatid Box C/D small nucleolar RNAs. *J. Biol. Chem.* 2001, 269: 14289-14298.
- Yamada-Ogatta, S.F.; Motta, M.C.; Toma, H.K.; Monteiro-Goes, V.; Avila, A.R.; Muniz, B.D.; Nakamura, C.; Fragoso, S.P.; Goldenberg, S.; Krieger, M.A. *Trypanosoma cruzi*: cloning and characterization of two genes whose expression is up-regulated in metacyclic trypomastigotes. *Acta Trop.* 2004, 90(2): 171-179.
- Yang C.C., Packman L.C., Scrutton N.S. The primary structure of Hyphomicrobium X dimethylamine dehydrogenase. Relationship to trimethylamine dehydrogenase and implications for substrate recognition. *Eur J Biochem.* 1995, 15;232(1):264-271.
- Zeiner G.M., Sturm N.R., Campbell D.A. Exportin 1 mediates nuclear export of the kinetoplastid spliced leader RNA. *Eukaryot Cell.* 2003, 2(2):222-230.
- Zeledón R.; Bolaños R.; Rojas M. Scanning electron microscopy of the final phase of the life cycle of *Trypanosoma cruzi* in the insect vector. *Acta Tropica.* 1984, 41: 39-43.
- Zingales, B., Pereira, M.E., Oliveira, R.P., Almeida, K.A., Umezawa, E.S., Souto,

- R.P., Vargas, N., Cano, M.I., Franco da Silveria, J., Nehme, N.S., Morel, C.M., Brener, Z., & Macedo, A. *Trypanosoma cruzi* genome project: biological characteristics and molecular typing of clone CL Brener. *Acta Trop.* 1997, 68, 159 - 173.
- Zomerdijk, J.C.B.M., Kieft, R., & Borst, P. Efficient production of functional mRNA mediated by RNA polymerase I in *Trypanosoma brucei*. *Nature*, 1991, 353: 772-775.
- Zou Y., Liu Y., Wu X., Steven M. Shell Functions of human replication protein A (RPA): From DNA replication to DNA damage and stress responses. *J. of Cell. Physiol.* 2006, 208(2):267-273.
- Zwierzynski, T.A. & Buck, G.A. RNA-protein complexes mediate *in vitro* capping of the spliced-leader primary transcript and U-RNAs in *Trypanosoma cruzi*. *Proc. Natl. Acad. Sci.*, 1991, 88:5626 - 5630.



## **ANEXOS**

## Anexo 1. Publicações

### A

Gene. 2010 Mar 1;452(2):72-78. Epub 2010 Jan 7.

Proteomic analysis reveals the dynamic association of proteins with translated mRNAs in *Trypanosoma cruzi*.

**Alves LR**, Avila AR, Correa A, Holetz FB, Mansur FC, Manque PA, de Menezes JP, Buck GA, Krieger MA, Goldenberg S.

Instituto Carlos Chagas, Laboratório de Regulação da Expressão Gênica, Curitiba, Paraná, Brazil.

Gene regulation is mainly post-transcriptional in trypanosomatids. The stability of mRNA and access to polysomes are thought to be tightly regulated, allowing *Trypanosoma cruzi* to adapt to the different environmental conditions during its life cycle. Post-transcriptional regulation requires the association between mRNAs and certain proteins to form mRNP complexes. We investigated the dynamic association between proteins and mRNAs, using poly(T) beads to isolate and characterize proteins and protein complexes bound to poly-A+ mRNAs. The protein content of these fractions was analyzed by mass spectrometry (LC-MS/MS). We identified 542 protein component of the mRNP complexes associated with mRNAs. Twenty-four of the proteins obtained were present in all fractions, whereas some other proteins were exclusive to a particular fraction: epimastigote polysomal (0.37%) and post-polysomal (2.95%) fractions; stress polysomal (13.8%) and post-polysomal (40.78%) fractions. Several proteins known to be involved in mRNA metabolism were identified, and this was considered important as it made it possible to confirm the reliability of our mRNP isolation approach. This procedure allowed us to have a first insight into the composition and dynamics of mRNPs in *T. cruzi*.

**B**

Mol Biochem Parasitol. 2010 Feb 12. [Epub ahead of print]

A POPULATION OF tRNA-DERIVED SMALL RNAs IS ACTIVELY PRODUCED IN *TRYPANOSOMA CRUZI* AND RECRUITED TO SPECIFIC CYTOPLASMIC GRANULES.

Garcia-Silva MR, Frugier M, Tosar JP, Correa-Dominguez A, **Alves L R.**, Parodi-Talice A, Rovira C, Robello C, Goldenberg S, Cayota A.

Functional Genomics Unit, Institut Pasteur de Montevideo, Mataojo 2020 CP11400 Montevideo, Uruguay.

Over the last years an expanding family of small RNAs (ie. microRNAs, siRNAs and piRNAs) was recognized as key players in diverse forms of gene silencing and chromatin organization. Effectors functions of these small RNAs are achieved through ribonucleoprotein (RNP) complexes containing at their center an Argonaute/Piwi protein. Although these proteins and their small RNA-associated machinery can be traced back to the common ancestor of eukaryotes, this machinery seems to be entirely lost or extensively simplified in some unicellular organisms including *Trypanosoma cruzi*, which are unable to trigger RNAi related phenomena. Speculating about the presence of alternate small RNA-mediated pathways in these organisms, we constructed and analyzed a size-fractionated cDNA library (20-35 nt) from epimastigotes forms of *T. cruzi*. Our results showed the production of an abundant class of tRNA-derived small RNAs preferentially restricted to specific isoacceptors and whose production was more accentuated under nutritional stress. These small tRNAs derived preferentially from the 5' halves of mature tRNAs and were recruited to distinctive cytoplasmic granules. Our data favor the idea that tRNA cleavage is unlikely to be the consequence of non-specific degradation but a controlled process, whose biological significance remains to be elucidated

**Anexo 2.** Comparação das sequências de aminoácidos das proteínas selecionadas contra o banco de dados GenBank (RefSeq) utilizando o programa BlastP. Os domínios conservados foram analisados através do programa Blast2go que utiliza o banco de dados Interpro. Em cinza estão marcados os aminoácidos que compõem os domínios conservados.

### A – EF1- $\alpha$

```
Query= Tc00.1047053510119.9 |||elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha),
putative|Trypanosoma cruzi|chr unknown83|TIGR|Auto
Length=389
```

Sequences producing significant alignments:	Score (Bits)	E Value
ref XP_806835.1  elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha) [Tryp...	805	0.0
gb AAx40412.1  elongation factor 1-alpha [Trypanosoma rangeli...	780	0.0
ref XP_822465.1  elongation factor 1-alpha [Trypanosoma bruce...	773	0.0
gb AAx40413.1  elongation factor 1-alpha [Trypanosoma rangeli]	773	0.0
ref XP_001682258.1  elongation factor 1-alpha [Leishmania maj...	751	0.0

#### ALIGNMENTS

```
>ref|XP_806835.1| elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha) [Trypanosoma cruzi strain CL Brener]
Length=389
```

Score = 805 bits (2078), Expect = 0.0, Method: Compositional matrix adjust.  
Identities = 389/389 (100%), Positives = 389/389 (100%), Gaps = 0/389 (0%)

```
Query 1  MGKDKVHMNLVVVGHVDAGKSTATGHLIYKCGGIDKRTIEKFEKEAAEIGKSSFKYAWVL 60
Sbjct 1  MGKDKVHMNLVVVGHVDAGKSTATGHLIYKCGGIDKRTIEKFEKEAAEIGKSSFKYAWVL 60

Query 61  DKLKAERERGITIDIALWKFESPKSVFTIIDAPGHRDFIKNMITGTSQADA AVLVIASSQ 120
Sbjct 61  DKLKAERERGITIDIALWKFESPKSVFTIIDAPGHRDFIKNMITGTSQADA AVLVIASSQ 120

Query 121  GEFEGAGISKDGTREHALLAFTLGVKQMVVCCNKMDKSVNFAQERYDEIVKEVSAYLKK 180
Sbjct 121  GEFEGAGISKDGTREHALLAFTLGVKQMVVCCNKMDKSVNFAQERYDEIVKEVSAYLKK 180

Query 181  VGYNVEKVRFPISGWQGDNMIDKSENMPWYKGPLLEALDMLPEPPVRPSDKPLRLPLQD 240
Sbjct 181  VGYNVEKVRFPISGWQGDNMIDKSENMPWYKGPLLEALDMLPEPPVRPSDKPLRLPLQD 240

Query 241  VYKIGGIGTVPVGRVETGTMKPGDVVTFAPANVTTEVKS IEMHHEQLAEATPGDNVGFNV 300
Sbjct 241  VYKIGGIGTVPVGRVETGTMKPGDVVTFAPANVTTEVKS IEMHHEQLAEATPGDNVGFNV 300

Query 301  KNVSVKDIRRGNVCGNSKNDPPKEAADFTAQVIILNHGQIGNGYAPVLDCHTCHIACKF 360
Sbjct 301  KNVSVKDIRRGNVCGNSKNDPPKEAADFTAQVIILNHGQIGNGYAPVLDCHTCHIACKF 360

Query 361  AEIESKIDRRSGKELEKNPKSIKSGTPPW 389
Sbjct 361  AEIESKIDRRSGKELEKNPKSIKSGTPPW 389
```

```
>gb|AAx40412.1| elongation factor 1-alpha [Trypanosoma rangeli]
Length=449
```

Score = 780 bits (2013), Expect = 0.0, Method: Compositional matrix adjust.  
Identities = 372/385 (96%), Positives = 383/385 (99%), Gaps = 0/385 (0%)

```

Query 1   MGKDKVHMNLVVVGHVDAGKSTATGHLYKCGGIDKRTIEKFEKEAAEIGKSSFYAWVL 60
Sbjct 1   MGK+KVHMNLVVVGHVDAGKSTATGHLYKCGGIDKRTIEKFEKEAAEIGKSSFYAWVL 60

Query 61  DKLKAERERGITIDIALWKFESPKSVFTI IDAPGHRDFIKNMITGTSQADAAVLVIASSQ 120
Sbjct 61  DKLKAERERGITIDIALWKFESPKSVFTI IDAPGHRDFIKNMITGTSQADAA+LVIAS+Q 120

Query 121 GEFEGAGISKDGQTRHALLAFTLGVKQMVVCCNKMDKSVNFAQERYDEIVKEVSAYLKK 180
Sbjct 121 GEFEGAGISKDGQTRHALLAFTLGVKQMVVCCNKMDKSVNYSQARYEEIVKEVSAYLKK 180

Query 181 VGYNVEKVRFPISGWQGDNMIDKSENMPWYKGP TLLLEALDMLPEPPVRPSDKPLRLPLQD 240
Sbjct 181 VGYNVEKVRFPISGWQGDNMI+KS+NMPWYKGP TLLLEALDMLPEPPVRPSDKPLRLPLQD 240

Query 241 VYKIGGIGTVPVGRVETGTMKPGDVVTFAPANVTTEVKSIEMHHEQLAEATPGDNVGFNV 300
Sbjct 241 VYKIGGIGTVPVGRVETGVMKPGDVVTFSPANVTTEVKSIEMHHEQLAEATPGDNVGFNV 300

Query 301 KNVSKDIRRGNVCGNSKNDPPKEAADFTAQVI ILNHPGQIGNGYAPVLDCHTCHIACKF 360
Sbjct 301 KNVSKDIRRGNVCGNSKNDPPKEAADFTAQVI ILNHPGQIGNGYAPVLDCHTCHIACKF 360

Query 361 AEIESKIDRRSGKELEKNPKSIKSG 385
Sbjct 361 AEIESKIDRRSGKELEKNPKSIKSG 385

>ref|XP_822465.1| elongation factor 1-alpha [Trypanosoma brucei TREU927]
Length=449 - 58 kDa

Score = 773 bits (1995), Expect = 0.0, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 368/385 (95%), Positives = 380/385 (98%), Gaps = 0/385 (0%)

Query 1   MGKDKVHMNLVVVGHVDAGKSTATGHLYKCGGIDKRTIEKFEKEAAEIGKSSFYAWVL 60
Sbjct 1   MGK+KVHMNLVVVGHVDAGKSTATGHLYKCGGIDKRTIEKFEKEAAEIGK+SFYAWVL 60

Query 61  DKLKAERERGITIDIALWKFESPKSVFTI IDAPGHRDFIKNMITGTSQADAAVLVIASSQ 120
Sbjct 61  DKLKAERERGITIDIALWKFESPKSVFTI IDAPGHRDFIKNMITGTSQADAA+L+IAS+Q 120

Query 121 GEFEGAGISKDGQTRHALLAFTLGVKQMVVCCNKMDKSVNFAQERYDEIVKEVSAYLKK 180
Sbjct 121 GEFEGAGISKDGQTRHALLAFTLGVKQMVVCCNKMDK+VN+ QERYDEIVKEVSAY+KK 180

Query 181 VGYNVEKVRFPISGWQGDNMIDKSENMPWYKGP TLLLEALDMLPEPPVRPSDKPLRLPLQD 240
Sbjct 181 VGYNVEKVRFPISGWQGDNMI+KSE MPWYKGP TLLLEALDMLPEPPVRPSDKPLRLPLQD 240

Query 241 VYKIGGIGTVPVGRVETGTMKPGDVVTFAPANVTTEVKSIEMHHEQLAEATPGDNVGFNV 300
Sbjct 241 VYKIGGIGTVPVGRVETGVMKPGDVVTFAPANVTTEVKSIEMHHEQLAEATPGDNVGFNV 300

Query 301 KNVSKDIRRGNVCGNSKNDPPKEAADFTAQVI ILNHPGQIGNGYAPVLDCHTCHIACKF 360
Sbjct 301 KNVSKDIRRGNVCGN+KNDPPKEAADFTAQVI ILNHPGQIGNGYAPVLDCHT HIACKF 360

Query 361 AEIESKIDRRSGKELEKNPKSIKSG 385
Sbjct 361 AEIESKIDRRSGKELEKPKSIKSG 385

>ref|XP_001682258.1| elongation factor 1-alpha [Leishmania major]
Length=449

Score = 751 bits (1939), Expect = 0.0, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 359/385 (93%), Positives = 372/385 (96%), Gaps = 0/385 (0%)

Query 1   MGKDKVHMNLVVVGHVDAGKSTATGHLYKCGGIDKRTIEKFEKEAAEIGKSSFYAWVL 60
Sbjct 1   MGKDKVHMNLVVVGHVDAGKSTATGHLYKCGGIDKRTIEKFEKEAAEIGK+SFYAWVL 60

```

```

Query 61   DKLKAERERGITIDIALWKFESPKSVFTIIDAPGHRDFIKNMITGTSQADAAVLVIASSQ 120
Sbjct 61   DKLKAERERGITIDIALWKFESPKSVFTIIDAPGHRDFIKNMITGTSQADAA+L+I S+ 120

Query 121  GEFEAGISKDGQTRHALLAFTLGVKQMVVCCNKMDKSVNFAQERYDEIVKEVSAYLKK 180
Sbjct 121  GFEAGISKDGQTRHALLAFTLGVKQMVVCCNKMDK+V +AQ RYDEI KEV AYLK+ 180

Query 181  VGYNVEKVRFIPISGWQGDNMIDKSENMPWYKGPTLLEALDMLEPPVRPSDKPLRLPLQD 240
Sbjct 181  VGYNPEKVRFIPISGWQGDNMI+KS+NMPWYKGPTLL+ALDMLEPPVRP DKPLRLPLQD 240

Query 241  VYKIGGIGTVPVGRVETGTMKPGDVVTFAPANVTTEVKSIEMHHEQLAEATPGDNVGFNV 300
Sbjct 241  VYKIGGIGTVPVGRVETG MKPGDVVTFAPANVTTEVKSIEMHHEQLAEA PGDNVGFNV 300

Query 301  KNVSVKDIRRGNVCGNSKNDPPKEAADFTAQVIILNHHPGQIGNGYAPVLDCHTCHIACKF 360
Sbjct 301  KNVSVKDIRRGNVCGNSKNDPPKEAADFTAQVI+LNHHPGQI NGYAPVLDCHT HIAC+F 360

Query 361  AEIESKIDRRSGKELEKNPKSIKSG 385
Sbjct 361  AEIESKIDRRSGKELEKNPK+IKSG 385

>ref|XP_001464664.1| elongation factor 1-alpha [Leishmania infantum JPCM5]
Length=449

Score = 749 bits (1935), Expect = 0.0, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 358/385 (92%), Positives = 372/385 (96%), Gaps = 0/385 (0%)

Query 1    MGKDKVHMNLVVVGHVDAGKSTATGHLIYKCGGIDKRTIEKFEKEAAEIGKSSFYAWVL 60
Sbjct 1    MGKDKVHMNLVVVGHVDAGKSTATGHLIYKCGGIDKRTIEKFEKEAAEIGK+SFYAWVL 60

Query 61   DKLKAERERGITIDIALWKFESPKSVFTIIDAPGHRDFIKNMITGTSQADAAVLVIASSQ 120
Sbjct 61   DKLKAERERGITIDIALWKFESPKSVFTIIDAPGHRDFIKNMITGTSQADAA+L+I S+ 120

Query 121  GEFEAGISKDGQTRHALLAFTLGVKQMVVCCNKMDKSVNFAQERYDEIVKEVSAYLKK 180
Sbjct 121  GFEAGISKDGQTRHALLAFTLGVKQMVVCCNKMDK+V +AQ RYDEI KEV AYLK+ 180

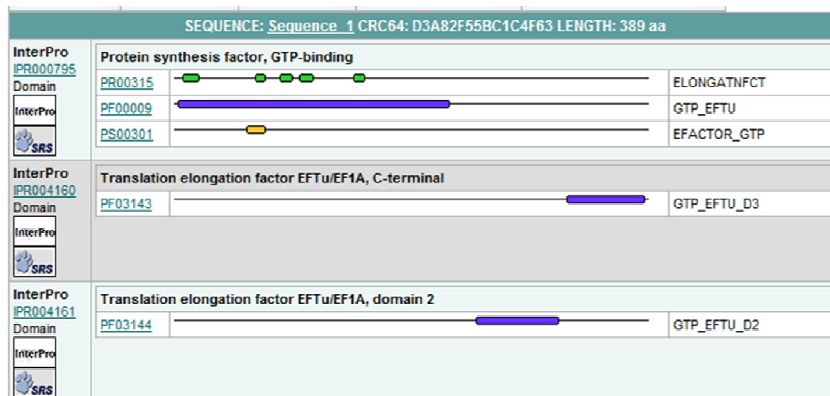
Query 181  VGYNVEKVRFIPISGWQGDNMIDKSENMPWYKGPTLLEALDMLEPPVRPSDKPLRLPLQD 240
Sbjct 181  VGYNPEKVRFIPISGWQGDNMI++S+NMPWYKGPTLL+ALDMLEPPVRP DKPLRLPLQD 240

Query 241  VYKIGGIGTVPVGRVETGTMKPGDVVTFAPANVTTEVKSIEMHHEQLAEATPGDNVGFNV 300
Sbjct 241  VYKIGGIGTVPVGRVETG MKPGDVVTFAPANVTTEVKSIEMHHEQLAEA PGDNVGFNV 300

Query 301  KNVSVKDIRRGNVCGNSKNDPPKEAADFTAQVIILNHHPGQIGNGYAPVLDCHTCHIACKF 360
Sbjct 301  KNVSVKDIRRGNVCGNSKNDPPKEAADFTAQVI+LNHHPGQI NGYAPVLDCHT HIAC+F 360

Query 361  AEIESKIDRRSGKELEKNPKSIKSG 385
Sbjct 361  AEIESKIDRRSGKELEKNPK+IKSG 385

```



ID	length	ID - Interpro	name	description	start	end	score
Tc00.1047053510119.9 - EF1- $\alpha$	389	IPR000795	Protein synthesis factor, GTP-binding	GTPase activity			
Tc00.1047053510119.9 - CF1- $\alpha$	389	IPR000795	Protein synthesis factor, GTP-binding	GTP binding			
Tc00.1047053510119.9 - EF1- $\alpha$	389	IPR000795	Protein synthesis factor, GTP-binding		9	22	1,4E-23
Tc00.1047053510119.9 - EF1 $\alpha$	389	IPR004161	Translation elongation factor EFTu/EF1A, domain 2		248	315	1,5E-22
Tc00.1047053510119.9 - EF1- $\alpha$	389	IPR004160	Translation elongation factor EFTu/EF1A, C-terminal		322	385	1,1E-24

B – PF2 $\alpha$ S

Query= Tc00.1047053508461.80 |TcPGFS|prostaglandin F2alpha  
synthase|Trypanosoma cruzi|chr unknown77|TIGR|Auto  
Length=379

Sequences producing significant alignments:			Score	E
			(Bits)	Value
ref	XP_821603.1	prostaglandin F2alpha synthase [Trypanosoma ...	786	0.0
dbj	BAC24024.1	prostaglandin F2a synthase [Trypanosoma cruzi]	779	0.0
ref	ZP_01164793.1	NADH:flavin oxidoreductase/NADH oxidase [O...	336	2e-90
ref	XP_001563130.1	NADH:flavin oxidoreductase/NADH oxidase [...	331	9e-89
ref	ZP_04923435.1	NADH:flavin oxidoreductases, old yellow en...	315	6e-84
ref	ZP_01262742.1	NADH:flavin oxidoreductase/NADH oxidase [V...	312	3e-83
ref	XP_001464007.1	NADH:flavin oxidoreductase/NADH oxidase [...	311	1e-82
ref	XP_001681722.1	NADH:flavin oxidoreductase/NADH oxidase [...	308	7e-82

## ALIGNMENTS

>ref|XP\_821603.1| prostaglandin F2alpha synthase [Trypanosoma cruzi strain CL Brener]  
Length=379

Score = 786 bits (2031), Expect = 0.0, Method: Compositional matrix adjust.  
Identities = 379/379 (100%), Positives = 379/379 (100%), Gaps = 0/379 (0%)

Query	1	MATFPELLRPLKLGRYTLRNRIIMAPLTRCQATEDGHVPRTESMLKYYEDRASAGLIIEAE	60
Sbjct	1	MATFPELLRPLKLGRYTLRNRIIMAPLTRCQATEDGHVPRTESMLKYYEDRASAGLIIEAE	60
Query	61	ATMVQPNYTGFLTEPGIYSDAQIEEWRKIVDAVHKKGGLIFLQLIHAGRAGIPEKILQQS	120
Sbjct	61	ATMVQPNYTGFLTEPGIYSDAQIEEWRKIVDAVHKKGGLIFLQLIHAGRAGIPEKILQQS	120
Query	121	KSDQDPLAGRLLAPSAIPIKDHRIIPAYFAASGEKETYGVPEELTDDEVRDGIIPLFVEGA	180
Sbjct	121	KSDQDPLAGRLLAPSAIPIKDHRIIPAYFAASGEKETYGVPEELTDDEVRDGIIPLFVEGA	180
Query	181	KNAIFKAGFDGVEIHGANGYLLDAFFRESSNKRQSGPYAGTTIDTRCQLIYDVTKSVCDA	240
Sbjct	181	KNAIFKAGFDGVEIHGANGYLLDAFFRESSNKRQSGPYAGTTIDTRCQLIYDVTKSVCDA	240
Query	241	VGSDRVGLRISPLNGVHGMIDSNPEALTKHLCKKIEPLSLAYLHYLRGDMVNQQIGDVVA	300
Sbjct	241	VGSDRVGLRISPLNGVHGMIDSNPEALTKHLCKKIEPLSLAYLHYLRGDMVNQQIGDVVA	300
Query	301	WVRGSYSQVKISNLRYDFEADQQIREGKVDVAFAFGAKFIANPDLVERAQNHWPLNEPRP	360
Sbjct	301	WVRGSYSQVKISNLRYDFEADQQIREGKVDVAFAFGAKFIANPDLVERAQNHWPLNEPRP	360
Query	361	ETYYTRTAVGYNDYPTYNK 379	
Sbjct	361	ETYYTRTAVGYNDYPTYNK 379	

>ref|ZP\_01164793.1| NADH:flavin oxidoreductase/NADH oxidase [Oceanospirillum sp. MED92]  
Length=358

Score = 336 bits (862), Expect = 2e-90, Method: Compositional matrix adjust.  
Identities = 187/376 (49%), Positives = 240/376 (63%), Gaps = 21/376 (5%)

Query	1	MATFPELLRPLKLGRYTLRNRIIMAPLTRCQATEDGHVPRTESMLKYYEDRASAGLIIEAE	60
Sbjct	1	M++ L P LG L+NRI+MAPLTR ++E HVP E + ++Y DRASAGLIIEAE	58
Query	61	ATMVQPNYTGFLTEPGIYSDAQIEEWRKIVDAVHKKGGLIFLQLIHAGRAGIPEKILQQS	120
Sbjct	59	ATM N F+ EPGIYS AQIE W+K+ DAVH+ GG IFLQL H GRA P+ L S	116
Query	121	KSDQDPLAGRLLAPSAIPIKDHRIIPAYFAASGEKETYGVPEELTDDEVRDGIIPLFVEGA	180
		+ +APSAI I+D + G+K Y VP +T +++ D +I F + A	



Sbjct 117 I-----QPIAPSAIAIEDE----VYTREGKK-PYTVPRAMTLEDISD-VIAGFKQAA 162

Query 181 KNAIFKAGFDGVEIHGANGYLLDAFFRESSNKRQSGPYAGTTIDTRCQLIYDVTKSVCD 240  
NA +A FDGVE+HGANGYLLD+F R+SSNKRQ G ++ R +L+ +V VCD

Sbjct 163 INAK-EAAFDPGVEVHGANGYLLDSFLRDSNKRQDN--YGGNVENRARLLLEVLDDVDCV 219

Query 241 VGSDRVGLRISPLNGVHGMIDSNPEALTKHLCKKIEPLSLAYLHLYLRGDMVNQQIGDVVA 300  
GSD+VG+R SPLNG + M DS+PE T+ L K++ +LAY H +R D + QQ GDV+A

Sbjct 220 WGSDEVGIRTSPLNGFNMSDSDEPGHTRWLAKQLNGRNLAYWHLMRSDFLQQQTGDVIA 279

Query 301 WVRGSYSGVKISNLRYDFEEDQQIREGKVDVAFAFGAKFIANPDLVERAQNHWPLNEPRP 360  
Y G I N+ Y+ EEA++ + G + AVAFG FIANPDLVER Q+ LNE P

Sbjct 280 AANEFYKGNLIGNMGYNLEEANRSVSAGDLTAVAFGVFFIANPDLVERFQNGAALNEANP 339

Query 361 ETTYTRTAVGYNDYPT 376  
T+YTR GYNDYPT

Sbjct 340 TTFYTRGPEGYNDYPT 355

>ref|XP\_001563130.1| NADH:flavin oxidoreductase/NADH oxidase [Leishmania braziliensis  
MHOM/BR/75/M2904]  
Length=382

Score = 331 bits (848), Expect = 9e-89, Method: Compositional matrix adjust.  
Identities = 169/373 (45%), Positives = 241/373 (64%), Gaps = 22/373 (5%)

Query 7 LLRPLKLGRYTLRNRIIMAPLTRCQATEDGHVPRTESMLKYYEDRASAGLIIAEATMVQP 66  
LL+PL +G+ ++ NR +MAPLTRC+A +D HVP T +M+++Y DRAS GLII EAT ++

Sbjct 11 LLKPLVIGQLSMPNRFVMAPLTRCRA-DDEHVP-TPAMVRHYADRASMLIITEATQIEK 68

Query 67 NYTGFLTEPGIYSDAQIEWRKIVDAVHKKGGLIFLQLIHAGRAGIPEKILQQSKSDQDP 126  
Y+ F E GIY Q++ WRK+ DAVH+KGGLIF Q+ + GRA +P + +

Sbjct 69 GYSTFCHEGGIYGKEQVDGWRKVTDAVHEKGLIFCQIHNGGRATVPSNVDEGV----- 122

Query 127 LAGRLLAPSAIPIKDHRIIPAYFAASGEKETYGVPEELTDDEVRDGIIPLFVE--GAKNA 183  
R+++APSA+ I DH P FA +GEK+ Y VP E+T ++ I L+V+ A

Sbjct 123 ---RIVAPSAVAITDHECPGAFARNGEKQYPVPHEMTAED-----IALYVKLYATAACN 174

Query 184 IFKAGFDGVEIHGANGYLLDAFFRESSNKRQSGPYAGTTIDTRCQLIYDVTKSVCDVGS 243  
AGFDGVE+HGANGYL+D F + SSN+R + Y G +I+ RC+ +++V +V A+G

Sbjct 175 AMAAGFDGVEVHGANGYLIDEFLKSSSNQR-TDEYGG-SIENRCRFLFEVLDAVIKAIGR 232

Query 244 DRVGLRISPLNGVHGMIDSNPEALTKHLCKKIEPLSLAYLHLYLRGDMVNQQIGDVVAWVR 303  
+RVGLRISPLN + D NPEALT+++C ++ ++++L +RGD +Q G W R

Sbjct 233 ERVGLRISPLNSFNSQSDENPEALTRYICSQLNSRNISFLDVMRGDFFSQACG-ADKWAR 291

Query 304 GSYSGVKISNLRYDFEEDQQIREGKVDVAFAFGAKFIANPDLVERAQNHWPLNEPRPEY 363  
+Y GV + + ++ EEA + + G DAV FG K +ANPDLV RA LN P P T+

Sbjct 292 EAYEGVLFTGMGFEIEEAAETVASGAADAVVFGTKALANPDLVARAIIAGAALNTPDPATF 351

Query 364 YTRTAVGYNDYPT 376  
Y+ + GYNDYP+

Sbjct 352 YSTSEAGYNDYPS 364

>ref|ZP\_04923435.1| NADH:flavin oxidoreductases, old yellow enzyme family [Vibrio sp. Ex25]  
Length=358

Score = 315 bits (806), Expect = 6e-84, Method: Compositional matrix adjust.  
Identities = 176/376 (46%), Positives = 235/376 (62%), Gaps = 20/376 (5%)

Query 1 MATFPELLRPLKLGRYTLRNRIIMAPLTRCQATEDGHVPRTESMLKYYEDRASAGLIIAE 60  
M+ +L P++LG+ L NR IMAPLTR +A+ D H+P + M+++Y RASAGLIIAE

Sbjct 1 MSNSVDLFSPIELGQLALDNRAIMAPLTRARASAD-HIP-NDLMVEYYAQRASAGLIIAE 58

Query 61 ATMVQPNYTGFLTEPGIYSDAQIEWRKIVDAVHKKGGLIFLQLIHAGRAGIPEKILQQS 120  
TMV + F+ EPGIY++ QI W+K+ DAVH++GG I LQ+ HAGRA PE L

Sbjct 59 CTMVMEGTSAFMAEPIYNEEQIAAWKKVTDVHERGGKIVLQIWHAGRACHPE--LNDG 116

Query 121 KSDQDPLAGRLLAPSAIPIKDHRIIPAYFAASGEKETYGVPEELTDDEVRDGIIPLFVEGA 180  
K+ +A SA+ I+D + SG K+ Y VP L DE+ I+ F +GA

Sbjct 117 KTP-----VAASALAIRDELV---HTPSG-KQAYTVPRALEVDEIAS-IVAAFQQA 163

```

Query 181  KNAIFKAGFDGVEIHGANGYLLDAFFRESSNKRQSGPYAGTTIDTRCQLIYDVTKSVCDA 240
Sbjct 164  KNAK-RAGFDGVEIHGANGYLIDNPLRDGSNLR-TDEYGGG-VENRARFLEIVKEVVEV 220

Query 241  VGSDRVGLRISPLNGVHGMIDSNPEALTKHLCKKIEPLSLAYLHLYLRGDMVNQQIGDVVA 300
Sbjct 221  WGPGRVGLRTSPLNGFNMDKSDPVGLVRYLAKQLNAFDLAYWHVVRADLKGVKADVLK 280

Query 301  WVRGSYSVGVKISNLRYDFEEDQQIREGKVDVAVFGAKFIANPDLVERAQNHWPLNEPRP 360
Sbjct 281  PARENYQGYLMANVGYSAQEATTAIAENQVDVAVFGVPIANPDLVERFKKNAPLNEAKP 340

Query 361  ETTYTRTAVGYNDYPT 376
Sbjct 341  EHFYLGGAEGYTDYPV 356

>ref|XP_001464007.1| NADH:flavin oxidoreductase/NADH oxidase [Leishmania infantum JPCM5]
Length=365

Score = 311 bits (796), Expect = 1e-82, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 160/369 (43%), Positives = 230/369 (62%), Gaps = 16/369 (4%)

Query 7  LLRPLKLGRYTLRNRIIMAPLTRCQATEDGHVPRTESMLKYYEDRASAGLIIEATMVQP 66
Sbjct 11  MLKPLLVGGRPISNRFVMAPLTRCRA-DDNHVP-TAAMVKHYSDRASMGIIITEATQIQK 68

Query 67  NYTGFLETPGIYSDAQIEEWRKIVDAVHKGGGLIFLQLIHAGRAGIPEKILQQSKSDQDP 126
Sbjct 69  GYSTFAHEGGIYDKEHVDGWRKVTDVAVHDKGGIIFCQIHNGGRSTVPSNVDEGV----- 122

Query 127  LAGRLLAPSAIPIKDHRIIPAYFAASGEKETYGVPEELTDDEVRDGIIPLFVEGAKNAIFK 186
Sbjct 123  ---RIVAPSAVAITGHKCSFARNGKTQYPVPVPHAMAAEIIAS-YVNLVYAA-AARNAIA 177

Query 187  AGFDGVEIHGANGYLLDAFFRESSNKRQSGPYAGTTIDTRCQLIYDVTKSVCDAVGSDRV 246
Sbjct 178  AGFDGVE+HGANGYL+D F + SSN+R + Y G +I+ RC+ +++V +V A+G +RV 235

Query 247  GLRISPLNGVHGMIDSNPEALTKHLCKKIEPLSLAYLHLYLRGDMVNQQIGDVVAWVRGSY 306
Sbjct 236  GLRISPLN + D +P+ALT+++C ++ ++A+L +RGD + G W R Y 294

Query 307  SGVKISNLRYDFEEDQQIREGKVDVAVFGAKFIANPDLVERAQNHWPLNEPRPETYYTR 366
Sbjct 295  EGVLF TGMSFEIEEAAKAVESGAADAVVFGTKALANPDLVARAVAGAPLNKPD PATFYTT 354

Query 367  TAVGYNDYP 375
Sbjct 355  GEAGYNDYP 363

>ref|XP_001681722.1| NADH:flavin oxidoreductase/NADH oxidase [Leishmania major strain
Friedlin]
Length=385

Score = 308 bits (788), Expect = 7e-82, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 161/369 (43%), Positives = 230/369 (62%), Gaps = 16/369 (4%)

Query 7  LLRPLKLGRYTLRNRIIMAPLTRCQATEDGHVPRTESMLKYYEDRASAGLIIEATMVQP 66
Sbjct 11  MLKPLLVGGRWMSNRFVMAPLTRCRA-DDNHVP-TAAMVKHYSDRASMGIIITEATQIHK 68

Query 67  NYTGFLETPGIYSDAQIEEWRKIVDAVHKGGGLIFLQLIHAGRAGIPEKILQQSKSDQDP 126
Sbjct 69  GYSTFAHEGGIYGKEQVDGWKKVTDVAVHDKGGIIFCQIHNGGRSTVPSNV-----DEDV 122

Query 127  LAGRLLAPSAIPIKDHRIIPAYFAASGEKETYGVPEELTDDEVRDGIIPLFVEGAKNAIFK 186
Sbjct 123  ---RIVAPSAVAITGHKCSFARNGKTQYPVPVPHAMAAEIIAS-YVKLYAA-AARNAIA 177

Query 187  AGFDGVEIHGANGYLLDAFFRESSNKRQSGPYAGTTIDTRCQLIYDVTKSVCDAVGSDRV 246





```

```

Sbjct 178 AGFDGVE+HGANGYL+D F + SSN+R + Y G +I+ RC+ +++V +V +AVG +RV 235
AGFDGVEVHGANGYLVQFLKTSSNQR-TDEYGG-SIENRCRFLFEVLDAVIEAVGRERV
Query 247 GLRISPLNGVHGMIDSNPEALTKHLCKKIEPLSLAYLHLYRGDMVNQQIGDVVAWVRGSY 306
GLRISPLN + D NPEALT+++C ++ +A+L +RGD + G W R Y
Sbjct 236 GLRISPLNSFNDQSDENPEALTRYICSQLNCRRIAFLDVVRGDFPSPARG-ADKWAREEY 294
Query 307 SGVKISNLRYDFEEDQQIREGKVDVAVFGAKFIANPDLVERAQHNWPLNEPRPETYTR 366
GV + + ++ EEA + G DAV FG K +ANPDL+ RA PLN+P T+YT
Sbjct 295 EGVLFITGMGFEIEEAANTVESGAADAVVFGTKTLANPDLIARAVAGAPLNKPDFATFYTT 354
Query 367 TAVGYNDYP 375
GYNDYP
Sbjct 355 GEAGYNDYP 363

```

SEQUENCE: [Sequence\\_1](#) CRC64: 73D7CBBC714E8509 LENGTH: 379 aa

InterPro <a href="#">IPR01155</a>	<b>NADH:flavin oxidoreductase/NADH oxidase, N-terminal</b>
Domain	<a href="#">PF00724</a>  Oxidored_FMN
InterPro 	
InterPro <a href="#">IPR013785</a>	<b>Aldolase-type TIM barrel</b>
Domain	<a href="#">G3DSA:3.20.20.70</a>  Aldolase_TIM
InterPro 	

id	length	id4	name5	description	start	end	score
Tc00.1047053508461.80 - PF2αS	129	IPR013785	Aldolase-type TIM barrel	catalytic activity			
Tc00.1047053508461.80 - PF2αS	129	IPR013785	Aldolase-type TIM barrel	metabolic process			
Tc00.1047053508461.80 - PF2αS	129	IPR013785	Aldolase-type TIM barrel		1	127	5,8E-18

## C - PFS

Query= Tc00.1047053511287.49 |PGFS|prostaglandin F synthase,  
putative|Trypanosoma cruzi|chr unknown60|TIGR|Auto  
Length=282

Sequences producing significant alignments:	Score (Bits)	E Value
ref XP_814362.1  prostaglandin F synthase [Trypanosoma cruzi ...	590	7e-167
gb ACD93222.1  aldo-keto reductase [Trypanosoma cruzi]	573	9e-162
gb AAK58518.1 AF262056_1 aldo/keto reductase [Trypanosoma cruzi]	541	2e-152
ref XP_001567411.1  prostaglandin f synthase [Leishmania braz...	354	5e-96
ref XP_001685359.1  prostaglandin f synthase [Leishmania majo...	352	2e-95
ref YP_002948694.1  2,5-didehydrogluconate reductase [Geobaci...	352	3e-95
ref XP_001467729.1  prostaglandin f synthase [Leishmania infa...	350	6e-95

## ALIGNMENTS

>ref|XP\_814362.1| prostaglandin F synthase [Trypanosoma cruzi strain CL Brener]  
Length=282

Score = 590 bits (1520), Expect = 7e-167, Method: Compositional matrix adjust.  
Identities = 282/282 (100%), Positives = 282/282 (100%), Gaps = 0/282 (0%)

Query 1	MNCN <sup>Y</sup> NCVTLHNSARMPQLGLGVWRAQDGAETANAVRWAIEAGYRHIDTACI <sup>Y</sup> NNEKGVG	60
Sbjct 1	MNCN <sup>Y</sup> NCVTLHNSARMPQLGLGVWRAQDGAETANAVRWAIEAGYRHIDTACI <sup>Y</sup> NNEKGVG	60
Query 61	QGIRESGVPREEVWVTTK <sup>V</sup> WNSDQGYEKT <sup>L</sup> AA <sup>F</sup> ERSRELLGLEYIDLYLIHWPGKKKFVD	120
Sbjct 61	QGIRESGVPREEVWVTTK <sup>V</sup> WNSDQGYEKT <sup>L</sup> AA <sup>F</sup> ERSRELLGLEYIDLYLIHWPGKKKFVD	120
Query 121	TWKALEKLYEKKVRAIGVSNFEPHHLTELFK <sup>S</sup> CKIRPMVNQVELHPLFQQRTLREFCKQ	180
Sbjct 121	TWKALEKLYEKKVRAIGVSNFEPHHLTELFK <sup>S</sup> CKIRPMVNQVELHPLFQQRTLREFCKQ	180
Query 181	HNIAITAWSPLGSGDRTGFLKNHVLGEIAK <sup>H</sup> HNKSPAQVVIRWDIQHGIVTIPKSTNKGR	240
Sbjct 181	HNIAITAWSPLGSGDRTGFLKNHVLGEIAK <sup>H</sup> HNKSPAQVVIRWDIQHGIVTIPKSTNKGR	240
Query 241	IQENFNVD <sup>F</sup> KLTEEEMRQIDELNEDKRIGGHPDNFFPGGEE 282	
Sbjct 241	IQENFNVD <sup>F</sup> KLTEEEMRQIDELNEDKRIGGHPDNFFPGGEE 282	

>ref|XP\_001567411.1| prostaglandin f synthase [Leishmania braziliensis MHOM/BR/75/M2904]  
Length=280

Score = 354 bits (909), Expect = 5e-96, Method: Compositional matrix adjust.  
Identities = 159/277 (57%), Positives = 215/277 (77%), Gaps = 6/277 (2%)

Query 3	CN <sup>Y</sup> NCVTLHNSARMPQLGLGVWRAQDGAETANAVRWAIEAGYRHIDTACI <sup>Y</sup> NNEKGVGQG	62
Sbjct 5	C Y VTL N ++PQLG+G W A+DG+E ++WA+ AGYRHIDTA Y NEKGVGQG CAY--VTL <sup>S</sup> NGVQVPQLGIGTWEAKDGEV <sup>V</sup> QNIKWA <sup>V</sup> SAGYRHIDTAHFYRNEKGVGQG	62
Query 63	IRESGVPREEVWVTTK <sup>V</sup> WNSDQGYEKT <sup>L</sup> AA <sup>F</sup> ERSRELLGLEYIDLYLIHWPG-KKKFVDT	121
Sbjct 63	I E G <sup>V</sup> PR +++VTTK+WN D GY+ LA <sup>A</sup> FE+SR+ LG+EY+DLYLIHWPG + ++ T ISECGVPRSDIFVTTKLWNYDHGYDNALAAFEQSRQALGVEYVDLYLIHWPGPNRSYIST	122
Query 122	WKALEKLYEKKVRAIGVSNFEPHHLTELFK <sup>S</sup> CKIRPMVNQVELHPLFQQRTLREFCKQH	181
Sbjct 123	W+A EKLYE KKVRAIGVSNFEPHHL +L +CK+ PMVNQVE+HP FQQ+ LR +C + WRAFEKLYEMKKVRAIGVSNFEPHLLDDLLANCKVPMVNQVEMHPHFQQKALRAYCAEK	182
Query 182	NIAITAWSPLGSGDRTGFLKNHVLGEIAK <sup>H</sup> HNKSPAQVVIRWDIQHGIVTIPKSTNKGR	241
Sbjct 183	NIA+TAW PLG G L L E+A+KH KS AQV+IRW +Q G++ IPKSTNKGR I NIALTAWRPLGK---ALLTEPKLAELAEKHKKSAAQVIIRWFVQLGVIVIPKSSHEEHI	239
Query 242	QENFNVD <sup>F</sup> KLTEEEMRQIDELNEDKRIGGHPDNFFP 278	
Sbjct 240	++NF+V+DF+L++E+M+ ++ +++++ RIG +P+++FFP RQNFVDFVDFELSQEDMQALESMDKNSRIGFNPESFFP 276	

>ref|XP\_001685359.1| prostaglandin f synthase [Leishmania major strain Friedlin]  
Length=279

Score = 352 bits (904), Expect = 2e-95, Method: Compositional matrix adjust.  
Identities = 160/272 (58%), Positives = 211/272 (77%), Gaps = 5/272 (1%)

```
Query 8  VTLHNSARMPQLGLGVWRAQDGAETANAVRWAIEAGYRHIDTACIYNNEKGVGQGIRESG 67
          VTL N ++PQLG+G W A+DG E N ++WA+ AGYRH+DTA Y NEKGVGQGI E G
Sbjct 8  VTLSNGVQVPQLGIGTWEAKDNEVVN-IKWAVNAGYRHVDTAHYKNEKGVGQGISCEG 66

Query 68  VPREEVWVTTKVWNSDQGYEKTAAAFERSRELLGLEIDLYLIHWPG-KKKFVDTWKALE 126
          VPR +++VTTK+WN D GYE LAAFE+SR+ LG+EY+DLYLIHWPG + +++TW+A E
Sbjct 67  VPRSDIFVTTKLNWYDHGYESALAAFEQSRQALGVEYVDLYLIHWPGPNRSYIETWRAFE 126

Query 127  KLYEEKKVRAIGVSNFEPHHLTELFKSKIRPMVNQVELHPLFQQRTLREFCKQHNIAT 186
          KLYE KKVRAIGVSNFEPHHL +L +C + PMVNQVE+HP FQQ+ LR +C + NIA+T
Sbjct 127  KLYEMKKVRAIGVSNFEPHHLDDLACTVPPMVNQVEMPHFPQQKALRAYCAEKNIAT 186

Query 187  AWSPLGSGDRTGFLKNHVLGEIAKHNKSPAQVVIRWDIQHGIVTIPKSTNKGRIQENFN 246
          AW PLG G L L E+A+KH +S AQV+IRW IQ G++ IPKS+++ RI++NF+
Sbjct 187  AWRPLGKG---ALLTEPQLVELAEKHKRSAAQVIIRWLIQLGVIAIPKSSHEERIKQNF 243

Query 247  VWDFKLTEEMRQIDELNEDKRIGHPDNFFP 278
          V+DF+L+ E+MR+I+ ++ + RIG P+ FFP
Sbjct 244  VDFELSPEDMRRIESMDRNSRIGSSPETFFP 275
```

>ref|YP\_002948694.1| 2,5-didehydrogluconate reductase [Geobacillus sp. WCH70]  
Length=275

Score = 352 bits (902), Expect = 3e-95, Method: Compositional matrix adjust.  
Identities = 166/269 (61%), Positives = 208/269 (77%), Gaps = 3/269 (1%)

```
Query 8  VTLHNSARMPQLGLGVWRAQDGAETANAVRWAIEAGYRHIDTACIYNNEKGVGQGIRESG 67
          VTLHN +MP LGLGV++ ++G E NAVR A+E GYRHIDTA Y NE+GVGQ +RESG
Sbjct 8  VTLHNGVQMPWLGLGVYKVKNGEEVINAVRTALEIGYRHIDTAAFYENEGBGVGQAVRESG 67

Query 68  VPREEVWVTTKVWNSDQGYEKTAAAFERSRELLGLEIDLYLIHWPGKKKFVDTWKALEK 127
          +PREE+++TTKVWNSDQGYE TL AFE S + LGL+Y+DLYL+HWP K K+ +T+KALEK
Sbjct 68  IPREEIFITTKVWNSDQGYETTLKAFETSLQKLGDLVDLYLVHWPVKGKYKETYKALEK 127

Query 128  LYEEKKVRAIGVSNFEPHHLTELFKSKIRPMVNQVELHPLFQQRTLREFCKQHNIATA 187
          LY++ +VRAIGVSNF+ HHL +L C+I+PMVNQVE HP Q+ L FCKQH I + A
Sbjct 128  LYKDRVRAIGVSNFQIHHLELDLADCEIKPMVNQVEYHPRLTQKELHAFCKQHQIQLA 187

Query 188  WSPLGSGDRTGFLKNHVLGEIAKHNKSPAQVVIRWDIQHGIVTIPKSTNKGRIQENFNV 247
          WSPL G+ L+ L EI +K+ K+PAQVV+RWD+Q+ +VTIPKS RI+EN NV
Sbjct 188  WSPLMRGE---ILQEP TLVEIGRKYGKTPAQVVLRWDLQNEVVVTIPKSVTPQRIKENANV 244

Query 248  WDFKLTEEMRQIDELNEDKRIGHPDNF 276
          +DF+LT EEM +ID LN +KRIG PDNF
Sbjct 245  FDFELTAEEMAKIDALNLNKRIGPDPDNF 273
```

>ref|XP\_001467729.1| prostaglandin f synthase [Leishmania infantum JPCM5]  
Length=280

Score = 350 bits (899), Expect = 6e-95, Method: Compositional matrix adjust.  
Identities = 159/272 (58%), Positives = 211/272 (77%), Gaps = 4/272 (1%)

```
Query 8  VTLHNSARMPQLGLGVWRAQDGAETANAVRWAIEAGYRHIDTACIYNNEKGVGQGIRESG 67
          VTL N ++PQLG+G W A++G E ++WAI AGYRHIDTA Y NEKGVGQGI E G
Sbjct 8  VTLGNGVQVPQLGIGTWEAKNGNEVVQNIKWAINAGYRHIDTAHYKNEKGVGQGISCEG 67

Query 68  VPREEVWVTTKVWNSDQGYEKTAAAFERSRELLGLEIDLYLIHWPG-KKKFVDTWKALE 126
          VPR +++VTTK+WN D GYE LAAFE+SR+ LG+EY+DLYLIHWPG + +++TW+A E
Sbjct 68  VPRSDIFVTTKLNWYDHGYESALAAFEQSRQALGVEYVDLYLIHWPGPNRSYIETWRAFE 126

Query 127  KLYEEKKVRAIGVSNFEPHHLTELFKSKIRPMVNQVELHPLFQQRTLREFCKQHNIAT 186
          KLYE KKVRAIGVSNFEPHHL +L +C + PMVNQVE+HP FQQ+ LR +C + NIA+T
Sbjct 128  KLYEMKKVRAIGVSNFEPHHLDDLACTVPPMVNQVEMPHFPQQKALRAYCAEKNIAT 187

Query 187  AWSPLGSGDRTGFLKNHVLGEIAKHNKSPAQVVIRWDIQHGIVTIPKSTNKGRIQENFN 246
```







```

Sbjct 188  AW PLG G      L      L E+A+KH +S AQV+IRW IQ G++ IPKS+++ RI++NF+
                AWRPLGKG---ALLTEPQLVELAEKHKRSAAQVIIRWLIQLGVIAIPKSSHEERIKQNFD 244

Query 247  VWDFKLTEEEMRQIDELNEDKRIGGHPDNFFP 278
                V+DF+L+ E+MR+++ +++++ RIG P+ FFP

Sbjct 245  VFDFELSPEDMRRLESMDKNSRIGPSPETFFP 276

```

SEQUENCE: <u>Sequence_1</u> CRC64: C76D2A1E328B2671 LENGTH: 282 aa		
<b>InterPro</b> <a href="#">IPR001395</a> Family  	<b>Aldo/keto reductase</b>	
	<a href="#">G3DSA:3.20.20.100</a>	 Aldo_ket_red
	<a href="#">PTHR11732</a>	 Aldo_ket_red
	<a href="#">PF00248</a>	 Aldo_ket_red
	<a href="#">SSF51430</a>	 Aldo_ket_red

id	length	id4	name5	description	start	end	score
Tc00.1047053511287.49 - PFS	282	IPR001395	Aldo/keto reductase	oxidoreductase activity			
Tc00.1047053511287.49 PFS	282	IPR001395	Aldo/keto reductase	oxidation reduction			
Tc00.1047053511287.49 - PFS	282	IPR001395	Aldo/keto reductase		4	269	5,2E-103

## D - ZF-211.70

Query= **Tc00.1047053506211.70** ||RNA-binding protein, putative|Trypanosoma cruzi|chr unknown68|TIGR||Auto  
Length=280

Sequences producing significant alignments:	Score (Bits)	E Value
ref XP_819451.1  RNA-binding protein [Trypanosoma cruzi strai...	539	1e-151
ref XP_812030.1  RNA-binding protein [Trypanosoma cruzi strai...	535	2e-150
ref XP_827971.1  hypothetical protein [Trypanosoma brucei TRE...	313	9e-84
ref XP_001464993.1  RNA binding protein [Leishmania infantum ...	206	2e-51
ref XP_001682607.1  RNA binding protein [Leishmania major str...	205	4e-51
gb AAK97383.1 AF361224_1 sequence-specific RNA binding protei...	199	2e-49
ref XP_001564157.1  RNA binding protein [Leishmania brazilien...	195	5e-48

## ALIGNMENTS

>ref|XP\_819451.1| RNA-binding protein [Trypanosoma cruzi strain CL Brener]  
Length=280

Score = 539 bits (1388), Expect = 1e-151, Method: Compositional matrix adjust.  
Identities = 280/280 (100%), Positives = 280/280 (100%), Gaps = 0/280 (0%)

Query 1	MSGVRRGGWVPASSDVEGLQQSDARLMVPPVAYRTAYESIGELQNSLQGYDQQVAKVIQHI	60
Sbjct 1	MSGVRRGGWVPASSDVEGLQQSDARLMVPPVAYRTAYESIGELQNSLQGYDQQVAKVIQHI	60
Query 61	NTLASVVDLSLQQHYDSVVEEKEYIIRSLDVAEGRMQDVQRIVQRYAAVTPVVASDGFY	120
Sbjct 61	NTLASVVDLSLQQHYDSVVEEKEYIIRSLDVAEGRMQDVQRIVQRYAAVTPVVASDGFY	120
Query 121	ERDVITNYFNECQAQKNIPMSQQTHTELTMMLFPNRSFKRFLQMETKPAEMRAEASS	180
Sbjct 121	ERDVITNYFNECQAQKNIPMSQQTHTELTMMLFPNRSFKRFLQMETKPAEMRAEASSS	180
Query 181	shgnhggnanassrsagnaQNTHKADVSNKSGNTGANGERLHPCVRVYGYCNYKDACAYA	240
Sbjct 181	SHGNHGGNANASSRSAGNAQNTHKADVSNKSGNTGANGERLHPCVRVYGYCNYKDACAYA	240
Query 241	LYPYDACLSHLKKGKCRFRSQCHERHVDFHGP RNHGPANGG 280	
Sbjct 241	LYPYDACLSHLKKGKCRFRSQCHERHVDFHGP RNHGPANGG 280	

>ref|XP\_827971.1| hypothetical protein [Trypanosoma brucei TREU927]  
gb|EAN78859.1| RNA binding protein, putative [Trypanosoma brucei]  
Length=285

Score = 313 bits (803), Expect = 9e-84, Method: Compositional matrix adjust.  
Identities = 158/275 (57%), Positives = 201/275 (73%), Gaps = 3/275 (1%)

Query 6	GGWVPASSDVEG-LQQSDARLMVPPVAYRTAYESIGELQNSLQGYDQQVAKVIQHINTLA	64
Sbjct 7	GNWRGPHMEVNASVPHSGGPIMTPADAYRAAHGSILKQQGLIGHEEQVMGVVHHIHSLV	66
Query 65	SVVDLSLQQHYDSVVEEKEYIIRSLDVAEGRMQDVQRIVQRYAAVTPVVASDGFYERDV	124
Sbjct 67	SVI+SL++HY++VVEE++YI R+L+ AE R++ VQR++QRY +V DPVVASDG+TYER+	126
Query 125	ITNYFNECQAQKNIPMSQQTHTELTMMLFPNRSFKRFLQMETKPAEMRAEAsssshgn	184
Sbjct 127	ITSYLEECQSMNVPVVSQQTGEELTMMLFPNRSFQRFSLQMLDAKPVVEGR--HSSGSSGN	184
Query 185	hggnanassrsagnaQNTHKADVSNKSGNTGANGERLHPCVRVYGYCNYKDACAYALYPY	244
Sbjct 185	NA A + + N QNT + ++ + + G N ERLHPC+RVYGYCNYKD+CAYALYPY	244
Query 245	DACLSHLKKGKCRFRSQCHERHVDFHGP RNHGPANG 279	
Sbjct 245	DACLSHLKKGKCRFRSQCHERHVDFRGLNQG DAGG 279	

>ref|XP\_001464993.1| RNA binding protein [Leishmania infantum JPCM5]  
Length=302

Score = 206 bits (524), Expect = 2e-51, Method: Compositional matrix adjust.  
Identities = 116/276 (42%), Positives = 159/276 (57%), Gaps = 20/276 (7%)

```
Query 6  GGWVPASSDVEGLQQSDARLMVPPVAYRTAYESIGELQNSLQGYDQQVAKVIQHINTLAS 65
          G  P A S E +Q          V Y  + +  ++SL  Y+QQ+ +V++ + TL
Sbjct 8  GMMAPAMSANEPMQ-----VVYNRQTQKRVVPRDSLIMYEQQMVRVMEELRTLTM 57

Query 66  VVDSLQQHYDSVVEEKEYIIRSLDVAEGRMQDVQRIVQRYAAVTDPPVASDGFYERDVI 125
          V++L+ HY+  ++EK YI          AE R+QDV+ IV RY  V D VVASDGFYER+ I
Sbjct 58  DVNALRAHYEEALQEKLKLIENLAAQAEKRVQDVKEIVDRYVGVKDAVVASDGFYERETI 117

Query 126  TNYFNECQAQKNIPMSQQTHTELTMMLFPNRSFKRFLEQLMETKPAEMRAEasssshghn 185
          ++Y  C+      P S QT  LT +L PNRS K  +++L  + AE  A  +  +
Sbjct 118  SSYIEGCKEAGGTPTSQTEKPLTSLIIPNRSKLTLDRLATLQKAETPPAPADRNPVQ 177

Query 186  ggnanassrsagnaQ-NTHKADVSNKSGN-----TGANGERLHPCVRVYGYCNYKD 235
          + + ++  AGN  N H+   N  G          A GER+HPC+RVYGYCNY +
Sbjct 178  HHSKSMTAGRAGNVSINQHEGQRRNMHGGGKDSGGPVELNAKGERVHPCIRVYGYCNYNE 237

Query 236  ACAYALYPYDAACLShLKGKCRFRSQCHERHVDFHGP 271
          +CAYA YPYDACLS+LK KCRF++QCHERHV+F GP
Sbjct 238  SCAYAKYPYDAACLsNLKKNKCRFKNQCHERHVEFRGP 273
```

>ref|XP\_001682607.1| RNA binding protein [Leishmania major strain Friedlin]  
Length=314

Score = 205 bits (522), Expect = 4e-51, Method: Compositional matrix adjust.  
Identities = 116/276 (42%), Positives = 160/276 (57%), Gaps = 20/276 (7%)

```
Query 6  GGWVPASSDVEGLQQSDARLMVPPVAYRTAYESIGELQNSLQGYDQQVAKVIQHINTLAS 65
          G  P A S E +Q          V Y  + +  ++SL  Y+QQ+ +V++ + TL
Sbjct 20  GIMAPAMSANEPMQ-----VVYNRQTQKRVVPRDSLIMYEQQMVQVMEELRTLTM 69

Query 66  VVDSLQQHYDSVVEEKEYIIRSLDVAEGRMQDVQRIVQRYAAVTDPPVASDGFYERDVI 125
          V++L+ HY+  ++EK YI          AE R+QDV+ IV RY  V D VVASDGFYER+ I
Sbjct 70  DVNALRVHYEEALQEKLKLIENLAAQAEKRVQDVKEIVDRYVGVKDAVVASDGFYERETI 129

Query 126  TNYFNECQAQKNIPMSQQTHTELTMMLFPNRSFKRFLEQLMETKPAEMRAEasssshghn 185
          ++Y  C+      P S QT  LT +L PNRS K  +++L+  + AE  A  +  +
Sbjct 130  SSYIEGCKEAGGTPTSQTEKPLTSLIIPNRSKLTLDRLVTLQKAETPPAPADRNPVQ 189

Query 186  ggnanassrsagnaQ-NTHKADVSNKSGN-----TGANGERLHPCVRVYGYCNYKD 235
          + + ++  AGN  N H+   N  G          A GER+HPC+RVYGYCNY +
Sbjct 190  HHSKSITAGRAGNISINQHEGQRRNMHGGGKDSGGPVELNAKGERVHPCIRVYGYCNYNE 249

Query 236  ACAYALYPYDAACLShLKGKCRFRSQCHERHVDFHGP 271
          +CAYA YPYDACLS+LK KCRF++QCHERHV+F GP
Sbjct 250  SCAYAKYPYDAACLsNLKKNKCRFKNQCHERHVEFRGP 285
```

>ref|XP\_001564157.1| RNA binding protein [Leishmania braziliensis MHOM/BR/75/M2904]  
Length=313

Score = 195 bits (495), Expect = 5e-48, Method: Compositional matrix adjust.  
Identities = 109/267 (40%), Positives = 149/267 (55%), Gaps = 21/267 (7%)

```
Query 30  VAYRTAYESIGELQNSLQGYDQQVAKVIQHINTLASVVDSLQQHYDSVVEEKEYIIRSLD 89
          V Y  + +  +NSL  +QQ+  + + + TL  + L+ HY+  ++EK YI
Sbjct 33  VVYNRIQKRMPFRNSLVIQEQQMMHMTBELRTLVDANVLRHYEEALQEKLKLIENLAA 92

Query 90  VAEGRMQDVQRIVQRYAAVTDPPVASDGFYERDVI TNYFNECQAQKNIPMSQQTHTELT 149
          AE R+Q+V+ IV RY  V D VVASDGFYER+ I++Y  C+      P S QT  LT
Sbjct 93  QAEKRVQNVKEIVDRYVGVKDAVVASDGFYERETISSYIEGCKEAGGTPTSQTEKPLT 152

Query 150  MMLFPNRSFKRFLEQLMETKPAEMRAEasssshghnggnanassrsagnaQNTKADVSN 209
          +L PNRS K  +++L+  +  E  +  A  +  +  ++  GN  +  DV
Sbjct 153  SLLIPNRSKLTLDRLVTVQKTEPKMPAPVDRNPVQHYSKPMATGRVGNMSGSQN-DVQR 211

Query 210  KSGNTG-----ANGERLHPCVRVYGYCNYKDACAYALYPYDAACLShLKGKCRFR 258
          +S  G          A GER+HPC+RVYGYCNY + CAYA YPYDACLS+LK KCRF+
```



```

Sbjct 212 RSIQGGGKDNLSPVELNAKGERVHPCIRVYGYCNYNENCA YAKYPYDAQLSNLKNKQRFK 271
Query 259 SQCHERHVD F HGP-----RNHGP 276
      +QCHERHV+ F GP NHGP
Sbjct 272 NQCHERHVEFRGPLDDYGN SISENHGP 298
  
```

SEQUENCE: Sequence\_1 CRC64: D5BF92951689E2EA LENGTH: 280 aa

InterPro IPR000571 Zinc finger, CCCH-type

Domain PSS0103 ZF\_C3H1

InterPro SRS

id	length	id4	name5	description	start	end	score
Tc00.1047053506211.70 - RBP ZF-211.70	280	IPR000571	Zinc finger, CCCH-type	nucleic acid binding			
Tc00.1047053506211.70 - RBP ZF-211.70	280	IPR000571	Zinc finger, CCCH-type	zinc ion binding	241	268	0

## E – CD-33.60

Query= Tc00.1047053506933.60 ||mitochondrial RNA binding protein,  
putative|Trypanosoma cruzi|chr unknown71|TIGR|Auto  
Length=142

Sequences producing significant alignments:	Score (Bits)	E Value
ref XP_812012.1  mitochondrial RNA binding protein [Trypanoso...	206	7e-52
ref XP_828865.1  mitochondrial RNA-binding protein [Trypanoso...	181	2e-44
ref XP_001684362.1  RNA binding protein rbp16 [Leishmania maj...	174	3e-42
ref XP_001470120.1  RNA binding protein rbp16 [Leishmania inf...	173	5e-42
ref XP_001566120.1  RNA binding protein rbp16 [Leishmania bra...	172	1e-41
ref NP_565427.1  cold-shock DNA-binding family protein [Arabi...	65.9	1e-09
ref NP_001060914.1  Os08g0129200 [Oryza sativa (japonica cult...	65.5	2e-09

## ALIGNMENTS

>ref|XP\_812012.1| mitochondrial RNA binding protein [Trypanosoma cruzi CL Brener]  
Length=142

Score = 206 bits (523), Expect = 7e-52, Method: Compositional matrix adjust.  
Identities = 142/142 (100%), Positives = 142/142 (100%), Gaps = 0/142 (0%)

```
Query 1  MFRVVSQISRMTPCGVLYNKGKVISWMSGRGFGFIEDDTDKKQHFVHFSALQTETGGFRSL 60
          MFRVVSQISRMTPCGVLYNKGKVISWMSGRGFGFIEDDTDKKQHFVHFSALQTETGGFRSL
Sbjct 1  MFRVVSQISRMTPCGVLYNKGKVISWMSGRGFGFIEDDTDKKQHFVHFSALQTETGGFRSL 60

Query 61  TVGQEVFEFEVASQDGRTRAENVNTAPGGSKLPSGPRPPEgmgrgrgggggrgggggrgfgg 120
          TVGQEVFEFEVASQDGRTRAENVNTAPGGSKLPSGPRPPEGMGRGRGGGGRGGGGGRGFGG
Sbjct 61  TVGQEVFEFEVASQDGRTRAENVNTAPGGSKLPSGPRPPEGMGRGRGGGGRGGGGGRGFGG 120

Query 121  sggrggggenyqgrgNQLSDDF 142
          SGGRRGGGENYQGRGNQSLSDDF
Sbjct 121  SGGRRGGGENYQGRGNQSLSDDF 142
```

>ref|XP\_828865.1| mitochondrial RNA-binding protein [Trypanosoma brucei TREU927]  
Length=141

Score = 181 bits (458), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.  
Identities = 84/98 (85%), Positives = 89/98 (90%), Gaps = 0/98 (0%)

```
Query 1  MFRVVSQISRMTPCGVLYNKGKVISWMSGRGFGFIEDDTDKKQHFVHFSALQTETGGFRSL 60
          M R S + R M P C + NKGKVISWMSGRGFGFIEDD DKKQHFVHFSALQTETGGFR+L
Sbjct 1  MIRASIVKRMAPCTLFLNKGKVISWMSGRGFGFIEDDADKKQHFVHFSALQTETGGFRAL 60

Query 61  TVGQEVFEFEVASQDGRTRAENVNTAPGGSKLPSGPRPPE 98
          TVGQEVFEFEVASQDGRTRAENVNT+PGG+KLPSGPRPPE
Sbjct 61  TVGQEVFEFEVASQDGRTRAENVNTSPGGAKLPSGPRPPE 98
```

>ref|XP\_001684362.1| RNA binding protein rbp16 [Leishmania major strain Friedlin]  
Length=142

Score = 174 bits (440), Expect = 3e-42, Method: Compositional matrix adjust.  
Identities = 81/98 (82%), Positives = 87/98 (88%), Gaps = 0/98 (0%)

```
Query 1  MFRVVSQISRMTPCGVLYNKGKVISWMSGRGFGFIEDDTDKKQHFVHFSALQTETGGFRSL 60
          MFRVS +SR+ P L N GKV+SWMSGRGFGFIED+ DKKQHFVHFSALQTETGG+R+L
Sbjct 1  MFRVSSVSR IAPSLALLNTGKVVSWMSGRGFGFIEDNADKKQHFVHFSALQTETGGYRAL 60

Query 61  TVGQEVFEFEVASQDGRTRAENVNTAPGGSKLPSGPRPPE 98
          V QEVFEFEVASQDGRTRAENVNTAPGG KLPSGPRPPE
Sbjct 61  AVDQEVFEFEVASQDGRTRAENVNTAPGGKLPSPGPRPPE 98
```

>ref|XP\_001470120.1| RNA binding protein rbp16 [Leishmania infantum]  
Length=143

Score = 173 bits (438), Expect = 5e-42, Method: Compositional matrix adjust.  
Identities = 80/98 (81%), Positives = 87/98 (88%), Gaps = 0/98 (0%)

```
Query 1  MFRVVSQISRMTPCGVLYNKGKVISWMSGRGFGFIEDDTDKKQHFVHFSALQTETGGFRSL 60
```

```

Sbjct 1 MFRVS +SR+ P L N GKV+SWMSGRGFGFIED+ DK+QHFVHFSALQTETGG+R+L
MFRVSSVSR IAPSLALLNTGKVVSWMSGRGFGFIEDNADKRQHFVHFSALQTETGGYRAL 60

Query 61 TVGQEVFEVASQDGRTRAENVTAPGGSKLPSGPRPPE 98
V QEVFEVASQDGRTRAENVTAPGG KLPSPGPRPPE
Sbjct 61 AVDQEVFEVASQDGRTRAENVTAPGGGKLPSPGPRPPE 98

>ref|XP_001566120.1| RNA binding protein rbp16 [Leishmania braziliensis]
Length=143

Score = 172 bits (435), Expect = 1e-41, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 79/98 (80%), Positives = 87/98 (88%), Gaps = 0/98 (0%)

Query 1 MFRVSIQIRMTPCGVLYNKGKVISWMSGRGFGFIEDDTDKKQHFVHFSALQTETGGFRSL 60
MFRVS + R+ P L N GKV+SWMSGRGFGFIED+ DKKQHFVHFSALQTETGG+R+L
Sbjct 1 MFRVSSVHR IAPSLALLNTGKVVSWMSGRGFGFIEDNADKKQHFVHFSALQTETGGYRAL 60

Query 61 TVGQEVFEVASQDGRTRAENVTAPGGSKLPSGPRPPE 98
V QEVFEVASQDGRTRAENVTAPGG+KLPSPGPRPP+
Sbjct 61 AVDQEVFEVASQDGRTRAENVTAPGGAKLPSPGPRPPD 98

>ref|NP_565427.1| cold-shock DNA-binding family protein [Arabidopsis thaliana]
Length=301

Score = 65.9 bits (159), Expect = 1e-09, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 35/70 (50%), Positives = 50/70 (71%), Gaps = 4/70 (5%)

Query 23 ISWMS-GRGFGFIEDDTDKKQHFVHFSALQTETGGFRSLTVGQEVFEFEVA-SQDGRTRAE 80
+SW S G+G+GFI D ++ FVH S++ ++ GFRSLT+G+ VE+E+A DG+T+A
Sbjct 15 VSWFSDGKGYGFITPDDGGEEELFVHQSSIVSD--GFRSLTLGESVEYEIALGSDGKTKAI 72

Query 81 NVTAPGGSKL 90
VTAPGG L
Sbjct 73 EVTAPGGGSL 82

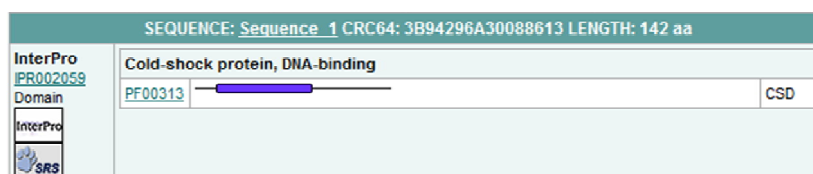
>ref|NP_001060914.1| Os08g0129200 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)]
dbj|BAC66711.1| putative cold shock protein-1 [Oryza sativa Japonica Group]
Length=197

Score = 65.5 bits (158), Expect = 2e-09, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 39/79 (49%), Positives = 50/79 (63%), Gaps = 3/79 (3%)

Query 19 KGKVISWMSGRGFGFIEDDTDKKQHFVHFSALQTETGGFRSLTVGQEVFEFEVAS-QDGRT 77
KG V ++ +GFGFI D + FVH S+L+++ G+RSL G VEF V S DGRT
Sbjct 7 KGTVKWFDATKGFITPDDGGEDLFVHQSSLSKSD--GYRSLNDGDVVEFVSVSGNDGRT 64

Query 78 RAENVTAPGGSKLPSGPRP 96
+A +VTAPGG L G RP
Sbjct 65 KAVDVTAPGGGALTGGSRP 83

```



id	length	name5	description	start	end	score
Tc00.1047053506933.60 - RBP CD-33.60	142	Cold-shock protein, DNA-binding	nucleic acid binding	17	85	5,3E-12
Tc00.1047053506933.60 - RBP CD-33.60	142	Cold shock protein	nucleic acid binding	19	85	3,6E-20

## F – Hip-11.150

Query= Tc00.1047053507011.150 |||hypothetical protein, conserved|Trypanosoma cruzi|chr unknown71|TIGR||Auto  
Length=127

Sequences producing significant alignments:	Score (Bits)	E Value
ref XP_817959.1  hypothetical protein [Trypanosoma cruzi stra...	263	5e-69
ref XP_806824.1  hypothetical protein [Trypanosoma cruzi stra...	256	4e-67
ref XP_827450.1  hypothetical protein [Trypanosoma brucei TREU...	199	6e-50
ref XP_001568441.1  hypothetical protein [Leishmania brazilie...	120	6e-26
ref XP_843449.1  hypothetical protein [Leishmania major strai...	116	9e-25
ref ZP_01688587.1  radical SAM domain protein [Microscilla ma...	37.7	0.39

## ALIGNMENTS

>ref|XP\_817959.1| hypothetical protein [Trypanosoma cruzi strain CL Brener]  
Length=127

Score = 263 bits (672), Expect = 5e-69, Method: Compositional matrix adjust.  
Identities = 127/127 (100%), Positives = 127/127 (100%), Gaps = 0/127 (0%)

Query 1	MRSTPYLGGGARATTNNLPSFTGVSPRVSSRSVATHRGEYVSIVLKPTALNAQRGSLEAL	60
Sbjct 1	MRSTPYLGGGARATTNNLPSFTGVSPRVSSRSVATHRGEYVSIVLKPTALNAQRGSLEAL	60
Query 61	CVATDEPVEVMGLPSGAEVAQVNEFVCYVNPSSGELEYFQHGTYNDEYDVETVRKLLDLC	120
Sbjct 61	CVATDEPVEVMGLPSGAEVAQVNEFVCYVNPSSGELEYFQHGTYNDEYDVETVRKLLDLC	120
Query 121	PKFPQLF 127	
Sbjct 121	PKFPQLF 127	

>ref|XP\_827450.1| hypothetical protein [Trypanosoma brucei TREU927]  
Length=127

Score = 199 bits (507), Expect = 6e-50, Method: Compositional matrix adjust.  
Identities = 93/127 (73%), Positives = 105/127 (82%), Gaps = 0/127 (0%)

Query 1	MRSTPYLGGGARATTNNLPSFTGVSPRVSSRSVATHRGEYVSIVLKPTALNAQRGSLEAL	60
Sbjct 1	MRS LGG R + LP+F GVSPR+ +R V HRGEYVS+VL+PT+LNAQR SL A	60
Query 61	CVATDEPVEVMGLPSGAEVAQVNEFVCYVNPSSGELEYFQHGTYNDEYDVETVRKLLDLC	120
Sbjct 61	CV TDE VEVMGLP+ AEVAQVNEFVCY+NPSSGELEY+QHGTYNDEYDV+ YRKL+LC	120
Query 121	PKFPQLF 127	
Sbjct 121	PKFPALF 127	

>ref|XP\_001568441.1| hypothetical protein [Leishmania braziliensis MHOM/BR/75/M2904]  
Length=117

Score = 120 bits (300), Expect = 6e-26, Method: Compositional matrix adjust.  
Identities = 58/115 (50%), Positives = 78/115 (67%), Gaps = 6/115 (5%)

Query 13	ATTNNLPSFTGVSPRVSSRSVATHRGEYVSIVLKPTALNAQRGSLEALCVATDEPVEVMG	72
Sbjct 9	A +N P F GVSPRV++++ +HRGEYVSI+ + T G E C AT V+V+G	62
Query 73	LPSGAEVAQVNEFVCYVNPSSGELEYFQHGTYNDEYDVETVRKLLDLCPKFPQLF	127
Sbjct 63	+P EV++V EF+CYV+PS+GEL YFQH +DE+D E YR+L+ L K PQLF	117

>ref|XP\_843449.1| hypothetical protein [Leishmania major strain Friedlin]  
Length=117

Score = 116 bits (290), Expect = 9e-25, Method: Compositional matrix adjust.

Identities = 55/113 (48%), Positives = 76/113 (67%), Gaps = 6/113 (5%)

```

Query 15 TNNLPSFTGVSPRVSSRSVATHRGEYVSIVLKPTALNAQRGSLEALCVATDEPVEVMGLP 74
+N P F GVSPRV++++ +HRGEYVSI+ + T G E C T V+V+G+P
Sbjct 11 SNKFPVFQGVSPRVTAQTYQSHRGEYVSIIFELT-----GPGEFKCGVTGMSVKVVGVP 64







Query 75 SGAEVAQVNEFVCYVNPSSGELEYFQHGTYNDEYDVETyrKLLDLCPKFPQLF 127
EV++V EF+CYV+PS+G+L YFQH +DE+D E YR+L+ L K PQLF
Sbjct 65 EAVEVSRVCEFCYVDPSTGDLTYFQHAMLDDDEFDEVYRRLVSLTTKVPQLF 117

>ref|ZP_01688587.1| radical SAM domain protein [Microscilla marina ATCC 23134]
Length=632

Score = 37.7 bits (86), Expect = 0.39, Method: Composition-based stats.
Identities = 20/55 (36%), Positives = 31/55 (56%), Gaps = 4/55 (7%)

Query 72 GLPS-GAEVAQVNEFVCYVNPSSGELEYFQHGTYNDEYDVETyrKLLDLCPKFPQ 125
GLP+ G + AQ NE ++P++ Y HG +D+E Y+KL + C +F Q
Sbjct 99 GLPALGEDSAQTNEHFHTISPTNKAQMYLNHG---HAFDLEKYQKLEEQCYQFAQ 150
    
```

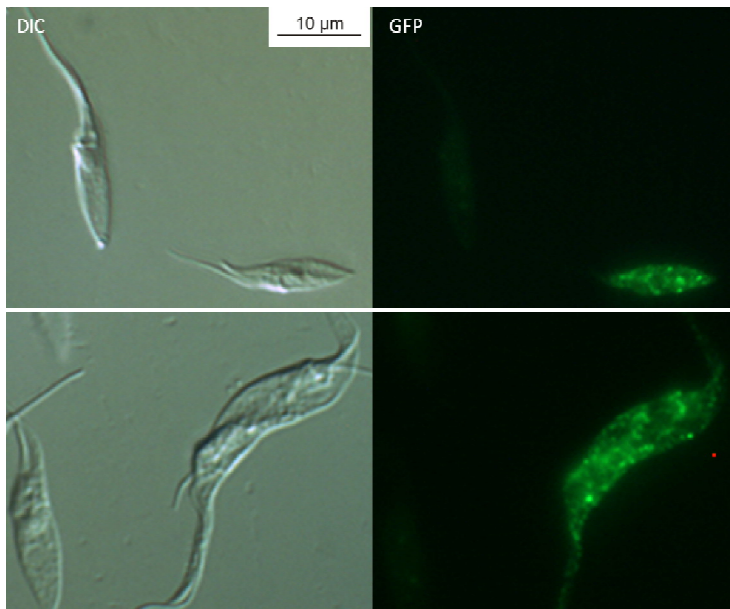
SEQUENCE: [Sequence\\_1](#) CRC64: 1D97834C2E02B0FE LENGTH: 127 aa

<p><b>InterPro</b> <a href="#">IPR013970</a> Family  </p>	<p><b>Replication factor A protein 3</b></p> <p><a href="#">PF08661</a> </p> <p>Rep_fac -A_3</p>
<p><b>InterPro</b> <a href="#">IPR016027</a> Domain  </p>	<p><b>Nucleic acid-binding, OB-fold-like</b></p> <p><a href="#">SSF50249</a> </p> <p>Nucleic_acid_OB</p>

id	length	id4	name5	name9	start	end	score
Tc00.1047053507011.150 Hip	127	IPR016027	Nucleic acid-binding, OB-fold-like	Nucleic_acid_OB	19	127	1,1E-21
Tc00.1047053507011.150 Hip	127	IPR016027	Nucleic acid-binding, OB-fold-like	Nucleic_acid_OB	19	127	1,1E-21
Tc00.1047053507011.150 Hip	127	IPR016027	Nucleic acid-binding, OB-fold-like	Nucleic_acid_OB	19	127	1,1E-21

**Anexo 3.** Cepa transfectante CD-33.60 fusionada a proteína verde fluorescente GFP.

Como não foi obtido sucesso na produção de anticorpos policlonais contra a proteína CD-33.60 partiu-se para uma outra abordagem através da fusão a proteína GFP para determinação da localização celular desta proteína. As transfecções foram realizadas com 50 µg de DNA. O acompanhamento da seleção foi através da contagem do número de células em câmara de Neubauer, mantendo-se o número de células em torno de  $1 \times 10^6$  células/mL através de diluições. Num período entre 18 e 24 dias foram obtidas populações resistentes ao antibiótico, apresentando uma taxa de multiplicação celular próxima às das culturas não transfectadas e sem antibiótico. Uma vez que a cepa transfectada permaneceu estável, ensaios de localização celular através da expressão da proteína fluorescente GFP fusionada a proteína CD-33.60. Como pode-se observar na figura abaixo nem todos os parasitas expressaram a fusão. Uma etapa de seleção clonal se faz necessária, bem como a confirmação da clonagem por ensaios de *Western blotting* utilizando anticorpos contra a proteína GFP.



**Anexo 4.** Rendimento dos mRNAs obtidos por imunoprecipitação com os anticorpos contra as proteínas PF2 $\alpha$ S, PFS e EF1- $\alpha$ . Os ensaios foram feitos com epimastigotas em fase logarítmica de crescimento e epimastigotas sob estresse nutricional. Os mRNAs obtidos serão sequenciados utilizando o sistema SoLid de sequenciamento.

		Epimastigota ng/uL			Estresse ng/uL		
		Réplica 1	Réplica 2	Réplica 3	Réplica 1	Réplica 2	Réplica 3
anti PF2 $\alpha$ S	IP	1,9	3,4	4	5,3	29,5	17,9
	FT	349,1	1449,4	1492,5	1601,2	1262,4	1842,8
PI	IP	4,3	5,5		6,5	17,7	
	FT	442,4	1184		861,7	1753,5	
anti PFS	IP	3,2	2,4	1,8	20,9	42	30,9
	FT	672,2	1539,6	112,9	1742,9	2177,9	1631,4
PI	IP	8,7	5,9		10,8	33,7	
	FT	615,5	1207,3		1545,1	1155,9	
anti EF1 $\alpha$	IP	2,1	2,2	3,4	10	54,8	30,9
	FT	463,7	1009	686,6	1525,7	1233,9	1464,1
PI	IP	2,6	5,9		6,9	34,8	
	FT	561,8	518,1		1040,4	1745	

**Anexo 5.** Lista de todas as proteínas identificadas em todas as frações nas condições da alto e baixo sal. # - amostra; Condições de sal (Salt conditions) – High (300 mM NaCl) e Low (150 mM NaCl); Forma Epi (epimastigota), stress (estresse); Fração (fraction) postpol – pós-polissomal.

#	Salt Condition	Replicate	Form	Fraction	Systematic ID	Protein name	E-value
1	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503793.10	2-oxoglutarate dehydrogenase subunit, putative	1,00E-30
2	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508827.70	40S ribosomal protein S17, putative prostaglandin F synthase, putative,aldo/keto reductase, putative	1,74E-13
3	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511287.49	40S ribosomal protein S14, putative	6,79E-13
4	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053409117.20	ribosomal protein L3, putative	1,40E-12
5	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510879.110	ribosomal protein L13, putative	3,57E-12
6	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504013.11	2-oxoglutarate dehydrogenase E1 component, putative	4,79E-12
7	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506337.70	60S ribosomal protein L19, putative	5,98E-12
8	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508175.309	ribosomal protein S26, putative	7,74E-12
9	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503801.20	60S ribosomal subunit protein L31, putative	9,50E-12
10	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510663.19	60S ribosomal protein L10a, putative	1,82E-11
11	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506963.10	glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, putative	3,32E-11
12	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506943.50	3-oxo-5-alpha-steroid 4-dehydrogenase, putative	5,99E-11
13	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053457251.10	glutamate dehydrogenase, putative	9,61E-11
14	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507875.20	60S ribosomal protein L27A/L29, putative	1,57E-10
15	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508461.500	actyltransferase-like protein	2,65E-10
16	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506181.104	poly(A)-binding protein, putative,polyadenylate-binding protein, putative	4,32E-10
17	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508461.140		4,67E-10



---

18	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507709.50	60S ribosomal protein L6, putative	5,43E-10
19	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509671.80	60S ribosomal protein L5, putative	5,81E-10
20	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511727.129	ribosomal protein L18, putative	8,18E-10
21	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506295.100	hypothetical protein, conserved	9,71E-10
22	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508041.30	40S ribosomal protein S15a, putative	1,13E-09
23	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510395.10	ATP synthase, alpha chain, mitochondrial precursor, putative	1,39E-09
24	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504181.10	60S ribosomal protein L9, putative	1,41E-09
25	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506405.149	ribosomal protein L21E (60S), putative	1,50E-09
26	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053411235.9	alpha tubulin, putative	2,01E-09
27	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508197.10	60S ribosomal protein L11, putative	2,38E-09
28	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503833.40	40S ribosomal protein S2, putative	2,48E-09
29	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509683.117	40S ribosomal protein S4, putative	4,02E-09
30	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506945.240	ATP synthase, epsilon chain, putative	4,94E-09
31	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503611.20	ribosomal protein L24, putative	6,35E-09
32	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504121.30	60S ribosomal protein L4, putative	9,41E-09
33	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511261.140	60S ribosomal protein L34, putative	1,20E-08
34	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506219.40	hypothetical protein, conserved	1,25E-08
35	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506817.30	ribosomal protein L27, putative	1,45E-08
36	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506679.140	40S ribosomal protein S10, putative	1,60E-08
37	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507681.150	40S ribosomal protein S24E, putative	1,61E-08
38	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053442383.9	40S ribosomal protein SA, putative	2,73E-08
39	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511229.50	S-adenosylhomocysteine hydrolase, putative	3,95E-08
40	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504225.20	hypothetical protein, conserved (pseudogene)	4,05E-08
41	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508321.11	histone H2A, putative	4,49E-08
42	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506241.170	40S ribosomal protein S6, putative	5,73E-08
43	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510353.10	major vault protein, putative	6,09E-08
44	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504013.100	ribosomal protein S19, putative	7,54E-08

---

45	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511069.10	40S ribosomal protein S8, putative	8,09E-08
46	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508299.60	60S ribosomal protein L2, putative	9,36E-08
47	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504163.30	40S ribosomal protein S9, putative	1,00E-07
48	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511727.270	RNA-binding protein, putative	1,04E-07
49	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504069.30	60S ribosomal protein L32, putative	1,04E-07
50	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506297.150	40S ribosomal protein S5, putative	1,11E-07
51	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506401.320	60S ribosomal protein L7a, putative	1,27E-07
52	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506211.160	ADP,ATP carrier protein 1, mitochondrial precursor, putative,ADP/ATP translocase 1, putative	1,28E-07
53	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507927.20	mitochondrial oligo_U binding protein TBRGG1, putative	1,69E-07
54	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503395.40	60S ribosomal protein L18, putative	1,80E-07
55	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504949.14	60S ribosomal protein L6, putative	2,24E-07
56	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508461.480	60S ribosomal protein L23, putative	2,52E-07
57	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506593.19	ribosomal protein S7, putative	2,64E-07
58	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511261.160	pyruvate dehydrogenase E1 component alpha subunit, putative	2,94E-07
59	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509695.210	serine carboxypeptidase (CBP1), putative,serine peptidase, clan SC, family S10, putative	3,74E-07
60	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507617.9	prostaglandin F2alpha synthase	5,02E-07
61	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511139.20	40S ribosomal protein S11, putative	5,64E-07
62	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503643.3	60S ribosomal protein L4, putative	6,74E-07
63	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506933.60	mitochondrial RNA binding protein, putative	8,58E-07
64	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510409.39	ubiquitin/ribosomal protein S27a, putative	1,11E-06
65	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511189.30	40S ribosomal protein S13, putative	1,17E-06
66	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511067.20	60S ribosomal protein L26, putative	1,22E-06
67	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503635.59	40S ribosomal protein S3a, putative	1,40E-06
68	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506263.10	D-isomer specific 2-hydroxyacid dehydrogenase-protein, putative	1,66E-06

69	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503449.10	60S ribosomal protein L17, putative	1,85E-06
70	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508785.4	hypothetical protein, conserved	1,93E-06
71	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504105.94	ribosomal protein S25, putative	2,19E-06
72	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506661.20	fatty acid elongase, putative	2,42E-06
73	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508153.280	60S ribosomal protein L13, putative	2,43E-06
74	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510091.80	pyruvate dehydrogenase E1 beta subunit, putative	3,25E-06
75	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511285.120	ATP-dependent RNA helicase, putative	5,12E-06
76	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510543.90	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	8,08E-06
77	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508823.70	hypothetical protein, conserved	1,14E-05
78	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509865.9	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	1,17E-05
79	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508301.20	mitochondrial processing peptidase, beta subunit, putative,	
						metallo-peptidase, Clan ME, Family M16, putative	1,39E-05
80	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506297.190	pyruvate phosphate dikinase, putative	1,50E-05
81	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507519.110	60S ribosomal protein L7, putative	2,21E-05
82	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507099.70	hypothetical protein, conserved	2,42E-05
83	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506321.280	hypothetical protein, conserved	2,55E-05
84	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510579.80	60S ribosomal protein L10, putative	2,80E-05
85	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506211.70	RNA-binding protein, putative	3,06E-05
86	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508461.80	prostaglandin F2alpha synthase	3,37E-05
87	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508661.34	hypothetical protein, conserved	4,43E-05
88	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510643.190	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	4,60E-05
89	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507765.60	40S ribosomal protein S21, putative	4,86E-05
90	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504181.20	40S ribosomal protein S23, putative	5,07E-05
91	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506563.40	beta tubulin, putative	5,23E-05
92	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509749.33	ribosomal protein L29, putative	5,32E-05
93	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504021.109	40S ribosomal protein S3, putative	5,67E-05
94	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507093.220	RNA-binding protein, putative	6,23E-05

95	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509695.20	hypothetical protein, conserved activated protein kinase C receptor, putative, guanine	7,30E-05
96	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511211.120	nucleotide-binding protein beta subunit-like protein, putative	9,10E-05
97	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507641.160	hypothetical protein, conserved	1,05E-04
98	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510089.200	hypothetical protein, conserved	1,72E-04
99	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504069.56	60S ribosomal protein L37a, putative	1,98E-04
100	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053505163.80	oligosaccharyl transferase subunit, putative	2,19E-04
101	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510533.100	hypothetical protein, conserved	2,34E-04
102	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509595.50	ribonuclease II-like protein, putative	2,49E-04
103	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508781.110	2-oxoisovalerate dehydrogenase alpha subunit, putative	2,54E-04
104	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511011.10	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	2,67E-04
105	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508965.100	hypothetical protein, conserved	2,68E-04
106	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507611.280	cytochrome c oxidase subunit IX, putative	3,03E-04
107	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506559.470	ribosomal protein L35A, putative	3,10E-04
108	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511367.138	chaperone DnaJ protein, putative	3,75E-04
109	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508625.10	elongation factor 2, putative	3,77E-04
110	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508153.130	enoyl-CoA hydratase, mitochondrial precursor, putative	4,30E-04
111	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510351.90	dihydrolipoamide branched chain transacylase, putative	4,49E-04
112	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506679.94	40S ribosomal protein S18, putative	4,75E-04
113	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510877.30	hypothetical protein, conserved	7,13E-04
114	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506201.20	60S ribosomal protein L13a, putative	7,27E-04
115	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507555.80	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	8,26E-04
116	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506559.500	hypothetical protein, conserved	8,44E-04
117	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511729.40	60S ribosomal protein L9, putative	9,03E-04
118	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507713.30	heat shock protein 85, putative	1,05E-03
119	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053505807.150	leucine-rich repeat protein, putative	1,07E-03
120	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509717.20	dihydrolipoamide acetyltransferase precursor, putative	1,21E-03

121	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506147.9	prostaglandin F2alpha synthase, dehydrogenase, putative, NADH:flavin oxidoreductase/NADH oxidase, putative	1,31E-03
122	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508479.340	succinyl-CoA synthetase alpha subunit, putative	1,31E-03
123	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506885.14	ribosomal protein L37, putative	1,69E-03
124	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508175.146	60S ribosomal protein L23a, putative	1,76E-03
125	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503899.20	40S ribosomal protein S16, putative	1,83E-03
126	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510579.30	hypothetical protein, conserved	1,93E-03
127	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509569.90	ARP2/3 complex subunit, putative	1,98E-03
128	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053505931.40	histone H3, putative	2,12E-03
129	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507547.90	glycosomal phosphoenolpyruvate carboxykinase, putative	2,41E-03
130	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503671.39	dynamamin, putative	2,47E-03
131	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503935.20	2-oxoglutarate dehydrogenase, E2 component, dihydrolipoamide succinyltransferase, putative	2,49E-03
132	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503453.30	60S ribosomal protein L30, putative	2,50E-03
133	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506223.90	hypothetical protein, conserved	2,71E-03
134	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510795.10	tyrosine aminotransferase	3,03E-03
135	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510119.9	elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha), putative	3,25E-03
136	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506263.20	D-isomer specific 2-hydroxyacid dehydrogenase-protein, putative	3,85E-03
137	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053432787.10	hypothetical protein, conserved (pseudogene)	3,99E-03
138	High	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506289.40	hypothetical protein, conserved	4,71E-03
1	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503395.40	60S ribosomal protein L18, putative	6,11E-14
2	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510879.110	ribosomal protein L3, putative	1,29E-13
3	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508175.309	60S ribosomal protein L19, putative	2,10E-13
4	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504069.30	60S ribosomal protein L32, putative	4,36E-13
5	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506963.10	60S ribosomal protein L10a, putative	1,01E-12
6	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503643.3	60S ribosomal protein L4, putative	1,12E-12

7	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508041.30	40S ribosomal protein S15a, putative	1,81E-12
8	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508827.70	40S ribosomal protein S17, putative	1,89E-12
9	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053409117.20	40S ribosomal protein S14, putative	2,42E-12
10	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503801.20	ribosomal protein S26, putative	6,14E-12
11	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507681.150	40S ribosomal protein S24E, putative	9,22E-12
12	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504013.11	ribosomal protein L13, putative	1,23E-11
13	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506297.150	40S ribosomal protein S5, putative	1,34E-11
14	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506581.30	eukaryotic translation initiation factor 3 (eIF-3) interacting protein, putative	1,37E-11
15	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506559.470	ribosomal protein L35A, putative	1,66E-11
16	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508461.480	60S ribosomal protein L23, putative	2,11E-11
17	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053442383.9	40S ribosomal protein SA, putative	2,31E-11
18	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508807.10	ATP-dependent Clp protease subunit, heat shock protein 100, putative,serine peptidase, putative	3,61E-11
19	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510663.19	60S ribosomal subunit protein L31, putative	3,73E-11
20	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506945.240	ATP synthase, epsilon chain, putative	5,56E-11
21	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511811.10	40S ribosomal protein S15, putative	6,21E-11
22	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507709.50	60S ribosomal protein L6, putative	9,10E-11
23	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053457251.10	3-oxo-5-alpha-steroid 4-dehydrogenase, putative	1,40E-10
24	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506263.10	D-isomer specific 2-hydroxyacid dehydrogenase-protein, putative	1,45E-10
25	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504105.94	ribosomal protein S25, putative	1,64E-10
26	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509671.80	60S ribosomal protein L5, putative	1,76E-10
27	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510795.10	tyrosine aminotransferase	2,17E-10
28	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504949.14	60S ribosomal protein L6, putative	2,21E-10
29	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507875.20	glutamate dehydrogenase, putative	2,46E-10
30	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506679.140	40S ribosomal protein S10, putative	2,91E-10
31	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511287.49	prostaglandin F synthase, putative,aldo/keto reductase,	3,23E-10

						putative	
32	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510835.40	60S ribosomal protein L7a, putative	3,78E-10
33	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504163.30	40S ribosomal protein S9, putative	3,84E-10
34	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506405.149	ribosomal protein L21E (60S), putative	4,11E-10
35	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506943.50	glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, putative	4,44E-10
36	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511727.270	RNA-binding protein, putative	5,69E-10
37	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508461.500	60S ribosomal protein L27A/L29, putative	7,29E-10
38	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503611.20	ribosomal protein L24, putative	1,03E-09
39	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510797.10	2-oxoglutarate dehydrogenase subunit, putative	1,12E-09
40	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511729.40	60S ribosomal protein L9, putative	1,12E-09
41	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506135.9	heat shock 70 kDa protein, putative	1,31E-09
42	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504181.10	60S ribosomal protein L9, putative	1,73E-09
43	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508321.11	histone H2A, putative	1,92E-09
44	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510579.80	60S ribosomal protein L10, putative	2,03E-09
45	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506219.40	hypothetical protein, conserved	2,17E-09
46	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504021.109	40S ribosomal protein S3, putative	2,95E-09
47	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508301.20	mitochondrial processing peptidase, beta subunit, putative, metallo-peptidase, Clan ME, Family M16, putative	3,46E-09
48	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506593.19	ribosomal protein S7, putative	7,00E-09
49	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506241.170	40S ribosomal protein S6, putative	7,92E-09
50	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510119.9	elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha), putative	1,21E-08
51	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503635.59	40S ribosomal protein S3a, putative	1,37E-08
52	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509683.117	40S ribosomal protein S4, putative	1,50E-08
53	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506817.30	ribosomal protein L27, putative	1,60E-08
54	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503449.10	60S ribosomal protein L17, putative	1,64E-08
55	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507765.60	40S ribosomal protein S21, putative	2,01E-08
56	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503709.20	60S ribosomal protein L44, putative	3,08E-08

57	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508461.140	poly(A)-binding protein, putative, polyadenylate-binding protein, putative	4,68E-08
58	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506147.9	prostaglandin F2alpha synthase, dehydrogenase, putative, NADH:flavin oxidoreductase/NADH oxidase, putative	4,91E-08
59	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511727.129	ribosomal protein L18, putative	5,04E-08
60	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504069.80	ATP synthase F1 subunit gamma protein, putative	5,14E-08
61	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508823.70	hypothetical protein, conserved	6,23E-08
62	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511301.110	inosine-5'-monophosphate dehydrogenase, putative	6,69E-08
63	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503719.20	40S ribosomal protein SA, putative	1,07E-07
64	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053411235.9	alpha tubulin, putative	1,11E-07
65	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510353.10	major vault protein, putative	1,13E-07
66	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509151.140	60S ribosomal protein L23a, putative	1,45E-07
67	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506295.100	hypothetical protein, conserved	1,59E-07
68	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510409.39	ubiquitin/ribosomal protein S27a, putative	1,88E-07
69	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506211.160	ADP, ATP carrier protein 1, mitochondrial precursor, putative, ADP/ATP translocase 1, putative	2,71E-07
70	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511229.50	S-adenosylhomocysteine hydrolase, putative	3,15E-07
71	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506933.60	mitochondrial RNA binding protein, putative	3,25E-07
72	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508153.130	enoyl-CoA hydratase, mitochondrial precursor, putative	3,39E-07
73	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503453.30	60S ribosomal protein L30, putative	6,58E-07
74	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504225.20	hypothetical protein, conserved (pseudogene)	7,29E-07
75	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510535.60	CCR4 associated factor, putative	7,62E-07
76	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504013.100	ribosomal protein S19, putative	7,69E-07
77	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508737.150	mitochondrial carrier protein, putative	1,02E-06
78	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511261.140	60S ribosomal protein L34, putative	1,04E-06
79	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503833.40	40S ribosomal protein S2, putative	1,31E-06
80	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510509.50	mitochondrial RNA binding protein, putative	1,40E-06



81	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506401.320	60S ribosomal protein L7a, putative	1,49E-06
82	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503539.30	GTP-binding nuclear protein rtb2, putative	1,65E-06
83	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509247.30	hypothetical protein, conserved	1,78E-06
84	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507617.9	prostaglandin F2alpha synthase	2,08E-06
85	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508785.4	hypothetical protein, conserved	2,17E-06
86	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510395.10	ATP synthase, alpha chain, mitochondrial precursor, putative	2,19E-06
87	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511067.20	60S ribosomal protein L26, putative	3,13E-06
88	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506563.40	beta tubulin, putative	3,17E-06
89	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506337.70	2-oxoglutarate dehydrogenase E1 component, putative	4,18E-06
90	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508153.280	60S ribosomal protein L13, putative	4,41E-06
91	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503793.10	2-oxoglutarate dehydrogenase subunit, putative	4,52E-06
92	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508175.146	60S ribosomal protein L23a, putative glutamine-dependent carbamoyl-phosphate synthetase, putative,GATase-CPSase, putative,carbamoyl-phosphate	5,22E-06
93	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507059.80	synthase (ammonia), putative	5,53E-06
94	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506297.190	pyruvate phosphate dikinase, putative	5,95E-06
95	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507519.110	60S ribosomal protein L7, putative	6,38E-06
96	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508299.60	60S ribosomal protein L2, putative	6,50E-06
97	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503617.40	ATPase alpha subunit, putative	9,10E-06
98	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507713.30	heat shock protein 85, putative	1,00E-05
99	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508737.210	hypothetical protein, conserved	1,10E-05
100	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509551.30	mitochondrial phosphate transporter, putative	1,63E-05
101	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508197.10	60S ribosomal protein L11, putative	1,88E-05
102	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504181.20	40S ribosomal protein S23, putative	1,97E-05
103	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508461.80	prostaglandin F2alpha synthase	2,07E-05
104	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510089.110	hypothetical protein, conserved	3,09E-05
105	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508169.20	elongation factor 2, putative	4,19E-05

106	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504147.120	60S ribosomal protein L22, putative	4,52E-05
107	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508185.10	enoyl-CoA hydratase, mitochondrial precursor, putative	4,58E-05
108	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510877.30	hypothetical protein, conserved	4,60E-05
109	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510821.50	replication Factor A 28 kDa subunit, putative	4,99E-05
110	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506679.94	40S ribosomal protein S18, putative	5,01E-05
111	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507611.310	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit 8, putative	5,69E-05
112	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511189.30	40S ribosomal protein S13, putative	6,04E-05
113	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506977.49	ribosomal proteins L36, putative	6,81E-05
114	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511069.10	40S ribosomal protein S8, putative	7,87E-05
115	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506885.70	polyadenylate-binding protein 1, putative	8,03E-05
116	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506297.270	60S ribosomal protein L28, putative	8,39E-05
117	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506263.20	D-isomer specific 2-hydroxyacid dehydrogenase-protein, putative	9,22E-05
118	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503641.19	peroxisome assembly protein, putative	1,08E-04
119	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506885.14	ribosomal protein L37, putative	1,24E-04
120	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507715.34	hypothetical protein, conserved	1,76E-04
121	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511903.110	40S ribosomal protein S8, putative	1,80E-04
122	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506815.60	60S ribosomal protein L44, putative	1,83E-04
123	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508965.100	hypothetical protein, conserved	1,88E-04
124	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506319.20	hypothetical protein, conserved	4,65E-04
125	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510543.90	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	5,06E-04
126	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506529.360	cytochrome C oxidase subunit IV, putative	5,17E-04
127	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503899.20	40S ribosomal protein S16, putative	6,28E-04
128	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506815.30	beta prime COP protein, putative	6,97E-04
129	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508231.20	40S ribosomal protein S12, putative	7,42E-04
130	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511011.10	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	7,45E-04
131	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506211.70	RNA-binding protein, putative	7,99E-04

132	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508355.250	60S acidic ribosomal protein P0	8,33E-04
133	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506963.14	40S ribosomal protein S27, putative	1,04E-03
134	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507583.4	hypothetical protein, conserved	1,09E-03
135	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503791.30	hypothetical protein, conserved	1,41E-03
136	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510439.61	heat shock 70 kDa protein, putative	2,41E-03
137	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511139.20	40S ribosomal protein S11, putative	3,01E-03
138	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506295.130	prohibitin, putative	4,06E-03
139	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509437.30	hypothetical protein, conserved	4,32E-03
140	High	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509119.39	dynein heavy chain, putative	4,90E-03
1	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504105.94	ribosomal protein S25, putative prostaglandin F synthase, putative,aldo/keto reductase, putative	7,22E-14
2	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511287.49	ribosomal protein S26, putative	1,33E-13
3	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503801.20	40S ribosomal protein S15a, putative	4,13E-13
4	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508041.30	60S ribosomal protein L23, putative	1,63E-12
5	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508461.480	40S ribosomal protein S14, putative	2,07E-12
6	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053409117.20	poly(A)-binding protein, putative,polyadenylate-binding protein, putative	5,40E-12
7	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508461.140	polyadenylate-binding protein 1, putative	1,59E-11
8	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506885.70	40S ribosomal protein S2, putative	1,79E-11
9	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503833.40	60S ribosomal protein L6, putative	3,00E-11
10	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504949.14	60S ribosomal protein L9, putative	4,16E-11
11	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504181.10	mitochondrial RNA binding protein, putative	1,17E-10
12	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506933.60	40S ribosomal protein S24E, putative	1,77E-10
13	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507681.150	60S ribosomal protein L5, putative	2,07E-10
14	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509671.80	hypothetical protein, conserved	2,21E-10
15	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511815.40	hypothetical protein, conserved	8,63E-10
16	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506679.140	40S ribosomal protein S10, putative	1,03E-09

17	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511301.110	inosine-5'-monophosphate dehydrogenase, putative	1,04E-09
18	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510409.39	ubiquitin/ribosomal protein S27a, putative	1,94E-09
19	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508321.11	histone H2A, putative	2,15E-09
20	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506405.149	ribosomal protein L21E (60S), putative	2,22E-09
21	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510663.19	60S ribosomal subunit protein L31, putative	2,58E-09
22	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053442383.9	40S ribosomal protein SA, putative	3,16E-09
23	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506493.80	DNA topoisomerase IA, putative	3,91E-09
24	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510579.80	60S ribosomal protein L10, putative	5,60E-09
25	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508299.60	60S ribosomal protein L2, putative	5,72E-09
26	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510509.50	mitochondrial RNA binding protein, putative	5,95E-09
27	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508153.130	enoyl-CoA hydratase, mitochondrial precursor, putative	6,18E-09
28	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509683.117	40S ribosomal protein S4, putative	6,74E-09
29	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511727.129	ribosomal protein L18, putative	8,04E-09
30	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506963.10	60S ribosomal protein L10a, putative	9,63E-09
31	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504069.30	60S ribosomal protein L32, putative	1,00E-08
32	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504013.100	ribosomal protein S19, putative	1,04E-08
33	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508461.500	60S ribosomal protein L27A/L29, putative	2,30E-08
34	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503635.59	40S ribosomal protein S3a, putative	2,56E-08
35	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506857.20	pyrroline-5-carboxylate reductase, putative	3,22E-08
36	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511727.270	RNA-binding protein, putative	3,60E-08
37	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504013.11	ribosomal protein L13, putative	5,64E-08
38	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503611.20	ribosomal protein L24, putative	8,51E-08
39	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507093.220	RNA-binding protein, putative	8,94E-08
40	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510395.10	ATP synthase, alpha chain, mitochondrial precursor, putative	1,20E-07
41	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510543.90	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	1,21E-07
42	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506817.30	ribosomal protein L27, putative	1,21E-07
43	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511261.140	60S ribosomal protein L34, putative	1,50E-07

44	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506593.19	ribosomal protein S7, putative	1,95E-07
45	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504021.109	40S ribosomal protein S3, putative	2,21E-07
46	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506263.10	D-isomer specific 2-hydroxyacid dehydrogenase-protein, putative	4,13E-07
47	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503419.50	RNA-binding protein RGGm, putative	4,33E-07
48	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053411235.9	alpha tubulin, putative	4,84E-07
49	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510089.110	hypothetical protein, conserved	6,04E-07
50	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511067.20	60S ribosomal protein L26, putative	6,94E-07
51	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510751.10	ribonuclease, putative	8,43E-07
52	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508827.70	40S ribosomal protein S17, putative	1,62E-06
53	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507617.9	prostaglandin F2alpha synthase	1,67E-06
54	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504163.30	40S ribosomal protein S9, putative	2,33E-06
55	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503449.10	60S ribosomal protein L17, putative	3,08E-06
56	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507709.50	60S ribosomal protein L6, putative	4,37E-06
57	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506241.170	40S ribosomal protein S6, putative	5,97E-06
58	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510795.10	tyrosine aminotransferase	9,59E-06
59	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507519.110	60S ribosomal protein L7, putative	9,74E-06
60	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053432787.10	hypothetical protein, conserved (pseudogene)	1,09E-05
61	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506235.20	hypothetical protein, conserved	1,14E-05
62	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506679.94	40S ribosomal protein S18, putative	1,18E-05
63	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508197.10	60S ribosomal protein L11, putative	1,64E-05
64	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511189.30	40S ribosomal protein S13, putative	1,71E-05
65	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503781.80	universal minicircle sequence binding protein (UMSBP),zinc finger protein PDZ5	1,80E-05
66	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506885.14	ribosomal protein L37, putative	1,85E-05
67	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506297.150	40S ribosomal protein S5, putative	4,62E-05
68	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503395.40	60S ribosomal protein L18, putative	4,75E-05

69	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507555.80	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	5,64E-05
70	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504069.56	60S ribosomal protein L37a, putative	9,59E-05
71	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506025.14	ribosomal protein S29, putative	1,34E-04
72	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508153.280	60S ribosomal protein L13, putative	1,81E-04
73	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510879.110	ribosomal protein L3, putative	2,17E-04
74	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507765.60	40S ribosomal protein S21, putative	2,42E-04
75	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503643.3	60S ribosomal protein L4, putative	3,40E-04
76	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511011.10	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	4,42E-04
77	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510901.60	replication factor A, 51kDa subunit, putative	4,43E-04
78	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506247.210	hypothetical protein, conserved	6,70E-04
79	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506529.360	cytochrome C oxidase subunit IV, putative	7,99E-04
80	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511635.10	histone H2B, putative	8,11E-04
81	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506319.20	hypothetical protein, conserved	9,66E-04
82	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511001.90	hypothetical protein, conserved	1,23E-03
83	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509119.39	dynein heavy chain, putative	1,23E-03
84	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509979.20	hypothetical protein, conserved	1,29E-03
85	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509891.10	hypothetical protein, conserved	1,35E-03
86	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511311.70	hypothetical protein, conserved	1,84E-03
87	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508461.520	hypothetical protein, conserved	1,84E-03
88	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508711.40	hypothetical protein, conserved	1,94E-03
89	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511317.30	regulator of nonsense transcripts 1, putative,nonsense mRNA	3,01E-03
90	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503899.20	reducing factor 1, putative	3,23E-03
91	High	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510105.160	40S ribosomal protein S16, putative	4,71E-03
1	High	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053511287.49	hypothetical protein prostaglandin F synthase, putative,aldo/keto reductase, putative	1,31E-12
2	High	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053506925.300	cyclophilin A,PPIase,rotamase,peptidyl-prolyl cis-trans isomerase	4,77E-08

3	High	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053510509.50	mitochondrial RNA binding protein, putative	1,71E-07
4	High	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053411235.9	alpha tubulin, putative	3,51E-07
5	High	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053506297.190	pyruvate phosphate dikinase, putative	4,48E-06
6	High	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053510439.61	heat shock 70 kDa protein, putative	7,89E-06
7	High	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053510795.10	tyrosine aminotransferase	1,81E-05
8	High	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053510645.9	protein kinase, putative	5,99E-04
9	High	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053510661.250	cystathione gamma lyase, putative	1,05E-03
1	High	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053510509.50	mitochondrial RNA binding protein, putative	1,00E-30
2	High	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053442383.9	40S ribosomal protein SA, putative poly(A)-binding protein, putative,polyadenylate-binding protein, putative	1,85E-11
3	High	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053508461.140	polyadenylate-binding protein 1, putative	5,07E-11
4	High	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506885.70	elongation factor 2, putative	5,46E-11
5	High	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053508169.20	tryparedoxin peroxidase, putative	2,36E-10
6	High	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053487507.10	prostaglandin F synthase, putative,aldo/keto reductase, putative	8,63E-10
7	High	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053511287.49	cystathione gamma lyase, putative	3,24E-09
8	High	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053510661.250	elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha), putative	4,34E-09
9	High	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053510119.9	adenylosuccinate synthetase, putative	6,29E-09
10	High	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053508731.60	hypothetical protein, conserved	1,95E-08
11	High	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506235.20	D-isomer specific 2-hydroxyacid dehydrogenase-protein, putative	2,29E-08
12	High	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506263.10	hypothetical protein, conserved	2,89E-08
13	High	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053413977.10	hypothetical protein, conserved	4,08E-08
14	High	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053511815.40	hypothetical protein, conserved cysteine peptidase, putative,cathepsin L-like, putative,major cysteine proteinase, putative,cysteine peptidase, clan CA, family C1, putative	6,51E-08
15	High	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053508595.50	heat shock protein 70 (HSP70), putative	1,60E-07
16	High	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053511211.160		3,41E-07

17	High	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053507617.9	prostaglandin F2alpha synthase	3,91E-07
18	High	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053510395.10	ATP synthase, alpha chain, mitochondrial precursor, putative	4,55E-07
19	High	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053510579.70	nascent polypeptide associated complex subunit, putative	2,65E-06
20	High	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053504425.60	NADP-dependent alcohol hydrogenase, putative	3,01E-06
21	High	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053510795.10	tyrosine aminotransferase	6,26E-06
22	High	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053508321.11	histone H2A, putative	8,66E-06
23	High	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053504017.10	basic transcription factor 3a, putative	1,25E-05
24	High	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053509351.10	delta-1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase, putative	2,43E-05
25	High	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053507765.60	40S ribosomal protein S21, putative	3,09E-05
26	High	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506261.10	fatty acyl CoA synthetase 2, putative	1,26E-04
27	High	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053511181.50	mitochondrial processing peptidase, beta subunit, putative,metallo-peptidase, Clan ME, Family M16, putative	2,27E-04
28	High	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053467287.30	ATPase beta subunit, putative	4,66E-04
29	High	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053503773.9	hypothetical protein, conserved	1,75E-03
30	High	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053507657.10	glutamamyl carboxypeptidase, putative,metallo-peptidase, clan MH, family M18, putative	2,67E-03
31	High	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053510901.60	replication factor A, 51kDa subunit, putative	2,79E-03
1	High	3	Epi	Postpol	Tc00.1047053508301.20	mitochondrial processing peptidase, beta subunit, putative,metallo-peptidase, Clan ME, Family M16, putative	1,65E-12
2	High	3	Epi	Postpol	Tc00.1047053508169.20	elongation factor 2, putative	2,52E-12
3	High	3	Epi	Postpol	Tc00.1047053510509.50	mitochondrial RNA binding protein, putative	9,51E-12
4	High	3	Epi	Postpol	Tc00.1047053411235.9	alpha tubulin, putative	2,18E-11
5	High	3	Epi	Postpol	Tc00.1047053413977.10	hypothetical protein, conserved	5,45E-11
6	High	3	Epi	Postpol	Tc00.1047053506925.120	eukaryotic initiation factor 5a, putative	8,44E-11
7	High	3	Epi	Postpol	Tc00.1047053511287.49	prostaglandin F synthase, putative,aldo/keto reductase, putative	6,65E-10
8	High	3	Epi	Postpol	Tc00.1047053509595.50	ribonuclease II-like protein, putative	1,40E-09
9	High	3	Epi	Postpol	Tc00.1047053506885.70	polyadenylate-binding protein 1, putative	3,35E-09



10	High	3	Epi	Postpol	Tc00.1047053508461.140	poly(A)-binding protein, putative,polyadenylate-binding protein, putative	3,93E-09
11	High	3	Epi	Postpol	Tc00.1047053508731.60	adenylosuccinate synthetase, putative	5,04E-09
12	High	3	Epi	Postpol	Tc00.1047053511815.40	hypothetical protein, conserved	1,82E-08
13	High	3	Epi	Postpol	Tc00.1047053510119.9	elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha), putative	2,02E-08
14	High	3	Epi	Postpol	Tc00.1047053507765.60	40S ribosomal protein S21, putative	5,54E-08
15	High	3	Epi	Postpol	Tc00.1047053506235.20	hypothetical protein, conserved	8,61E-08
16	High	3	Epi	Postpol	Tc00.1047053508321.11	histone H2A, putative	1,72E-07
17	High	3	Epi	Postpol	Tc00.1047053509733.170	transitional endoplasmic reticulum ATPase, putative	3,23E-07
18	High	3	Epi	Postpol	Tc00.1047053487507.10	tryparedoxin peroxidase, putative	3,35E-07
19	High	3	Epi	Postpol	Tc00.1047053509683.80	adenylosuccinate synthetase, putative	8,71E-07
20	High	3	Epi	Postpol	Tc00.1047053508595.50	cysteine peptidase, putative,cathepsin L-like, putative,major cysteine proteinase, putative,cysteine peptidase, clan CA, family C1, putative	3,93E-06
21	High	3	Epi	Postpol	Tc00.1047053484311.10	calpain-like cysteine peptidase, putative	4,34E-04
22	High	3	Epi	Postpol	Tc00.1047053508815.10	hypothetical protein, conserved	2,67E-03
23	High	3	Epi	Postpol	Tc00.1047053511181.50	mitochondrial processing peptidase, beta subunit, putative,metallo-peptidase, Clan ME, Family M16, putative	4,84E-03
1	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506679.140	40S ribosomal protein S10, putative	5,22E-14
2	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503801.20	ribosomal protein S26, putative	7,28E-13
3	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508041.30	40S ribosomal protein S15a, putative	1,89E-12
4	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507211.40	inosine-5'-monophosphate dehydrogenase, putative	5,94E-12
5	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508461.140	poly(A)-binding protein, putative,polyadenylate-binding protein, putative	1,81E-11
6	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507681.150	40S ribosomal protein S24E, putative	6,15E-11
7	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509595.50	ribonuclease II-like protein, putative	2,17E-10
8	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509721.10	hypothetical protein, conserved	2,82E-10
9	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510509.50	mitochondrial RNA binding protein, putative	3,49E-10

10	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511815.40	hypothetical protein, conserved	3,71E-10
11	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511727.129	ribosomal protein L18, putative	4,46E-10
12	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508461.500	60S ribosomal protein L27A/L29, putative	4,83E-10
13	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508299.60	60S ribosomal protein L2, putative	5,97E-10
14	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506405.149	ribosomal protein L21E (60S), putative	2,61E-09
15	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506627.110	hypothetical protein, conserved	2,94E-09
16	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510409.39	ubiquitin/ribosomal protein S27a, putative	3,03E-09
17	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510579.80	60S ribosomal protein L10, putative	3,32E-09
18	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511261.140	60S ribosomal protein L34, putative	4,51E-09
19	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511189.30	40S ribosomal protein S13, putative	6,23E-09
20	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510901.60	replication factor A, 51kDa subunit, putative	7,91E-09
21	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053442383.9	40S ribosomal protein SA, putative	8,95E-09
22	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510119.9	elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha), putative	1,20E-08
23	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506933.60	mitochondrial RNA binding protein, putative	2,08E-08
24	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510089.110	hypothetical protein, conserved	2,15E-08
25	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509683.117	40S ribosomal protein S4, putative	2,65E-08
26	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053409117.20	40S ribosomal protein S14, putative	2,93E-08
27	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510543.90	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	3,58E-08
28	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506885.70	polyadenylate-binding protein 1, putative	5,13E-08
29	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503419.50	RNA-binding protein RGGm, putative	6,67E-08
30	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506493.80	DNA topoisomerase IA, putative	7,38E-08
31	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504105.94	ribosomal protein S25, putative	8,94E-08
32	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504069.30	60S ribosomal protein L32, putative	1,06E-07
33	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504013.100	ribosomal protein S19, putative	2,02E-07
34	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504163.30	40S ribosomal protein S9, putative	2,36E-07
35	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507049.199	pumilio protein, putative	2,71E-07
36	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506235.20	hypothetical protein, conserved	3,20E-07

---

37	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511011.10	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	6,21E-07
38	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511727.270	RNA-binding protein, putative	8,77E-07
39	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508175.146	60S ribosomal protein L23a, putative	1,58E-06
40	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506567.120	hypothetical protein, conserved	2,57E-06
41	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506135.110	hypothetical protein, conserved regulator of nonsense transcripts 1, putative,nonsense mRNA	4,39E-06
42	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511317.30	reducing factor 1, putative	5,37E-06
43	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507663.50	RNA helicase, putative	7,14E-06
44	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504157.10	heterogeneous nuclear ribonucleoprotein H/F, putative	1,26E-05
45	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511301.110	inosine-5'-monophosphate dehydrogenase, putative	2,67E-05
46	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508461.480	60S ribosomal protein L23, putative	3,72E-05
47	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509625.10	RNA helicase, putative	3,82E-05
48	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503611.20	ribosomal protein L24, putative	6,86E-05
49	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507093.220	RNA-binding protein, putative	8,36E-05
50	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506959.30	ATP-dependent DEAD/H RNA helicase, putative	1,07E-04
51	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508175.309	60S ribosomal protein L19, putative	1,26E-04
52	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510751.10	ribonuclease, putative	1,32E-04
53	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507765.60	40S ribosomal protein S21, putative	1,33E-04
54	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506885.14	ribosomal protein L37, putative	2,00E-04
55	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510483.300	mucin TcMUCII, putative	3,68E-04
56	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503823.70	hypothetical protein, conserved	4,54E-04
57	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503899.20	40S ribosomal protein S16, putative	5,36E-04
58	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506297.270	60S ribosomal protein L28, putative	6,43E-04
59	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509895.10	hypothetical protein, conserved	7,20E-04
60	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508197.10	60S ribosomal protein L11, putative	1,10E-03
61	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511067.20	60S ribosomal protein L26, putative	1,28E-03
62	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506573.81	ribosomal protein L39, putative	1,87E-03

---

63	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507011.150	hypothetical protein, conserved	2,16E-03
64	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508647.220	hypothetical protein, conserved	2,73E-03
65	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503935.20	2-oxoglutarate dehydrogenase, E2 component, dihydrolipoamide succinyltransferase, putative	3,58E-03
66	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510089.170	casein kinase I, putative	3,92E-03
67	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503833.40	40S ribosomal protein S2, putative	4,09E-03
68	High	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511139.20	40S ribosomal protein S11, putative	4,28E-03
1	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511287.49	prostaglandin F synthase, putative, aldo/keto reductase, putative	6,77E-14
2	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508461.140	poly(A)-binding protein, putative, polyadenylate-binding protein, putative	1,27E-12
3	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510509.50	mitochondrial RNA binding protein, putative	3,32E-12
4	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503793.10	2-oxoglutarate dehydrogenase subunit, putative	5,20E-12
5	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509595.50	ribonuclease II-like protein, putative	1,59E-11
6	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508041.30	40S ribosomal protein S15a, putative	3,77E-11
7	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511189.30	40S ribosomal protein S13, putative	2,02E-10
8	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507681.150	40S ribosomal protein S24E, putative	2,83E-10
9	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503611.20	ribosomal protein L24, putative	7,38E-10
10	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503709.20	60S ribosomal protein L44, putative	7,44E-10
11	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506933.60	mitochondrial RNA binding protein, putative	1,20E-09
12	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506885.70	polyadenylate-binding protein 1, putative	1,38E-09
13	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511815.40	hypothetical protein, conserved	2,90E-09
14	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506337.70	2-oxoglutarate dehydrogenase E1 component, putative	3,02E-09
15	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510409.39	ubiquitin/ribosomal protein S27a, putative	3,42E-09
16	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053442383.9	40S ribosomal protein SA, putative	3,59E-09
17	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506679.140	40S ribosomal protein S10, putative	8,32E-09
18	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511261.140	60S ribosomal protein L34, putative	8,50E-09
19	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504105.94	ribosomal protein S25, putative	9,97E-09

20	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510127.79	actin, putative	1,23E-08
21	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509717.20	dihydrolipoamide acetyltransferase precursor, putative	1,36E-08
22	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503419.50	RNA-binding protein RGGm, putative	5,52E-08
23	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508349.39	RNA-binding protein, putative	7,51E-08
24	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504069.30	60S ribosomal protein L32, putative	8,41E-08
25	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506567.120	hypothetical protein, conserved	1,37E-07
26	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508461.500	60S ribosomal protein L27A/L29, putative	1,51E-07
27	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506235.20	hypothetical protein, conserved	1,55E-07
28	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507765.60	40S ribosomal protein S21, putative	1,69E-07
29	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509683.117	40S ribosomal protein S4, putative	2,47E-07
30	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506337.50	hypothetical protein, conserved	4,86E-07
31	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510797.10	2-oxoglutarate dehydrogenase subunit, putative	5,55E-07
32	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504163.30	40S ribosomal protein S9, putative	5,63E-07
33	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507663.50	RNA helicase, putative	6,38E-07
34	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511727.270	RNA-binding protein, putative	7,88E-07
35	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053411235.9	alpha tubulin, putative	8,38E-07
36	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508461.480	60S ribosomal protein L23, putative	2,29E-06
37	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503935.20	2-oxoglutarate dehydrogenase, E2 component, dihydrolipoamide succinyltransferase, putative	2,57E-06
38	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506963.10	60S ribosomal protein L10a, putative	2,60E-06
39	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508299.60	60S ribosomal protein L2, putative	4,52E-06
40	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510901.60	replication factor A, 51kDa subunit, putative	5,37E-06
41	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508321.11	histone H2A, putative	1,11E-05
42	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053432787.10	hypothetical protein, conserved (pseudogene)	5,14E-05
43	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053457251.10	3-oxo-5-alpha-steroid 4-dehydrogenase, putative	5,86E-05
44	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508827.70	40S ribosomal protein S17, putative	7,27E-05
45	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506135.110	hypothetical protein, conserved	1,21E-04

46	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510877.30	hypothetical protein, conserved	1,22E-04
47	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507093.220	RNA-binding protein, putative	1,37E-04
48	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510089.110	hypothetical protein, conserved	4,24E-04
49	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508197.10	60S ribosomal protein L11, putative	5,08E-04
50	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509891.10	hypothetical protein, conserved	1,05E-03
51	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503801.20	ribosomal protein S26, putative	1,61E-03
52	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504181.10	60S ribosomal protein L9, putative	2,33E-03
53	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510751.10	ribonuclease, putative	2,67E-03
54	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508221.400	trans-sialidase, putative	2,91E-03
55	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506885.14	ribosomal protein L37, putative	3,07E-03
56	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509979.20	hypothetical protein, conserved	3,10E-03
57	High	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508461.520	hypothetical protein, conserved	3,63E-03
1	High	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508461.140	poly(A)-binding protein, putative, polyadenylate-binding protein, putative	3,32E-12
2	High	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508041.30	40S ribosomal protein S15a, putative	2,16E-11
3	High	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503643.3	60S ribosomal protein L4, putative	7,09E-11
4	High	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508461.480	60S ribosomal protein L23, putative	7,85E-11
5	High	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504181.10	60S ribosomal protein L9, putative	9,42E-11
6	High	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511727.270	RNA-binding protein, putative	3,35E-10
7	High	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506235.20	hypothetical protein, conserved	1,20E-09
8	High	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511287.49	prostaglandin F synthase, putative, aldo/keto reductase, putative	1,34E-09
9	High	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506885.70	polyadenylate-binding protein 1, putative	2,02E-09
10	High	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053457251.10	3-oxo-5-alpha-steroid 4-dehydrogenase, putative	7,84E-09
11	High	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506933.60	mitochondrial RNA binding protein, putative	1,09E-08
12	High	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503419.50	RNA-binding protein RGGm, putative	1,81E-08
13	High	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053442383.9	40S ribosomal protein SA, putative	3,33E-08

14	High	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510127.79	actin, putative	5,14E-08
15	High	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510509.50	mitochondrial RNA binding protein, putative	1,03E-07
16	High	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509683.117	40S ribosomal protein S4, putative	2,80E-07
17	High	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511815.40	hypothetical protein, conserved	2,98E-07
18	High	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510821.50	replication Factor A 28 kDa subunit, putative	3,09E-07
19	High	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511189.30	40S ribosomal protein S13, putative	6,36E-07
20	High	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504121.30	60S ribosomal protein L4, putative	7,10E-07
21	High	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507617.9	prostaglandin F2alpha synthase	7,11E-07
22	High	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506567.120	hypothetical protein, conserved	9,01E-07
23	High	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509979.20	hypothetical protein, conserved	5,54E-06
24	High	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504105.94	ribosomal protein S25, putative	7,11E-06
25	High	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508299.60	60S ribosomal protein L2, putative	7,43E-06
26	High	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510421.130	hypothetical protein, conserved	8,85E-06
27	High	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508879.170	hypothetical protein, conserved	9,86E-06
28	High	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053432787.10	hypothetical protein, conserved (pseudogene)	9,89E-06
29	High	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506679.140	40S ribosomal protein S10, putative	1,58E-05
30	High	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508349.39	RNA-binding protein, putative	1,76E-05
31	High	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506391.10	calmodulin	3,20E-05
32	High	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510795.10	tyrosine aminotransferase	3,44E-05
33	High	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509885.70	transporter, putative	4,25E-05
34	High	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510655.110	ribonuclease, putative	4,50E-05
35	High	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509733.110	hypothetical protein, conserved	4,64E-05
36	High	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053411235.9	alpha tubulin, putative	2,23E-04
37	High	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509895.10	hypothetical protein, conserved	2,77E-04
38	High	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507765.60	40S ribosomal protein S21, putative	3,86E-04
39	High	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506857.20	pyrroline-5-carboxylate reductase, putative	8,05E-04
40	High	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510089.110	hypothetical protein, conserved	2,61E-03

41	High	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510409.39	ubiquitin/ribosomal protein S27a, putative	2,75E-03
42	High	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510901.60	replication factor A, 51kDa subunit, putative	3,46E-03
1	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508041.30	40S ribosomal protein S15a, putative	7,19E-13
2	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508827.40	acyl-CoA dehydrogenase, putative	1,59E-12
3	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510509.50	mitochondrial RNA binding protein, putative	3,27E-12
4	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511815.40	hypothetical protein, conserved	4,07E-12
5	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053411235.9	alpha tubulin, putative	9,68E-12
6	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511287.49	prostaglandin F synthase, putative,aldo/keto reductase, putative	1,00E-11
7	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053505989.110	hypothetical protein, conserved	1,17E-11
8	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508731.60	adenylosuccinate synthetase, putative	1,25E-11
9	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053509595.50	ribonuclease II-like protein, putative	2,34E-11
10	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507867.60	protein phosphatase 1, regulatory subunit, putative	4,26E-11
11	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508169.20	elongation factor 2, putative	4,32E-11
12	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506801.80	cysteine peptidase inhibitor,chagasin	5,06E-11
13	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508461.140	poly(A)-binding protein, putative,polyadenylate-binding protein, putative	6,38E-11
14	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510821.50	replication Factor A 28 kDa subunit, putative	7,27E-11
15	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506885.70	polyadenylate-binding protein 1, putative	1,03E-10
16	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053509895.10	hypothetical protein, conserved	1,15E-10
17	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506925.120	eukaryotic initiation factor 5a, putative	1,15E-10
18	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053503955.20	mitochondrial DNA polymerase beta, putative	2,36E-10
19	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506235.20	hypothetical protein, conserved	3,09E-10
20	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507993.390	pyruvate kinase 2, putative	3,17E-10
21	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053503419.50	RNA-binding protein RGGm, putative	3,30E-10
22	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510579.70	nascent polypeptide associated complex subunit, putative	3,33E-10
23	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053504017.10	basic transcription factor 3a, putative	3,51E-10



24	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053432787.10	hypothetical protein, conserved (pseudogene)	7,14E-10
25	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053487507.10	tryparedoxin peroxidase, putative cysteine peptidase, putative,cathepsin L-like, putative,major cysteine proteinase, putative,cysteine peptidase, clan CA, family C1, putative	1,14E-09
26	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508595.50	small nuclear ribonucleoprotein, putative	1,43E-09
27	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510531.54	elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha), putative	1,54E-09
28	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510119.9	methylthioadenosine phosphorylase, putative	1,56E-09
29	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508387.20	hypothetical protein, conserved	2,40E-09
30	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053413977.10	elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha), putative	2,41E-09
31	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510119.20	RNA-binding protein, putative	2,65E-09
32	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506211.70	hypothetical protein, conserved	7,32E-09
33	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511661.10	replication factor A, 51kDa subunit, putative	7,60E-09
34	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510901.60	hypothetical protein, conserved	7,97E-09
35	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053509895.20	small nuclear ribonucleoprotein Sm-F, putative	1,07E-08
36	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053509551.64	prostaglandin F2alpha synthase	1,68E-08
37	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508461.80	nucleosome assembly protein, putative	2,59E-08
38	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507031.29	actin, putative	2,68E-08
39	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510127.79	myo-inositol-1-phosphate synthase, putative	2,88E-08
40	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507609.60	40S ribosomal protein S4, putative	4,44E-08
41	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053509683.117	mitochondrial processing peptidase, beta subunit, putative,metallo-peptidase, Clan ME, Family M16, putative	4,74E-08
42	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508301.20	hypothetical protein, conserved	5,49E-08
43	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510397.10	60S ribosomal protein L9, putative	7,14E-08
44	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053504181.10	transitional endoplasmic reticulum ATPase, putative	8,97E-08
45	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053509733.170	heat shock 70 kDa protein, putative	2,08E-07
46	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510439.61	calpain-like cysteine peptidase, putative,cysteine peptidase, Clan CA, family C2, putative	2,41E-07
47	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506563.220		2,76E-07

48	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511627.110	heat shock protein DnaJ, putative	4,67E-07
49	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506983.39	calpain-like cysteine peptidase, putative	4,87E-07
50	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506789.280	methylthioadenosine phosphorylase, putative	5,01E-07
51	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053503841.10	proteasome activator protein PA26, putative	6,71E-07
52	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053504839.50	nucleosome assembly protein-like protein, putative	2,50E-06
53	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506821.100	hypothetical protein, conserved	2,51E-06
54	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506391.10	calmodulin	2,96E-06
55	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053509153.90	dihydrofolate reductase-thymidylate synthase, putative	4,45E-06
56	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511573.40	mitogen-activated protein kinase, putative	5,82E-06
57	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506261.10	fatty acyl CoA synthetase 2, putative	1,06E-05
58	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510965.5	elongation factor 2, putative	1,78E-05
59	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507765.60	40S ribosomal protein S21, putative	2,06E-05
60	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053504839.28	tryparedoxin peroxidase, putative	2,07E-05
61	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511287.4	hypothetical protein	2,42E-05
62	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506933.60	mitochondrial RNA binding protein, putative	2,47E-05
63	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506567.120	hypothetical protein, conserved	2,47E-05
64	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507657.10	glutamamyl carboxypeptidase, putative,metallo-peptidase, clan MH, family M18, putative	2,82E-05
65	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506529.550	cysteine peptidase, putative,cysteine peptidase, clan CA, family C1, cathepsin L-like, putative	4,08E-05
66	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053509733.110	hypothetical protein, conserved	4,41E-05
67	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510795.10	tyrosine aminotransferase	5,82E-05
68	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053503939.80	prolyl-tRNA synthetase, putative,bifunctional aminoacyl-trna synthetase, putative	6,29E-05
69	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506925.480	ribokinase, putative	6,52E-05
70	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053509351.10	delta-1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase, putative	7,25E-05
71	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510407.90	serine hydroxymethyltransferase, putative	8,43E-05
72	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510739.19	cystathione gamma lyase, putative	1,45E-04

73	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507713.30	heat shock protein 85, putative macrophage infectivity potentiator, precursor, putative,PPiase, putative,rotamase, putative,peptidyl- prolylcis-trans isomerase, putative	1,74E-04
74	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508897.110	glycosomal phosphoenolpyruvate carboxykinase, putative	2,22E-04
75	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507547.90	D-isomer specific 2-hydroxyacid dehydrogenase-protein, putative	2,30E-04
76	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506263.20	mucin-associated surface protein (MASP), putative	2,41E-04
77	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511057.60	U2 <i>splicing</i> auxiliary factor, putative	2,66E-04
78	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053503577.20	alkyl-dihydroxyacetone phosphate synthase, putative	3,52E-04
79	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053503815.10	kinetoplastid membrane protein KMP-11	3,66E-04
80	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508413.68	hypothetical protein, conserved	9,33E-04
81	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511903.40	hypothetical protein, conserved	1,60E-03
82	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053509979.20	hypothetical protein, conserved	2,27E-03
83	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510431.220	hypothetical protein, conserved	2,86E-03
84	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053420533.9	dihydrofolate reductase-thymidylate synthase, putative	3,36E-03
85	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507875.10	hypothetical protein, conserved	3,83E-03
86	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507011.150	hypothetical protein, conserved activated protein kinase C receptor, putative,guanine nucleotide-binding protein beta subunit-like protein, putative	3,92E-03
87	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511211.120	quinone oxidoreductase, putative	3,96E-03
88	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510265.10	hypothetical protein, conserved	4,02E-03
89	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506633.30	histidine ammonia-lyase, putative	4,10E-03
90	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506247.220	40S ribosomal protein SA, putative	4,38E-03
91	High	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053442383.9	heat shock protein DnaJ, putative	4,81E-03
1	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511627.110	mitochondrial RNA binding protein, putative	6,66E-15
2	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510509.50	nascent polypeptide associated complex subunit, putative	8,88E-15
3	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510579.70	prostaglandin F synthase, putative,aldo/keto reductase, putative	5,56E-13
4	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511287.49		9,07E-13

5	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053442383.9	40S ribosomal protein SA, putative	5,62E-12
6	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053504105.94	ribosomal protein S25, putative	1,99E-11
7	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508387.20	methylthioadenosine phosphorylase, putative	2,17E-11
8	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510119.20	elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha), putative	2,72E-11
9	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511303.150	hypothetical protein, conserved	3,11E-11
10	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053504017.10	basic transcription factor 3a, putative	8,32E-11
11	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511815.40	hypothetical protein, conserved	9,48E-11
12	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508169.20	elongation factor 2, putative	2,27E-10
13	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506235.20	hypothetical protein, conserved	1,17E-09
14	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508595.50	cysteine peptidase, putative,cathepsin L-like, putative,major cysteine proteinase, putative,cysteine peptidase, clan CA, family C1, putative	1,55E-09
15	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507669.90	hypothetical protein, conserved	3,37E-09
16	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509153.90	dihydrofolate reductase-thymidylate synthase, putative	4,27E-09
17	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053487507.10	tryparedoxin peroxidase, putative	6,97E-09
18	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508827.40	acyl-CoA dehydrogenase, putative	9,90E-09
19	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053411235.9	alpha tubulin, putative	1,62E-08
20	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508731.60	adenylosuccinate synthetase, putative	3,32E-08
21	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510119.9	elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha), putative	5,29E-08
22	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509733.170	transitional endoplasmic reticulum ATPase, putative poly(A)-binding protein, putative,polyadenylate-binding protein, putative	8,77E-08
23	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508461.140	protein, putative	1,12E-07
24	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507241.30	arginine kinase, putative	1,22E-07
25	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053457251.10	3-oxo-5-alpha-steroid 4-dehydrogenase, putative	1,50E-07
26	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506261.10	fatty acyl CoA synthetase 2, putative	1,82E-07
27	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511261.140	60S ribosomal protein L34, putative	1,87E-07
28	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506789.280	methylthioadenosine phosphorylase, putative	3,01E-07

29	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509595.50	ribonuclease II-like protein, putative	3,23E-07
30	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506227.150	protein kinase A regulatory subunit, putative	6,08E-07
31	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510439.61	heat shock 70 kDa protein, putative	1,49E-06
32	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506885.70	polyadenylate-binding protein 1, putative	3,60E-06
33	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506933.60	mitochondrial RNA binding protein, putative	7,04E-06
34	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508301.20	mitochondrial processing peptidase, beta subunit, putative, metallo-peptidase, Clan ME, Family M16, putative	1,37E-05
35	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507765.60	40S ribosomal protein S21, putative	3,35E-05
36	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053432787.10	hypothetical protein, conserved (pseudogene)	3,75E-05
37	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053504839.28	tryparedoxin peroxidase, putative	1,84E-04
38	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511287.4	hypothetical protein	2,16E-04
39	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508041.30	40S ribosomal protein S15a, putative	4,67E-04
40	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509683.80	adenylosuccinate synthetase, putative	1,52E-03
41	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510659.130	hypothetical protein, conserved	1,74E-03
42	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509979.20	hypothetical protein, conserved	2,65E-03
43	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053503801.9	RAD50 DNA repair protein, putative	2,90E-03
44	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509351.10	delta-1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase, putative	3,44E-03
45	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053504069.30	60S ribosomal protein L32, putative	3,77E-03
46	High	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506925.120	eukaryotic initiation factor 5a, putative	3,88E-03
1	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511815.40	hypothetical protein, conserved	8,99E-14
2	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510509.50	mitochondrial RNA binding protein, putative	1,91E-13
3	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509595.50	ribonuclease II-like protein, putative	4,65E-13
4	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510579.70	nascent polypeptide associated complex subunit, putative	3,22E-12
5	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504017.10	basic transcription factor 3a, putative	1,59E-11
6	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504181.10	60S ribosomal protein L9, putative	3,61E-11
7	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508041.30	40S ribosomal protein S15a, putative	4,49E-11
8	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053432787.10	hypothetical protein, conserved (pseudogene)	8,47E-11

9	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506937.10	cytosolic malate dehydrogenase, putative	1,44E-10
10	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511287.49	prostaglandin F synthase, putative,aldo/keto reductase, putative	3,91E-10
11	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508827.40	acyl-CoA dehydrogenase, putative	4,65E-10
12	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506925.120	eukaryotic initiation factor 5a, putative	6,39E-10
13	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508595.50	cysteine peptidase, putative,cathepsin L-like, putative,major family C1, putative	1,57E-09
14	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508169.20	elongation factor 2, putative	2,20E-09
15	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503955.20	mitochondrial DNA polymerase beta, putative	2,83E-09
16	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511627.110	heat shock protein DnaJ, putative	4,22E-09
17	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508731.60	adenylosuccinate synthetase, putative	1,72E-08
18	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508461.140	poly(A)-binding protein, putative,polyadenylate-binding protein, putative	3,21E-08
19	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503815.10	alkyl-dihydroxyacetone phosphate synthase, putative	5,42E-08
20	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509683.117	40S ribosomal protein S4, putative	7,89E-08
21	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508387.20	methylthioadenosine phosphorylase, putative	1,08E-07
22	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507657.10	glutamamyl carboxypeptidase, putative,metallo-peptidase, clan MH, family M18, putative	1,55E-07
23	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506261.10	fatty acyl CoA synthetase 2, putative	1,83E-07
24	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510119.9	elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha), putative	1,87E-07
25	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509551.64	small nuclear ribonucleoprotein Sm-F, putative	2,83E-07
26	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511303.150	hypothetical protein, conserved	5,34E-07
27	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504191.10	sterol 24-c-methyltransferase, putative	5,46E-07
28	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053487507.10	tryparedoxin peroxidase, putative	8,11E-07
29	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053413977.10	hypothetical protein, conserved	8,83E-07
30	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510439.61	heat shock 70 kDa protein, putative	1,25E-06
31	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506821.100	hypothetical protein, conserved	1,38E-06

32	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503719.20	40S ribosomal protein SA, putative	2,11E-06
33	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507765.60	40S ribosomal protein S21, putative	2,36E-06
34	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507093.220	RNA-binding protein, putative	2,81E-06
35	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511661.10	hypothetical protein, conserved	3,26E-06
36	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506235.20	hypothetical protein, conserved	3,66E-06
37	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507521.140	hypothetical protein, conserved	4,27E-06
38	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503419.50	RNA-binding protein RGGm, putative	5,38E-06
39	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507031.29	nucleosome assembly protein, putative	6,46E-06
40	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506337.50	hypothetical protein, conserved	1,16E-05
41	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504105.94	ribosomal protein S25, putative cyclophilin A,PPIase,rotamase,peptidyl-prolyl cis-trans isomerase	1,49E-05
42	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506925.300	tryparedoxin peroxidase, putative	1,80E-05
43	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504839.28	elongation factor 2, putative	4,14E-05
44	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508169.9	hypothetical protein, conserved	4,15E-05
45	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509777.130	replication factor A, 51kDa subunit, putative	4,94E-05
46	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510901.60	60S ribosomal protein L30, putative	9,93E-05
47	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503453.30	hypothetical protein, conserved	1,07E-04
48	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504001.10	tyrosine aminotransferase	1,27E-04
49	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510795.10	mitochondrial processing peptidase, beta subunit, putative,metallo-peptidase, Clan ME, Family M16, putative	1,43E-04
50	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511181.50	RNA-binding protein, putative	1,97E-04
51	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506211.60	alpha tubulin, putative	2,02E-04
52	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053411235.9	mitochondrial processing peptidase, beta subunit, putative,metallo-peptidase, Clan ME, Family M16, putative	2,02E-04
53	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508301.20	3-oxo-5-alpha-steroid 4-dehydrogenase, putative	2,28E-04
54	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053457251.10	fatty acyl CoA syntetase 1, putative	2,38E-04
55	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511579.9	hypothetical protein, conserved	2,96E-04
56	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506247.150		3,26E-04

57	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506789.280	methylthioadenosine phosphorylase, putative	4,35E-04
58	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509733.110	hypothetical protein, conserved	4,50E-04
59	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506355.50	chaperone DnaJ protein, putative	5,40E-04
60	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053418221.4	hypothetical protein, conserved	1,18E-03
61	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053442383.9	40S ribosomal protein SA, putative	1,32E-03
62	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503801.9	RAD50 DNA repair protein, putative	3,51E-03
63	High	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511181.100	60S ribosomal protein L2, putative	3,96E-03
1	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053411235.9	alpha tubulin, putative	3,48E-11
2	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508827.70	40S ribosomal protein S17, putative	4,08E-11
3	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510091.80	pyruvate dehydrogenase E1 beta subunit, putative	4,21E-11
4	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510119.9	elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha), putative	5,63E-11
5	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510663.19	60S ribosomal subunit protein L31, putative	7,55E-11
6	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510509.50	mitochondrial RNA binding protein, putative	2,91E-10
7	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506405.149	ribosomal protein L21E (60S), putative	2,92E-10
8	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510395.10	ATP synthase, alpha chain, mitochondrial precursor, putative	3,21E-10
9	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506337.70	2-oxoglutarate dehydrogenase E1 component, putative	6,29E-10
10	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508299.60	60S ribosomal protein L2, putative	7,78E-10
11	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510797.10	2-oxoglutarate dehydrogenase subunit, putative	1,43E-09
12	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506297.190	pyruvate phosphate dikinase, putative	1,60E-09
13	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506943.50	glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, putative	3,30E-09
14	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506297.150	40S ribosomal protein S5, putative	4,12E-09
15	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503611.20	ribosomal protein L24, putative	4,54E-09
16	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506593.19	ribosomal protein S7, putative	6,02E-09
17	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506563.40	beta tubulin, putative	8,52E-09
18	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506933.60	mitochondrial RNA binding protein, putative	1,05E-08
19	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503793.10	2-oxoglutarate dehydrogenase subunit, putative	1,49E-08
20	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511293.69	glycosomal malate dehydrogenase, putative	1,61E-08



21	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508461.140	poly(A)-binding protein, putative, polyadenylate-binding protein, putative	1,96E-08
22	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053442383.9	40S ribosomal protein SA, putative	1,99E-08
23	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053408345.20	2-oxoglutarate dehydrogenase subunit, putative	3,09E-08
24	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504069.30	60S ribosomal protein L32, putative	3,57E-08
25	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508949.4	elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha), putative	3,58E-08
26	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510089.110	hypothetical protein, conserved	3,65E-08
27	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053409117.20	40S ribosomal protein S14, putative	4,74E-08
28	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509671.80	60S ribosomal protein L5, putative	5,29E-08
29	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507093.220	RNA-binding protein, putative	8,48E-08
30	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504001.10	hypothetical protein, conserved	9,10E-08
31	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506835.70	PAS-domain containing phosphoglycerate kinase, putative	9,81E-08
32	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506679.140	40S ribosomal protein S10, putative	1,00E-07
33	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508185.10	enoyl-CoA hydratase, mitochondrial precursor, putative	1,58E-07
34	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506959.30	ATP-dependent DEAD/H RNA helicase, putative	1,66E-07
35	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510127.79	actin, putative	1,77E-07
36	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510901.60	replication factor A, 51kDa subunit, putative	1,85E-07
37	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503935.20	2-oxoglutarate dehydrogenase, E2 component, dihydrolipoamide succinyltransferase, putative pyruvate dehydrogenase E1 component alpha subunit, putative	2,14E-07
38	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511261.160	putative	2,48E-07
39	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503849.60	NADH-dependent fumarate reductase, putative	2,54E-07
40	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506885.70	polyadenylate-binding protein 1, putative	5,15E-07
41	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511301.110	inosine-5'-monophosphate dehydrogenase, putative	6,21E-07
42	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508799.170	3-methylcrotonoyl-CoA carboxylase beta subunit, putative	6,54E-07
43	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503453.30	60S ribosomal protein L30, putative	6,67E-07
44	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503833.40	40S ribosomal protein S2, putative	7,45E-07
45	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509683.117	40S ribosomal protein S4, putative	8,50E-07

---

46	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503635.59	40S ribosomal protein S3a, putative	8,96E-07
47	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506297.270	60S ribosomal protein L28, putative	1,06E-06
48	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504181.10	60S ribosomal protein L9, putative	1,13E-06
49	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508041.30	40S ribosomal protein S15a, putative	1,25E-06
50	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510877.30	hypothetical protein, conserved	2,59E-06
51	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507617.9	prostaglandin F2alpha synthase	2,81E-06
52	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506493.80	DNA topoisomerase IA, putative	3,49E-06
53	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511515.40	heat shock 70 kDa protein, mitochondrial precursor, putative	3,82E-06
54	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508153.20	dynammin, putative, vacuolar sortin protein 1, putative	4,50E-06
55	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503899.20	40S ribosomal protein S16, putative	4,64E-06
56	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510879.110	ribosomal protein L3, putative	4,78E-06
57	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508951.20	hexokinase, putative	5,08E-06
58	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504069.80	ATP synthase F1 subunit gamma protein, putative	5,09E-06
59	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509793.40	kinetoplast DNA-associated protein, putative	5,39E-06
60	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509747.20	60S ribosomal protein L22, putative	6,25E-06
61	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503449.10	60S ribosomal protein L17, putative	8,60E-06
62	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504121.30	60S ribosomal protein L4, putative	8,60E-06
63	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511189.30	40S ribosomal protein S13, putative	1,28E-05
64	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508349.39	RNA-binding protein, putative	1,30E-05
65	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506025.14	ribosomal protein S29, putative	1,48E-05
66	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504069.56	60S ribosomal protein L37a, putative	1,52E-05
67	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504105.94	ribosomal protein S25, putative	1,58E-05
68	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508461.480	60S ribosomal protein L23, putative	1,66E-05
69	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506679.94	40S ribosomal protein S18, putative	2,17E-05
70	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511727.270	RNA-binding protein, putative	2,25E-05
71	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509233.180	ATPase beta subunit, putative	2,48E-05
72	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503719.20	40S ribosomal protein SA, putative	3,00E-05

---

73	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510877.55	acyl-CoA binding protein, putative	3,05E-05
74	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508153.130	enoyl-CoA hydratase, mitochondrial precursor, putative	3,26E-05
75	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053432677.20	heat shock 70 kDa protein, mitochondrial precursor, putative	3,52E-05
76	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508153.280	60S ribosomal protein L13, putative	3,82E-05
77	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511727.129	ribosomal protein L18, putative	4,12E-05
78	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053413977.10	hypothetical protein, conserved	5,41E-05
79	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511815.40	hypothetical protein, conserved	5,81E-05
80	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506503.69	glycosomal malate dehydrogenase, putative	7,15E-05
81	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506211.60	RNA-binding protein, putative	8,82E-05
82	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511811.10	40S ribosomal protein S15, putative	9,63E-05
83	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509891.10	hypothetical protein, conserved	1,19E-04
84	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511807.110	GMP synthase, putative, glutamine amidotransferase, putative	2,59E-04
85	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507765.60	40S ribosomal protein S21, putative	3,22E-04
86	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504153.360	succinyl-coA:3-ketoacid-coenzyme A transferase, mitochondrial precursor, putative	3,80E-04
87	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508965.39	hypothetical protein, conserved	4,16E-04
88	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508461.500	60S ribosomal protein L27A/L29, putative	6,54E-04
89	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508197.10	60S ribosomal protein L11, putative	7,62E-04
90	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503419.50	RNA-binding protein RGGm, putative	9,40E-04
91	Low	1	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508723.90	hypothetical protein, conserved	9,41E-04
1	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506211.70	RNA-binding protein, putative	1,10E-12
2	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504181.10	60S ribosomal protein L9, putative	1,57E-12
3	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510119.20	elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha), putative	1,64E-12
4	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508949.4	elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha), putative	7,32E-12
5	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510579.70	nascent polypeptide associated complex subunit, putative	9,03E-12
6	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510091.80	pyruvate dehydrogenase E1 beta subunit, putative	1,44E-11

7	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507875.20	glutamate dehydrogenase, putative	1,86E-11
8	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053411235.9	alpha tubulin, putative	2,32E-11
9	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510509.50	mitochondrial RNA binding protein, putative	2,66E-11
10	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511287.49	prostaglandin F synthase, putative,aldo/keto reductase, putative	3,51E-11
11	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506943.50	glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, putative	4,01E-11
12	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511261.160	pyruvate dehydrogenase E1 component alpha subunit, putative	4,72E-11
13	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511293.69	glycosomal malate dehydrogenase, putative	4,87E-11
14	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508413.50	RNA-binding protein, putative	5,04E-11
15	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053434931.10	paraxonemal rod protein PAR2, putative	9,42E-11
16	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509617.20	paraflagellar rod protein 3, putative	1,23E-10
17	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508827.70	40S ribosomal protein S17, putative	2,32E-10
18	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510797.10	2-oxoglutarate dehydrogenase subunit, putative	2,67E-10
19	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506925.120	eukaryotic initiation factor 5a, putative	2,90E-10
20	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506563.40	beta tubulin, putative	4,72E-10
21	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506247.220	histidine ammonia-lyase, putative	6,48E-10
22	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508461.140	poly(A)-binding protein, putative,polyadenylate-binding protein, putative	7,44E-10
23	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506885.70	polyadenylate-binding protein 1, putative	8,23E-10
24	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508951.20	hexokinase, putative	8,51E-10
25	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506297.150	40S ribosomal protein S5, putative	1,00E-09
26	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504163.40	fructose-bisphosphate aldolase, glycosomal, putative	1,01E-09
27	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507831.70	pyruvate dehydrogenase E1 component alpha subunit, putative	1,17E-09
28	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053442383.9	40S ribosomal protein SA, putative	1,20E-09
29	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510089.110	hypothetical protein, conserved	1,95E-09
30	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509683.117	40S ribosomal protein S4, putative	2,19E-09

---

31	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508169.20	elongation factor 2, putative	2,36E-09
32	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506679.140	40S ribosomal protein S10, putative	2,84E-09
33	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510877.30	hypothetical protein, conserved	2,94E-09
34	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510877.55	acyl-CoA binding protein, putative	3,15E-09
35	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053409117.20	40S ribosomal protein S14, putative	3,22E-09
36	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506927.30	hypothetical protein, conserved	4,00E-09
37	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506493.80	DNA topoisomerase IA, putative	4,29E-09
38	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507165.30	hypothetical protein, conserved	4,85E-09
39	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503419.50	RNA-binding protein RGGm, putative	5,49E-09
40	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510119.9	elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha), putative	5,83E-09
41	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503635.59	40S ribosomal protein S3a, putative	6,58E-09
42	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506337.70	2-oxoglutarate dehydrogenase E1 component, putative	7,11E-09
43	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506933.60	mitochondrial RNA binding protein, putative	7,45E-09
44	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053424123.20	hypothetical protein, conserved	7,98E-09
45	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506435.410	uracil phosphoribosyltransferase, putative	1,15E-08
46	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511627.110	heat shock protein DnaJ, putative	1,25E-08
47	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511727.270	RNA-binding protein, putative	1,28E-08
48	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508307.70	hypothetical protein, conserved	1,56E-08
49	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506959.30	ATP-dependent DEAD/H RNA helicase, putative	1,63E-08
50	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506857.20	pyrroline-5-carboxylate reductase, putative	1,66E-08
51	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507547.90	glycosomal phosphoenolpyruvate carboxykinase, putative	1,82E-08
52	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510751.10	ribonuclease, putative	2,55E-08
53	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503793.10	2-oxoglutarate dehydrogenase subunit, putative	2,95E-08
54	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511215.119	69 kDa paraflagellar rod protein, putative	3,68E-08
55	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509671.80	60S ribosomal protein L5, putative	4,02E-08
56	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504163.30	40S ribosomal protein S9, putative	4,05E-08
57	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511811.10	40S ribosomal protein S15, putative	4,20E-08

---

58	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507993.390	pyruvate kinase 2, putative	4,48E-08
59	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504225.20	hypothetical protein, conserved (pseudogene)	5,12E-08
60	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509153.90	dihydrofolate reductase-thymidylate synthase, putative	5,37E-08
61	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509717.20	dihydrolipoamide acetyltransferase precursor, putative	6,24E-08
62	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504021.109	40S ribosomal protein S3, putative	1,05E-07
63	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504001.20	hypothetical protein, conserved	1,06E-07
64	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511815.40	hypothetical protein, conserved	1,15E-07
65	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508299.60	60S ribosomal protein L2, putative	1,52E-07
66	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506297.190	pyruvate phosphate dikinase, putative	2,05E-07
67	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511285.120	ATP-dependent RNA helicase, putative	2,84E-07
68	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507941.120	hypothetical protein, conserved	3,04E-07
69	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511635.10	histone H2B, putative	3,32E-07
70	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506211.60	RNA-binding protein, putative	4,16E-07
71	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508355.330	hypothetical protein, conserved	5,84E-07
72	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506389.79	calmodulin, putative	5,90E-07
73	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506679.94	40S ribosomal protein S18, putative	6,00E-07
74	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507389.70	peptidase, putative, metallo-peptidase, Clan ME, Family M16, putative	8,92E-07
75	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504153.310	heat shock protein, putative	1,17E-06
76	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504105.94	ribosomal protein S25, putative	1,30E-06
77	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503611.20	ribosomal protein L24, putative	1,33E-06
78	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511047.40	NADH-cytochrome B5 reductase, putative	1,69E-06
79	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506821.100	hypothetical protein, conserved	1,81E-06
80	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504013.11	ribosomal protein L13, putative	2,04E-06
81	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506963.14	40S ribosomal protein S27, putative	2,08E-06
82	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504001.10	hypothetical protein, conserved	2,31E-06
83	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509581.5	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	2,72E-06

84	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510679.40	hypothetical protein	3,18E-06
85	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510965.5	elongation factor 2, putative	3,45E-06
86	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503833.40	40S ribosomal protein S2, putative	3,52E-06
87	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504069.20	cytochrome C oxidase subunit VI, putative	5,30E-06
88	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503935.20	2-oxoglutarate dehydrogenase, E2 component, dihydrolipoamide succinyltransferase, putative	6,79E-06
89	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506925.319	isocitrate dehydrogenase, putative	6,86E-06
90	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508827.40	acyl-CoA dehydrogenase, putative	6,94E-06
91	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506297.270	60S ribosomal protein L28, putative	8,42E-06
92	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508197.10	60S ribosomal protein L11, putative	9,06E-06
93	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053457251.10	3-oxo-5-alpha-steroid 4-dehydrogenase, putative	1,05E-05
94	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509167.60	hypothetical protein, conserved	1,10E-05
95	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511367.70	dihydrolipoamide acetyltransferase, putative	1,27E-05
96	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508153.130	enoyl-CoA hydratase, mitochondrial precursor, putative	1,51E-05
97	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508413.68	kinetoplastid membrane protein KMP-11	1,52E-05
98	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503719.20	40S ribosomal protein SA, putative	1,79E-05
99	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053408345.20	2-oxoglutarate dehydrogenase subunit, putative	1,80E-05
100	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509733.110	hypothetical protein, conserved	1,80E-05
101	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509895.10	hypothetical protein, conserved	1,81E-05
102	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506025.14	ribosomal protein S29, putative	1,84E-05
103	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506211.160	ADP,ATP carrier protein 1, mitochondrial precursor, putative,ADP/ATP translocase 1, putative	2,03E-05
104	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504181.20	40S ribosomal protein S23, putative	2,12E-05
105	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503453.30	60S ribosomal protein L30, putative	2,16E-05
106	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504069.56	60S ribosomal protein L37a, putative	2,74E-05
107	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506295.130	prohibitin, putative	2,78E-05
108	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510395.10	ATP synthase, alpha chain, mitochondrial precursor, putative	3,31E-05

---

109	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503643.3	60S ribosomal protein L4, putative	4,03E-05
110	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508349.39	RNA-binding protein, putative	4,36E-05
111	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503789.34	hypothetical protein, conserved	4,85E-05
112	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508737.210	hypothetical protein, conserved	5,38E-05
113	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053408437.20	hypothetical protein, conserved	6,06E-05
114	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507093.220	RNA-binding protein, putative	6,30E-05
115	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510121.20	hexokinase, putative	7,10E-05
116	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504151.69	hypothetical protein, conserved	7,51E-05
117	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506755.20	paraflagellar rod component, putative	7,66E-05
118	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506241.170	40S ribosomal protein S6, putative	1,06E-04
119	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509141.40	hypothetical protein, conserved	1,12E-04
120	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509139.10	hypothetical protein, conserved	1,57E-04
121	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509859.10	hypothetical protein, conserved	1,60E-04
122	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506503.69	glycosomal malate dehydrogenase, putative	1,72E-04
123	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507211.40	inosine-5'-monophosphate dehydrogenase, putative	2,09E-04
124	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508185.10	enoyl-CoA hydratase, mitochondrial precursor, putative	2,19E-04
125	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053432787.10	hypothetical protein, conserved (pseudogene)	2,22E-04
126	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507713.30	heat shock protein 85, putative	2,32E-04
127	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510039.90	60S ribosomal protein L35, putative	2,34E-04
128	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511261.120	pumilio/PUF RNA binding protein 2, putative	3,02E-04
129	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507765.60	40S ribosomal protein S21, putative	3,18E-04
130	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508041.30	40S ribosomal protein S15a, putative	3,35E-04
131	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510397.10	hypothetical protein, conserved	3,44E-04
132	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053410923.20	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	3,57E-04
133	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506885.340	hypothetical protein, conserved	3,91E-04
134	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511003.30	hypothetical protein, conserved	6,55E-04
135	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503801.20	ribosomal protein S26, putative	7,49E-04

---



136	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510543.90	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	7,75E-04
137	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503757.30	hypothetical protein, conserved	9,85E-04
138	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053452475.10	trans-sialidase, putative	9,85E-04
139	Low	2	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506195.110	malate dehydrogenase, putative	9,93E-04
1	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510509.50	mitochondrial RNA binding protein, putative	3,33E-15
2	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508041.30	40S ribosomal protein S15a, putative	2,41E-12
3	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510119.9	elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha), putative	2,43E-12
4	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511287.49	prostaglandin F synthase, putative, aldo/keto reductase, putative	5,51E-12
5	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053411235.9	alpha tubulin, putative	1,36E-11
6	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506885.70	polyadenylate-binding protein 1, putative	1,60E-11
7	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510091.80	pyruvate dehydrogenase E1 beta subunit, putative	1,80E-11
8	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506857.20	pyrroline-5-carboxylate reductase, putative	2,10E-11
9	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508461.140	poly(A)-binding protein, putative, polyadenylate-binding protein, putative	3,35E-11
10	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508827.70	40S ribosomal protein S17, putative	3,59E-11
11	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506295.130	prohibitin, putative	5,35E-11
12	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510663.19	60S ribosomal subunit protein L31, putative	7,32E-11
13	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511811.10	40S ribosomal protein S15, putative	8,76E-11
14	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508879.170	hypothetical protein, conserved	1,55E-10
15	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506297.150	40S ribosomal protein S5, putative	1,76E-10
16	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506933.60	mitochondrial RNA binding protein, putative	1,88E-10
17	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504001.10	hypothetical protein, conserved	2,69E-10
18	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506401.320	60S ribosomal protein L7a, putative	3,22E-10
19	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510877.30	hypothetical protein, conserved	5,90E-10
20	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503793.10	2-oxoglutarate dehydrogenase subunit, putative	7,24E-10
21	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506493.80	DNA topoisomerase IA, putative	7,62E-10

---

22	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511261.160	pyruvate dehydrogenase E1 component alpha subunit, putative	8,19E-10
23	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503719.20	40S ribosomal protein SA, putative	8,40E-10
24	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509683.117	40S ribosomal protein S4, putative	8,96E-10
25	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510797.10	2-oxoglutarate dehydrogenase subunit, putative	9,80E-10
26	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504021.109	40S ribosomal protein S3, putative	1,47E-09
27	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053409117.20	40S ribosomal protein S14, putative	2,05E-09
28	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506337.70	2-oxoglutarate dehydrogenase E1 component, putative	2,64E-09
29	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506563.40	beta tubulin, putative	2,92E-09
30	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508461.480	60S ribosomal protein L23, putative	3,00E-09
31	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507547.90	glycosomal phosphoenolpyruvate carboxykinase, putative	3,72E-09
32	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510105.170	dihydrolipoamide acetyltransferase precursor, putative	3,86E-09
33	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506247.220	histidine ammonia-lyase, putative	4,61E-09
34	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508169.20	elongation factor 2, putative	5,10E-09
35	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508299.60	60S ribosomal protein L2, putative	6,11E-09
36	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511815.40	hypothetical protein, conserved	6,69E-09
37	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511303.60	translation initiation factor, putative	7,55E-09
38	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053442383.9	40S ribosomal protein SA, putative	7,95E-09
39	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506943.50	glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, putative	8,48E-09
40	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510121.20	hexokinase, putative	9,96E-09
41	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504069.30	60S ribosomal protein L32, putative	1,28E-08
42	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506297.190	pyruvate phosphate dikinase, putative	1,28E-08
43	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503643.3	60S ribosomal protein L4, putative	1,38E-08
44	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504121.30	60S ribosomal protein L4, putative	1,91E-08
45	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506241.170	40S ribosomal protein S6, putative	1,94E-08
46	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511189.30	40S ribosomal protein S13, putative	2,58E-08
47	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503611.20	ribosomal protein L24, putative	2,58E-08

---

48	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507555.80	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	2,80E-08
49	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507211.40	inosine-5'-monophosphate dehydrogenase, putative	3,15E-08
50	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503635.59	40S ribosomal protein S3a, putative	3,30E-08
51	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507093.220	RNA-binding protein, putative	4,17E-08
52	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509717.20	dihydrolipoamide acetyltransferase precursor, putative	4,54E-08
53	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506295.100	hypothetical protein, conserved	5,29E-08
54	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506679.140	40S ribosomal protein S10, putative	5,81E-08
55	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506435.410	uracil phosphoribosyltransferase, putative	5,86E-08
56	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504001.20	hypothetical protein, conserved	5,86E-08
57	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510089.110	hypothetical protein, conserved	6,09E-08
58	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509859.10	hypothetical protein, conserved	6,57E-08
59	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509671.80	60S ribosomal protein L5, putative	7,64E-08
60	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508301.20	mitochondrial processing peptidase, beta subunit, putative, metallo-peptidase, Clan ME, Family M16, putative	8,19E-08
61	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510397.10	hypothetical protein, conserved	8,97E-08
62	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507611.10	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	1,52E-07
63	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506593.19	ribosomal protein S7, putative	2,11E-07
64	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508823.120	ribosomal protein S20, putative	2,32E-07
65	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506773.40	3-methylcrotonoyl-CoA carboxylase beta subunit, putative	2,46E-07
66	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509895.10	hypothetical protein, conserved	2,60E-07
67	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510579.80	60S ribosomal protein L10, putative	2,70E-07
68	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509393.20	hypothetical protein, conserved	2,93E-07
69	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504225.20	hypothetical protein, conserved (pseudogene)	3,22E-07
70	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508197.10	60S ribosomal protein L11, putative	3,39E-07
71	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507831.70	pyruvate dehydrogenase E1 component alpha subunit, putative	4,11E-07
72	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504181.10	60S ribosomal protein L9, putative	5,42E-07

---

73	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511727.270	RNA-binding protein, putative	5,54E-07
74	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508153.340	6-phospho-1-fructokinase, putative	5,59E-07
75	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511069.10	40S ribosomal protein S8, putative	5,97E-07
76	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507681.150	40S ribosomal protein S24E, putative	6,94E-07
77	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511261.140	60S ribosomal protein L34, putative	7,26E-07
78	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509233.80	heat shock protein DnaJ, putative	8,40E-07
79	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511139.20	40S ribosomal protein S11, putative	8,48E-07
80	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509831.10	cysteine desulfurase, putative	9,10E-07
81	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503899.80	hypothetical protein, conserved	1,06E-06
82	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508185.10	enoyl-CoA hydratase, mitochondrial precursor, putative eukaryotic translation initiation factor 3 subunit 7-like protein, putative	1,11E-06
83	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506943.160	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	1,14E-06
84	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511011.10	mitochondrial oligo_U binding protein TBRGG1, putative	1,15E-06
85	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507927.20	60S ribosomal protein L28, putative	1,23E-06
86	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506297.270	RNA-binding protein, putative	1,24E-06
87	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506211.70	elongation factor 2, putative	1,38E-06
88	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510965.5	hypothetical protein, conserved	1,42E-06
89	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507967.30	ribosomal protein S26, putative	2,15E-06
90	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503801.20	40S ribosomal protein S16, putative	2,29E-06
91	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503899.20	cytochrome C oxidase subunit VI, putative	2,36E-06
92	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504069.20	hexokinase, putative	2,59E-06
93	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508951.20	RNA-binding protein, putative	3,19E-06
94	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506211.60	60S ribosomal protein L27A/L29, putative	3,22E-06
95	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508461.500	histone H2B, putative	3,51E-06
96	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511635.10	2-oxoglutarate dehydrogenase subunit, putative	4,16E-06
97	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053408345.20	ribosomal protein S25, putative	4,47E-06
98	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504105.94		4,73E-06

---

99	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506755.260	mitochondrial RNA-binding protein 2, putative dihydrolipoamide dehydrogenase, putative, acetoin	5,24E-06
100	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507757.70	dehydrogenase e3 component, putative	5,91E-06
101	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503575.54	hypothetical protein, conserved	6,62E-06
102	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509207.90	pyrroline-5-carboxylate reductase, putative	7,23E-06
103	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506959.30	ATP-dependent DEAD/H RNA helicase, putative	7,34E-06
104	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508737.210	hypothetical protein, conserved	8,13E-06
105	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503935.20	2-oxoglutarate dehydrogenase, E2 component, dihydrolipoamide succinyltransferase, putative	9,79E-06
106	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503453.30	60S ribosomal protein L30, putative	1,13E-05
107	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504181.20	40S ribosomal protein S23, putative	1,24E-05
108	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506181.104	actyltransferase-like protein	1,27E-05
109	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504013.11	ribosomal protein L13, putative	1,42E-05
110	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509721.10	hypothetical protein, conserved	1,51E-05
111	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503833.40	40S ribosomal protein S2, putative	1,68E-05
112	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506503.69	glycosomal malate dehydrogenase, putative	1,76E-05
113	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053399997.10	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	2,20E-05
114	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503449.10	60S ribosomal protein L17, putative	2,34E-05
115	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504163.30	40S ribosomal protein S9, putative	2,66E-05
116	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511301.110	inosine-5'-monophosphate dehydrogenase, putative	2,75E-05
117	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511229.80	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit, putative	2,91E-05
118	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504069.56	60S ribosomal protein L37a, putative	3,73E-05
119	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508689.20	hypothetical protein, conserved	3,94E-05
120	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507519.110	60S ribosomal protein L7, putative	4,54E-05
121	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510679.40	hypothetical protein	5,13E-05
122	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508241.130	hypothetical protein, conserved	5,27E-05
123	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509139.10	hypothetical protein, conserved	5,66E-05

124	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508153.130	enoyl-CoA hydratase, mitochondrial precursor, putative	6,13E-05
125	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511025.110	dihydrolipoyl dehydrogenase, putative	7,73E-05
126	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507089.270	dihydrolipoyl dehydrogenase, putative	8,78E-05
127	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506401.180	hypothetical protein, conserved	9,44E-05
128	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503419.50	RNA-binding protein RGGm, putative	9,64E-05
129	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506963.14	40S ribosomal protein S27, putative	9,81E-05
130	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053504153.360	succinyl-coA:3-ketoacid-coenzyme A transferase, mitochondrial precursor, putative	1,10E-04
131	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053507757.60	dihydrolipoamide dehydrogenase, putative	1,13E-04
132	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510089.200	hypothetical protein, conserved	1,16E-04
133	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508837.130	hypothetical protein, conserved	1,18E-04
134	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506025.14	ribosomal protein S29, putative	1,37E-04
135	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508949.4	elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha), putative	1,50E-04
136	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506679.94	40S ribosomal protein S18, putative	1,54E-04
137	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508413.68	kinetoplastid membrane protein KMP-11	1,75E-04
138	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509915.60	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	1,99E-04
139	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053508307.80	hypothetical protein, conserved	2,14E-04
140	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511111.10	translation initiation factor IF-2, putative	2,18E-04
141	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506405.149	ribosomal protein L21E (60S), putative	2,29E-04
142	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053510879.110	ribosomal protein L3, putative	2,98E-04
143	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053468041.10	hypothetical protein	3,40E-04
144	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511067.20	60S ribosomal protein L26, putative	3,42E-04
145	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053511285.120	ATP-dependent RNA helicase, putative	4,00E-04
146	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053506567.120	hypothetical protein, conserved	4,18E-04
147	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509239.10	fatty acid desaturase, putative	6,43E-04
148	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503781.80	universal minicircle sequence binding protein (UMSBP), zinc finger protein PDZ5	6,51E-04

149	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053509233.180	ATPase beta subunit, putative	7,12E-04
150	Low	3	Epi	Polysomal	Tc00.1047053503697.30	hypothetical protein, conserved	9,33E-04
1	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053511627.110	heat shock protein DnaJ, putative	4,44E-15
2	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053510509.50	mitochondrial RNA binding protein, putative	1,24E-13
3	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053506435.410	uracil phosphoribosyltransferase, putative	6,07E-13
4	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053506885.70	polyadenylate-binding protein 1, putative	2,52E-12
5	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053510431.180	hypothetical protein, conserved	2,80E-12
6	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053503815.10	alkyl-dihydroxyacetone phosphate synthase, putative	6,92E-12
7	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053504191.10	sterol 24-c-methyltransferase, putative	9,62E-12
8	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053503955.20	mitochondrial DNA polymerase beta, putative	1,04E-11
9	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053510119.20	elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha), putative	2,54E-11
10	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053510187.160	developmentally regulated GTP-binding protein, putative	4,16E-11
11	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053507521.140	hypothetical protein, conserved poly(A)-binding protein, putative, polyadenylate-binding protein, putative	6,86E-11
12	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053508461.140	adenylosuccinate synthetase, putative	7,79E-11
13	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053508731.60	nucleosome assembly protein-like protein, putative	1,03E-10
14	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053504839.50	inosine-5'-monophosphate dehydrogenase, putative	1,25E-10
15	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053507211.40	prostaglandin F synthase, putative, aldo/keto reductase, putative	1,25E-10
16	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053511287.49	cystathione gamma lyase, putative	1,53E-10
17	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053510661.250	glycosomal phosphoenolpyruvate carboxykinase, putative	1,65E-10
18	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053507547.90	acyl-CoA dehydrogenase, putative	1,95E-10
19	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053508827.40	mitochondrial processing peptidase, beta subunit, putative, metallo-peptidase, Clan ME, Family M16, putative	2,06E-10
20	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053508301.20	tryparedoxin peroxidase, putative	2,21E-10
21	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053487507.10	replication factor A, 51kDa subunit, putative	2,21E-10
22	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053510901.60	mitochondrial DNA polymerase beta, putative	3,16E-10
23	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053507063.90		

24	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053509695.210	serine carboxypeptidase (CBP1), putative,serine peptidase, clan SC, family S10, putative	7,03E-10
25	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053413977.10	hypothetical protein, conserved	9,88E-10
26	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053511815.40	hypothetical protein, conserved	1,61E-09
27	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053506235.20	hypothetical protein, conserved	1,66E-09
28	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053507867.60	protein phosphatase 1, regulatory subunit, putative	2,23E-09
29	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053506247.220	histidine ammonia-lyase, putative	2,32E-09
30	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053509733.170	transitional endoplasmic reticulum ATPase, putative	2,63E-09
31	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053508169.20	elongation factor 2, putative	2,86E-09
32	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053503719.20	40S ribosomal protein SA, putative	3,12E-09
33	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053506925.120	eukaryotic initiation factor 5a, putative	3,66E-09
34	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053510965.5	elongation factor 2, putative	4,39E-09
35	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053507011.150	hypothetical protein, conserved	6,41E-09
36	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053510579.70	nascent polypeptide associated complex subunit, putative	8,28E-09
37	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053508387.20	methylthioadenosine phosphorylase, putative	1,12E-08
38	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053510119.9	elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha), putative	2,22E-08
39	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053511727.190	hypothetical protein, conserved	2,26E-08
40	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053511515.40	heat shock 70 kDa protein, mitochondrial precursor, putative	2,93E-08
41	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053509331.74	hypothetical protein, conserved	2,97E-08
42	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053509683.117	40S ribosomal protein S4, putative	3,01E-08
43	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053507883.109	mitochondrial malate dehydrogenase, putative	3,49E-08
44	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053511047.40	NADH-cytochrome B5 reductase, putative	3,54E-08
45	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053463451.10	hypothetical protein, conserved	3,61E-08
						cysteine peptidase, putative,cathepsin L-like, putative,major cysteine proteinase, putative,cysteine peptidase, clan CA, family C1, putative	
46	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053508595.50		3,65E-08
47	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053507617.9	prostaglandin F2alpha synthase	3,71E-08



48	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053510943.50	delta-1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase, putative	4,05E-08
49	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053509351.10	delta-1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase, putative	4,11E-08
50	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053506261.10	fatty acyl CoA synthetase 2, putative	4,66E-08
51	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053509153.90	dihydrofolate reductase-thymidylate synthase, putative	5,19E-08
52	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053507609.60	myo-inositol-1-phosphate synthase, putative	6,57E-08
53	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053506943.50	glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, putative	6,87E-08
54	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053506227.150	protein kinase A regulatory subunit, putative	8,30E-08
55	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053510945.70	aspartate aminotransferase, mitochondrial, putative	1,06E-07
56	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053432787.10	hypothetical protein, conserved (pseudogene)	1,06E-07
57	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053506247.150	hypothetical protein, conserved	1,39E-07
58	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053504017.10	basic transcription factor 3a, putative	1,58E-07
59	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053510821.60	ribonucleoprotein p18, mitochondrial precursor, putative	2,45E-07
60	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053507875.20	glutamate dehydrogenase, putative	2,71E-07
61	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053507093.220	RNA-binding protein, putative glutamamyl carboxypeptidase, putative,metallo-peptidase,	4,03E-07
62	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053507657.10	clan MH, family M18, putative	5,74E-07
63	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053506925.319	isocitrate dehydrogenase, putative	6,18E-07
64	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053508299.60	60S ribosomal protein L2, putative	6,92E-07
65	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053510957.9	calpain-like cysteine peptidase, putative	7,25E-07
66	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053506801.80	cysteine peptidase inhibitor,chagasin	7,44E-07
67	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053509879.40	fumarate hydratase, putative	7,66E-07
68	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053511293.69	glycosomal malate dehydrogenase, putative	9,81E-07
69	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053510397.10	hypothetical protein, conserved	1,01E-06
70	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053506679.140	40S ribosomal protein S10, putative	1,49E-06
71	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053506247.10	protein disulfide isomerase, putative	1,79E-06
72	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053507031.29	nucleosome assembly protein, putative	2,60E-06
73	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053509595.50	ribonuclease II-like protein, putative	3,10E-06

74	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053509777.130	hypothetical protein, conserved	3,21E-06
75	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053507611.10	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	3,45E-06
76	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053510679.40	hypothetical protein	3,69E-06
77	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053510739.19	cystathione gamma lyase, putative	3,84E-06
78	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053511727.50	hypothetical protein, conserved	4,04E-06
79	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053506821.100	hypothetical protein, conserved	4,34E-06
80	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053507993.260	hypothetical protein, conserved	4,52E-06
81	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053511579.9	fatty acyl CoA syntetase 1, putative	5,33E-06
82	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053511581.10	fatty acyl CoA synthetase 2, putative	5,38E-06
83	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053508413.50	RNA-binding protein, putative	5,43E-06
84	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053511671.149	sodium/sulphate symporter, putative	7,24E-06
85	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053510821.50	replication Factor A 28 kDa subunit, putative	1,02E-05
86	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053506839.80	phosphoribosylpyrophosphate synthetase, putative N-acetylglucosamine-6-phosphate deacetylase-like protein, putative	1,05E-05
87	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053506341.10	hypothetical protein, conserved	1,08E-05
88	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053510857.30	pyruvate kinase 2, putative	1,32E-05
89	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053507993.390	40S ribosomal protein S5, putative	1,37E-05
90	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053506297.150	heat shock protein 70 (HSP70), putative	1,56E-05
91	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053511211.160	cytidine triphosphate synthase, putative, CTP synthase, putative	2,11E-05
92	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053506479.130	calpain-like cysteine peptidase, putative	2,16E-05
93	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053506983.39	NADH-cytochrome B5 reductase, putative	2,34E-05
94	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053511817.40	hypothetical protein, conserved	3,70E-05
95	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053507081.130	ATPase alpha subunit, putative	3,93E-05
96	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053503617.40	hypothetical protein, conserved	4,07E-05
97	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053510877.30	hypothetical protein, conserved	4,74E-05
98	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053511661.10	hypothetical protein, conserved	5,42E-05

99	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053508949.4	elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha), putative 2-oxoglutarate dehydrogenase, E2 component,	5,50E-05
100	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053503935.20	dihydrolipoamide succinyltransferase, putative	6,16E-05
101	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053508707.200	nucleoside diphosphate kinase, putative	8,34E-05
102	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053508355.330	hypothetical protein, conserved	8,94E-05
103	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053506155.60	aldehyde dehydrogenase, putative	1,09E-04
104	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053506959.30	ATP-dependent DEAD/H RNA helicase, putative	1,20E-04
105	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053510181.9	myo-inositol-1-phosphate synthase, putative	1,29E-04
106	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053506503.69	glycosomal malate dehydrogenase, putative	1,70E-04
107	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053503873.10	cytochrome-B5 reductase, putative	2,20E-04
108	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053503465.49	mitochondrial processing peptidase, beta subunit, putative	2,63E-04
109	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053420533.9	dihydrofolate reductase-thymidylate synthase, putative	3,57E-04
110	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053506821.210	cytochrome-B5 reductase, putative	3,62E-04
111	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053504001.10	hypothetical protein, conserved	3,96E-04
112	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053506755.260	mitochondrial RNA-binding protein 2, putative	4,21E-04
113	Low	1	Epi	Postpol	Tc00.1047053507713.30	heat shock protein 85, putative	8,99E-04
1	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506297.150	40S ribosomal protein S5, putative	1,00E-30
2	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053510509.50	mitochondrial RNA binding protein, putative mitochondrial processing peptidase, beta subunit,	1,11E-15
3	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053508301.20	putative,metallo-peptidase, Clan ME, Family M16, putative	2,65E-13
4	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053508827.70	40S ribosomal protein S17, putative	3,38E-13
5	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053510579.70	nascent polypeptide associated complex subunit, putative	2,09E-12
6	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053508387.20	methylthioadenosine phosphorylase, putative	2,24E-12
7	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053508169.20	elongation factor 2, putative	9,21E-12
8	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053511293.69	glycosomal malate dehydrogenase, putative	1,01E-11
9	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053509595.50	ribonuclease II-like protein, putative	1,46E-11
10	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053510901.60	replication factor A, 51kDa subunit, putative	1,87E-11

11	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053504163.40	fructose-bisphosphate aldolase, glycosomal, putative	2,05E-11
12	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053510119.9	elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha), putative prostaglandin F synthase, putative,aldo/keto reductase, putative	2,40E-11
13	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053511287.49	hypothetical protein, conserved	2,73E-11
14	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053413977.10	protein kinase A regulatory subunit, putative	4,11E-11
15	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506227.150	tryparedoxin peroxidase, putative	4,72E-11
16	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053487507.10	mitochondrial DNA polymerase beta, putative	8,66E-11
17	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053503955.20	sterol 24-c-methyltransferase, putative	1,24E-10
18	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053504191.10	acyl-CoA dehydrogenase, putative	1,59E-10
19	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053508827.40	histidine ammonia-lyase, putative	1,79E-10
20	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506247.220	nucleosome assembly protein-like protein, putative	2,03E-10
21	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053504839.50	heat shock protein 70 (HSP70), putative	2,15E-10
22	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053511211.160	hypothetical protein, conserved	2,49E-10
23	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053510397.10	adenylosuccinate synthetase, putative	2,83E-10
24	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053508731.60	nucleosome assembly protein, putative	2,98E-10
25	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053507031.29	ribonucleoprotein p18, mitochondrial precursor, putative	3,16E-10
26	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053510821.60	heat shock protein DnaJ, putative	3,22E-10
27	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053511627.110	hypothetical protein, conserved	5,62E-10
28	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506235.20	aspartate aminotransferase, mitochondrial, putative	5,63E-10
29	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053510945.70	mitochondrial malate dehydrogenase, putative	6,00E-10
30	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053507883.109	hypothetical protein, conserved (pseudogene)	6,06E-10
31	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053432787.10	glycosomal phosphoenolpyruvate carboxykinase, putative	6,74E-10
32	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053507547.90	developmentally regulated GTP-binding protein, putative	9,27E-10
33	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053510187.160	uracil phosphoribosyltransferase, putative	1,45E-09
34	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506435.410	elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha), putative	1,54E-09
35	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053510119.20	hypothetical protein, conserved	1,63E-09
36	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053507993.260		1,98E-09

37	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053510943.50	delta-1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase, putative isopentenyl-diphosphate delta-isomerase,	2,10E-09
38	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053510431.10	putative,isomerase, putative	2,11E-09
39	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506261.10	fatty acyl CoA synthetase 2, putative	2,59E-09
40	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053507875.20	glutamate dehydrogenase, putative	3,16E-09
41	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053511817.40	NADH-cytochrome B5 reductase, putative apurinic/aprimidinic endonuclease,APE1/exoIII-related	5,68E-09
42	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053509901.170	apurinic/aprimidinic endonuclease	6,06E-09
43	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506925.120	eukaryotic initiation factor 5a, putative	6,23E-09
44	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053510661.250	cystathione gamma lyase, putative	8,23E-09
45	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053508413.50	RNA-binding protein, putative	9,25E-09
46	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053508951.20	hexokinase, putative	9,41E-09
47	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053503815.10	alkyl-dihydroxyacetone phosphate synthase, putative	1,32E-08
48	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053509153.90	dihydrofolate reductase-thymidylate synthase, putative	1,55E-08
49	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053507021.110	hypothetical protein, conserved	1,77E-08
50	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053511815.40	hypothetical protein, conserved	2,63E-08
51	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053503873.10	cytochrome-B5 reductase, putative poly(A)-binding protein, putative,polyadenylate-binding protein, putative	3,04E-08
52	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053508461.140	delta-1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase, putative	3,28E-08
53	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053509351.10	phosphoribosylpyrophosphate synthetase, putative	3,84E-08
54	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053503777.19	2-oxoglutarate dehydrogenase subunit, putative	4,05E-08
55	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053510797.10	2-oxoglutarate dehydrogenase subunit, putative	4,64E-08
56	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053509683.117	40S ribosomal protein S4, putative	4,92E-08
57	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053510407.90	serine hydroxymethyltransferase, putative	4,93E-08
58	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053507609.60	myo-inositol-1-phosphate synthase, putative	5,13E-08
59	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506503.69	glycosomal malate dehydrogenase, putative	6,20E-08
60	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506795.90	hypothetical protein, conserved	6,58E-08
61	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053508041.30	40S ribosomal protein S15a, putative	6,94E-08

62	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053503793.10	2-oxoglutarate dehydrogenase subunit, putative	7,09E-08
63	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053510877.30	hypothetical protein, conserved	7,20E-08
64	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053507657.10	glutamamyl carboxypeptidase, putative,metallo-peptidase, clan MH, family M18, putative	7,55E-08
65	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053508173.160	hypothetical protein, conserved	9,21E-08
66	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506593.19	ribosomal protein S7, putative	1,23E-07
67	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506563.220	calpain-like cysteine peptidase, putative,cysteine peptidase, Clan CA, family C2, putative	1,25E-07
68	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053507211.40	inosine-5'-monophosphate dehydrogenase, putative cysteine peptidase, putative,cathepsin L-like, putative,major cysteine proteinase, putative,cysteine peptidase, clan CA,	1,30E-07
69	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053508595.50	family C1, putative prostaglandin F2alpha synthase,dehydrogenase, putative,NADH:flavin oxidoreductase/NADH oxidase, putative	1,32E-07
70	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506147.9	putative	1,38E-07
71	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053510965.5	elongation factor 2, putative	1,49E-07
72	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053508707.200	nucleoside diphosphate kinase, putative	1,52E-07
73	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053509733.170	transitional endoplasmic reticulum ATPase, putative	2,27E-07
74	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506789.280	methylthioadenosine phosphorylase, putative	2,43E-07
75	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053511579.9	fatty acyl CoA syntetase 1, putative	2,85E-07
76	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053510739.19	cystathione gamma lyase, putative	2,92E-07
77	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053511391.120	glutamamyl carboxypeptidase, putative,metallo-peptidase, clan MH, family M18, putative	3,19E-07
78	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053511727.190	hypothetical protein, conserved	3,90E-07
79	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053509879.40	fumarate hydratase, putative	4,48E-07
80	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053511903.40	hypothetical protein, conserved	4,51E-07
81	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053504181.10	60S ribosomal protein L9, putative	4,85E-07
82	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506357.50	alcohol dehydrogenase, putative	6,38E-07

83	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053510957.9	calpain-like cysteine peptidase, putative	6,70E-07
84	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053511515.40	heat shock 70 kDa protein, mitochondrial precursor, putative	6,87E-07
85	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053510105.230	glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, cytosolic, putative	7,43E-07
86	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053508355.330	hypothetical protein, conserved	7,46E-07
87	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053507093.220	RNA-binding protein, putative	7,60E-07
88	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053508299.60	60S ribosomal protein L2, putative	7,71E-07
89	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053509777.130	hypothetical protein, conserved	1,09E-06
90	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053504017.10	basic transcription factor 3a, putative	1,21E-06
91	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506821.100	hypothetical protein, conserved	1,34E-06
92	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506247.150	hypothetical protein, conserved	1,61E-06
93	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506925.319	isocitrate dehydrogenase, putative	1,62E-06
94	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506943.50	glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, putative	1,73E-06
95	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053510181.9	myo-inositol-1-phosphate synthase, putative	1,85E-06
96	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506885.70	polyadenylate-binding protein 1, putative	2,02E-06
97	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506295.160	2-oxoisovalerate dehydrogenase beta subunit, mitochondrial precursor, putative	2,18E-06
98	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053507617.9	prostaglandin F2alpha synthase	2,87E-06
99	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053510877.55	acyl-CoA binding protein, putative	4,41E-06
100	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053507913.39	glutaminyI-tRNA synthetase, putative	5,46E-06
101	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053510299.10	hypothetical protein, conserved	6,31E-06
102	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053508175.180	hypothetical protein, conserved	7,10E-06
103	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506821.210	cytochrome-B5 reductase, putative	8,87E-06
104	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053503935.20	2-oxoglutarate dehydrogenase, E2 component, dihydrolipoamide succinyltransferase, putative	1,04E-05
105	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053511807.284	carnitine O-palmitoyltransferase II, putative	1,10E-05
106	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053510821.50	replication Factor A 28 kDa subunit, putative	1,44E-05
107	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053503449.10	60S ribosomal protein L17, putative	1,46E-05

108	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053504099.10	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	1,53E-05
109	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053511047.40	NADH-cytochrome B5 reductase, putative	1,83E-05
110	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053504839.28	tryparedoxin peroxidase, putative	2,76E-05
111	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053442383.9	40S ribosomal protein SA, putative	2,82E-05
112	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506983.39	calpain-like cysteine peptidase, putative	2,97E-05
113	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053511581.10	fatty acyl CoA synthetase 2, putative	3,99E-05
114	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506839.80	phosphoribosylpyrophosphate synthetase, putative	4,00E-05
115	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053503719.20	40S ribosomal protein SA, putative	4,18E-05
116	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506247.210	hypothetical protein, conserved	5,19E-05
117	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053511661.10	hypothetical protein, conserved	5,24E-05
118	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053420533.9	dihydrofolate reductase-thymidylate synthase, putative	6,30E-05
119	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506297.190	pyruvate phosphate dikinase, putative	6,41E-05
120	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053503465.49	mitochondrial processing peptidase, beta subunit, putative	6,64E-05
121	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053507765.60	40S ribosomal protein S21, putative	8,66E-05
122	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053511303.150	hypothetical protein, conserved	1,02E-04
123	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506529.550	cysteine peptidase, putative, cysteine peptidase, clan CA, family C1, cathepsin L-like, putative	1,14E-04
124	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053503617.40	ATPase alpha subunit, putative	1,15E-04
125	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053508277.160	glutaminyl-tRNA synthetase, putative	1,30E-04
126	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053510039.90	60S ribosomal protein L35, putative	1,53E-04
127	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053503747.10	tyrosine aminotransferase, putative	1,84E-04
128	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053504251.30	hypothetical protein, conserved	1,85E-04
129	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506801.80	cysteine peptidase inhibitor, chagasin	1,86E-04
130	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053507993.390	pyruvate kinase 2, putative	2,37E-04
131	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506341.10	N-acetylglucosamine-6-phosphate deacetylase-like protein, putative	2,76E-04
132	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053508731.40	hypothetical protein, conserved	2,85E-04



133	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053504575.15	ubiquinol-cytochrome-C-reductase, putative	3,04E-04
134	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053509979.20	hypothetical protein, conserved	3,52E-04
135	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053503453.30	60S ribosomal protein L30, putative	3,58E-04
136	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053509683.80	adenylosuccinate synthetase, putative	3,60E-04
137	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053504153.290	hypothetical protein, conserved	4,21E-04
138	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053510531.54	small nuclear ribonucleoprotein, putative	4,38E-04
139	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053510795.10	tyrosine aminotransferase	4,47E-04
140	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506883.50	hypothetical protein, conserved	4,95E-04
141	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506679.140	40S ribosomal protein S10, putative	5,15E-04
142	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506355.10	hexose transporter, putative	7,02E-04
143	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506263.10	D-isomer specific 2-hydroxyacid dehydrogenase-protein, putative	8,20E-04
144	Low	2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506673.69	hypothetical protein, conserved	9,47E-04
1	Low	3	Epi	Postpol	Tc00.1047053506625.60	inositol 5-phosphatase 1, putative	1,89E-14
2	Low	3	Epi	Postpol	Tc00.1047053510509.50	mitochondrial RNA binding protein, putative	2,16E-13
3	Low	3	Epi	Postpol	Tc00.1047053413977.10	hypothetical protein, conserved	2,43E-13
4	Low	3	Epi	Postpol	Tc00.1047053511903.40	hypothetical protein, conserved	3,59E-13
5	Low	3,4	Epi	Postpol	Tc00.1047053504191.10	sterol 24-c-methyltransferase, putative	9,54E-13
6	Low	3,6	Epi	Postpol	Tc00.1047053510945.70	aspartate aminotransferase, mitochondrial, putative	1,98E-12
7	Low	3,8	Epi	Postpol	Tc00.1047053506227.150	protein kinase A regulatory subunit, putative	4,15E-12
8	Low	4	Epi	Postpol	Tc00.1047053508041.30	40S ribosomal protein S15a, putative	4,70E-12
9	Low	4,2	Epi	Postpol	Tc00.1047053511287.49	prostaglandin F synthase, putative, aldo/keto reductase, putative	6,24E-12
10	Low	4,4	Epi	Postpol	Tc00.1047053506235.20	hypothetical protein, conserved	1,08E-11
11	Low	4,6	Epi	Postpol	Tc00.1047053511211.160	heat shock protein 70 (HSP70), putative	1,29E-11
12	Low	4,8	Epi	Postpol	Tc00.1047053508827.40	acyl-CoA dehydrogenase, putative	1,30E-11
13	Low	5	Epi	Postpol	Tc00.1047053508731.60	adenylosuccinate synthetase, putative	1,97E-11

14	Low	5,2	Epi	Postpol	Tc00.1047053504163.40	fructose-bisphosphate aldolase, glycosomal, putative	2,72E-11
15	Low	5,4	Epi	Postpol	Tc00.1047053510579.70	nascent polypeptide associated complex subunit, putative	3,04E-11
16	Low	5,6	Epi	Postpol	Tc00.1047053508707.200	nucleoside diphosphate kinase, putative	4,71E-11
17	Low	5,8	Epi	Postpol	Tc00.1047053432787.10	hypothetical protein, conserved (pseudogene)	4,72E-11
18	Low	6	Epi	Postpol	Tc00.1047053508537.10	glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, cytosolic, putative	5,93E-11
19	Low	6,2	Epi	Postpol	Tc00.1047053510647.30	tryptophanyl-tRNA synthetase, putative	6,41E-11
20	Low	6,4	Epi	Postpol	Tc00.1047053508301.20	mitochondrial processing peptidase, beta subunit, putative, metallo-peptidase, Clan ME, Family M16, putative	1,51E-10
21	Low	6,6	Epi	Postpol	Tc00.1047053509717.80	glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, cytosolic, putative	1,64E-10
22	Low	6,8	Epi	Postpol	Tc00.1047053503955.20	mitochondrial DNA polymerase beta, putative	1,74E-10
23	Low	7	Epi	Postpol	Tc00.1047053506247.220	histidine ammonia-lyase, putative	1,92E-10
24	Low	7,2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506679.140	40S ribosomal protein S10, putative	2,36E-10
25	Low	7,4	Epi	Postpol	Tc00.1047053508387.20	methylthioadenosine phosphorylase, putative	2,37E-10
26	Low	7,6	Epi	Postpol	Tc00.1047053511293.69	glycosomal malate dehydrogenase, putative	2,79E-10
27	Low	7,8	Epi	Postpol	Tc00.1047053507875.20	glutamate dehydrogenase, putative	3,01E-10
28	Low	8	Epi	Postpol	Tc00.1047053503841.10	proteasome activator protein PA26, putative	3,37E-10
29	Low	8,2	Epi	Postpol	Tc00.1047053510943.50	delta-1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase, putative	3,78E-10
30	Low	8,4	Epi	Postpol	Tc00.1047053506261.10	fatty acyl CoA synthetase 2, putative	3,85E-10
31	Low	8,6	Epi	Postpol	Tc00.1047053510119.9	elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha), putative	4,26E-10
32	Low	8,8	Epi	Postpol	Tc00.1047053508277.160	glutaminyl-tRNA synthetase, putative	6,26E-10
33	Low	9	Epi	Postpol	Tc00.1047053511815.40	hypothetical protein, conserved	1,20E-09
34	Low	9,2	Epi	Postpol	Tc00.1047053510119.20	elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha), putative	2,25E-09
35	Low	9,4	Epi	Postpol	Tc00.1047053507547.90	glycosomal phosphoenolpyruvate carboxykinase, putative	2,53E-09
36	Low	9,6	Epi	Postpol	Tc00.1047053506925.120	eukaryotic initiation factor 5a, putative	3,88E-09
37	Low	9,8	Epi	Postpol	Tc00.1047053510877.30	hypothetical protein, conserved	5,48E-09
38	Low	10	Epi	Postpol	Tc00.1047053508169.20	elongation factor 2, putative	5,66E-09

39	Low	10,2	Epi	Postpol	Tc00.1047053510661.250	cystathione gamma lyase, putative	6,54E-09
40	Low	10,4	Epi	Postpol	Tc00.1047053503625.10	asparagine synthetase A, putative	6,56E-09
41	Low	10,6	Epi	Postpol	Tc00.1047053507609.60	myo-inositol-1-phosphate synthase, putative	7,91E-09
42	Low	10,8	Epi	Postpol	Tc00.1047053509879.40	fumarate hydratase, putative	9,18E-09
43	Low	11	Epi	Postpol	Tc00.1047053487507.10	tryparedoxin peroxidase, putative	9,21E-09
44	Low	11,2	Epi	Postpol	Tc00.1047053507913.39	glutaminyl-tRNA synthetase, putative	1,20E-08
45	Low	11,4	Epi	Postpol	Tc00.1047053507993.260	hypothetical protein, conserved	1,55E-08
46	Low	11,6	Epi	Postpol	Tc00.1047053509733.170	transitional endoplasmic reticulum ATPase, putative	1,58E-08
47	Low	11,8	Epi	Postpol	Tc00.1047053506789.280	methylthioadenosine phosphorylase, putative	1,94E-08
48	Low	12	Epi	Postpol	Tc00.1047053510105.230	glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, cytosolic, putative	2,16E-08
49	Low	12,2	Epi	Postpol	Tc00.1047053508951.20	hexokinase, putative	2,30E-08
50	Low	12,4	Epi	Postpol	Tc00.1047053510965.5	elongation factor 2, putative	2,58E-08
51	Low	12,6	Epi	Postpol	Tc00.1047053503815.10	alkyl-dihydroxyacetone phosphate synthase, putative	2,85E-08
52	Low	12,8	Epi	Postpol	Tc00.1047053510397.10	hypothetical protein, conserved	3,45E-08
53	Low	13	Epi	Postpol	Tc00.1047053509901.170	apurinic/aprimidinic endonuclease,APE1/exoIII-related	3,76E-08
54	Low	13,2	Epi	Postpol	Tc00.1047053511727.50	hypothetical protein, conserved	3,84E-08
55	Low	13,4	Epi	Postpol	Tc00.1047053508595.50	cysteine peptidase, putative,cathepsin L-like, putative,major cysteine proteinase, putative,cysteine peptidase, clan CA, family C1, putative	4,39E-08
56	Low	13,6	Epi	Postpol	Tc00.1047053507657.10	glutamamyl carboxypeptidase, putative,metallo-peptidase, clan MH, family M18, putative	4,39E-08
57	Low	13,8	Epi	Postpol	Tc00.1047053511391.120	glutamamyl carboxypeptidase, putative,metallo-peptidase, clan MH, family M18, putative	4,48E-08
58	Low	14	Epi	Postpol	Tc00.1047053506821.100	hypothetical protein, conserved	5,30E-08
59	Low	14,2	Epi	Postpol	Tc00.1047053509683.117	40S ribosomal protein S4, putative	5,95E-08
60	Low	14,4	Epi	Postpol	Tc00.1047053503613.60	acidocalcisomal pyrophosphatase, putative	8,00E-08

61	Low	14,6	Epi	Postpol	Tc00.1047053510299.10	hypothetical protein, conserved	9,41E-08
62	Low	14,8	Epi	Postpol	Tc00.1047053507521.140	hypothetical protein, conserved	1,98E-07
63	Low	15	Epi	Postpol	Tc00.1047053507883.109	mitochondrial malate dehydrogenase, putative cysteine peptidase, putative,cysteine peptidase, clan CA,	2,25E-07
64	Low	15,2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506529.550	family C1, cathepsin L-like, putative	2,78E-07
65	Low	15,4	Epi	Postpol	Tc00.1047053508173.160	hypothetical protein, conserved	3,24E-07
66	Low	15,6	Epi	Postpol	Tc00.1047053505183.30	malic enzyme, putative serine carboxypeptidase (CBP1), putative,serine peptidase,	3,60E-07
67	Low	15,8	Epi	Postpol	Tc00.1047053509695.210	clan SC, family S10, putative	4,63E-07
68	Low	16	Epi	Postpol	Tc00.1047053511581.10	fatty acyl CoA synthetase 2, putative	5,33E-07
69	Low	16,2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506801.80	cysteine peptidase inhibitor,chagasin	6,24E-07
70	Low	16,4	Epi	Postpol	Tc00.1047053510431.180	hypothetical protein, conserved	6,84E-07
71	Low	16,6	Epi	Postpol	Tc00.1047053509595.50	ribonuclease II-like protein, putative	9,50E-07
72	Low	16,8	Epi	Postpol	Tc00.1047053510531.54	small nuclear ribonucleoprotein, putative	1,20E-06
73	Low	17	Epi	Postpol	Tc00.1047053506795.90	hypothetical protein, conserved calpain-like cysteine peptidase, putative,cysteine peptidase,	1,23E-06
74	Low	17,2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506563.220	Clan CA, family C2, putative	1,25E-06
75	Low	17,4	Epi	Postpol	Tc00.1047053508355.330	hypothetical protein, conserved 2-oxoglutarate dehydrogenase, E2 component,	1,27E-06
76	Low	17,6	Epi	Postpol	Tc00.1047053503935.20	dihydrolipoamide succinyltransferase, putative	1,80E-06
77	Low	17,8	Epi	Postpol	Tc00.1047053506839.80	phosphoribosylpyrophosphate synthetase, putative	2,19E-06
78	Low	18	Epi	Postpol	Tc00.1047053506503.69	glycosomal malate dehydrogenase, putative N-acetylglucosamine-6-phosphate deacetylase-like protein,	2,61E-06
79	Low	18,2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506507.10	putative	2,71E-06
80	Low	18,4	Epi	Postpol	Tc00.1047053507031.29	nucleosome assembly protein, putative	2,87E-06
81	Low	18,6	Epi	Postpol	Tc00.1047053508413.50	RNA-binding protein, putative	2,92E-06
82	Low	18,8	Epi	Postpol	Tc00.1047053506925.319	isocitrate dehydrogenase, putative	4,26E-06
83	Low	19	Epi	Postpol	Tc00.1047053511181.50	mitochondrial processing peptidase, beta subunit,	4,49E-06

						putative,metallo-peptidase, Clan ME, Family M16, putative	
84	Low	19,2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506943.50	glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, putative	4,84E-06
85	Low	19,4	Epi	Postpol	Tc00.1047053511579.9	fatty acyl CoA syntetase 1, putative	5,75E-06
86	Low	19,6	Epi	Postpol	Tc00.1047053506167.40	proteasome alpha 1 subunit, putative	8,08E-06
87	Low	19,8	Epi	Postpol	Tc00.1047053504251.30	hypothetical protein, conserved	8,74E-06
88	Low	20	Epi	Postpol	Tc00.1047053506301.40	hypothetical protein, conserved	9,37E-06
89	Low	20,2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506525.80	N-myristoyl transferase, putative	9,52E-06
90	Low	20,4	Epi	Postpol	Tc00.1047053503577.20	U2 <i>splicing</i> auxiliary factor, putative	9,62E-06
91	Low	20,6	Epi	Postpol	Tc00.1047053509351.10	delta-1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase, putative	9,86E-06
92	Low	20,8	Epi	Postpol	Tc00.1047053507915.5	glutaminyl-tRNA synthetase, putative	1,45E-05
93	Low	21	Epi	Postpol	Tc00.1047053506211.60	RNA-binding protein, putative	1,72E-05
94	Low	21,2	Epi	Postpol	Tc00.1047053503465.49	mitochondrial processing peptidase, beta subunit, putative	2,04E-05
95	Low	21,4	Epi	Postpol	Tc00.1047053511661.10	hypothetical protein, conserved	2,30E-05
96	Low	21,6	Epi	Postpol	Tc00.1047053506883.50	hypothetical protein, conserved	2,98E-05
						aminoacylase, putative,N-acyl-L-amino acid amidohydrolase, putative	
97	Low	21,8	Epi	Postpol	Tc00.1047053506363.70		3,17E-05
98	Low	22	Epi	Postpol	Tc00.1047053510187.160	developmentally regulated GTP-binding protein, putative	3,50E-05
99	Low	22,2	Epi	Postpol	Tc00.1047053510609.20	hypothetical protein, conserved	3,65E-05
100	Low	22,4	Epi	Postpol	Tc00.1047053507617.9	prostaglandin F2alpha synthase	4,20E-05
						D-isomer specific 2-hydroxyacid dehydrogenase-protein, putative	
101	Low	22,6	Epi	Postpol	Tc00.1047053506263.10		4,90E-05
102	Low	22,8	Epi	Postpol	Tc00.1047053510739.19	cystathione gamma lyase, putative	5,58E-05
103	Low	23	Epi	Postpol	Tc00.1047053506211.70	RNA-binding protein, putative	5,62E-05
104	Low	23,2	Epi	Postpol	Tc00.1047053504839.28	tryparedoxin peroxidase, putative	7,97E-05
105	Low	23,4	Epi	Postpol	Tc00.1047053509153.90	dihydrofolate reductase-thymidylate synthase, putative	1,00E-04
106	Low	23,6	Epi	Postpol	Tc00.1047053506355.50	chaperone DnaJ protein, putative	1,45E-04
107	Low	23,8	Epi	Postpol	Tc00.1047053508881.140	hypothetical protein	1,48E-04

108	Low	24	Epi	Postpol	Tc00.1047053510265.10	quinone oxidoreductase, putative	1,58E-04
109	Low	24,2	Epi	Postpol	Tc00.1047053506341.10	N-acetylglucosamine-6-phosphate deacetylase-like protein, putative	1,85E-04
110	Low	24,4	Epi	Postpol	Tc00.1047053507649.70	nucleolar RNA-binding protein, putative	1,97E-04
111	Low	24,6	Epi	Postpol	Tc00.1047053508175.180	hypothetical protein, conserved	2,57E-04
112	Low	24,8	Epi	Postpol	Tc00.1047053508949.4	elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha), putative	2,88E-04
113	Low	25	Epi	Postpol	Tc00.1047053504147.70	hypothetical protein, conserved	2,97E-04
114	Low	25,2	Epi	Postpol	Tc00.1047053503419.30	thiol-dependent reductase 1, putative, thiol transferase, putative, glutathione S-transferase, putative	3,17E-04
115	Low	25,4	Epi	Postpol	Tc00.1047053510181.9	myo-inositol-1-phosphate synthase, putative	3,95E-04
116	Low	25,6	Epi	Postpol	Tc00.1047053510329.270	fumarate hydratase, putative	4,55E-04
117	Low	25,8	Epi	Postpol	Tc00.1047053504017.10	basic transcription factor 3a, putative	4,89E-04
118	Low	26	Epi	Postpol	Tc00.1047053504149.160	phosphoinositide-specific phospholipase C, putative	4,99E-04
119	Low	26,2	Epi	Postpol	Tc00.1047053507713.30	heat shock protein 85, putative	5,73E-04
120	Low	26,4	Epi	Postpol	Tc00.1047053509105.70	thiol-dependent reductase 1, putative, thiol transferase, putative, glutathione S-transferase, putative	5,96E-04
121	Low	26,6	Epi	Postpol	Tc00.1047053507011.30	hypothetical protein, conserved	6,44E-04
122	Low	26,8	Epi	Postpol	Tc00.1047053503903.50	hypothetical protein, conserved	7,03E-04
123	Low	27	Epi	Postpol	Tc00.1047053508461.140	poly(A)-binding protein, putative, polyadenylate-binding protein, putative	7,90E-04
1	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508827.70	40S ribosomal protein S17, putative	1,00E-30
2	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506297.150	40S ribosomal protein S5, putative	6,33E-14
3	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504181.10	60S ribosomal protein L9, putative	1,09E-13
4	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504163.30	40S ribosomal protein S9, putative	1,98E-13
5	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508301.20	mitochondrial processing peptidase, beta subunit, putative, metallo-peptidase, Clan ME, Family M16, putative	3,15E-13
6	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510121.20	hexokinase, putative	4,06E-13
7	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503577.20	U2 <i>splicing</i> auxiliary factor, putative	4,41E-13

8	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510663.19	60S ribosomal subunit protein L31, putative	5,12E-13
9	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508951.20	hexokinase, putative	7,59E-13
10	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508041.30	40S ribosomal protein S15a, putative	1,03E-12
11	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510797.10	2-oxoglutarate dehydrogenase subunit, putative	2,87E-12
12	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509859.10	hypothetical protein, conserved	2,96E-12
13	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511811.10	40S ribosomal protein S15, putative	3,38E-12
14	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510091.80	pyruvate dehydrogenase E1 beta subunit, putative	4,27E-12
15	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053467287.30	ATPase beta subunit, putative	7,79E-12
16	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053442383.9	40S ribosomal protein SA, putative	1,04E-11
17	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503419.50	RNA-binding protein RGGm, putative	1,14E-11
18	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506563.40	beta tubulin, putative	1,69E-11
19	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511261.160	pyruvate dehydrogenase E1 component alpha subunit, putative	1,95E-11
20	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510509.50	mitochondrial RNA binding protein, putative	2,24E-11
21	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504163.40	fructose-bisphosphate aldolase, glycosomal, putative	2,72E-11
22	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510395.10	ATP synthase, alpha chain, mitochondrial precursor, putative	4,70E-11
23	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503719.20	40S ribosomal protein SA, putative	4,74E-11
24	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503833.40	40S ribosomal protein S2, putative	5,59E-11
25	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506857.20	pyrroline-5-carboxylate reductase, putative	5,82E-11
26	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506295.130	prohibitin, putative	6,54E-11
27	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504929.10	casein kinase, delta isoform, putative	9,40E-11
28	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509233.180	ATPase beta subunit, putative	9,86E-11
29	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506247.220	histidine ammonia-lyase, putative	1,15E-10
30	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053408345.20	2-oxoglutarate dehydrogenase subunit, putative	1,17E-10
31	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510119.9	elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha), putative	1,21E-10
32	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508949.4	elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha), putative	1,22E-10
33	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508299.60	60S ribosomal protein L2, putative	1,60E-10

34	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510821.60	ribonucleoprotein p18, mitochondrial precursor, putative	1,93E-10
35	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511025.110	dihydrolipoyl dehydrogenase, putative	2,18E-10
36	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508461.480	60S ribosomal protein L23, putative	2,27E-10
37	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506297.190	pyruvate phosphate dikinase, putative	2,34E-10
38	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510119.20	elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha), putative	2,80E-10
39	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506337.70	2-oxoglutarate dehydrogenase E1 component, putative ADP,ATP carrier protein 1, mitochondrial precursor, putative,ADP/ATP translocase 1, putative	3,27E-10
40	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506211.160	putative,ADP/ATP translocase 1, putative	5,14E-10
41	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506679.140	40S ribosomal protein S10, putative	5,94E-10
42	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509717.20	dihydrolipoamide acetyltransferase precursor, putative mitochondrial processing peptidase alpha subunit, putative,metallo-peptidase, Clan ME, Family M16, putative	5,98E-10
43	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506735.10	putative,metallo-peptidase, Clan ME, Family M16, putative	6,05E-10
44	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509671.80	60S ribosomal protein L5, putative	6,26E-10
45	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506943.50	glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, putative	6,33E-10
46	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507927.20	mitochondrial oligo_U binding protein TBRGG1, putative	6,96E-10
47	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508319.30	hypothetical protein, conserved	7,13E-10
48	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504069.30	60S ribosomal protein L32, putative	7,50E-10
49	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053411235.9	alpha tubulin, putative	8,01E-10
50	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503449.10	60S ribosomal protein L17, putative	8,27E-10
51	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506593.19	ribosomal protein S7, putative	8,77E-10
52	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511189.30	40S ribosomal protein S13, putative poly(A)-binding protein, putative,polyadenylate-binding protein, putative	9,59E-10
53	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508461.140	ribosomal protein S26, putative	1,00E-09
54	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503801.20	ribosomal protein S26, putative	1,16E-09
55	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509109.30	hypothetical protein, conserved	1,26E-09
56	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511727.129	ribosomal protein L18, putative	1,48E-09
57	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509233.80	heat shock protein DnaJ, putative	1,58E-09
58	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509683.117	40S ribosomal protein S4, putative	1,70E-09



59	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511727.270	RNA-binding protein, putative	1,80E-09
60	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503467.9	NADH-dependent fumarate reductase, putative	2,13E-09
61	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508461.500	60S ribosomal protein L27A/L29, putative	2,27E-09
62	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504105.94	ribosomal protein S25, putative	2,39E-09
63	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053409117.20	40S ribosomal protein S14, putative	2,45E-09
64	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506679.94	40S ribosomal protein S18, putative	2,68E-09
65	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511301.110	inosine-5'-monophosphate dehydrogenase, putative	2,81E-09
66	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506405.149	ribosomal protein L21E (60S), putative	2,86E-09
67	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504069.80	ATP synthase F1 subunit gamma protein, putative	3,30E-09
68	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510679.40	hypothetical protein	3,71E-09
69	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510407.80	hypothetical protein, conserved	3,81E-09
70	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506525.10	hypothetical protein, conserved	3,93E-09
71	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503611.20	ribosomal protein L24, putative	4,65E-09
72	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510877.30	hypothetical protein, conserved	4,90E-09
73	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504013.100	ribosomal protein S19, putative	5,06E-09
74	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503453.30	60S ribosomal protein L30, putative	5,28E-09
75	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506457.40	hypoxanthine-guanine phosphoribosyltransferase, putative	5,62E-09
76	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511139.20	40S ribosomal protein S11, putative	5,62E-09
77	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510761.60	casein kinase II, putative	6,00E-09
78	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511817.40	NADH-cytochrome B5 reductase, putative	7,06E-09
79	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503643.3	60S ribosomal protein L4, putative	8,91E-09
80	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503789.70	hypothetical protein, conserved	1,25E-08
81	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503849.60	NADH-dependent fumarate reductase, putative	1,28E-08
82	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507777.20	hypothetical protein, conserved	1,52E-08
83	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507519.110	60S ribosomal protein L7, putative	1,56E-08
84	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509801.30	citrate synthase, putative	1,73E-08
85	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506933.60	mitochondrial RNA binding protein, putative	1,80E-08

86	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507093.220	RNA-binding protein, putative	1,83E-08
87	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504013.11	ribosomal protein L13, putative	2,16E-08
88	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508175.146	60S ribosomal protein L23a, putative	2,53E-08
89	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503935.20	2-oxoglutarate dehydrogenase, E2 component, dihydrolipoamide succinyltransferase, putative	2,59E-08
90	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510409.50	hypothetical protein, conserved	2,62E-08
91	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503635.59	40S ribosomal protein S3a, putative	2,68E-08
92	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507875.20	glutamate dehydrogenase, putative	2,69E-08
93	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507211.40	inosine-5'-monophosphate dehydrogenase, putative	2,76E-08
94	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504001.10	hypothetical protein, conserved	2,81E-08
95	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506869.70	mitochondrial structure specific endonuclease I (SSE-1), putative	2,83E-08
96	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504121.30	60S ribosomal protein L4, putative	2,90E-08
97	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503899.20	40S ribosomal protein S16, putative	2,94E-08
98	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506817.30	ribosomal protein L27, putative	3,09E-08
99	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504021.109	40S ribosomal protein S3, putative	3,34E-08
100	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503793.10	2-oxoglutarate dehydrogenase subunit, putative	3,92E-08
101	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511069.10	40S ribosomal protein S8, putative	3,99E-08
102	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511285.120	ATP-dependent RNA helicase, putative	4,11E-08
103	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504181.20	40S ribosomal protein S23, putative	4,43E-08
104	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508153.280	60S ribosomal protein L13, putative	4,70E-08
105	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510579.80	60S ribosomal protein L10, putative	5,32E-08
106	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508153.130	enoyl-CoA hydratase, mitochondrial precursor, putative	5,39E-08
107	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506241.170	40S ribosomal protein S6, putative	6,01E-08
108	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508981.39	trifunctional enzyme alpha subunit, mitochondrial precursor-like protein	6,32E-08
109	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510879.110	ribosomal protein L3, putative	6,63E-08
110	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053399997.10	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	6,89E-08

111	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506041.10	hypothetical protein, conserved	7,02E-08
112	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506297.270	60S ribosomal protein L28, putative	8,77E-08
113	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506211.70	RNA-binding protein, putative	8,98E-08
114	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508827.40	acyl-CoA dehydrogenase, putative	9,64E-08
115	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508153.20	dynammin, putative,vacuolar sortin protein 1, putative	9,65E-08
116	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508197.10	60S ribosomal protein L11, putative	1,05E-07
117	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509747.20	60S ribosomal protein L22, putative	1,09E-07
118	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503539.30	GTP-binding nuclear protein rtb2, putative	1,16E-07
119	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509207.90	pyrroline-5-carboxylate reductase, putative	1,19E-07
120	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508823.120	ribosomal protein S20, putative	1,20E-07
121	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053432787.10	hypothetical protein, conserved (pseudogene)	1,20E-07
122	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509917.19	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	1,29E-07
123	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510643.190	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	1,29E-07
124	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508445.80	hypothetical protein, conserved	1,31E-07
125	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507795.100	mitochondrial ribosomal protein L3, putative	1,39E-07
126	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506649.70	fructose-1,6-bisphosphatase, cytosolic, putative	1,43E-07
127	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511293.69	glycosomal malate dehydrogenase, putative	1,58E-07
128	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510877.55	acyl-CoA binding protein, putative	1,62E-07
129	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507547.90	glycosomal phosphoenolpyruvate carboxykinase, putative	1,69E-07
130	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509915.60	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	1,73E-07
131	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510535.64	hypothetical protein, conserved	1,86E-07
132	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506959.30	ATP-dependent DEAD/H RNA helicase, putative S-phase kinase-associated protein, putative,SKP1 family	1,93E-07
133	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508041.10	protein, putative,cyclin A/CDK2-associated protein, putative	1,98E-07
134	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507641.160	hypothetical protein, conserved	2,09E-07
135	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506945.240	ATP synthase, epsilon chain, putative	2,36E-07
136	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506885.70	polyadenylate-binding protein 1, putative	2,40E-07

137	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503815.10	alkyl-dihydroxyacetone phosphate synthase, putative	3,30E-07
138	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504157.10	heterogeneous nuclear ribonucleoprotein H/F, putative	3,48E-07
139	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511903.110	40S ribosomal protein S8, putative	3,49E-07
140	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506321.280	hypothetical protein, conserved mitochondrial structure specific endonuclease 1 (SSE-1), putative	3,71E-07
141	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508787.5	hypothetical protein, conserved	3,87E-07
142	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506337.50	dynammin, putative	4,35E-07
143	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503671.39	hypothetical protein, conserved	4,83E-07
144	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506177.10	60S ribosomal protein L10a, putative	4,89E-07
145	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506963.10	60S ribosomal protein L26, putative	5,15E-07
146	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511067.20	60S ribosomal protein L37a, putative	6,05E-07
147	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504069.56	hypothetical protein, conserved	6,48E-07
148	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508661.34	hypothetical protein, conserved	6,65E-07
149	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508741.170	kinetoplast DNA-associated protein, putative	7,36E-07
150	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509793.40	cytochrome c oxidase subunit V, putative	7,49E-07
151	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508503.20	hypothetical protein, conserved	7,54E-07
152	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510089.110	hypothetical protein, conserved	7,72E-07
153	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507681.70	nascent polypeptide associated complex subunit, putative	8,49E-07
154	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510579.70	hypothetical protein, conserved	9,38E-07
155	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508241.130	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	9,43E-07
156	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506393.189	40S ribosomal protein S27, putative	1,12E-06
157	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506963.14	cysteine desulfurase, putative	1,17E-06
158	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509831.10	60S ribosomal protein L9, putative	1,36E-06
159	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511729.40	pyruvate dehydrogenase E1 component alpha subunit, putative	1,42E-06
160	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507831.70	PAS-domain containing phosphoglycerate kinase, putative	1,51E-06
161	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506835.70		1,54E-06

162	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507765.60	40S ribosomal protein S21, putative succinyl-coA:3-ketoacid-coenzyme A transferase,	1,56E-06
163	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504153.360	mitochondrial precursor, putative	1,62E-06
164	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510221.30	hypothetical protein, conserved	1,76E-06
165	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506247.210	hypothetical protein, conserved	1,92E-06
166	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506025.14	ribosomal protein S29, putative	1,93E-06
167	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508837.120	prohibitin, putative	2,00E-06
168	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511531.9	chaperone DnaJ protein, putative	2,01E-06
169	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511011.10	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	2,10E-06
170	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504037.30	60S ribosomal protein L12, putative	2,20E-06
171	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509161.30	OSM3-like kinesin, putative	2,35E-06
172	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507053.40	hypothetical protein, conserved	2,37E-06
173	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503953.59	mitochondrial DNA polymerase beta-PAK, putative	2,38E-06
174	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508351.10	fructose-1,6-bisphosphatase, cytosolic, putative	2,50E-06
175	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508153.340	6-phospho-1-fructokinase, putative	2,90E-06
176	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510543.90	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	3,06E-06
177	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053439653.10	NADH-dependent fumarate reductase, putative	3,21E-06
178	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504087.20	hypothetical protein	3,78E-06
179	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504147.120	60S ribosomal protein L22, putative	3,81E-06
180	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507617.9	prostaglandin F2alpha synthase	3,94E-06
181	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506211.60	RNA-binding protein, putative	4,33E-06
182	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503929.20	ribosomal protein L13, putative	4,37E-06
183	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509683.10	hypothetical protein	4,63E-06
184	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507765.140	hypothetical protein, conserved	4,92E-06
185	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507681.150	40S ribosomal protein S24E, putative	5,46E-06
186	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511367.220	hypothetical protein, conserved	5,52E-06
187	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509671.90	COP-coated vesicle membrane protein gp25L precursor,	5,68E-06

						putative,ER--golgi transport protein gp25L, putative	
188	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508785.4	hypothetical protein, conserved	5,90E-06
189	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508003.10	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	6,15E-06
190	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508413.68	kinetoplastid membrane protein KMP-11	6,16E-06
191	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508349.39	RNA-binding protein, putative	6,33E-06
192	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504147.70	hypothetical protein, conserved	7,38E-06
193	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504099.10	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	7,42E-06
194	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503781.80	universal minicircle sequence binding protein (UMSBP),zinc finger protein PDZ5	7,64E-06
195	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507555.80	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	7,75E-06
196	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509541.19	major vault protein, putative	7,84E-06
197	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511389.90	hypothetical protein, conserved	8,91E-06
198	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506301.30	hypothetical protein, conserved	9,19E-06
199	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509581.5	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	9,48E-06
200	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506503.69	glycosomal malate dehydrogenase, putative	1,15E-05
201	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506219.40	hypothetical protein, conserved	1,33E-05
202	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053455721.9	cytochrome c oxidase subunit 10, putative	1,36E-05
203	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053482471.10	hypothetical protein, conserved	2,04E-05
204	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507663.50	RNA helicase, putative	2,10E-05
205	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511261.140	60S ribosomal protein L34, putative	2,11E-05
206	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509551.30	mitochondrial phosphate transporter, putative	2,17E-05
207	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506341.10	N-acetylglucosamine-6-phosphate deacetylase-like protein, putative	2,53E-05
208	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511729.50	hypothetical protein, conserved	2,72E-05
209	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510089.200	hypothetical protein, conserved	2,88E-05
210	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053487507.10	tryparedoxin peroxidase, putative	3,20E-05
211	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511667.20	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	3,61E-05

212	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503617.40	ATPase alpha subunit, putative	3,76E-05
213	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507031.29	nucleosome assembly protein, putative	3,80E-05
214	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504077.30	hypothetical protein, conserved	3,87E-05
215	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510819.4	NADH-cytochrome b5 reductase, putative	4,03E-05
216	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507063.120	hypothetical protein, conserved	4,30E-05
217	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510243.30	chaperone DnaJ protein, putative	4,56E-05
218	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507715.34	hypothetical protein, conserved	4,90E-05
219	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507057.10	hypothetical protein, conserved	4,94E-05
220	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507305.20	casein kinase, putative	5,00E-05
221	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511367.138	chaperone DnaJ protein, putative	5,18E-05
222	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508723.90	hypothetical protein, conserved	5,68E-05
223	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507895.69	hypothetical protein, conserved	6,48E-05
224	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508719.40	kinetoplast DNA-associated protein, putative	8,10E-05
225	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510821.50	replication Factor A 28 kDa subunit, putative	8,31E-05
226	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508461.84	hypothetical protein	8,60E-05
227	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504017.10	basic transcription factor 3a, putative	9,49E-05
228	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507669.160	hypothetical protein, conserved	9,60E-05
229	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508413.50	RNA-binding protein, putative	1,02E-04
230	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510351.90	dihydrolipoamide branched chain transacylase, putative	1,02E-04
231	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504153.330	hypothetical protein, conserved	1,21E-04
232	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509245.10	hypothetical protein, conserved	1,22E-04
233	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510533.40	mu-adaptin 1, putative, adaptor complex AP-1 medium subunit, putative	1,23E-04
234	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506507.10	N-acetylglucosamine-6-phosphate deacetylase-like protein, putative	1,34E-04
235	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511847.30	hypothetical protein, conserved	1,37E-04
236	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506401.320	60S ribosomal protein L7a, putative	1,51E-04

237	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510039.90	60S ribosomal protein L35, putative	1,73E-04
238	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507709.110	hypothetical protein, conserved	1,74E-04
239	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507975.80	hypothetical protein, conserved	2,11E-04
240	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511367.70	dihydrolipoamide acetyltransferase, putative	2,15E-04
241	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508689.20	hypothetical protein, conserved	2,38E-04
242	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053457251.10	3-oxo-5-alpha-steroid 4-dehydrogenase, putative	2,39E-04
243	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510879.200	hypothetical protein, conserved	2,43E-04
244	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506885.14	ribosomal protein L37, putative	2,43E-04
245	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509547.10	hypothetical protein	2,65E-04
246	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504069.20	cytochrome C oxidase subunit VI, putative	2,90E-04
247	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510729.90	hypothetical protein, conserved	3,18E-04
248	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509879.40	fumarate hydratase, putative	3,29E-04
249	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508919.140	hypothetical protein, conserved	3,61E-04
250	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506775.80	14-3-3 protein, putative	3,62E-04
251	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506239.20	hypothetical protein, conserved	3,78E-04
252	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509575.10	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	4,01E-04
253	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503465.49	mitochondrial processing peptidase, beta subunit, putative	4,16E-04
254	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506777.30	hypothetical protein, conserved	4,36E-04
255	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507089.270	dihydrolipoyl dehydrogenase, putative glutamine-dependent carbamoyl-phosphate synthetase, putative,GATase-CPSase, putative,carbamoyl-phosphate	4,66E-04
256	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507059.80	synthase (ammonia), putative	5,06E-04
257	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503955.60	hypothetical protein, conserved	5,40E-04
258	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506567.120	hypothetical protein, conserved	5,69E-04
259	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506925.280	hypothetical protein, conserved	5,79E-04
260	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508709.10	hypothetical protein, conserved	6,04E-04
261	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508207.100	60S ribosomal protein L7, putative	7,08E-04



262	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506755.260	mitochondrial RNA-binding protein 2, putative	7,11E-04
263	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504001.20	hypothetical protein, conserved	7,79E-04
264	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506319.30	hypothetical protein, conserved	8,11E-04
265	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511725.180	dynein, putative	8,16E-04
266	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506367.20	hypothetical protein, conserved	8,48E-04
267	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506319.20	hypothetical protein, conserved	8,78E-04
268	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506135.20	hypothetical protein, conserved	8,85E-04
269	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503575.34	ribosomal protein L38, putative	9,40E-04
270	Low	1	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509895.10	hypothetical protein, conserved	9,87E-04
						cytoskeleton-associated protein CAP5.5, putative,cysteine	
1	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508555.60	peptidase, Clan CA, family C2, putative	4,00E-14
2	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506297.150	40S ribosomal protein S5, putative	3,15E-13
3	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510663.19	60S ribosomal subunit protein L31, putative	3,93E-13
4	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508827.70	40S ribosomal protein S17, putative	5,16E-13
5	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503643.3	60S ribosomal protein L4, putative	1,10E-12
6	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511811.10	40S ribosomal protein S15, putative	1,11E-12
7	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508503.20	cytochrome c oxidase subunit V, putative	1,84E-12
8	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053442383.9	40S ribosomal protein SA, putative	2,09E-12
9	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506857.20	pyrroline-5-carboxylate reductase, putative	2,43E-12
10	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503577.20	U2 <i>splicing</i> auxiliary factor, putative	3,28E-12
11	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510119.20	elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha), putative	3,55E-12
12	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511817.40	NADH-cytochrome B5 reductase, putative	5,34E-12
13	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508041.30	40S ribosomal protein S15a, putative	5,73E-12
14	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509233.180	ATPase beta subunit, putative	7,12E-12
15	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506297.190	pyruvate phosphate dikinase, putative	1,00E-11
16	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510509.50	mitochondrial RNA binding protein, putative	1,48E-11
17	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053411235.9	alpha tubulin, putative	1,87E-11

18	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506297.270	60S ribosomal protein L28, putative	2,32E-11
19	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510797.10	2-oxoglutarate dehydrogenase subunit, putative	3,79E-11
20	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506945.240	ATP synthase, epsilon chain, putative	5,84E-11
21	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506925.120	eukaryotic initiation factor 5a, putative	6,17E-11
22	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503793.10	2-oxoglutarate dehydrogenase subunit, putative	6,53E-11
23	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503603.10	hypothetical protein, conserved	6,91E-11
24	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509671.80	60S ribosomal protein L5, putative	7,94E-11
25	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508351.10	fructose-1,6-bisphosphatase, cytosolic, putative	8,43E-11
26	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508175.146	60S ribosomal protein L23a, putative	9,02E-11
27	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503801.20	ribosomal protein S26, putative	1,02E-10
28	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511815.40	hypothetical protein, conserved	1,04E-10
29	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508153.20	dynamin, putative, vacuolar sortin protein 1, putative	1,46E-10
30	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510121.20	hexokinase, putative	1,53E-10
31	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508301.20	mitochondrial processing peptidase, beta subunit, putative, metallo-peptidase, Clan ME, Family M16, putative	1,78E-10
32	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510119.9	elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha), putative	1,83E-10
33	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503955.20	mitochondrial DNA polymerase beta, putative	2,54E-10
34	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510105.170	dihydrolipoamide acetyltransferase precursor, putative	2,79E-10
35	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053434931.10	paraxonemal rod protein PAR2, putative	3,36E-10
36	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506337.70	2-oxoglutarate dehydrogenase E1 component, putative	3,49E-10
37	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510091.80	pyruvate dehydrogenase E1 beta subunit, putative	3,53E-10
38	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511215.119	69 kDa paraflagellar rod protein, putative	3,58E-10
39	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508185.10	enoyl-CoA hydratase, mitochondrial precursor, putative	3,59E-10
40	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506649.70	fructose-1,6-bisphosphatase, cytosolic, putative	3,82E-10
41	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507159.14	hypothetical protein, conserved	4,48E-10
42	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510821.60	ribonucleoprotein p18, mitochondrial precursor, putative	4,58E-10
43	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503419.50	RNA-binding protein RGGm, putative	4,63E-10

44	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511287.49	prostaglandin F synthase, putative,aldo/keto reductase, putative	5,09E-10
45	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508661.34	hypothetical protein, conserved	5,62E-10
46	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504163.40	fructose-bisphosphate aldolase, glycosomal, putative	7,58E-10
47	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504069.80	ATP synthase F1 subunit gamma protein, putative	9,05E-10
48	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503431.60	acid phosphatase, putative	9,15E-10
49	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511189.30	40S ribosomal protein S13, putative	9,19E-10
50	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506679.140	40S ribosomal protein S10, putative	9,26E-10
51	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508461.480	60S ribosomal protein L23, putative	9,83E-10
52	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504191.10	sterol 24-c-methyltransferase, putative	9,94E-10
53	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508461.140	poly(A)-binding protein, putative,polyadenylate-binding protein, putative	1,02E-09
54	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504121.30	60S ribosomal protein L4, putative	1,17E-09
55	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510659.219	hypothetical protein, conserved	1,26E-09
56	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508299.60	60S ribosomal protein L2, putative	1,60E-09
57	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506943.50	glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, putative	1,63E-09
58	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509831.10	cysteine desulfurase, putative	1,64E-09
59	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510679.40	hypothetical protein	1,81E-09
60	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509859.10	hypothetical protein, conserved	1,83E-09
61	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509859.40	cytosolic leucyl aminopeptidase, putative,metallo-peptidase, clan MF, family M17, putative	1,89E-09
62	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506927.30	hypothetical protein, conserved	2,06E-09
63	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504069.70	vacuolar ATP synthase, putative	2,17E-09
64	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506493.80	DNA topoisomerase IA, putative	2,31E-09
65	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053424123.20	hypothetical protein, conserved	2,35E-09
66	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508413.50	RNA-binding protein, putative	2,84E-09
67	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506041.10	hypothetical protein, conserved	3,24E-09
68	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507519.110	60S ribosomal protein L7, putative	3,42E-09

69	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504001.20	hypothetical protein, conserved	4,25E-09
70	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506211.160	ADP,ATP carrier protein 1, mitochondrial precursor, putative,ADP/ATP translocase 1, putative	4,57E-09
71	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511301.110	inosine-5'-monophosphate dehydrogenase, putative	4,72E-09
72	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511393.88	hypothetical protein, conserved	4,80E-09
73	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511261.160	pyruvate dehydrogenase E1 component alpha subunit, putative	5,60E-09
74	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504147.70	hypothetical protein, conserved	5,61E-09
75	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509683.117	40S ribosomal protein S4, putative	5,67E-09
76	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510877.55	acyl-CoA binding protein, putative	6,87E-09
77	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508951.20	hexokinase, putative	7,31E-09
78	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506563.40	beta tubulin, putative	7,57E-09
79	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508153.130	enoyl-CoA hydratase, mitochondrial precursor, putative	9,00E-09
80	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510395.10	ATP synthase, alpha chain, mitochondrial precursor, putative	9,02E-09
81	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509617.20	paraflagellar rod protein 3, putative	1,08E-08
82	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507569.10	hypothetical protein, conserved	1,17E-08
83	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504181.10	60S ribosomal protein L9, putative	1,29E-08
84	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511909.50	hypothetical protein, conserved	1,29E-08
85	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508461.500	60S ribosomal protein L27A/L29, putative	1,36E-08
86	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053413977.10	hypothetical protein, conserved	1,38E-08
87	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508041.10	S-phase kinase-associated protein, putative,SKP1 family protein, putative,cyclin A/CDK2-associated protein, putative	1,46E-08
88	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508197.10	60S ribosomal protein L11, putative	1,49E-08
89	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504069.30	60S ribosomal protein L32, putative	1,66E-08
90	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506593.19	ribosomal protein S7, putative	1,75E-08
91	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511067.20	60S ribosomal protein L26, putative	1,77E-08
92	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511441.10	calpain cysteine peptidase, putative,cysteine peptidase, Clan CA, family C2, putative	1,89E-08

93	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506933.60	mitochondrial RNA binding protein, putative	2,13E-08
94	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509747.20	60S ribosomal protein L22, putative	2,26E-08
95	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503453.30	60S ribosomal protein L30, putative	2,29E-08
96	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506295.130	prohibitin, putative	2,31E-08
97	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506457.40	hypoxanthine-guanine phosphoribosyltransferase, putative	2,37E-08
98	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504225.20	hypothetical protein, conserved (pseudogene)	2,44E-08
99	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506835.70	PAS-domain containing phosphoglycerate kinase, putative	2,47E-08
100	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507547.90	glycosomal phosphoenolpyruvate carboxykinase, putative	2,52E-08
101	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506625.70	RNA-binding protein, putative	3,26E-08
102	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504021.109	40S ribosomal protein S3, putative	3,30E-08
103	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509761.10	hypothetical protein, conserved mitochondrial structure specific endonuclease I (SSE-1), putative	3,58E-08
104	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506869.70	hypothetical protein, conserved	3,63E-08
105	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504153.330	ribosomal protein S19, putative	3,73E-08
106	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504013.100	dihydrolipoamide acetyltransferase precursor, putative	3,96E-08
107	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509717.20	40S ribosomal protein S24E, putative	4,00E-08
108	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507681.150	hypothetical protein, conserved	4,07E-08
109	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510089.110	hypothetical protein, conserved	4,10E-08
110	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510407.80	kinetoplast DNA-associated protein, putative	4,22E-08
111	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509793.40	hypothetical protein, conserved	4,23E-08
112	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506885.340	adenylosuccinate synthetase, putative	4,64E-08
113	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508731.60	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	4,71E-08
114	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507555.80	2-oxoglutarate dehydrogenase, E2 component, dihydrolipoamide succinyltransferase, putative	4,77E-08
115	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503935.20	cytochrome C oxidase subunit IV, putative	4,88E-08
116	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506529.360	cysteine peptidase, putative, cathepsin L-like, putative, major	5,44E-08
117	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508595.50	cysteine proteinase, putative, cysteine peptidase, clan CA,	5,48E-08

						family C1, putative	
118	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503635.59	40S ribosomal protein S3a, putative	5,51E-08
119	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511727.129	ribosomal protein L18, putative	5,63E-08
120	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504001.10	hypothetical protein, conserved	7,41E-08
121	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503719.20	40S ribosomal protein SA, putative	7,84E-08
122	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507765.60	40S ribosomal protein S21, putative	7,87E-08
123	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506241.170	40S ribosomal protein S6, putative	8,17E-08
124	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506673.60	beta-adaptin 3, putative, AP-3 adapter complex beta subunit, putative	9,01E-08
125	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506405.149	ribosomal protein L21E (60S), putative	9,07E-08
126	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508949.4	elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha), putative	1,02E-07
127	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507765.149	hypothetical protein, conserved	1,06E-07
128	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053408345.20	2-oxoglutarate dehydrogenase subunit, putative	1,08E-07
129	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053467287.30	ATPase beta subunit, putative	1,18E-07
130	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511727.270	RNA-binding protein, putative	1,46E-07
131	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507927.20	mitochondrial oligo_U binding protein TBRGG1, putative	1,55E-07
132	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508321.11	histone H2A, putative	1,72E-07
133	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503833.40	40S ribosomal protein S2, putative	1,74E-07
134	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503449.10	60S ribosomal protein L17, putative	1,81E-07
135	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506247.210	hypothetical protein, conserved	2,20E-07
136	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053487507.10	tryparedoxin peroxidase, putative	2,25E-07
137	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507093.220	RNA-binding protein, putative	2,49E-07
138	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511069.10	40S ribosomal protein S8, putative	2,53E-07
139	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506959.30	ATP-dependent DEAD/H RNA helicase, putative	2,91E-07
140	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506247.40	hypothetical protein, conserved	3,24E-07
141	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504037.30	60S ribosomal protein L12, putative	3,26E-07
142	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509715.40	fibrillarin, putative	3,30E-07

143	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507831.70	pyruvate dehydrogenase E1 component alpha subunit, putative	3,42E-07
144	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508965.100	hypothetical protein, conserved	3,76E-07
145	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053409117.20	40S ribosomal protein S14, putative	4,20E-07
146	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508739.90	hypothetical protein, conserved	4,40E-07
147	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506679.94	40S ribosomal protein S18, putative	4,42E-07
148	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506659.20	mitochondrial DNA polymerase I protein C, putative	4,96E-07
149	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504077.30	hypothetical protein, conserved	5,38E-07
150	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503789.34	hypothetical protein, conserved	5,81E-07
151	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508153.280	60S ribosomal protein L13, putative	5,93E-07
152	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510535.64	hypothetical protein, conserved	5,96E-07
153	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508813.60	hypothetical protein, conserved	6,42E-07
154	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506321.280	hypothetical protein, conserved	6,49E-07
155	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507211.40	inosine-5'-monophosphate dehydrogenase, putative	6,87E-07
156	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506885.14	ribosomal protein L37, putative	6,96E-07
157	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509109.30	hypothetical protein, conserved	7,00E-07
158	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511367.70	dihydrolipoamide acetyltransferase, putative	7,29E-07
159	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509207.90	pyrroline-5-carboxylate reductase, putative	7,42E-07
160	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510351.11	histone H4, putative	7,74E-07
161	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506235.20	hypothetical protein, conserved	7,82E-07
162	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511139.20	40S ribosomal protein S11, putative	9,28E-07
163	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503899.20	40S ribosomal protein S16, putative	9,92E-07
164	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509965.330	hypothetical protein, conserved	1,05E-06
165	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504105.94	ribosomal protein S25, putative	1,06E-06
166	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506211.70	RNA-binding protein, putative	1,10E-06
167	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508961.79	69 kDa paraflagellar rod protein, putative	1,12E-06
168	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508785.4	hypothetical protein, conserved	1,28E-06

169	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511635.10	histone H2B, putative	1,30E-06
170	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506337.50	hypothetical protein, conserved	1,50E-06
171	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510579.70	nascent polypeptide associated complex subunit, putative	1,51E-06
172	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509917.19	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	1,52E-06
173	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511025.100	chaperone DnaJ protein, putative	1,55E-06
174	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510351.90	dihydrolipoamide branched chain transacylase, putative	1,55E-06
175	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508837.120	prohibitin, putative	1,58E-06
176	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506885.70	polyadenylate-binding protein 1, putative	1,58E-06
177	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510877.30	hypothetical protein, conserved	1,63E-06
178	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504147.120	60S ribosomal protein L22, putative	1,68E-06
179	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506817.30	ribosomal protein L27, putative	1,70E-06
180	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506025.14	ribosomal protein S29, putative	1,73E-06
181	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509233.80	heat shock protein DnaJ, putative	1,76E-06
182	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506211.60	RNA-binding protein, putative	1,90E-06
183	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508413.68	kinetoplastid membrane protein KMP-11	2,04E-06
184	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053408437.20	hypothetical protein, conserved	2,05E-06
185	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510573.10	actin, putative	2,26E-06
186	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504163.30	40S ribosomal protein S9, putative	2,27E-06
187	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503891.70	ribonuclease HII, putative	2,30E-06
188	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503395.40	60S ribosomal protein L18, putative	2,58E-06
189	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504181.20	40S ribosomal protein S23, putative	3,07E-06
190	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503611.20	ribosomal protein L24, putative	3,46E-06
191	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506755.20	paraflagellar rod component, putative	4,05E-06
192	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511283.220	hypothetical protein, conserved	4,57E-06
193	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509581.5	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	4,70E-06
194	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053455721.9	cytochrome c oxidase subunit 10, putative	4,72E-06
195	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053505071.110	hypothetical protein, conserved	5,20E-06



196	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511729.40	60S ribosomal protein L9, putative	5,22E-06
197	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504109.200	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	5,47E-06
198	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508741.170	hypothetical protein, conserved	5,51E-06
199	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508153.340	6-phospho-1-fructokinase, putative	5,90E-06
200	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506219.40	hypothetical protein, conserved	7,73E-06
201	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510901.210	hypothetical protein, conserved	7,81E-06
202	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504013.11	ribosomal protein L13, putative	7,89E-06
203	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506735.10	mitochondrial processing peptidase alpha subunit, putative, metallo-peptidase, Clan ME, Family M16, putative	8,00E-06
204	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511293.69	glycosomal malate dehydrogenase, putative	8,24E-06
205	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506963.14	40S ribosomal protein S27, putative	8,53E-06
206	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510661.250	cystathione gamma lyase, putative	9,57E-06
207	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506567.60	ABC transporter, putative	1,13E-05
208	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510879.110	ribosomal protein L3, putative	1,37E-05
209	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053505009.49	hypothetical protein, conserved	1,46E-05
210	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507663.50	RNA helicase, putative	1,47E-05
211	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504929.10	casein kinase, delta isoform, putative	1,48E-05
212	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508169.20	elongation factor 2, putative	1,50E-05
213	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506297.40	hypothetical protein, conserved	1,98E-05
214	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506247.270	replication factor C, subunit 5, putative	2,05E-05
215	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506963.10	60S ribosomal protein L10a, putative	2,16E-05
216	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509891.10	hypothetical protein, conserved	2,21E-05
217	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503671.39	dynamin, putative	2,33E-05
218	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508647.110	hypothetical protein, conserved	2,35E-05
219	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508737.210	hypothetical protein, conserved	2,40E-05
220	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508349.39	RNA-binding protein, putative	2,48E-05
221	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506295.100	hypothetical protein, conserved	2,68E-05

222	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510579.80	60S ribosomal protein L10, putative aminopeptidase, putative, metallo-peptidase, clan MG, family	2,89E-05
223	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506211.200	M24, putative	3,00E-05
224	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506389.79	calmodulin, putative	3,37E-05
225	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506163.30	hypothetical protein, conserved	3,66E-05
226	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511531.9	chaperone DnaJ protein, putative	4,00E-05
227	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506247.220	histidine ammonia-lyase, putative	4,08E-05
228	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506195.190	hypothetical protein, conserved	4,41E-05
229	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504069.56	60S ribosomal protein L37a, putative	5,13E-05
230	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510819.4	NADH-cytochrome b5 reductase, putative	5,61E-05
231	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511733.90	hypothetical protein, conserved	6,15E-05
232	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507001.10	hypothetical protein, conserved	6,73E-05
233	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510649.24	membrane associated protein, putative	7,22E-05
234	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508823.120	ribosomal protein S20, putative COP-coated vesicle membrane protein gp25L precursor, putative, ER-golgi transport protein gp25L, putative	9,05E-05
235	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509671.90	3-oxo-5-alpha-steroid 4-dehydrogenase, putative	1,01E-04
236	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053457251.10	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	1,04E-04
237	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509865.9	cytochrome C oxidase subunit VI, putative	1,15E-04
238	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504069.20	50S ribosomal protein L7Ae, putative	1,29E-04
239	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507053.10	60S ribosomal protein L23a, putative	1,34E-04
240	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509151.140	histone H3 variant, putative	1,43E-04
241	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506503.150	kinesin-like protein, putative	1,59E-04
242	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506155.30	kinesin, putative	1,79E-04
243	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504427.260	hypothetical protein, conserved	1,83E-04
244	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510409.50	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	1,92E-04
245	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511011.10	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	2,23E-04
246	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506961.90	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	2,69E-04

247	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504021.60	hypothetical protein, conserved	3,00E-04
248	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510687.149	coatomer alpha subunit, putative	3,22E-04
249	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510359.20	paraflagellar rod component, putative	3,39E-04
250	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510409.39	ubiquitin/ribosomal protein S27a, putative	3,44E-04
251	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506223.80	ATP-dependent zinc metallopeptidase, putative, metallo-peptidase, clan MA(E), family M41, putative	3,51E-04
252	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507765.140	hypothetical protein, conserved	3,68E-04
253	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508719.40	kinetoplast DNA-associated protein, putative	4,03E-04
254	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506401.320	60S ribosomal protein L7a, putative	4,14E-04
255	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508355.330	hypothetical protein, conserved	4,45E-04
256	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511285.120	ATP-dependent RNA helicase, putative	4,48E-04
257	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509749.33	ribosomal protein L29, putative	4,83E-04
258	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503971.50	hypothetical protein, conserved	5,06E-04
259	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510039.90	60S ribosomal protein L35, putative	5,13E-04
260	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503833.69	ribosome biogenesis protein, putative	5,80E-04
261	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506953.40	hypothetical protein, conserved	5,90E-04
262	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504017.60	hypothetical protein, conserved	6,26E-04
263	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053459199.10	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	6,36E-04
264	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508625.20	hypothetical protein, conserved	8,00E-04
265	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506341.10	N-acetylglucosamine-6-phosphate deacetylase-like protein, putative	8,01E-04
266	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509569.44	hypothetical protein, conserved	8,07E-04
267	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506855.100	hypothetical protein, conserved	8,22E-04
268	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510543.90	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	8,23E-04
269	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508965.70	hypothetical protein, conserved	1,36E-03
270	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511229.30	hypothetical protein, conserved	1,44E-03
271	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508981.39	trifunctional enzyme alpha subunit, mitochondrial precursor-like protein	1,49E-03

272	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511295.50	hypothetical protein, conserved	1,81E-03
273	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511303.20	hypothetical protein	2,52E-03
274	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503789.70	hypothetical protein, conserved	2,58E-03
275	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053432787.10	hypothetical protein, conserved (pseudogene)	2,63E-03
276	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509119.39	dynein heavy chain, putative	2,82E-03
277	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511317.20	hypothetical protein, conserved	3,42E-03
278	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510643.190	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative mitochondrial processing peptidase, beta subunit, putative,metallo-peptidase, Clan ME, Family M16, putative	3,61E-03
279	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511181.50	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	3,92E-03
280	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511345.10	hypothetical protein	3,94E-03
281	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506529.595	hypothetical protein, conserved	4,04E-03
282	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503643.20	hypothetical protein, conserved	4,14E-03
283	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510879.140	putative prolyl carboxypeptidase, putative	4,16E-03
284	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511705.20	hypothetical protein, conserved	4,28E-03
285	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508463.20	hypothetical protein, conserved	4,66E-03
286	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503575.34	ribosomal protein L38, putative	4,91E-03
287	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506173.10	hypothetical protein, conserved	4,94E-03
288	Low	2	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506649.10	hypothetical protein	4,95E-03
1	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508827.70	40S ribosomal protein S17, putative	5,55E-15
2	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510509.50	mitochondrial RNA binding protein, putative	6,99E-14
3	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508041.30	40S ribosomal protein S15a, putative	1,23E-13
4	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509233.80	heat shock protein DnaJ, putative	1,60E-13
5	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053411235.9	alpha tubulin, putative	5,86E-13
6	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506297.150	40S ribosomal protein S5, putative	1,02E-12
7	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506943.50	glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, putative	1,57E-12
8	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503891.70	ribonuclease HII, putative	2,51E-12
9	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511811.10	40S ribosomal protein S15, putative	3,26E-12

---

10	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504069.80	ATP synthase F1 subunit gamma protein, putative	3,93E-12
11	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503643.3	60S ribosomal protein L4, putative	4,55E-12
12	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504105.94	ribosomal protein S25, putative	4,65E-12
13	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503719.20	40S ribosomal protein SA, putative	5,53E-12
14	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507305.20	casein kinase, putative	1,02E-11
15	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503801.20	ribosomal protein S26, putative	1,15E-11
16	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504001.20	hypothetical protein, conserved	1,21E-11
17	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503395.40	60S ribosomal protein L18, putative	1,25E-11
18	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508461.480	60S ribosomal protein L23, putative	1,42E-11
19	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508949.4	elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha), putative	2,47E-11
20	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510091.80	pyruvate dehydrogenase E1 beta subunit, putative	3,84E-11
21	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506885.70	polyadenylate-binding protein 1, putative	3,90E-11
22	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507907.50	hypothetical protein, conserved	4,61E-11
23	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503577.20	U2 <i>splicing</i> auxiliary factor, putative	5,04E-11
24	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510663.19	60S ribosomal subunit protein L31, putative	5,88E-11
25	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506679.140	40S ribosomal protein S10, putative	7,26E-11
26	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506563.40	beta tubulin, putative	8,78E-11
27	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510119.9	elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha), putative	1,60E-10
28	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510089.110	hypothetical protein, conserved	1,83E-10
29	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508737.210	hypothetical protein, conserved	1,99E-10
30	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511367.138	chaperone DnaJ protein, putative	2,23E-10
31	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506835.70	PAS-domain containing phosphoglycerate kinase, putative	2,61E-10
32	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511025.100	chaperone DnaJ protein, putative	2,70E-10
33	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510857.4	hypothetical protein, conserved	2,88E-10
34	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507165.30	hypothetical protein, conserved	3,11E-10
35	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506503.150	histone H3 variant, putative	3,28E-10
36	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506405.149	ribosomal protein L21E (60S), putative	3,70E-10

---

37	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511139.20	40S ribosomal protein S11, putative	4,25E-10
38	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508813.60	hypothetical protein, conserved	4,79E-10
39	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510819.4	NADH-cytochrome b5 reductase, putative	5,09E-10
40	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510877.55	acyl-CoA binding protein, putative	5,44E-10
41	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503635.59	40S ribosomal protein S3a, putative	5,67E-10
42	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509683.117	40S ribosomal protein S4, putative	6,79E-10
43	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506649.70	fructose-1,6-bisphosphatase, cytosolic, putative	9,94E-10
44	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509859.10	hypothetical protein, conserved	1,01E-09
45	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510797.10	2-oxoglutarate dehydrogenase subunit, putative	1,20E-09
46	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509717.20	dihydrolipoamide acetyltransferase precursor, putative	1,20E-09
47	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506247.210	hypothetical protein, conserved	1,24E-09
48	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053442383.9	40S ribosomal protein SA, putative	1,28E-09
49	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510119.20	elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha), putative	1,37E-09
50	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508503.20	cytochrome c oxidase subunit V, putative	1,43E-09
51	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511531.9	chaperone DnaJ protein, putative	1,52E-09
52	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509551.30	mitochondrial phosphate transporter, putative	1,54E-09
53	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053408345.20	2-oxoglutarate dehydrogenase subunit, putative	1,57E-09
54	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508461.140	poly(A)-binding protein, putative, polyadenylate-binding protein, putative	1,88E-09
55	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510821.60	ribonucleoprotein p18, mitochondrial precursor, putative	1,92E-09
56	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506295.130	prohibitin, putative	1,95E-09
57	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504013.100	ribosomal protein S19, putative	2,30E-09
58	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506493.80	DNA topoisomerase IA, putative	2,32E-09
59	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503449.10	60S ribosomal protein L17, putative	2,46E-09
60	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506885.340	hypothetical protein, conserved	2,58E-09
61	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508961.79	69 kDa paraflagellar rod protein, putative	2,61E-09
62	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506945.240	ATP synthase, epsilon chain, putative	3,00E-09

63	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509831.10	cysteine desulfurase, putative	3,19E-09
64	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053457251.10	3-oxo-5-alpha-steroid 4-dehydrogenase, putative	3,27E-09
65	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504069.30	60S ribosomal protein L32, putative	3,96E-09
66	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508299.60	60S ribosomal protein L2, putative	4,11E-09
67	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506857.20	pyrroline-5-carboxylate reductase, putative	4,22E-09
68	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510121.20	hexokinase, putative	4,59E-09
69	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508301.20	mitochondrial processing peptidase, beta subunit, putative, metallo-peptidase, Clan ME, Family M16, putative	4,99E-09
70	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506337.70	2-oxoglutarate dehydrogenase E1 component, putative	5,03E-09
71	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509859.40	cytosolic leucyl aminopeptidase, putative, metallo-peptidase, clan MF, family M17, putative	5,55E-09
72	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503715.10	<i>splicing</i> factor TSR1, putative	5,58E-09
73	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511815.40	hypothetical protein, conserved	5,97E-09
74	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510351.11	histone H4, putative	6,29E-09
75	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507765.60	40S ribosomal protein S21, putative	6,39E-09
76	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509747.20	60S ribosomal protein L22, putative	7,04E-09
77	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503935.20	2-oxoglutarate dehydrogenase, E2 component, dihydrolipoamide succinyltransferase, putative	7,06E-09
78	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511261.160	pyruvate dehydrogenase E1 component alpha subunit, putative	8,33E-09
79	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511393.88	hypothetical protein, conserved	9,23E-09
80	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507519.110	60S ribosomal protein L7, putative	9,57E-09
81	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511189.30	40S ribosomal protein S13, putative	1,03E-08
82	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504929.10	casein kinase, delta isoform, putative	1,20E-08
83	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510877.30	hypothetical protein, conserved	1,26E-08
84	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504181.10	60S ribosomal protein L9, putative	1,27E-08
85	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503611.20	ribosomal protein L24, putative	1,28E-08
86	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506735.10	mitochondrial processing peptidase alpha subunit,	1,28E-08

						putative,metallo-peptidase, Clan ME, Family M16, putative	
87	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508175.146	60S ribosomal protein L23a, putative	1,54E-08
88	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511287.49	prostaglandin F synthase, putative,aldo/keto reductase, putative	1,77E-08
89	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053409117.20	40S ribosomal protein S14, putative	1,93E-08
90	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053424123.20	hypothetical protein, conserved	1,95E-08
91	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508153.130	enoyl-CoA hydratase, mitochondrial precursor, putative	2,65E-08
92	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508951.20	hexokinase, putative	2,65E-08
93	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509055.10	RNA-binding protein, putative	2,99E-08
94	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506959.30	ATP-dependent DEAD/H RNA helicase, putative	3,01E-08
95	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504163.40	fructose-bisphosphate aldolase, glycosomal, putative	3,02E-08
96	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506297.190	pyruvate phosphate dikinase, putative	3,09E-08
97	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503453.30	60S ribosomal protein L30, putative	3,13E-08
98	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509393.20	hypothetical protein, conserved	3,73E-08
99	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506337.50	hypothetical protein, conserved	4,22E-08
100	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053426897.10	hypothetical protein	4,27E-08
101	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511635.10	histone H2B, putative	4,36E-08
102	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503431.60	acid phosphatase, putative	4,61E-08
103	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511293.69	glycosomal malate dehydrogenase, putative	4,73E-08
104	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506321.280	hypothetical protein, conserved	5,14E-08
105	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508185.10	enoyl-CoA hydratase, mitochondrial precursor, putative	5,21E-08
106	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507711.300	hypothetical protein, conserved	5,41E-08
107	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053399997.10	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	5,45E-08
108	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511261.140	60S ribosomal protein L34, putative	5,49E-08
109	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510879.110	ribosomal protein L3, putative	5,54E-08
110	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504881.40	hypothetical protein, conserved	5,61E-08
111	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506963.14	40S ribosomal protein S27, putative	5,72E-08



112	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508307.70	hypothetical protein, conserved	5,72E-08
113	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508321.11	histone H2A, putative	5,85E-08
114	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511727.270	RNA-binding protein, putative	5,97E-08
115	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509617.20	paraflagellar rod protein 3, putative	6,43E-08
116	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503419.50	RNA-binding protein RGGm, putative	6,96E-08
117	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511729.40	60S ribosomal protein L9, putative	6,99E-08
118	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504163.30	40S ribosomal protein S9, putative	7,60E-08
119	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511283.220	hypothetical protein, conserved	7,68E-08
120	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511727.129	ribosomal protein L18, putative	7,91E-08
121	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504001.10	hypothetical protein, conserved	8,15E-08
122	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506401.320	60S ribosomal protein L7a, putative	8,88E-08
123	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504037.30	60S ribosomal protein L12, putative	1,08E-07
124	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509793.40	kinetoplast DNA-associated protein, putative	1,20E-07
125	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504225.20	hypothetical protein, conserved (pseudogene)	1,28E-07
126	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507093.220	RNA-binding protein, putative	1,28E-07
127	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503793.10	2-oxoglutarate dehydrogenase subunit, putative	1,29E-07
128	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053413977.10	hypothetical protein, conserved	1,33E-07
129	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507765.149	hypothetical protein, conserved	1,37E-07
130	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511817.40	NADH-cytochrome B5 reductase, putative	1,40E-07
131	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511215.119	69 kDa paraflagellar rod protein, putative	1,67E-07
132	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053434931.10	paraxonemal rod protein PAR2, putative	2,07E-07
133	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504069.56	60S ribosomal protein L37a, putative	2,11E-07
134	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508153.280	60S ribosomal protein L13, putative	2,16E-07
135	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506457.40	hypoxanthine-guanine phosphoribosyltransferase, putative	2,30E-07
136	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504021.109	40S ribosomal protein S3, putative	2,41E-07
137	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511733.90	hypothetical protein, conserved	3,19E-07
138	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503671.39	dynamamin, putative	3,30E-07

139	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510579.80	60S ribosomal protein L10, putative	3,43E-07
140	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508153.20	dynamamin, putative,vacuolar sortin protein 1, putative	3,55E-07
141	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509761.10	hypothetical protein, conserved	3,59E-07
142	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503833.69	ribosome biogenesis protein, putative	3,95E-07
143	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507927.20	mitochondrial oligo_U binding protein TBRGG1, putative	4,35E-07
144	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509233.180	ATPase beta subunit, putative	4,72E-07
145	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506301.30	hypothetical protein, conserved	4,80E-07
146	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508351.10	fructose-1,6-bisphosphatase, cytosolic, putative	4,84E-07
147	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506041.10	hypothetical protein, conserved	5,19E-07
148	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504147.120	60S ribosomal protein L22, putative	5,39E-07
149	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511067.20	60S ribosomal protein L26, putative	5,70E-07
150	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510105.170	dihydrolipoamide acetyltransferase precursor, putative	6,27E-07
151	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511169.10	hypothetical protein, conserved	6,90E-07
152	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503899.20	40S ribosomal protein S16, putative	6,95E-07
153	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508479.270	hypothetical protein, conserved	7,45E-07
154	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508197.10	60S ribosomal protein L11, putative	8,57E-07
155	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509965.330	hypothetical protein, conserved	8,84E-07
156	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506593.19	ribosomal protein S7, putative	9,48E-07
157	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504013.11	ribosomal protein L13, putative	9,83E-07
158	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506413.70	hypothetical protein, conserved	1,03E-06
159	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506933.60	mitochondrial RNA binding protein, putative	1,04E-06
160	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053432787.10	hypothetical protein, conserved (pseudogene)	1,11E-06
161	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506977.49	ribosomal proteins L36, putative	1,12E-06
162	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506241.170	40S ribosomal protein S6, putative	1,14E-06
163	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510535.64	hypothetical protein, conserved	1,17E-06
164	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509207.90	pyrroline-5-carboxylate reductase, putative	1,31E-06
165	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509671.80	60S ribosomal protein L5, putative	1,84E-06

166	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503539.30	GTP-binding nuclear protein rtb2, putative	2,00E-06
167	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504181.20	40S ribosomal protein S23, putative	2,03E-06
168	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504121.30	60S ribosomal protein L4, putative	2,26E-06
169	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506211.70	RNA-binding protein, putative	2,72E-06
170	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511903.110	40S ribosomal protein S8, putative	2,74E-06
171	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506885.14	ribosomal protein L37, putative COP-coated vesicle membrane protein gp25L precursor, putative,ER--golgi transport protein gp25L, putative	3,06E-06
172	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509671.90	RNA-binding protein, putative	3,10E-06
173	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509569.120	40S ribosomal protein S18, putative	3,38E-06
174	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506679.94	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	3,44E-06
175	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507555.80	hypothetical protein, conserved	3,45E-06
176	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510409.50	ribosomal protein L29, putative	3,70E-06
177	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509749.33	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	3,74E-06
178	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509915.60	RNA-binding protein, putative	3,77E-06
179	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508413.50	leucine-rich repeat protein, putative	3,99E-06
180	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053505807.150	60S ribosomal protein L28, putative	4,70E-06
181	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506297.270	hypothetical protein, conserved	4,73E-06
182	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053504153.120	inosine-5'-monophosphate dehydrogenase, putative	4,74E-06
183	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507211.40	pyruvate dehydrogenase E1 component alpha subunit, putative	5,31E-06
184	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507831.70	hypothetical protein, conserved	5,59E-06
185	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508965.100	ribosomal protein S29, putative	5,67E-06
186	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506025.14	hypothetical protein, conserved	5,89E-06
187	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503789.34	glycosomal malate dehydrogenase, putative	6,15E-06
188	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506503.69	hypothetical protein, conserved	7,03E-06
189	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506399.30	ATP-dependent zinc metalloproteinase, putative,metallo- peptidase, clan MA(E), family M41, putative	7,42E-06
190	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511277.170		7,92E-06

191	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506219.40	hypothetical protein, conserved	8,48E-06
192	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506559.559	antigenic protein, putative	8,77E-06
193	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506559.470	ribosomal protein L35A, putative	8,95E-06
194	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511909.50	hypothetical protein, conserved	9,18E-06
195	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508153.340	6-phospho-1-fructokinase, putative	9,38E-06
196	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509895.10	hypothetical protein, conserved	9,93E-06
197	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506223.80	ATP-dependent zinc metallopeptidase, putative, metallo-	1,08E-05
198	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506247.40	peptidase, clan MA(E), family M41, putative	1,11E-05
199	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510679.40	hypothetical protein, conserved	1,13E-05
200	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508039.30	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	1,49E-05
201	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506211.60	RNA-binding protein, putative	1,55E-05
202	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510039.90	60S ribosomal protein L35, putative	1,64E-05
203	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506567.90	hypothetical protein, conserved	1,86E-05
204	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508827.40	acyl-CoA dehydrogenase, putative	2,10E-05
205	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510901.210	hypothetical protein, conserved	2,18E-05
206	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506817.30	ribosomal protein L27, putative	2,62E-05
207	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511069.10	40S ribosomal protein S8, putative	2,66E-05
208	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511903.190	hypothetical protein, conserved	2,88E-05
209	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508349.39	RNA-binding protein, putative	2,91E-05
210	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510127.79	actin, putative	2,98E-05
211	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508989.30	RNA-binding protein, putative	4,01E-05
212	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506963.10	60S ribosomal protein L10a, putative	4,16E-05
213	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506625.70	RNA-binding protein, putative	5,60E-05
214	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511441.10	calpain cysteine peptidase, putative, cysteine peptidase, Clan	6,99E-05
215	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511011.10	CA, family C2, putative	7,72E-05
						retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	

216	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503575.34	ribosomal protein L38, putative	7,96E-05
217	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508719.40	kinetoplast DNA-associated protein, putative	1,08E-04
218	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506155.30	kinesin-like protein, putative	1,40E-04
219	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509865.9	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	1,40E-04
220	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053487507.10	tryparedoxin peroxidase, putative	1,41E-04
221	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506675.110	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	1,68E-04
222	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053503833.40	40S ribosomal protein S2, putative	1,89E-04
223	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506211.200	aminopeptidase, putative, metallo-peptidase, clan MG, family M24, putative	1,91E-04
224	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510761.60	casein kinase II, putative	1,98E-04
225	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506501.240	mucin-associated surface protein (MASP), putative	2,38E-04
226	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053511065.10	hypothetical protein, conserved	2,42E-04
227	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508413.68	kinetoplastid membrane protein KMP-11	2,47E-04
228	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510395.10	ATP synthase, alpha chain, mitochondrial precursor, putative	2,54E-04
229	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509793.30	kinetoplast DNA-associated protein, putative	2,55E-04
230	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508461.500	60S ribosomal protein L27A/L29, putative	2,60E-04
231	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508473.10	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative, retrotransposon hot spot protein 1 (RHS1), putative	2,97E-04
232	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506441.20	hypothetical protein, conserved	3,30E-04
233	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506341.10	N-acetylglucosamine-6-phosphate deacetylase-like protein, putative	3,60E-04
234	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507873.60	hypothetical protein, conserved	3,63E-04
235	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506399.70	hypothetical protein, conserved	3,99E-04
236	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506753.50	hypothetical protein, conserved	4,58E-04
237	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506929.30	hypothetical protein, conserved	4,58E-04
238	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053507663.50	RNA helicase, putative	4,89E-04
239	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053510579.70	nascent polypeptide associated complex subunit, putative	7,39E-04
240	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053505807.40	hypothetical protein, conserved	7,66E-04

241	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053506567.60	ABC transporter, putative	7,71E-04
242	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053509793.50	hypothetical protein, conserved	7,76E-04
243	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053459199.10	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	9,60E-04
244	Low	3	Stress	Polysomal	Tc00.1047053508837.120	prohibitin, putative	9,69E-04
1	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511627.110	heat shock protein DnaJ, putative	3,33E-15
2	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507211.40	inosine-5'-monophosphate dehydrogenase, putative	1,33E-14
3	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510509.50	mitochondrial RNA binding protein, putative	1,55E-14
4	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053509153.90	dihydrofolate reductase-thymidylate synthase, putative	1,67E-14
5	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508547.110	ATP-dependent DEAD/H RNA helicase, putative	3,22E-14
6	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511283.220	hypothetical protein, conserved	3,22E-14
7	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510579.70	nascent polypeptide associated complex subunit, putative	1,18E-13
8	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510121.20	hexokinase, putative	2,36E-13
9	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508949.4	elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha), putative	2,85E-13
10	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506855.170	hypothetical protein, conserved	3,83E-13
11	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510397.10	hypothetical protein, conserved	5,64E-13
12	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508827.70	40S ribosomal protein S17, putative	5,67E-13
13	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508111.30	glutamate dehydrogenase, putative	7,55E-13
14	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506247.150	hypothetical protein, conserved	7,89E-13
15	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510119.20	elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha), putative	8,15E-13
16	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508951.20	hexokinase, putative	8,38E-13
17	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053504163.40	fructose-bisphosphate aldolase, glycosomal, putative	9,40E-13
18	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508169.20	elongation factor 2, putative	1,09E-12
19	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511025.110	dihydrolipoyl dehydrogenase, putative	1,11E-12
20	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053503577.20	U2 <i>splicing</i> auxiliary factor, putative	1,81E-12
21	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506393.189	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	1,90E-12
22	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506925.319	isocitrate dehydrogenase, putative	2,10E-12
23	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510119.9	elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha), putative	3,19E-12

24	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507809.100	hypothetical protein, conserved	5,08E-12
25	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053504191.10	sterol 24-c-methyltransferase, putative	5,70E-12
26	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053503955.20	mitochondrial DNA polymerase beta, putative	6,40E-12
27	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053504069.80	ATP synthase F1 subunit gamma protein, putative	8,32E-12
28	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510187.160	developmentally regulated GTP-binding protein, putative mitochondrial processing peptidase, beta subunit,	1,17E-11
29	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511181.50	putative,metallo-peptidase, Clan ME, Family M16, putative	1,19E-11
30	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506297.190	pyruvate phosphate dikinase, putative proteasome regulatory non-ATPase subunit 8, putative,26S	1,31E-11
31	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053509649.30	proteasome regulatory subunit, putative	1,52E-11
32	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053504017.10	basic transcription factor 3a, putative	1,84E-11
33	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053503873.10	cytochrome-B5 reductase, putative	2,15E-11
34	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510395.10	ATP synthase, alpha chain, mitochondrial precursor, putative	2,38E-11
35	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506435.410	uracil phosphoribosyltransferase, putative	2,75E-11
36	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510965.5	elongation factor 2, putative	2,81E-11
37	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506297.150	40S ribosomal protein S5, putative	3,45E-11
38	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053509879.40	fumarate hydratase, putative	3,62E-11
39	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507547.90	glycosomal phosphoenolpyruvate carboxykinase, putative	3,66E-11
40	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507063.90	mitochondrial DNA polymerase beta, putative	3,69E-11
41	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506649.70	fructose-1,6-bisphosphatase, cytosolic, putative	3,82E-11
42	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508041.30	40S ribosomal protein S15a, putative	8,16E-11
43	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511293.69	glycosomal malate dehydrogenase, putative	8,33E-11
44	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507907.50	hypothetical protein, conserved	8,95E-11
45	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510901.60	replication factor A, 51kDa subunit, putative	9,43E-11
46	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511047.40	NADH-cytochrome B5 reductase, putative calpain-like cysteine peptidase, putative,cysteine peptidase,	9,80E-11
47	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506721.30	Clan CA, family C2, putative	1,02E-10
48	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507091.50	aspartate carbamoyltransferase, putative	1,03E-10

49	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506925.120	eukaryotic initiation factor 5a, putative	1,03E-10
50	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511727.140	phenylalanyl-tRNA synthetase alpha chain, putative	1,05E-10
51	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510663.19	60S ribosomal subunit protein L31, putative	1,21E-10
52	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510943.50	delta-1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase, putative	1,22E-10
53	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510329.270	fumarate hydratase, putative	1,22E-10
54	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510877.55	acyl-CoA binding protein, putative	1,37E-10
55	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511303.60	translation initiation factor, putative	1,42E-10
56	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511285.120	ATP-dependent RNA helicase, putative	1,44E-10
57	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510801.10	calpain-like cysteine peptidase, putative	1,48E-10
58	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506247.210	hypothetical protein, conserved	1,50E-10
59	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510105.230	glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, cytosolic, putative	1,60E-10
60	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510821.60	ribonucleoprotein p18, mitochondrial precursor, putative	1,62E-10
61	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507875.20	glutamate dehydrogenase, putative	1,77E-10
62	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508375.30	aspartate carbamoyltransferase, putative	1,81E-10
63	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507795.50	syntaxin, putative	1,83E-10
64	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507211.30	hypothetical protein, conserved	2,01E-10
65	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507883.109	mitochondrial malate dehydrogenase, putative	2,48E-10
66	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053503819.30	eukaryotic translation initiation factor 2 subunit, putative	2,50E-10
67	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508823.120	ribosomal protein S20, putative	3,28E-10
68	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506247.220	histidine ammonia-lyase, putative	3,45E-10
69	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508731.60	adenylosuccinate synthetase, putative	3,65E-10
70	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053467287.30	ATPase beta subunit, putative	3,84E-10
71	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508827.40	acyl-CoA dehydrogenase, putative	3,85E-10
72	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053503611.20	ribosomal protein L24, putative	3,98E-10
73	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508387.20	methylthioadenosine phosphorylase, putative	4,01E-10
74	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507713.30	heat shock protein 85, putative	4,16E-10



75	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053463451.10	hypothetical protein, conserved	5,44E-10
76	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053509233.180	ATPase beta subunit, putative	5,45E-10
77	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511189.30	40S ribosomal protein S13, putative	5,52E-10
78	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510329.130	UDP-glucose:glycoprotein glucosyltransferase	6,08E-10
79	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510535.64	hypothetical protein, conserved	6,14E-10
80	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053504181.10	60S ribosomal protein L9, putative	6,53E-10
81	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053509013.10	calpain-like cysteine peptidase, putative	6,95E-10
82	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053509965.380	dTDP-glucose 4,6-dehydratase, putative	7,45E-10
83	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510351.90	dihydrolipoamide branched chain transacylase, putative	8,15E-10
84	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053503593.70	eukaryotic peptide chain release factor subunit 1, putative	8,33E-10
85	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511287.49	prostaglandin F synthase, putative,aldo/keto reductase, putative	8,53E-10
86	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511277.250	hypothetical protein, conserved	8,73E-10
87	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511649.160	hypothetical protein, conserved	9,40E-10
88	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511811.10	40S ribosomal protein S15, putative	9,76E-10
89	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508461.140	poly(A)-binding protein, putative,polyadenylate-binding protein, putative	1,32E-09
90	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053509595.50	ribonuclease II-like protein, putative	1,33E-09
91	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508301.20	mitochondrial processing peptidase, beta subunit, putative,metallo-peptidase, Clan ME, Family M16, putative	1,40E-09
92	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511815.40	hypothetical protein, conserved	1,43E-09
93	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053503643.3	60S ribosomal protein L4, putative	1,44E-09
94	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511817.40	NADH-cytochrome B5 reductase, putative	1,46E-09
95	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510877.30	hypothetical protein, conserved	1,46E-09
96	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053504153.310	heat shock protein, putative	2,26E-09
97	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510299.10	hypothetical protein, conserved	2,41E-09
98	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053504147.200	proteasome regulatory ATPase subunit, putative	2,57E-09
99	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053503841.10	proteasome activator protein PA26, putative	2,82E-09

100	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053509177.68	translation initiation factor, putative	2,82E-09
101	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506679.140	40S ribosomal protein S10, putative	2,90E-09
102	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506227.150	protein kinase A regulatory subunit, putative	3,29E-09
103	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053503579.60	hypothetical protein	3,31E-09
104	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053509331.74	hypothetical protein, conserved	3,45E-09
105	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053505989.110	hypothetical protein, conserved	3,59E-09
106	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053439653.10	NADH-dependent fumarate reductase, putative	4,19E-09
107	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507993.390	pyruvate kinase 2, putative	4,44E-09
108	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507897.30	serine/threonine-protein kinase A, putative,protein kinase, putative	5,66E-09
109	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053509733.170	transitional endoplasmic reticulum ATPase, putative	6,15E-09
110	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053503789.70	hypothetical protein, conserved	6,66E-09
111	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508153.730	elongation initiation factor 2 alpha subunit, putative	7,60E-09
112	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053487507.10	tryparedoxin peroxidase, putative	7,83E-09
113	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053509683.117	40S ribosomal protein S4, putative	8,03E-09
114	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510821.50	replication Factor A 28 kDa subunit, putative	8,60E-09
115	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510911.50	glycine dehydrogenase [decarboxylating], putative,glycine cleavage system P-protein, putative	8,96E-09
116	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511727.50	hypothetical protein, conserved	9,23E-09
117	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507517.50	hypothetical protein	9,32E-09
118	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511507.20	hypothetical protein, conserved	9,66E-09
119	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511069.10	40S ribosomal protein S8, putative	9,81E-09
120	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053409117.20	40S ribosomal protein S14, putative	1,00E-08
121	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506933.60	mitochondrial RNA binding protein, putative	1,06E-08
122	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506007.40	protein kinase, putative,mitogen-activated protein kinase, putative	1,06E-08
123	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053504069.30	60S ribosomal protein L32, putative	1,11E-08
124	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511391.120	glutamamyl carboxypeptidase, putative,metallo-peptidase,	1,31E-08

					clan MH, family M18, putative	
125	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508307.150	hypothetical protein, conserved 1,31E-08
126	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506563.40	beta tubulin, putative 1,35E-08
127	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508299.60	60S ribosomal protein L2, putative 1,41E-08
128	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510679.40	hypothetical protein 1,42E-08
129	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053442383.9	40S ribosomal protein SA, putative 1,46E-08
130	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508277.160	glutaminyl-tRNA synthetase, putative 1,62E-08
131	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510661.250	cystathione gamma lyase, putative 1,78E-08
132	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053503793.10	2-oxoglutarate dehydrogenase subunit, putative 1,82E-08
133	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053505183.30	malic enzyme, putative 1,90E-08
134	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053509139.10	hypothetical protein, conserved 2,06E-08
135	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053509239.10	fatty acid desaturase, putative 2,06E-08
136	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506883.50	hypothetical protein, conserved 2,27E-08
137	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510187.100	glucokinase 1, putative 2,58E-08
138	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510089.110	hypothetical protein, conserved 2,88E-08
139	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511003.30	hypothetical protein, conserved 2,89E-08
140	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508707.120	hypothetical protein, conserved 2,92E-08
141	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507021.110	hypothetical protein, conserved 2,92E-08
142	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511067.20	60S ribosomal protein L26, putative 3,12E-08
143	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506507.10	N-acetylglucosamine-6-phosphate deacetylase-like protein, putative 3,14E-08
144	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506593.19	ribosomal protein S7, putative 3,80E-08
145	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511573.20	hypothetical protein 3,91E-08
146	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506959.30	ATP-dependent DEAD/H RNA helicase, putative 4,02E-08
147	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508257.200	hypothetical protein, conserved 4,02E-08
148	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506679.94	40S ribosomal protein S18, putative 4,38E-08
149	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510303.310	hypothetical protein, conserved 4,51E-08

150	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506559.200	thioredoxin, putative	4,62E-08
151	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053503943.20	hypothetical protein, conserved	4,78E-08
152	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053432787.10	hypothetical protein, conserved (pseudogene)	5,23E-08
153	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053413977.10	hypothetical protein, conserved	5,28E-08
154	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507513.90	RNA-editing complex protein MP100, putative	5,29E-08
155	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510431.180	hypothetical protein, conserved	5,46E-08
156	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053504001.20	hypothetical protein, conserved	5,77E-08
157	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506937.10	cytosolic malate dehydrogenase, putative	5,93E-08
158	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508319.30	hypothetical protein, conserved	6,09E-08
159	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507765.60	40S ribosomal protein S21, putative	6,16E-08
160	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506933.20	ribonucleoside-diphosphate reductase large chain, putative	6,41E-08
161	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053503815.10	alkyl-dihydroxyacetone phosphate synthase, putative	6,56E-08
162	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507913.39	glutaminyl-tRNA synthetase, putative	6,58E-08
163	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508153.130	enoyl-CoA hydratase, mitochondrial precursor, putative	6,71E-08
164	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510647.30	tryptophanyl-tRNA synthetase, putative	7,81E-08
165	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507011.30	hypothetical protein, conserved	7,83E-08
166	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506503.69	glycosomal malate dehydrogenase, putative	7,97E-08
167	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053503777.19	phosphoribosylpyrophosphate synthetase, putative	8,55E-08
168	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507023.160	hypothetical protein, conserved	8,77E-08
169	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506297.270	60S ribosomal protein L28, putative	8,91E-08
170	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507093.220	RNA-binding protein, putative	9,10E-08
171	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508547.150	hypothetical protein, conserved	9,45E-08
172	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507793.10	hypothetical protein, conserved	9,58E-08
173	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506297.260	lanosterol 14-alpha-demethylase, putative	9,64E-08
174	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507521.140	hypothetical protein, conserved	9,87E-08
175	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507657.10	glutamamyl carboxypeptidase, putative, metallo-peptidase, clan MH, family M18, putative	9,97E-08

176	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511729.40	60S ribosomal protein L9, putative	1,02E-07
177	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506211.60	RNA-binding protein, putative	1,08E-07
178	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511589.10	ATP synthase, putative	1,12E-07
179	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053509917.19	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	1,12E-07
180	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508355.330	hypothetical protein, conserved	1,12E-07
181	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053445281.9	calpain-like cysteine peptidase, putative mitochondrial processing peptidase alpha subunit,	1,13E-07
182	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511367.340	putative,metallo-peptidase, Clan ME, Family M16, putative	1,21E-07
183	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053504121.30	60S ribosomal protein L4, putative	1,24E-07
184	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507031.29	nucleosome assembly protein, putative	1,26E-07
185	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053436535.19	glucose-6-phosphate dehydrogenase, putative	1,38E-07
186	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053504117.20	sedoheptulose-1,7-bisphosphatase, putative	1,48E-07
187	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506817.30	ribosomal protein L27, putative	1,59E-07
188	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508461.280	protein kinase A catalytic subunit isoform 2, putative	1,69E-07
189	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511807.260	hypothetical protein, conserved	1,91E-07
190	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506943.50	glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, putative	2,04E-07
191	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511807.250	hypothetical protein, conserved apurinic/apurimidinic endonuclease,APE1/exoIII-related	2,05E-07
192	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053509901.170	apurinic/apurimidinic endonuclease	2,07E-07
193	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508297.50	short chain dehydrogenase, putative	2,09E-07
194	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511573.40	mitogen-activated protein kinase, putative	2,20E-07
195	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053509287.50	glucose-6-phosphate 1-dehydrogenase, putative	2,31E-07
196	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511903.110	40S ribosomal protein S8, putative	2,51E-07
197	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053504017.20	hypothetical protein, conserved prostaglandin F2alpha synthase,dehydrogenase, putative,NADH:flavin oxidoreductase/NADH oxidase,	2,52E-07
198	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506147.9	putative	2,87E-07
199	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508707.200	nucleoside diphosphate kinase, putative	3,03E-07

200	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510739.19	cystathione gamma lyase, putative	3,22E-07
201	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506581.60	hypothetical protein, conserved	3,58E-07
202	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506839.80	phosphoribosylpyrophosphate synthetase, putative	3,63E-07
203	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053509777.130	hypothetical protein, conserved	4,30E-07
204	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511367.129	hypothetical protein, conserved	4,36E-07
205	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053504021.109	40S ribosomal protein S3, putative	4,53E-07
206	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053503467.9	NADH-dependent fumarate reductase, putative	4,58E-07
207	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506235.20	hypothetical protein, conserved	4,66E-07
208	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506989.190	lipophosphoglycan biosynthetic protein, putative, heat shock protein 90, putative; glucose regulated protein 94, putative	4,76E-07
209	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506945.240	ATP synthase, epsilon chain, putative	5,05E-07
210	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506525.80	N-myristoyl transferase, putative	5,17E-07
211	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053503719.20	40S ribosomal protein SA, putative	5,23E-07
212	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506321.280	hypothetical protein, conserved	5,35E-07
213	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508707.227	ATP binding protein-like protein, putative	5,67E-07
214	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053430737.20	hypothetical protein, conserved	6,01E-07
215	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506789.280	methylthioadenosine phosphorylase, putative	6,16E-07
216	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053509233.80	heat shock protein DnaJ, putative	6,34E-07
217	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507611.10	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	6,37E-07
218	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053503861.10	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	6,51E-07
219	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510687.149	coatamer alpha subunit, putative	6,56E-07
220	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510957.9	calpain-like cysteine peptidase, putative	6,62E-07
221	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053504163.30	40S ribosomal protein S9, putative	6,63E-07
222	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506341.10	N-acetylglucosamine-6-phosphate deacetylase-like protein, putative	7,76E-07
223	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506885.70	polyadenylate-binding protein 1, putative	8,01E-07
224	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053504113.20	MYH7B protein, putative	8,06E-07

225	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053509569.90	ARP2/3 complex subunit, putative	8,69E-07
226	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508881.140	hypothetical protein	9,88E-07
227	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508741.170	hypothetical protein, conserved	1,01E-06
228	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508661.34	hypothetical protein, conserved	1,02E-06
229	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511903.40	hypothetical protein, conserved	1,03E-06
230	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506691.14	ATP-dependent DEAD/H RNA helicase, putative	1,03E-06
231	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510543.90	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	1,04E-06
232	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508175.146	60S ribosomal protein L23a, putative	1,04E-06
233	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053503453.30	60S ribosomal protein L30, putative	1,06E-06
234	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511139.20	40S ribosomal protein S11, putative	1,06E-06
235	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507389.70	peptidase, putative, metallo-peptidase, Clan ME, Family M16, putative	1,07E-06
236	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506795.50	poly(A) polymerase, putative, polynucleotide adenylyltransferase, putative	1,15E-06
237	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507915.5	glutaminyl-tRNA synthetase, putative	1,18E-06
238	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508669.10	hypothetical protein, conserved	1,21E-06
239	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053503903.50	hypothetical protein, conserved	1,23E-06
240	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508205.48	hypothetical protein, conserved	1,48E-06
241	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506883.60	hypothetical protein, conserved	1,52E-06
242	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506413.80	cyclophilin, putative	1,59E-06
243	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053504251.30	hypothetical protein, conserved	1,60E-06
244	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510175.90	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative cytosolic factor SEC14, putative, phosphatidylinositol/phosphatidylcholine transfer	1,61E-06
245	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506583.70	protein, putative	2,05E-06
246	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053503617.40	ATPase alpha subunit, putative	2,14E-06
247	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511581.10	fatty acyl CoA synthetase 2, putative	2,22E-06
248	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053509351.10	delta-1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase, putative	2,26E-06

249	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506337.50	hypothetical protein, conserved	2,26E-06
250	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506303.70	hypothetical protein, conserved	2,29E-06
251	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508003.10	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	2,29E-06
252	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053509047.10	hypothetical protein	2,29E-06
253	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510039.90	60S ribosomal protein L35, putative	2,40E-06
254	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508153.1050	hypothetical protein, conserved	2,43E-06
255	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053509175.18	hypothetical protein, conserved	2,47E-06
256	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053504149.160	phosphoinositide-specific phospholipase C, putative	2,65E-06
257	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506389.70	hypothetical protein, conserved	2,68E-06
258	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053504181.20	40S ribosomal protein S23, putative	2,71E-06
259	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053509051.30	dTDP-glucose 4,6-dehydratase, putative	2,73E-06
260	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508461.480	60S ribosomal protein L23, putative	2,76E-06
261	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507617.9	prostaglandin F2alpha synthase	3,19E-06
262	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507923.40	hypothetical protein, conserved	3,21E-06
263	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053509671.80	60S ribosomal protein L5, putative	3,34E-06
264	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506753.164	hypothetical protein, conserved	4,52E-06
265	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507083.30	apurinic/aprimidinic endonuclease, putative, APE1/exoIII-related apurinic/aprimidinic endonuclease, putative	4,71E-06
266	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511163.40	hypothetical protein, conserved	4,87E-06
267	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507519.110	60S ribosomal protein L7, putative	4,96E-06
268	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511483.40	prefoldin subunit 2, putative	5,15E-06
269	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508197.10	60S ribosomal protein L11, putative	5,23E-06
270	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506295.160	2-oxoisovalerate dehydrogenase beta subunit, mitochondrial precursor, putative	5,24E-06
271	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506025.14	ribosomal protein S29, putative	5,26E-06
272	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506355.50	chaperone DnaJ protein, putative	5,42E-06
273	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506729.90	hypothetical protein, conserved	5,63E-06



274	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506301.30	hypothetical protein, conserved	6,10E-06
275	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510901.210	hypothetical protein, conserved	6,63E-06
276	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508401.20	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	6,71E-06
277	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507603.230	hydroxyacylglutathione hydrolase, putative, glyoxalase II, putative	7,04E-06
278	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506953.49	glucose-6-phosphate 1-dehydrogenase, putative	7,06E-06
279	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510187.290	ATP-dependent DEAD/H RNA helicase, putative	7,09E-06
280	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053503939.80	prolyl-tRNA synthetase, putative, bifunctional aminoacyl-trna synthetase, putative	7,14E-06
281	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506801.90	hypothetical protein, conserved	7,34E-06
282	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508153.20	dynamamin, putative, vacuolar sortin protein 1, putative	7,63E-06
283	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508387.140	hypothetical protein, conserved	7,78E-06
284	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508707.90	proteasome regulatory non-ATPase subunit 7, putative	7,99E-06
285	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511303.150	hypothetical protein, conserved	8,06E-06
286	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508355.170	hypothetical protein, conserved	8,12E-06
287	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511661.10	hypothetical protein, conserved	8,24E-06
288	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053504427.30	hypothetical protein, conserved	8,33E-06
289	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511815.4	proteasome regulatory ATPase subunit 5, putative	8,50E-06
290	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506947.20	hypothetical protein, conserved	8,80E-06
291	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053503935.20	2-oxoglutarate dehydrogenase, E2 component, dihydrolipoamide succinyltransferase, putative metalloprotease-like protein, putative, peptide deformylase, putative, polypeptide deformylase, putative	8,96E-06
292	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510579.20	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	9,62E-06
293	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507501.10	myo-inositol-1-phosphate synthase, putative	1,04E-05
294	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507609.60	ribosomal protein S25, putative	1,04E-05
295	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053504105.94	hypothetical protein, conserved	1,05E-05
296	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506227.140	hypothetical protein, conserved	1,07E-05
297	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510657.50	hypothetical protein, conserved	1,13E-05

298	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511491.60	kinesin, putative	1,21E-05
299	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053504013.11	ribosomal protein L13, putative	1,26E-05
300	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053509695.210	serine carboxypeptidase (CBP1), putative, serine peptidase, clan SC, family S10, putative	1,36E-05
301	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510819.4	NADH-cytochrome b5 reductase, putative	1,38E-05
302	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508413.50	RNA-binding protein, putative	1,41E-05
303	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053408799.19	isopentenyl-diphosphate delta-isomerase, putative	1,53E-05
304	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511391.160	cytochrome c1, heme protein, mitochondrial precursor, putative	1,56E-05
305	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510431.10	isopentenyl-diphosphate delta-isomerase, putative, isomerase, putative	1,57E-05
306	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508387.70	hypothetical protein, conserved	1,59E-05
307	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053503619.20	hypothetical protein, conserved	1,64E-05
308	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508537.10	glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, cytosolic, putative	1,72E-05
309	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511301.110	inosine-5'-monophosphate dehydrogenase, putative	1,75E-05
310	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508479.180	hypothetical protein, conserved	1,90E-05
311	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053455721.9	cytochrome c oxidase subunit 10, putative	1,91E-05
312	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506625.60	inositol 5-phosphatase 1, putative	1,94E-05
313	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053504069.20	cytochrome C oxidase subunit VI, putative	1,95E-05
314	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053503509.10	hypothetical protein, conserved	2,15E-05
315	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507993.260	hypothetical protein, conserved	2,17E-05
316	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506297.220	hypothetical protein, conserved	2,18E-05
317	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053503449.10	60S ribosomal protein L17, putative	2,28E-05
318	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053503899.20	40S ribosomal protein S16, putative	2,29E-05
319	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511277.330	uracil-DNA glycosylase	2,46E-05
320	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511647.40	hypothetical protein, conserved	2,47E-05
321	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508169.9	elongation factor 2, putative	2,53E-05

322	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511283.90	N-myristoyl transferase, putative retrotransposon hot spot (RHS) protein,	2,58E-05
323	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508473.10	putative,retrotransposon hot spot protein 1 (RHS1), putative	2,65E-05
324	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506795.44	hypothetical protein, conserved calpain-like cysteine peptidase, putative,cysteine peptidase,	2,72E-05
325	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506563.220	Clan CA, family C2, putative	2,98E-05
326	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507715.34	hypothetical protein, conserved	3,11E-05
327	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511529.210	hypothetical protein, conserved	3,18E-05
328	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053452475.10	trans-sialidase, putative	3,24E-05
329	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507975.80	hypothetical protein, conserved	3,24E-05
330	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506931.80	P450 reductase, putative	3,24E-05
331	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053468941.9	ATP-dependent DEAD/H RNA helicase, putative	3,29E-05
332	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506337.70	2-oxoglutarate dehydrogenase E1 component, putative	3,33E-05
333	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053509505.10	protein disulfide isomerase, putative	3,33E-05
334	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053504797.110	hypothetical protein, conserved	3,51E-05
335	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508785.4	hypothetical protein, conserved	3,55E-05
336	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506295.100	hypothetical protein, conserved	4,31E-05
337	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053509059.80	hypothetical protein, conserved	4,34E-05
338	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506795.29	hypothetical protein, conserved	4,46E-05
339	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508413.68	kinetoplastid membrane protein KMP-11	5,15E-05
340	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506925.14	hypothetical protein, conserved	5,18E-05
341	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053504001.10	hypothetical protein, conserved	5,40E-05
342	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507165.59	hypothetical protein, conserved	5,56E-05
343	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506519.130	inosine-5'-monophosphate dehydrogenase, putative pre-mRNA <i>splicing</i> factor ATP-dependent RNA helicase,	5,93E-05
344	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506831.79	putative	5,99E-05
345	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507021.20	ESAG8-associated protein, putative	6,23E-05
346	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510761.44	cyclophilin-like protein, putative	6,68E-05

347	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506801.110	hypothetical protein, conserved	7,05E-05
348	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053440363.10	hypothetical protein, conserved	7,09E-05
349	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511281.60	pyruvate kinase 2, putative	7,11E-05
350	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507811.40	hypothetical protein, conserved	7,37E-05
351	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507305.20	casein kinase, putative	7,67E-05
352	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053503511.10	hypothetical protein, conserved	7,68E-05
353	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508989.90	hypothetical protein, conserved	7,70E-05
354	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508999.190	calpain-like cysteine peptidase, putative,cysteine peptidase, Clan CA, family C2, putative	8,30E-05
355	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053503893.100	hypothetical protein, conserved	8,31E-05
356	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510531.54	small nuclear ribonucleoprotein, putative	9,26E-05
357	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506933.30	hypothetical protein, conserved	9,33E-05
358	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508257.170	dynein heavy chain, putative	1,02E-04
359	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511303.40	carnitine O-acetyltransferase, putative	1,12E-04
360	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506871.180	hypothetical protein, conserved	1,14E-04
361	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053503805.10	hypothetical protein, conserved	1,26E-04
362	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507257.60	fumarate hydratase, putative	1,26E-04
363	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506811.170	hypothetical protein, conserved	1,30E-04
364	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508185.10	enoyl-CoA hydratase, mitochondrial precursor, putative	1,41E-04
365	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053509965.60	NUDIX hydrolase, putative cyclophilin A,PPIase,rotamase,peptidyl-prolyl cis-trans isomerase	1,47E-04
366	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506925.300	isomerase	1,48E-04
367	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053509719.40	cytochrome P450, putative calpain-like cysteine peptidase, putative,cysteine peptidase, Clan CA, family C2, putative	1,48E-04
368	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511329.10	hypothetical protein, conserved	1,53E-04
369	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053504147.70	hypothetical protein, conserved	1,72E-04
370	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508503.20	cytochrome c oxidase subunit V, putative	1,95E-04
371	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053504839.28	tryparedoxin peroxidase, putative	2,05E-04

372	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506925.260	protein kinase, putative	2,06E-04
373	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506405.149	ribosomal protein L21E (60S), putative	2,15E-04
374	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506579.20	hypothetical protein, conserved	2,19E-04
375	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053509039.10	hypothetical protein, conserved	2,33E-04
376	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511261.160	pyruvate dehydrogenase E1 component alpha subunit, putative	2,60E-04
377	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053504045.5	hypothetical protein, conserved	2,87E-04
378	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506959.110	hypothetical protein, conserved	3,00E-04
379	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508153.890	hypothetical protein, conserved	3,12E-04
380	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053410923.20	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	3,16E-04
381	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506857.90	proteasome regulatory ATPase subunit 1, putative	3,35E-04
382	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511367.370	elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha), putative	3,52E-04
383	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506473.20	DnaJ chaperone protein, putative	3,66E-04
384	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511277.170	ATP-dependent zinc metallopeptidase, putative, metallo-peptidase, clan MA(E), family M41, putative	3,75E-04
385	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511667.20	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	3,75E-04
386	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507883.70	hypothetical protein, conserved	3,76E-04
387	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508461.120	hypothetical protein, conserved	3,77E-04
388	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507603.200	proteasome regulatory ATPase subunit 3, putative	3,82E-04
389	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508781.110	2-oxoisovalerate dehydrogenase alpha subunit, putative	3,85E-04
390	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511365.70	proteasome regulatory non-ATPase subunit, putative	3,87E-04
391	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506693.4	elongation initiation factor 2 alpha subunit, putative	4,25E-04
392	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511283.190	U2 small nuclear ribonucleoprotein 40k Da, putative	4,44E-04
393	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506195.110	malate dehydrogenase, putative	4,74E-04
394	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053503453.50	hypothetical protein, conserved	4,79E-04
395	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510445.50	S-adenosylmethionine synthetase, putative	4,82E-04
396	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506127.110	eukaryotic peptide chain release factor subunit 1, putative	5,23E-04

397	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510265.10	quinone oxidoreductase, putative	5,24E-04
398	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053504163.110	N-acetyltransferase subunit Nat1, putative	5,45E-04
399	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053420533.9	dihydrofolate reductase-thymidylate synthase, putative	5,57E-04
400	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053503607.4	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	7,10E-04
401	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053509151.140	60S ribosomal protein L23a, putative	7,43E-04
402	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508207.170	hypothetical protein	7,54E-04
403	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506261.10	fatty acyl CoA synthetase 2, putative	7,79E-04
404	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508217.9	dynein heavy chain, putative	7,84E-04
405	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053504177.20	fatty acyl CoA synthetase 2, putative	7,87E-04
406	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511019.99	glutathione peroxidase, putative	7,88E-04
407	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053504013.100	ribosomal protein S19, putative	8,33E-04
408	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508881.90	hypothetical protein, conserved	8,42E-04
409	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508707.190	hypothetical protein, conserved	8,86E-04
410	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507831.70	pyruvate dehydrogenase E1 component alpha subunit, putative	9,01E-04
411	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511283.10	hypothetical protein, conserved	9,38E-04
412	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510649.24	membrane associated protein, putative	9,68E-04
413	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053504153.330	hypothetical protein, conserved	1,09E-03
414	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507011.150	hypothetical protein, conserved	1,19E-03
415	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053503697.30	hypothetical protein, conserved	1,21E-03
416	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510661.60	glycerol kinase, glycosomal, putative	1,30E-03
417	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511445.90	hypothetical protein, conserved	1,41E-03
418	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511809.20	methylenetetrahydrofolate dehydrogenase-like protein, putative	1,44E-03
419	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508173.160	hypothetical protein, conserved	1,57E-03
420	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511145.40	peroxin 14, putative	1,57E-03
421	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511011.10	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	1,66E-03

422	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510879.110	ribosomal protein L3, putative cysteine peptidase, putative,cathepsin L-like, putative,major cysteine proteinase, putative,cysteine peptidase, clan CA, family C1, putative	1,69E-03
423	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508595.50	hypothetical protein, conserved	1,79E-03
424	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507951.299	hypothetical protein, conserved	2,01E-03
425	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511231.14	hypothetical protein	2,14E-03
426	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053504427.64	hypothetical protein, conserved	2,29E-03
427	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506673.69	hypothetical protein, conserved	2,32E-03
428	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053504147.250	hypothetical protein, conserved	2,36E-03
429	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506829.90	hypothetical protein, conserved	2,37E-03
430	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506633.30	hypothetical protein, conserved	2,53E-03
431	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053504153.140	aminopeptidase, putative,metallo-peptidase, clan MF, family M17, putative	2,56E-03
432	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507559.110	surface protease GP63, putative	2,60E-03
433	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506821.100	hypothetical protein, conserved	2,62E-03
434	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053509229.80	mitochondrial processing peptidase alpha subunit, putative,metallo-peptidase, Clan ME, Family M16, putative trypanothione/tryparedoxin dependent peroxidase 2, putative	2,68E-03
435	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053503899.119	hypothetical protein, conserved	2,71E-03
436	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510729.90	hypothetical protein, conserved	2,98E-03
437	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053509119.39	dynein heavy chain, putative	3,08E-03
438	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511395.90	serine/threonine protein kinase, putative	3,14E-03
439	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510431.220	hypothetical protein, conserved	3,38E-03
440	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511407.50	hypothetical protein, conserved	3,39E-03
441	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506779.20	hypothetical protein, conserved	3,42E-03
442	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507953.140	trans-sialidase, putative	3,50E-03
443	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053508515.40	protein kinase, putative	3,62E-03
444	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511705.20	putative prolyl carboxypeptidase, putative	3,90E-03

445	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510437.40	cytosolic malate dehydrogenase, putative dihydrolipoamide dehydrogenase, putative,acetoin	3,95E-03
446	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507757.70	dehydrogenase e3 component, putative	4,19E-03
447	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053507709.10	hypothetical protein, conserved	4,53E-03
448	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053510743.80	hypothetical protein, conserved	4,57E-03
449	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053511071.10	hypothetical protein, conserved	4,84E-03
450	Low	1	Stress	Postpol	Tc00.1047053506729.40	hypothetical protein, conserved	4,88E-03
1	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511627.110	heat shock protein DnaJ, putative	1,11E-16
2	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506435.410	uracil phosphoribosyltransferase, putative mitochondrial processing peptidase, beta subunit, putative,metallo-peptidase, Clan ME, Family M16, putative	1,67E-14
3	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508301.20	isocitrate dehydrogenase, putative	3,77E-14
4	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506925.319	proteasome regulatory non-ATPase subunit 8, putative,26S	5,22E-14
5	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509649.30	proteasome regulatory subunit, putative	6,11E-14
6	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510579.70	nascent polypeptide associated complex subunit, putative	7,77E-14
7	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509733.170	transitional endoplasmic reticulum ATPase, putative	8,66E-14
8	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507297.20	cysteinyl-tRNA synthetase, putative	1,18E-13
9	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511283.220	hypothetical protein, conserved	1,64E-13
10	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506297.190	pyruvate phosphate dikinase, putative	2,15E-13
11	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053455721.9	cytochrome c oxidase subunit 10, putative	3,19E-13
12	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508827.40	acyl-CoA dehydrogenase, putative	6,68E-13
13	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508785.4	hypothetical protein, conserved	8,19E-13
14	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510121.20	hexokinase, putative	1,01E-12
15	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510509.50	mitochondrial RNA binding protein, putative	1,11E-12
16	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507883.109	mitochondrial malate dehydrogenase, putative	1,63E-12
17	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506525.80	N-myristoyl transferase, putative	1,72E-12
18	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053504069.80	ATP synthase F1 subunit gamma protein, putative	1,79E-12
19	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508111.30	glutamate dehydrogenase, putative	1,99E-12



20	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508041.30	40S ribosomal protein S15a, putative	3,11E-12
21	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507257.60	fumarate hydratase, putative	3,16E-12
22	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511285.120	ATP-dependent RNA helicase, putative	3,62E-12
23	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509505.10	protein disulfide isomerase, putative	3,66E-12
24	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508949.4	elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha), putative	4,83E-12
25	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507021.110	hypothetical protein, conserved	5,04E-12
26	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053504423.30	hypothetical protein, conserved	5,05E-12
27	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510119.20	elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha), putative	7,40E-12
28	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508173.54	hypothetical protein, conserved	8,36E-12
29	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508461.120	hypothetical protein, conserved	8,79E-12
30	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053442383.9	40S ribosomal protein SA, putative	9,45E-12
31	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507875.20	glutamate dehydrogenase, putative	1,14E-11
32	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509233.180	ATPase beta subunit, putative	1,18E-11
33	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508153.730	elongation initiation factor 2 alpha subunit, putative prostaglandin F synthase, putative,aldo/keto reductase, putative	1,21E-11
34	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511287.49	hypothetical protein, conserved	1,26E-11
35	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508707.120	elongation factor 2, putative	1,64E-11
36	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508169.20	hypothetical protein, conserved	1,78E-11
37	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508479.180	hexokinase, putative	2,02E-11
38	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508951.20	fumarate hydratase, putative	2,21E-11
39	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509879.40	N-acetylglucosamine-6-phosphate deacetylase-like protein, putative	2,73E-11
40	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506507.10	mitochondrial processing peptidase alpha subunit, putative,metallo-peptidase, Clan ME, Family M16, putative	3,07E-11
41	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506735.10	poly(A)-binding protein, putative,polyadenylate-binding protein, putative	3,18E-11
42	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508461.140	delta-1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase, putative	3,25E-11
43	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510943.50		3,74E-11

44	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053504163.40	fructose-bisphosphate aldolase, glycosomal, putative	3,99E-11
45	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053504117.20	sedoheptulose-1,7-bisphosphatase, putative	4,24E-11
46	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053503819.30	eukaryotic translation initiation factor 2 subunit, putative	4,42E-11
47	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053503893.100	hypothetical protein, conserved	4,43E-11
48	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508375.30	aspartate carbamoyltransferase, putative	4,45E-11
49	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511303.60	translation initiation factor, putative	4,59E-11
50	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508731.60	adenylosuccinate synthetase, putative	4,76E-11
51	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506297.40	hypothetical protein, conserved	5,58E-11
52	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510579.20	metalloprotease-like protein, putative,peptide deformylase, putative,polypeptide deformylase, putative	6,62E-11
53	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507907.50	hypothetical protein, conserved	7,62E-11
54	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509287.50	glucose-6-phosphate 1-dehydrogenase, putative	7,89E-11
55	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508707.90	proteasome regulatory non-ATPase subunit 7, putative	7,90E-11
56	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508355.170	hypothetical protein, conserved	7,96E-11
57	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510119.9	elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha), putative	8,23E-11
58	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506247.220	histidine ammonia-lyase, putative	8,57E-11
59	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053504017.10	basic transcription factor 3a, putative	9,29E-11
60	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511649.160	hypothetical protein, conserved	1,12E-10
61	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506247.150	hypothetical protein, conserved	1,19E-10
62	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509013.10	calpain-like cysteine peptidase, putative	1,52E-10
63	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511529.210	hypothetical protein, conserved	1,57E-10
64	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511573.20	hypothetical protein	1,65E-10
65	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053467287.30	ATPase beta subunit, putative	1,66E-10
66	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508827.70	40S ribosomal protein S17, putative	1,73E-10
67	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053487507.10	tryparedoxin peroxidase, putative	1,76E-10
68	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510821.60	ribonucleoprotein p18, mitochondrial precursor, putative	1,83E-10
69	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509153.90	dihydrofolate reductase-thymidylate synthase, putative	1,88E-10

70	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509595.50	ribonuclease II-like protein, putative	2,28E-10
71	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053505989.110	hypothetical protein, conserved retrotransposon hot spot (RHS) protein,	2,46E-10
72	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508473.10	putative,retrotransposon hot spot protein 1 (RHS1), putative	2,49E-10
73	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507547.90	glycosomal phosphoenolpyruvate carboxykinase, putative	2,51E-10
74	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053503643.3	60S ribosomal protein L4, putative	2,65E-10
75	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509105.70	thiol-dependent reductase 1, putative,thiol transferase, putative,glutathione S-transferase, putative	3,01E-10
76	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053503419.50	RNA-binding protein RGGm, putative	3,35E-10
77	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510407.80	hypothetical protein, conserved serine carboxypeptidase (CBP1), putative,serine peptidase,	3,91E-10
78	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509695.210	clan SC, family S10, putative	3,95E-10
79	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508547.150	hypothetical protein, conserved	4,65E-10
80	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507793.10	hypothetical protein, conserved	4,76E-10
81	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053503955.20	mitochondrial DNA polymerase beta, putative calpain-like cysteine peptidase, putative,cysteine peptidase,	4,86E-10
82	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506721.30	Clan CA, family C2, putative	5,00E-10
83	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508299.60	60S ribosomal protein L2, putative	5,01E-10
84	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506211.70	RNA-binding protein, putative	5,35E-10
85	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507081.130	hypothetical protein, conserved apurinic/aprimidinic endonuclease,APE1/exoIII-related	5,75E-10
86	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509901.170	apurinic/aprimidinic endonuclease	6,57E-10
87	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053503815.10	alkyl-dihydroxyacetone phosphate synthase, putative	7,13E-10
88	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507993.390	pyruvate kinase 2, putative	7,46E-10
89	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511727.140	phenylalanyl-tRNA synthetase alpha chain, putative	7,53E-10
90	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508277.160	glutaminyI-tRNA synthetase, putative	7,89E-10
91	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053504181.10	60S ribosomal protein L9, putative	8,49E-10
92	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053436535.19	glucose-6-phosphate dehydrogenase, putative	8,68E-10

93	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510965.5	elongation factor 2, putative	8,92E-10
94	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506679.140	40S ribosomal protein S10, putative	9,31E-10
95	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509233.80	heat shock protein DnaJ, putative	9,35E-10
96	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510187.160	developmentally regulated GTP-binding protein, putative	1,17E-09
97	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506649.70	fructose-1,6-bisphosphatase, cytosolic, putative	1,24E-09
98	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506301.30	hypothetical protein, conserved	1,47E-09
99	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053468941.9	ATP-dependent DEAD/H RNA helicase, putative	1,61E-09
100	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053503399.20	hydrolase, alpha/beta fold family, putative	1,71E-09
101	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510421.130	hypothetical protein, conserved	1,84E-09
102	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053445281.9	calpain-like cysteine peptidase, putative	1,99E-09
103	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507715.34	hypothetical protein, conserved	2,01E-09
104	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510395.10	ATP synthase, alpha chain, mitochondrial precursor, putative	2,25E-09
105	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053505999.50	hypothetical protein, conserved	2,27E-09
106	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506885.70	polyadenylate-binding protein 1, putative	2,28E-09
107	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510877.30	hypothetical protein, conserved	2,30E-09
108	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508387.20	methylthioadenosine phosphorylase, putative	2,34E-09
109	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508153.1050	hypothetical protein, conserved	2,52E-09
110	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511047.40	NADH-cytochrome B5 reductase, putative	2,69E-09
111	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510187.290	ATP-dependent DEAD/H RNA helicase, putative	2,72E-09
112	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509915.60	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	2,90E-09
113	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506933.20	ribonucleoside-diphosphate reductase large chain, putative	2,92E-09
114	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510901.60	replication factor A, 51kDa subunit, putative	3,10E-09
115	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053504121.30	60S ribosomal protein L4, putative	3,15E-09
116	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506261.10	fatty acyl CoA synthetase 2, putative	3,24E-09
117	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509489.29	proteasome regulatory non-ATP-ase subunit, putative	3,27E-09
118	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508469.20	hypothetical protein, conserved	3,37E-09
119	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507063.90	mitochondrial DNA polymerase beta, putative	3,58E-09

---

120	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510661.250	cystathione gamma lyase, putative	3,91E-09
121	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509683.117	40S ribosomal protein S4, putative	4,43E-09
122	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506457.40	hypoxanthine-guanine phosphoribosyltransferase, putative	5,02E-09
123	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506337.70	2-oxoglutarate dehydrogenase E1 component, putative	5,44E-09
124	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507211.40	inosine-5'-monophosphate dehydrogenase, putative	5,70E-09
125	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511189.30	40S ribosomal protein S13, putative	5,84E-09
126	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509139.10	hypothetical protein, conserved	5,93E-09
127	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053504153.310	heat shock protein, putative	6,15E-09
128	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053503873.10	cytochrome-B5 reductase, putative	6,66E-09
129	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508355.330	hypothetical protein, conserved	6,74E-09
130	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511047.50	proteasome regulatory ATPase subunit 2, putative	6,95E-09
131	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510877.55	acyl-CoA binding protein, putative	7,15E-09
132	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506567.120	hypothetical protein, conserved	8,38E-09
133	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507993.260	hypothetical protein, conserved	8,89E-09
134	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053504191.10	sterol 24-c-methyltransferase, putative	9,64E-09
135	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053504017.20	hypothetical protein, conserved	1,03E-08
136	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508707.200	nucleoside diphosphate kinase, putative	1,07E-08
137	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506925.120	eukaryotic initiation factor 5a, putative	1,12E-08
138	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506393.189	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	1,18E-08
139	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506503.69	glycosomal malate dehydrogenase, putative	1,24E-08
140	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506789.280	methylthioadenosine phosphorylase, putative	1,25E-08
141	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507713.30	heat shock protein 85, putative	1,28E-08
142	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510397.10	hypothetical protein, conserved	1,31E-08
143	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506295.100	hypothetical protein, conserved	1,44E-08
144	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506297.150	40S ribosomal protein S5, putative	1,73E-08
145	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506559.200	thioredoxin, putative	1,85E-08
146	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511903.110	40S ribosomal protein S8, putative	1,93E-08

---

147	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511293.69	glycosomal malate dehydrogenase, putative	1,94E-08
148	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511817.40	NADH-cytochrome B5 reductase, putative	2,00E-08
149	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506519.130	inosine-5'-monophosphate dehydrogenase, putative	2,00E-08
150	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506297.260	lanosterol 14-alpha-demethylase, putative	2,04E-08
151	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506945.240	ATP synthase, epsilon chain, putative	2,09E-08
152	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510089.110	hypothetical protein, conserved	2,23E-08
153	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506227.150	protein kinase A regulatory subunit, putative	2,31E-08
154	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509161.30	OSM3-like kinesin, putative	2,41E-08
155	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053503943.20	hypothetical protein, conserved	2,47E-08
156	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506579.20	hypothetical protein, conserved	2,57E-08
157	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506195.110	malate dehydrogenase, putative	2,58E-08
158	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508319.30	hypothetical protein, conserved	2,64E-08
159	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506943.50	glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, putative	2,90E-08
160	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053503617.40	ATPase alpha subunit, putative	2,90E-08
161	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507031.29	nucleosome assembly protein, putative	3,05E-08
162	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053432787.10	hypothetical protein, conserved (pseudogene) isopentenyl-diphosphate delta-isomerase,	3,08E-08
163	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510431.10	putative, isomerase, putative protein kinase, putative, mitogen-activated protein kinase,	3,21E-08
164	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506007.40	putative	3,67E-08
165	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053503467.9	NADH-dependent fumarate reductase, putative	3,81E-08
166	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506959.30	ATP-dependent DEAD/H RNA helicase, putative	3,88E-08
167	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507011.30	hypothetical protein, conserved calpain-like cysteine peptidase, putative, cysteine peptidase,	4,54E-08
168	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508999.190	Clan CA, family C2, putative	5,20E-08
169	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510431.180	hypothetical protein, conserved	5,35E-08
170	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510877.20	hypothetical protein, conserved	5,36E-08
171	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506583.70	cytosolic factor SEC14,	5,49E-08

						putative,phosphatidylinositol/phosphatidylcholine transfer protein, putative	
172	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510187.100	glucokinase 1, putative	6,17E-08
173	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510801.10	calpain-like cysteine peptidase, putative	6,72E-08
174	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506235.20	hypothetical protein, conserved	7,74E-08
175	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508153.130	enoyl-CoA hydratase, mitochondrial precursor, putative	7,75E-08
176	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053504147.200	proteasome regulatory ATPase subunit, putative	7,88E-08
177	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053503719.20	40S ribosomal protein SA, putative	8,41E-08
178	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506753.164	hypothetical protein, conserved	8,70E-08
179	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053504001.20	hypothetical protein, conserved	8,86E-08
180	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511181.50	mitochondrial processing peptidase, beta subunit, putative,metallo-peptidase, Clan ME, Family M16, putative	9,16E-08
181	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506389.70	hypothetical protein, conserved	1,00E-07
182	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509069.20	ATP binding protein-like protein, putative	1,00E-07
183	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053463451.10	hypothetical protein, conserved	1,08E-07
184	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510679.40	hypothetical protein	1,12E-07
185	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510175.90	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	1,16E-07
186	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053503577.20	U2 <i>splicing</i> auxiliary factor, putative	1,16E-07
187	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511727.50	hypothetical protein, conserved	1,19E-07
188	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053411235.9	alpha tubulin, putative	1,21E-07
189	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507513.90	RNA-editing complex protein MP100, putative	1,23E-07
190	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053503841.10	proteasome activator protein PA26, putative	1,25E-07
191	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508503.20	cytochrome c oxidase subunit V, putative	1,27E-07
192	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053504929.10	casein kinase, delta isoform, putative	1,33E-07
193	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506321.280	hypothetical protein, conserved	1,41E-07
194	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053503611.20	ribosomal protein L24, putative	1,42E-07
195	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511573.40	mitogen-activated protein kinase, putative	1,60E-07

196	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508271.10	phenylalanyl-tRNA synthetase, putative D-isomer specific 2-hydroxyacid dehydrogenase-protein, putative	1,61E-07
197	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506263.10	enoyl-CoA hydratase, mitochondrial precursor, putative	1,65E-07
198	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508185.10	hypothetical protein, conserved	1,73E-07
199	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506303.70	RNA-binding protein, putative	1,77E-07
200	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507093.220	developmentally regulated phosphoprotein, putative	1,91E-07
201	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511421.110	delta-1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase, putative	2,01E-07
202	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509351.10	aspartate carbamoyltransferase, putative	2,10E-07
203	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507091.50	heat shock 70 kDa protein, mitochondrial precursor, putative	2,14E-07
204	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511515.40	glutamamyl carboxypeptidase, putative,metallo-peptidase, clan MH, family M18, putative	2,18E-07
205	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511391.120	hypothetical protein, conserved	2,26E-07
206	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506795.44	glycine dehydrogenase [decarboxylating], putative,glycine cleavage system P-protein, putative	2,41E-07
207	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510911.50	40S ribosomal protein S18, putative	2,48E-07
208	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506679.94	40S ribosomal protein S11, putative	2,59E-07
209	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511139.20	hypothetical protein, conserved	2,62E-07
210	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507975.80	serine/threonine-protein kinase A, putative,protein kinase, putative	2,83E-07
211	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507897.30	hypothetical protein, conserved	2,87E-07
212	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511815.40	hypothetical protein, conserved	2,91E-07
213	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511303.150	hypothetical protein, conserved	2,98E-07
214	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053503805.10	hypothetical protein, conserved	3,00E-07
215	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510299.10	cysteine peptidase, putative,cathepsin L-like, putative,major cysteine proteinase, putative,cysteine peptidase, clan CA, family C1, putative	3,03E-07
216	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508595.50	hypothetical protein, conserved	3,23E-07
217	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506247.210		



218	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053503789.70	hypothetical protein, conserved	3,35E-07
219	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506855.100	hypothetical protein, conserved	3,51E-07
220	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053504147.70	hypothetical protein, conserved	3,76E-07
221	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511727.129	ribosomal protein L18, putative	4,20E-07
222	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509895.10	hypothetical protein, conserved	4,22E-07
223	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511465.10	proteasome activator protein PA26, putative	4,40E-07
224	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506925.260	protein kinase, putative	4,49E-07
225	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511069.10	40S ribosomal protein S8, putative	4,75E-07
226	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508205.20	nucleolar RNA helicase II, putative	4,88E-07
227	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510351.90	dihydrolipoamide branched chain transacylase, putative	5,57E-07
228	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511807.260	hypothetical protein, conserved	6,13E-07
229	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507159.30	hypothetical protein, conserved	6,18E-07
230	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507521.140	hypothetical protein, conserved	6,22E-07
231	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053504181.20	40S ribosomal protein S23, putative	7,00E-07
232	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511727.270	RNA-binding protein, putative cytidine triphosphate synthase, putative, CTP synthase, putative	7,12E-07
233	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506479.130	prostaglandin F2alpha synthase	8,59E-07
234	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507617.9	60S ribosomal protein L30, putative	8,62E-07
235	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053503453.30	calpain-like cysteine peptidase, putative, cysteine peptidase, Clan CA, family C2, putative	8,85E-07
236	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511329.10	cyclophilin A, PPIase, rotamase, peptidyl-prolyl cis-trans isomerase	8,90E-07
237	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506925.300	60S ribosomal protein L26, putative	9,11E-07
238	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511067.20	hypothetical protein, conserved	9,79E-07
239	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506795.90	hypothetical protein, conserved	9,97E-07
240	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507757.60	dihydrolipoamide dehydrogenase, putative	1,00E-06
241	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510819.4	NADH-cytochrome b5 reductase, putative	1,03E-06
242	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506817.30	ribosomal protein L27, putative	1,04E-06

243	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053503405.10	glutamine synthetase, putative	1,05E-06
244	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053503555.30	trypanothione reductase, putative	1,12E-06
245	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506147.9	prostaglandin F2alpha synthase, dehydrogenase, putative, NADH:flavin oxidoreductase/NADH oxidase, putative	1,14E-06
246	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506883.60	hypothetical protein, conserved	1,15E-06
247	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506691.14	ATP-dependent DEAD/H RNA helicase, putative	1,16E-06
248	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507765.140	hypothetical protein, conserved	1,20E-06
249	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506341.10	N-acetylglucosamine-6-phosphate deacetylase-like protein, putative	1,31E-06
250	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053503579.60	hypothetical protein	1,32E-06
251	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510535.64	hypothetical protein, conserved	1,36E-06
252	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053503477.30	hypothetical protein, conserved	1,41E-06
253	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506733.30	hypothetical protein, conserved	1,50E-06
254	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511261.160	pyruvate dehydrogenase E1 component alpha subunit, putative	1,56E-06
255	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506593.19	ribosomal protein S7, putative	1,58E-06
256	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511507.20	hypothetical protein, conserved	1,58E-06
257	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508741.170	hypothetical protein, conserved	1,59E-06
258	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508741.300	proteasome regulatory non-ATPase subunit 6, putative	1,60E-06
259	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508401.20	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	1,68E-06
260	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508507.40	hypothetical protein, conserved	1,93E-06
261	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510957.9	calpain-like cysteine peptidase, putative	2,04E-06
262	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510329.130	UDP-glucose:glycoprotein glucosyltransferase	2,13E-06
263	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508039.30	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	2,47E-06
264	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506755.260	mitochondrial RNA-binding protein 2, putative	2,47E-06
265	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508547.110	ATP-dependent DEAD/H RNA helicase, putative	2,47E-06
266	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511003.30	hypothetical protein, conserved	2,50E-06

267	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510579.80	60S ribosomal protein L10, putative	2,53E-06
268	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506801.90	hypothetical protein, conserved	2,53E-06
269	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506883.50	hypothetical protein, conserved	2,63E-06
270	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506473.20	DnaJ chaperone protein, putative	2,72E-06
271	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053504105.140	enolase, putative	2,73E-06
272	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506493.80	DNA topoisomerase IA, putative	2,76E-06
273	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508707.227	ATP binding protein-like protein, putative	2,76E-06
274	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511291.110	hypothetical protein, conserved	2,79E-06
275	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053503999.10	squalene monooxygenase, putative	2,82E-06
276	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053504099.10	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	3,81E-06
277	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506401.320	60S ribosomal protein L7a, putative	3,87E-06
278	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507227.9	hypothetical protein, conserved	4,44E-06
279	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507913.39	glutaminyI-tRNA synthetase, putative	4,95E-06
280	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510039.90	60S ribosomal protein L35, putative	4,98E-06
281	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508461.280	protein kinase A catalytic subunit isoform 2, putative	5,24E-06
282	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053504425.60	NADP-dependent alcohol hydrogenase, putative	5,33E-06
283	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053503635.59	40S ribosomal protein S3a, putative	5,56E-06
284	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507165.59	hypothetical protein, conserved	5,60E-06
285	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508737.140	hypothetical protein, conserved	5,94E-06
286	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507709.50	60S ribosomal protein L6, putative	6,03E-06
287	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509099.59	hypothetical protein, conserved	6,10E-06
288	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053503897.30	hypothetical protein, conserved	6,12E-06
289	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507517.50	hypothetical protein	6,59E-06
290	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509671.80	60S ribosomal protein L5, putative	6,60E-06
291	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506559.550	hypothetical protein, conserved	6,90E-06
292	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506821.100	hypothetical protein, conserved	6,99E-06
293	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508413.68	kinetoplastid membrane protein KMP-11	7,08E-06

294	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506413.80	cyclophilin, putative	7,15E-06
295	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053504037.30	60S ribosomal protein L12, putative	7,97E-06
296	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053504251.30	hypothetical protein, conserved	8,41E-06
297	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511283.90	N-myristoyl transferase, putative	9,08E-06
298	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053457251.10	3-oxo-5-alpha-steroid 4-dehydrogenase, putative	9,13E-06
299	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507519.110	60S ribosomal protein L7, putative	9,37E-06
300	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506211.60	RNA-binding protein, putative	9,37E-06
301	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510821.50	replication Factor A 28 kDa subunit, putative	9,64E-06
302	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509461.70	hypothetical protein, conserved	9,74E-06
303	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506829.90	hypothetical protein, conserved	1,01E-05
304	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508799.30	hypothetical protein, conserved	1,02E-05
305	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509331.74	hypothetical protein, conserved	1,18E-05
306	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053504163.30	40S ribosomal protein S9, putative	1,19E-05
307	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509717.80	glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, cytosolic, putative	1,27E-05
308	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506625.60	inositol 5-phosphatase 1, putative	1,36E-05
309	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508205.48	hypothetical protein, conserved	1,44E-05
310	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510329.270	fumarate hydratase, putative	1,46E-05
311	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053504045.5	hypothetical protein, conserved	1,52E-05
312	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506227.140	hypothetical protein, conserved	1,61E-05
313	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053461165.16	glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, cytosolic, putative	1,65E-05
314	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508197.10	60S ribosomal protein L11, putative	1,73E-05
315	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509777.130	hypothetical protein, conserved	1,98E-05
316	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053504013.11	ribosomal protein L13, putative	2,01E-05
317	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506525.10	hypothetical protein, conserved	2,07E-05
318	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506529.360	cytochrome C oxidase subunit IV, putative	2,30E-05

319	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508079.10	hypothetical protein, conserved	2,46E-05
320	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506297.220	hypothetical protein, conserved	2,52E-05
321	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511367.138	chaperone DnaJ protein, putative	2,58E-05
322	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508307.150	hypothetical protein, conserved	2,60E-05
323	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507649.80	nucleolar RNA-binding protein, putative	2,76E-05
324	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510663.19	60S ribosomal subunit protein L31, putative	2,79E-05
325	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509937.20	hypothetical protein, conserved	2,88E-05
326	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506963.10	60S ribosomal protein L10a, putative	3,24E-05
327	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510609.20	hypothetical protein, conserved	3,29E-05
328	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510437.40	cytosolic malate dehydrogenase, putative	3,41E-05
329	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506953.49	glucose-6-phosphate 1-dehydrogenase, putative	3,60E-05
330	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510795.10	tyrosine aminotransferase	3,64E-05
331	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053420533.9	dihydrofolate reductase-thymidylate synthase, putative	3,75E-05
332	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507915.5	glutaminyl-tRNA synthetase, putative	3,85E-05
333	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511483.40	prefoldin subunit 2, putative	3,91E-05
334	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053503619.20	hypothetical protein, conserved	4,01E-05
335	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509051.30	dTDP-glucose 4,6-dehydratase, putative	4,11E-05
336	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508669.10	hypothetical protein, conserved	4,12E-05
337	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509059.80	hypothetical protein, conserved	4,25E-05
338	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508461.550	hypothetical protein, conserved	4,31E-05
339	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506557.10	hypothetical protein, conserved	4,33E-05
340	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510879.110	ribosomal protein L3, putative	4,43E-05
341	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508589.30	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	4,67E-05
342	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507211.10	choline/carnitine O-acyltransferase, putative	4,89E-05
343	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053503847.80	hypothetical protein, conserved	4,92E-05
344	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507923.40	hypothetical protein, conserved	5,00E-05
345	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511647.40	hypothetical protein, conserved	5,04E-05

346	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053504113.20	MYH7B protein, putative	5,06E-05
347	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509965.380	dTDP-glucose 4,6-dehydratase, putative	5,24E-05
348	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508689.20	hypothetical protein, conserved	5,25E-05
349	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511539.9	hypothetical protein, conserved	5,42E-05
350	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508413.50	RNA-binding protein, putative	5,65E-05
351	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511661.10	hypothetical protein, conserved	5,90E-05
352	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510105.230	glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, cytosolic, putative	6,33E-05
353	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509617.20	paraflagellar rod protein 3, putative	6,40E-05
354	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511807.250	hypothetical protein, conserved	6,44E-05
355	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509239.10	fatty acid desaturase, putative	6,73E-05
356	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053503793.10	2-oxoglutarate dehydrogenase subunit, putative	7,38E-05
357	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053503419.30	thiol-dependent reductase 1, putative, thiol transferase, putative, glutathione S-transferase, putative	8,13E-05
358	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511229.80	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit, putative	8,22E-05
359	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506857.90	proteasome regulatory ATPase subunit 1, putative	8,85E-05
360	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510761.44	cyclophilin-like protein, putative	9,67E-05
361	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506885.340	hypothetical protein, conserved	1,03E-04
362	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506265.160	hypothetical protein, conserved	1,29E-04
363	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506295.160	2-oxoisovalerate dehydrogenase beta subunit, mitochondrial precursor, putative	1,36E-04
364	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507765.60	40S ribosomal protein S21, putative	1,38E-04
365	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507765.149	hypothetical protein, conserved	1,45E-04
366	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053503903.50	hypothetical protein, conserved	1,45E-04
367	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053504149.160	phosphoinositide-specific phospholipase C, putative	1,53E-04
368	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511441.10	calpain cysteine peptidase, putative, cysteine peptidase, Clan CA, family C2, putative	1,64E-04
369	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507389.70	peptidase, putative, metallo-peptidase, Clan ME, Family M16,	1,78E-04

					putative	
370	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507001.110	galactokinase-like protein, putative 1,80E-04
371	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053503899.50	RNA-editing complex protein MP100, putative 1,89E-04
372	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510687.149	coatomer alpha subunit, putative 1,94E-04
373	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508781.110	2-oxoisovalerate dehydrogenase alpha subunit, putative 1,94E-04
374	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053503833.40	40S ribosomal protein S2, putative 2,06E-04
375	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508213.20	hypothetical protein, conserved 2,26E-04
376	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053505985.9	calpain cysteine peptidase, putative 2,33E-04
377	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507795.50	syntaxin, putative 2,53E-04
378	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506441.20	hypothetical protein, conserved 2,66E-04
379	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053504839.28	tryparedoxin peroxidase, putative 2,75E-04
380	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510719.20	short-chain dehydrogenase, putative 3,16E-04
381	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506581.60	hypothetical protein, conserved 3,22E-04
382	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053503935.20	2-oxoglutarate dehydrogenase, E2 component, dihydrolipoamide succinyltransferase, putative 3,23E-04
383	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509047.40	hypothetical protein, conserved 3,24E-04
384	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511667.20	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative 3,57E-04
385	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509229.80	mitochondrial processing peptidase alpha subunit, putative,metallo-peptidase, Clan ME, Family M16, putative 4,47E-04
386	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053413977.10	hypothetical protein, conserved 4,56E-04
387	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506925.14	hypothetical protein, conserved 4,81E-04
388	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506817.60	hypothetical protein, conserved 4,94E-04
389	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506457.99	hypothetical protein, conserved 5,34E-04
390	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511903.40	hypothetical protein, conserved 6,42E-04
391	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511311.80	hypothetical protein, conserved 6,63E-04
392	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053504001.10	hypothetical protein, conserved 7,11E-04
393	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510659.210	chaperone DnaJ protein, putative 7,25E-04

394	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509683.80	adenylosuccinate synthetase, putative	7,29E-04
395	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508355.150	proteasome regulatory non-ATPase subunit 3, putative	7,31E-04
396	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506883.30	GTP-binding protein, putative	7,61E-04
397	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053443397.9	NADH-cytochrome b5 reductase, putative	7,62E-04
398	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506241.170	40S ribosomal protein S6, putative	8,10E-04
399	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507603.200	proteasome regulatory ATPase subunit 3, putative	8,27E-04
400	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053408799.19	isopentenyl-diphosphate delta-isomerase, putative	9,09E-04
401	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508153.280	60S ribosomal protein L13, putative	9,13E-04
402	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506587.40	ATP-dependent DEAD/H RNA helicase, putative	9,19E-04
403	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506701.10	dihydrolipoamide dehydrogenase, putative	9,49E-04
404	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506937.10	cytosolic malate dehydrogenase, putative	9,97E-04
405	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511517.37	reticulon domain protein, putative	1,02E-03
406	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508815.10	hypothetical protein, conserved	1,02E-03
407	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506937.40	dynein heavy chain, putative	1,03E-03
408	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053504109.60	hypothetical protein, conserved	1,06E-03
409	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508173.160	hypothetical protein, conserved	1,10E-03
410	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053504703.10	glycosyl hydrolase (pseudogene), putative	1,13E-03
411	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509917.19	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	1,16E-03
412	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510657.50	hypothetical protein, conserved	1,17E-03
413	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510901.150	proteasome regulatory non-ATPase subunit 2, putative	1,17E-03
414	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053504077.30	hypothetical protein, conserved	1,26E-03
415	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053503593.70	eukaryotic peptide chain release factor subunit 1, putative	1,33E-03
416	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510265.10	quinone oxidoreductase, putative	1,33E-03
417	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053504225.20	hypothetical protein, conserved (pseudogene)	1,35E-03
418	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506201.170	hypothetical protein, conserved	1,37E-03
419	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507881.20	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	1,38E-03
420	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506821.210	cytochrome-B5 reductase, putative	1,40E-03



421	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053504427.250	ubiquitin-activating enzyme E1, putative	1,42E-03
422	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506983.39	calpain-like cysteine peptidase, putative	1,44E-03
423	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511281.60	pyruvate kinase 2, putative	1,52E-03
424	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507167.20	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	1,65E-03
425	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508537.10	glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, cytosolic, putative	1,74E-03
426	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508479.500	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	1,84E-03
427	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506825.170	lanosterol synthase, putative	1,85E-03
428	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506227.230	N-acetyltransferase complex ARD1 subunit, putative	1,88E-03
429	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053503847.60	hypothetical protein, conserved	1,91E-03
430	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053504213.70	hypothetical protein, conserved	1,96E-03
431	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506227.240	hypothetical protein, conserved	2,15E-03
432	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507949.250	hypothetical protein, conserved	2,20E-03
433	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507011.130	hypothetical protein, conserved	2,21E-03
434	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507657.10	glutamamyl carboxypeptidase, putative, metallo-peptidase, clan MH, family M18, putative	2,22E-03
435	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509547.10	hypothetical protein	2,23E-03
436	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506947.20	hypothetical protein, conserved	2,24E-03
437	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506693.4	elongation initiation factor 2 alpha subunit, putative	2,41E-03
438	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511575.110	hypothetical protein, conserved	2,45E-03
439	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508153.20	dynamin, putative, vacuolar sortin protein 1, putative	2,48E-03
440	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506839.80	phosphoribosylpyrophosphate synthetase, putative	2,51E-03
441	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508827.44	hypothetical protein, conserved	2,53E-03
442	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506989.190	lipophosphoglycan biosynthetic protein, putative, heat shock protein 90, putative; glucose regulated protein 94, putative	2,63E-03
443	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509167.90	hypothetical protein, conserved	2,65E-03
444	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508231.60	ubiquitin-protein ligase, putative	2,65E-03
445	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510901.210	hypothetical protein, conserved	2,75E-03

446	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511391.160	cytochrome c1, heme protein, mitochondrial precursor, putative	2,91E-03
447	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508709.10	hypothetical protein, conserved	2,93E-03
448	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511491.60	kinesin, putative	3,03E-03
449	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510099.120	D-isomer specific 2-hydroxyacid dehydrogenase-protein, putative	3,18E-03
450	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511407.50	hypothetical protein, conserved	3,21E-03
451	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511395.90	serine/threonine protein kinase, putative	3,41E-03
452	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508723.80	rab-like GTPase activating protein, putative	3,42E-03
453	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053510729.90	hypothetical protein, conserved	3,49E-03
454	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053399997.10	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	3,55E-03
455	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507611.340	hypothetical protein, conserved	3,58E-03
456	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509119.39	dynein heavy chain, putative	3,68E-03
457	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506871.180	hypothetical protein, conserved	3,68E-03
458	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508175.146	60S ribosomal protein L23a, putative	3,68E-03
459	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506941.50	hypothetical protein, conserved	3,81E-03
460	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506801.110	hypothetical protein, conserved	3,82E-03
461	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053504097.40	hypothetical protein, conserved	3,99E-03
462	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053507011.150	hypothetical protein, conserved	4,12E-03
463	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053508461.84	hypothetical protein	4,38E-03
464	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053511287.4	hypothetical protein	4,64E-03
465	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053504147.120	60S ribosomal protein L22, putative	4,67E-03
466	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053506633.30	hypothetical protein, conserved	4,76E-03
467	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053509895.20	hypothetical protein, conserved	4,85E-03
468	Low	2	Stress	Postpol	Tc00.1047053504113.30	hypothetical protein, conserved	5,00E-03
1	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508951.20	hexokinase, putative	7,72E-15
2	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506925.319	isocitrate dehydrogenase, putative	1,22E-14

3	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508949.4	elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha), putative	3,55E-14
4	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511727.140	phenylalanyl-tRNA synthetase alpha chain, putative	3,77E-14
5	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509733.170	transitional endoplasmic reticulum ATPase, putative	4,22E-14
6	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503893.100	hypothetical protein, conserved mitochondrial processing peptidase, beta subunit, putative,metallo-peptidase, Clan ME, Family M16, putative	5,77E-14
7	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508301.20	heat shock protein DnaJ, putative	7,99E-14
8	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509233.80	nascent polypeptide associated complex subunit, putative	8,88E-14
9	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510579.70	elongation factor 2, putative	1,10E-13
10	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510965.5	glucose-6-phosphate 1-dehydrogenase, putative	3,42E-13
11	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509287.50	heat shock protein DnaJ, putative	3,81E-13
12	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511627.110	fructose-bisphosphate aldolase, glycosomal, putative	4,09E-13
13	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504163.40	glutamate dehydrogenase, putative	5,67E-13
14	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508111.30	delta-1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase, putative	5,70E-13
15	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510943.50	proteasome regulatory non-ATPase subunit 8, putative,26S	6,88E-13
16	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509649.30	proteasome regulatory subunit, putative	7,35E-13
17	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506855.170	hypothetical protein, conserved	7,94E-13
18	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504423.30	hypothetical protein, conserved	1,61E-12
19	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510121.20	hexokinase, putative	2,09E-12
20	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508169.20	elongation factor 2, putative	2,21E-12
21	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508827.40	acyl-CoA dehydrogenase, putative	2,30E-12
22	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504069.80	ATP synthase F1 subunit gamma protein, putative N-acetylglucosamine-6-phosphate deacetylase-like protein, putative	2,36E-12
23	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506507.10	translation initiation factor, putative	2,44E-12
24	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511303.60	mitochondrial RNA binding protein, putative	2,53E-12
25	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510509.50	40S ribosomal protein S15a, putative	3,20E-12
26	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508041.30	uracil phosphoribosyltransferase, putative	3,33E-12
27	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506435.410		3,38E-12

28	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503955.20	mitochondrial DNA polymerase beta, putative	3,43E-12
29	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506297.190	pyruvate phosphate dikinase, putative	3,64E-12
30	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506679.140	40S ribosomal protein S10, putative	3,97E-12
31	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504017.20	hypothetical protein, conserved	6,98E-12
32	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510761.44	cyclophilin-like protein, putative	7,40E-12
33	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510119.20	elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha), putative isopentenyl-diphosphate delta-isomerase, putative,isomerase, putative	9,09E-12
34	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510431.10	basic transcription factor 3a, putative	1,02E-11
35	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504017.10	developmentally regulated GTP-binding protein, putative	1,41E-11
36	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510187.160	histidine ammonia-lyase, putative	1,44E-11
37	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506247.220	hypothetical protein, conserved	1,61E-11
38	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508461.120	heat shock protein 85, putative	1,64E-11
39	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507713.30	protein kinase A regulatory subunit, putative	1,74E-11
40	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506227.150	hypothetical protein, conserved	2,10E-11
41	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507907.50	glutamate dehydrogenase, putative	2,19E-11
42	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507875.20	elongation factor 1-alpha (EF-1-alpha), putative	2,24E-11
43	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510119.9	aspartate carbamoyltransferase, putative	2,55E-11
44	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508375.30	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	3,07E-11
45	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509915.60	glycosomal phosphoenolpyruvate carboxykinase, putative	3,09E-11
46	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507547.90	N-myristoyl transferase, putative	3,52E-11
47	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506525.80	protein disulfide isomerase, putative	4,00E-11
48	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509505.10	hypothetical protein, conserved	4,11E-11
49	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508741.170	casein kinase, putative	4,94E-11
50	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507305.20	ATP-dependent RNA helicase, putative	5,58E-11
51	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511285.120	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative,retrotransposon hot spot protein 1 (RHS1), putative	5,92E-11
52	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508473.10		

53	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511287.49	prostaglandin F synthase, putative,aldo/keto reductase, putative	6,85E-11
54	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506721.30	calpain-like cysteine peptidase, putative,cysteine peptidase, Clan CA, family C2, putative	7,31E-11
55	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507257.60	fumarate hydratase, putative	7,82E-11
56	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510431.180	hypothetical protein, conserved	9,93E-11
57	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509879.40	fumarate hydratase, putative	1,04E-10
58	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053505989.110	hypothetical protein, conserved	1,16E-10
59	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510089.110	hypothetical protein, conserved	1,25E-10
60	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509683.117	40S ribosomal protein S4, putative	1,30E-10
61	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507883.109	mitochondrial malate dehydrogenase, putative	1,34E-10
62	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510187.290	ATP-dependent DEAD/H RNA helicase, putative	1,41E-10
63	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511329.10	calpain-like cysteine peptidase, putative,cysteine peptidase, Clan CA, family C2, putative	1,48E-10
64	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506583.70	cytosolic factor SEC14, putative,phosphatidylinositol/phosphatidylcholine transfer protein, putative	1,55E-10
65	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506959.30	ATP-dependent DEAD/H RNA helicase, putative	1,77E-10
66	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506883.60	hypothetical protein, conserved	1,79E-10
67	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507091.50	aspartate carbamoyltransferase, putative	1,80E-10
68	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508307.150	hypothetical protein, conserved	1,82E-10
69	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510821.60	ribonucleoprotein p18, mitochondrial precursor, putative	1,87E-10
70	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508319.30	hypothetical protein, conserved	1,89E-10
71	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503819.30	eukaryotic translation initiation factor 2 subunit, putative	1,91E-10
72	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510421.130	hypothetical protein, conserved	1,93E-10
73	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508387.20	methylthioadenosine phosphorylase, putative	1,94E-10
74	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503577.20	U2 <i>splicing</i> auxiliary factor, putative	2,10E-10
75	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509595.50	ribonuclease II-like protein, putative	2,11E-10

76	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053408799.19	isopentenyl-diphosphate delta-isomerase, putative mitochondrial processing peptidase, beta subunit,	2,61E-10
77	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511181.50	putative,metallo-peptidase, Clan ME, Family M16, putative	2,62E-10
78	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511807.260	hypothetical protein, conserved	2,66E-10
79	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509233.180	ATPase beta subunit, putative	2,78E-10
80	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508503.20	cytochrome c oxidase subunit V, putative	2,80E-10
81	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510661.250	cystathione gamma lyase, putative	2,90E-10
82	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511529.210	hypothetical protein, conserved mitochondrial processing peptidase alpha subunit,	2,99E-10
83	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506735.10	putative,metallo-peptidase, Clan ME, Family M16, putative	3,01E-10
84	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509791.110	hypothetical protein, conserved protein kinase, putative,mitogen-activated protein kinase,	3,08E-10
85	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506007.40	putative	3,37E-10
86	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509351.10	delta-1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase, putative	3,52E-10
87	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506457.40	hypoxanthine-guanine phosphoribosyltransferase, putative	3,69E-10
88	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053468941.9	ATP-dependent DEAD/H RNA helicase, putative	4,12E-10
89	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503899.80	hypothetical protein, conserved	4,87E-10
90	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506297.40	hypothetical protein, conserved	5,84E-10
91	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053436535.19	glucose-6-phosphate dehydrogenase, putative	5,98E-10
92	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508319.40	RNA helicase, putative	6,36E-10
93	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506563.40	beta tubulin, putative	7,44E-10
94	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511515.40	heat shock 70 kDa protein, mitochondrial precursor, putative	7,98E-10
95	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506241.170	40S ribosomal protein S6, putative	8,13E-10
96	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053432787.10	hypothetical protein, conserved (pseudogene)	8,42E-10
97	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510821.50	replication Factor A 28 kDa subunit, putative	8,50E-10
98	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510039.90	60S ribosomal protein L35, putative	9,16E-10
99	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508589.30	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	9,32E-10
100	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504013.11	ribosomal protein L13, putative	9,43E-10

101	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503789.70	hypothetical protein, conserved	1,04E-09
102	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507297.20	cysteinyl-tRNA synthetase, putative	1,04E-09
103	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506297.260	lanosterol 14-alpha-demethylase, putative	1,26E-09
104	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509153.90	dihydrofolate reductase-thymidylate synthase, putative	1,30E-09
105	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510299.10	hypothetical protein, conserved	1,41E-09
106	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506393.189	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	1,44E-09
107	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508837.120	prohibitin, putative	1,50E-09
108	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504191.10	sterol 24-c-methyltransferase, putative	1,51E-09
109	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506593.19	ribosomal protein S7, putative	1,67E-09
110	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511283.220	hypothetical protein, conserved	1,73E-09
111	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508737.140	hypothetical protein, conserved	1,85E-09
112	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509831.33	hypothetical protein, conserved	1,88E-09
113	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507021.110	hypothetical protein, conserved	2,05E-09
114	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510215.10	NADH-dependent fumarate reductase, putative	2,25E-09
115	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507993.390	pyruvate kinase 2, putative	2,30E-09
116	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507913.39	glutaminyl-tRNA synthetase, putative	2,39E-09
117	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053467287.30	ATPase beta subunit, putative	2,48E-09
118	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510535.64	hypothetical protein, conserved	2,51E-09
119	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510877.30	hypothetical protein, conserved	2,63E-09
120	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511047.50	proteasome regulatory ATPase subunit 2, putative	2,67E-09
121	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506625.60	inositol 5-phosphatase 1, putative	2,92E-09
122	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511573.20	hypothetical protein	2,93E-09
123	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508299.60	60S ribosomal protein L2, putative	3,31E-09
124	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506883.50	hypothetical protein, conserved	3,32E-09
125	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506315.90	serine/threonine protein kinase, putative,protein kinase, putative	3,38E-09
126	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510679.40	hypothetical protein	3,58E-09

127	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510657.50	hypothetical protein, conserved	3,66E-09
128	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506581.60	hypothetical protein, conserved	3,72E-09
129	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510901.60	replication factor A, 51kDa subunit, putative	4,00E-09
130	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504021.109	40S ribosomal protein S3, putative	4,08E-09
131	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511649.160	hypothetical protein, conserved	4,13E-09
132	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508153.1050	hypothetical protein, conserved	5,18E-09
133	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507063.90	mitochondrial DNA polymerase beta, putative	5,26E-09
134	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508707.200	nucleoside diphosphate kinase, putative	5,56E-09
135	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053455721.9	cytochrome c oxidase subunit 10, putative	5,70E-09
136	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511817.40	NADH-cytochrome B5 reductase, putative	5,82E-09
137	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503579.60	hypothetical protein	5,83E-09
138	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053487507.10	tryparedoxin peroxidase, putative	6,16E-09
139	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509901.170	apurinic/aprimidinic endonuclease, APE1/exoIII-related	6,43E-09
140	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504153.310	heat shock protein, putative	6,48E-09
141	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507023.60	hypothetical protein, conserved	6,97E-09
142	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506247.150	hypothetical protein, conserved	7,06E-09
143	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506301.30	hypothetical protein, conserved	7,23E-09
144	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511815.40	hypothetical protein, conserved	7,25E-09
145	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508277.160	glutaminyl-tRNA synthetase, putative	7,52E-09
146	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511303.40	carnitine O-acetyltransferase, putative	7,96E-09
147	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509139.10	hypothetical protein, conserved	7,97E-09
148	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510395.10	ATP synthase, alpha chain, mitochondrial precursor, putative	8,66E-09
149	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509719.40	cytochrome P450, putative	8,77E-09
150	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506925.120	eukaryotic initiation factor 5a, putative	9,65E-09
151	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053439653.10	NADH-dependent fumarate reductase, putative	9,77E-09
152	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506559.200	thioredoxin, putative	1,09E-08



153	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506401.320	60S ribosomal protein L7a, putative serine/threonine-protein kinase A, putative,protein kinase, putative	1,11E-08
154	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507897.30	hypothetical protein, conserved	1,18E-08
155	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507793.10	glucokinase 1, putative	1,24E-08
156	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510187.100	40S ribosomal protein S13, putative	1,24E-08
157	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511189.30	60S ribosomal protein L9, putative	1,42E-08
158	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504181.10	elongation initiation factor 2 alpha subunit, putative	1,58E-08
159	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508153.730	ATP synthase, epsilon chain, putative	1,63E-08
160	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506945.240	inosine-5'-monophosphate dehydrogenase, putative	1,66E-08
161	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506519.130	adenylosuccinate synthetase, putative	2,49E-08
162	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508731.60	hypothetical protein, conserved	2,81E-08
163	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508945.10	hypothetical protein, conserved	2,83E-08
164	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053505999.50	hypothetical protein, conserved	2,87E-08
165	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504163.110	N-acetyltransferase subunit Nat1, putative	3,02E-08
166	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506301.40	hypothetical protein, conserved	3,08E-08
167	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506855.100	hypothetical protein, conserved	3,19E-08
168	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510397.10	hypothetical protein, conserved	3,22E-08
169	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511047.40	NADH-cytochrome B5 reductase, putative	3,25E-08
170	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507467.94	hypothetical protein, conserved	3,40E-08
171	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506247.210	hypothetical protein, conserved	3,73E-08
172	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508785.4	hypothetical protein, conserved	3,73E-08
173	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508185.10	enoyl-CoA hydratase, mitochondrial precursor, putative	4,01E-08
174	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508461.280	protein kinase A catalytic subunit isoform 2, putative	4,04E-08
175	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506691.14	ATP-dependent DEAD/H RNA helicase, putative	4,14E-08
176	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508707.120	hypothetical protein, conserved poly(A)-binding protein, putative,polyadenylate-binding protein, putative	4,17E-08
177	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508461.140		4,19E-08

178	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508205.20	nucleolar RNA helicase II, putative	4,24E-08
179	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506275.80	hypothetical protein, conserved	4,35E-08
180	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506649.70	fructose-1,6-bisphosphatase, cytosolic, putative	4,36E-08
181	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504117.20	sedoheptulose-1,7-bisphosphatase, putative	4,68E-08
182	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506789.280	methylthioadenosine phosphorylase, putative metalloprotease-like protein, putative,peptide deformylase, putative,polypeptide deformylase, putative	4,93E-08
183	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510579.20	putative,polypeptide deformylase, putative	5,00E-08
184	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506933.20	ribonucleoside-diphosphate reductase large chain, putative	5,12E-08
185	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506211.70	RNA-binding protein, putative	5,65E-08
186	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506795.44	hypothetical protein, conserved	5,88E-08
187	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504929.10	casein kinase, delta isoform, putative	6,07E-08
188	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511727.50	hypothetical protein, conserved	6,10E-08
189	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509059.80	hypothetical protein, conserved	6,16E-08
190	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503943.20	hypothetical protein, conserved	6,25E-08
191	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503619.20	hypothetical protein, conserved	6,47E-08
192	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503467.9	NADH-dependent fumarate reductase, putative glutamamyl carboxypeptidase, putative,metallo-peptidase, clan MH, family M18, putative	6,54E-08
193	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511391.120	clan MH, family M18, putative	6,62E-08
194	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509161.30	OSM3-like kinesin, putative	6,97E-08
195	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510761.73	dynein-associated protein, putative	7,87E-08
196	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506529.360	cytochrome C oxidase subunit IV, putative	7,88E-08
197	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509461.70	hypothetical protein, conserved	8,44E-08
198	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509331.74	hypothetical protein, conserved lipophosphoglycan biosynthetic protein, putative,heat shock protein 90, putative; glucose regulated protein 94, putative	8,94E-08
199	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506989.190	protein 90, putative; glucose regulated protein 94, putative	8,95E-08
200	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504121.30	60S ribosomal protein L4, putative	9,33E-08
201	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508999.190	calpain-like cysteine peptidase, putative,cysteine peptidase, Clan CA, family C2, putative	1,02E-07

202	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506321.280	hypothetical protein, conserved prostaglandin F2alpha synthase, dehydrogenase, putative, NADH:flavin oxidoreductase/NADH oxidase, putative	1,12E-07
203	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506147.9	alkyl-dihydroxyacetone phosphate synthase, putative	1,17E-07
204	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503815.10	pyruvate dehydrogenase E1 component alpha subunit, putative	1,20E-07
205	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507831.70	hypothetical protein, conserved	1,23E-07
206	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507975.80	hypothetical protein, conserved	1,24E-07
207	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507765.140	hypothetical protein, conserved	1,27E-07
208	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508355.170	hypothetical protein, conserved	1,28E-07
209	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508153.130	enoyl-CoA hydratase, mitochondrial precursor, putative	1,31E-07
210	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511507.20	hypothetical protein, conserved	1,34E-07
211	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510749.10	hypothetical protein, conserved	1,43E-07
212	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503617.40	ATPase alpha subunit, putative mitochondrial processing peptidase alpha subunit, putative, metallo-peptidase, Clan ME, Family M16, putative	1,43E-07
213	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511367.340	hypothetical protein, conserved	1,45E-07
214	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507011.30	RNA-editing complex protein MP100, putative	1,58E-07
215	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507513.90	2-oxoglutarate dehydrogenase E1 component, putative	1,66E-07
216	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506337.70	hypothetical protein, conserved	1,69E-07
217	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053440363.10	pyruvate dehydrogenase E1 beta subunit, putative 2-oxoisovalerate dehydrogenase beta subunit, mitochondrial precursor, putative	1,82E-07
218	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510091.80	developmentally regulated phosphoprotein, putative	1,83E-07
219	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506295.160	hypothetical protein, conserved	1,97E-07
220	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511421.110	pyruvate dehydrogenase E1 component alpha subunit, putative	2,03E-07
221	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506389.70	hypothetical protein, conserved	2,04E-07
222	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511261.160	N-acetylglucosamine-6-phosphate deacetylase-like protein,	2,10E-07
223	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506341.10		

						putative	
224	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510817.60	hypothetical protein, conserved	2,12E-07
225	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506235.20	hypothetical protein, conserved	2,18E-07
226	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511573.40	mitogen-activated protein kinase, putative	2,26E-07
227	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506525.10	hypothetical protein, conserved	2,34E-07
228	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503405.10	glutamine synthetase, putative	2,49E-07
229	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504001.10	hypothetical protein, conserved	2,58E-07
230	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511069.10	40S ribosomal protein S8, putative	2,70E-07
231	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506885.380	hypothetical protein, conserved	2,77E-07
232	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503453.30	60S ribosomal protein L30, putative	2,78E-07
233	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507521.140	hypothetical protein, conserved	2,98E-07
234	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510877.55	acyl-CoA binding protein, putative	3,03E-07
						UDP-Gal or UDP-GlcNAc-dependent glycosyltransferase,	
235	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508195.10	putative	3,05E-07
236	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509777.130	hypothetical protein, conserved	3,20E-07
						glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, cytosolic,	
237	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510105.230	putative	3,26E-07
238	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506295.100	hypothetical protein, conserved	3,27E-07
239	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506839.80	phosphoribosylpyrophosphate synthetase, putative	3,39E-07
240	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508707.90	proteasome regulatory non-ATPase subunit 7, putative	3,39E-07
241	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504147.200	proteasome regulatory ATPase subunit, putative	3,56E-07
242	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508355.330	hypothetical protein, conserved	3,74E-07
						glycine dehydrogenase [decarboxylating], putative, glycine	
243	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510911.50	cleavage system P-protein, putative	4,06E-07
244	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507093.220	RNA-binding protein, putative	4,42E-07
245	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511293.69	glycosomal malate dehydrogenase, putative	4,55E-07
246	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508507.40	hypothetical protein, conserved	4,63E-07
247	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053442383.9	40S ribosomal protein SA, putative	5,14E-07

248	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507915.5	glutaminyl-tRNA synthetase, putative	5,91E-07
249	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509671.80	60S ribosomal protein L5, putative	5,95E-07
250	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510801.10	calpain-like cysteine peptidase, putative	6,09E-07
251	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507773.30	RNA editing complex protein MP46, putative	6,14E-07
252	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508799.30	hypothetical protein, conserved	6,33E-07
253	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506795.90	hypothetical protein, conserved	6,44E-07
254	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508707.227	ATP binding protein-like protein, putative	6,47E-07
255	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510007.70	ATP-dependent zinc metallopeptidase, putative,metallo-peptidase, clan MA(E), family M41, putative cysteine peptidase, putative,cathepsin L-like, putative,major cysteine proteinase, putative,cysteine peptidase, clan CA,	6,96E-07
256	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508595.50	family C1, putative	7,05E-07
257	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506247.10	protein disulfide isomerase, putative	7,62E-07
258	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510265.20	26S protease regulatory subunit, putative,serine peptidase, Clan SJ, family S16, putative	7,72E-07
259	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506829.90	hypothetical protein, conserved	8,10E-07
260	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510819.4	NADH-cytochrome b5 reductase, putative	8,10E-07
261	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506679.94	40S ribosomal protein S18, putative	8,18E-07
262	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504113.20	MYH7B protein, putative	8,73E-07
263	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509175.18	hypothetical protein, conserved	9,24E-07
264	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053426897.10	hypothetical protein	9,49E-07
265	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507165.59	hypothetical protein, conserved	9,75E-07
266	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503923.50	glycosylphosphatidylinositol (GPI) anchor, putative	1,02E-06
267	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507757.60	dihydrolipoamide dehydrogenase, putative	1,18E-06
268	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508039.30	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	1,19E-06
269	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508153.20	dynammin, putative,vacuolar sortin protein 1, putative	1,20E-06
270	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503841.10	proteasome activator protein PA26, putative	1,21E-06
271	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507765.60	40S ribosomal protein S21, putative	1,25E-06

272	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506195.110	malate dehydrogenase, putative	1,31E-06
273	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510351.90	dihydrolipoamide branched chain transacylase, putative	1,31E-06
274	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504163.30	40S ribosomal protein S9, putative	1,57E-06
275	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509177.68	translation initiation factor, putative	1,59E-06
276	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506503.69	glycosomal malate dehydrogenase, putative	1,63E-06
277	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503395.40	60S ribosomal protein L18, putative	1,69E-06
278	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053445281.9	calpain-like cysteine peptidase, putative	1,74E-06
279	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510957.9	calpain-like cysteine peptidase, putative	1,84E-06
280	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504105.140	enolase, putative	1,88E-06
281	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508547.110	ATP-dependent DEAD/H RNA helicase, putative	1,89E-06
282	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503593.10	eukaryotic translation initiation factor eIF-4E, putative	1,97E-06
283	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503873.10	cytochrome-B5 reductase, putative	2,01E-06
284	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506953.49	glucose-6-phosphate 1-dehydrogenase, putative	2,14E-06
285	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506925.260	protein kinase, putative	2,22E-06
286	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503769.40	cytochrome c oxidase VII, putative	2,26E-06
287	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053430737.20	hypothetical protein, conserved	2,53E-06
288	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510089.200	hypothetical protein, conserved	2,56E-06
289	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504147.70	hypothetical protein, conserved	2,69E-06
290	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503539.30	GTP-binding nuclear protein rtb2, putative	2,77E-06
291	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508413.68	kinetoplastid membrane protein KMP-11	2,81E-06
292	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506933.30	hypothetical protein, conserved	2,83E-06
293	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504037.30	60S ribosomal protein L12, putative	3,09E-06
294	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507923.40	hypothetical protein, conserved	3,31E-06
295	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511317.40	hypothetical protein, conserved	3,49E-06
296	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053420533.9	dihydrofolate reductase-thymidylate synthase, putative	3,57E-06
297	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507517.50	hypothetical protein	3,76E-06
298	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506241.60	kinesin, putative	3,82E-06

299	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506305.29	hypothetical protein, conserved	4,14E-06
300	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504251.30	hypothetical protein, conserved	4,53E-06
301	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511163.40	hypothetical protein, conserved	4,61E-06
302	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509935.20	hypothetical protein, conserved	4,61E-06
303	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506211.60	RNA-binding protein, putative	4,73E-06
304	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510687.149	coatomer alpha subunit, putative	5,19E-06
305	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506493.80	DNA topoisomerase IA, putative	5,43E-06
306	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507211.40	inosine-5'-monophosphate dehydrogenase, putative	5,48E-06
307	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511661.10	hypothetical protein, conserved	5,68E-06
308	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506801.90	hypothetical protein, conserved	5,76E-06
309	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507895.69	hypothetical protein, conserved	6,15E-06
310	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510795.10	tyrosine aminotransferase peptidase, putative, metallo-peptidase, Clan ME, Family M16, putative	6,24E-06
311	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507389.70	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	6,29E-06
312	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510175.90	dTDP-glucose 4,6-dehydratase, putative	7,27E-06
313	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509051.30	hypothetical protein, conserved	7,58E-06
314	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507811.40	hypothetical protein, conserved	7,71E-06
315	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507809.110	hypothetical protein, conserved	8,40E-06
316	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509617.20	paraflagellar rod protein 3, putative	8,89E-06
317	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511465.10	proteasome activator protein PA26, putative	9,04E-06
318	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506885.70	polyadenylate-binding protein 1, putative	9,60E-06
319	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506413.80	cyclophilin, putative	9,65E-06
320	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504087.20	hypothetical protein	9,73E-06
321	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053463451.10	hypothetical protein, conserved	1,09E-05
322	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509965.380	dTDP-glucose 4,6-dehydratase, putative	1,20E-05
323	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511367.138	chaperone DnaJ protein, putative	1,22E-05
324	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053399997.10	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	1,25E-05

---

325	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510543.90	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	1,25E-05
326	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508469.20	hypothetical protein, conserved	1,25E-05
327	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509945.30	hypothetical protein	1,37E-05
328	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503643.3	60S ribosomal protein L4, putative	1,38E-05
329	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511003.30	hypothetical protein, conserved	1,48E-05
330	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508661.34	hypothetical protein, conserved	1,51E-05
331	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508989.90	hypothetical protein, conserved	1,53E-05
332	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509239.10	fatty acid desaturase, putative	1,57E-05
333	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508669.10	hypothetical protein, conserved	1,58E-05
334	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503935.20	2-oxoglutarate dehydrogenase, E2 component, dihydrolipoamide succinyltransferase, putative	1,73E-05
335	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506821.210	cytochrome-B5 reductase, putative	1,92E-05
336	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506947.20	hypothetical protein, conserved	1,96E-05
337	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503897.30	hypothetical protein, conserved	2,10E-05
338	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511445.90	hypothetical protein, conserved	2,16E-05
339	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510901.210	hypothetical protein, conserved	2,17E-05
340	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506883.30	GTP-binding protein, putative	2,20E-05
341	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506943.50	glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, putative	2,21E-05
342	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506529.250	hypothetical protein, conserved	2,34E-05
343	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503611.20	ribosomal protein L24, putative	2,36E-05
344	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510329.130	UDP-glucose:glycoprotein glucosyltransferase	2,51E-05
345	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503887.70	phosphoglycerate mutase, putative	2,58E-05
346	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511303.150	hypothetical protein, conserved	2,61E-05
347	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509917.19	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	2,72E-05
348	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503719.20	40S ribosomal protein SA, putative	2,73E-05
349	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511229.80	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit, putative	2,77E-05
350	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508197.10	60S ribosomal protein L11, putative	2,80E-05

---



351	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508961.79	69 kDa paraflagellar rod protein, putative	3,03E-05
352	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510165.10	heat shock protein DnaJ, putative	3,07E-05
353	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510879.110	ribosomal protein L3, putative	3,15E-05
354	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508641.220	UDP-Gal or UDP-GlcNAc-dependent glycosyltransferase, putative	3,48E-05
355	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053411235.9	alpha tubulin, putative	3,56E-05
356	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507031.29	nucleosome assembly protein, putative	3,61E-05
357	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508881.140	hypothetical protein	3,72E-05
358	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053450061.10	hypothetical protein, conserved	4,03E-05
359	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503465.49	mitochondrial processing peptidase, beta subunit, putative	4,11E-05
360	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508413.50	RNA-binding protein, putative	4,29E-05
361	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507993.260	hypothetical protein, conserved	4,39E-05
362	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508257.200	hypothetical protein, conserved	4,65E-05
363	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053457251.10	3-oxo-5-alpha-steroid 4-dehydrogenase, putative	4,70E-05
364	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509013.10	calpain-like cysteine peptidase, putative	4,83E-05
365	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504149.160	phosphoinositide-specific phospholipase C, putative	4,93E-05
366	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504137.80	G-actin binding protein, putative, CAP/Srv2p, putative	4,93E-05
367	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504839.28	tryparedoxin peroxidase, putative	5,03E-05
368	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508479.180	hypothetical protein, conserved	5,42E-05
369	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504427.64	hypothetical protein, conserved	5,48E-05
370	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511727.270	RNA-binding protein, putative	5,66E-05
371	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508689.20	hypothetical protein, conserved	5,88E-05
372	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508625.20	hypothetical protein, conserved	5,93E-05
373	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509895.20	hypothetical protein, conserved	6,12E-05
374	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503753.20	hypothetical protein, conserved	6,36E-05
375	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504153.330	hypothetical protein, conserved	7,26E-05
376	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503595.10	hypothetical protein, conserved	7,29E-05

377	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510445.50	S-adenosylmethionine synthetase, putative	8,12E-05
378	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507001.110	galactokinase-like protein, putative	8,80E-05
379	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510089.190	hypothetical protein, conserved	8,82E-05
380	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503901.18	hypothetical protein, conserved	8,87E-05
381	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509937.20	hypothetical protein, conserved	8,92E-05
382	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506297.220	hypothetical protein, conserved	9,07E-05
383	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511441.10	calpain cysteine peptidase, putative,cysteine peptidase, Clan CA, family C2, putative	9,15E-05
384	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511281.60	pyruvate kinase 2, putative	9,82E-05
385	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508535.10	NADH-dependent fumarate reductase, putative	1,02E-04
386	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506857.90	proteasome regulatory ATPase subunit 1, putative	1,04E-04
387	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511229.30	hypothetical protein, conserved	1,05E-04
388	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507519.110	60S ribosomal protein L7, putative	1,18E-04
389	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508153.280	60S ribosomal protein L13, putative	1,22E-04
390	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511289.30	aminopeptidase, putative,metallo-peptidase, clan MG, family M24, putative	1,27E-04
391	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504069.30	60S ribosomal protein L32, putative	1,29E-04
392	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507603.200	proteasome regulatory ATPase subunit 3, putative	1,55E-04
393	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506871.180	hypothetical protein, conserved	1,62E-04
394	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506179.40	hypothetical protein, conserved	1,65E-04
395	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504147.10	hypothetical protein, conserved	1,83E-04
396	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511283.90	N-myristoyl transferase, putative	1,88E-04
397	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507795.50	syntaxin, putative	1,91E-04
398	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506795.29	hypothetical protein, conserved	1,94E-04
399	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510643.190	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	1,96E-04
400	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504181.20	40S ribosomal protein S23, putative	2,08E-04
401	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503899.20	40S ribosomal protein S16, putative	2,15E-04

402	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506405.149	ribosomal protein L21E (60S), putative inorganic polyphosphate/ATP-NAD kinase,	2,16E-04
403	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508175.260	putative,poly(P)/ATP NAD kinase, putative	2,22E-04
404	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506303.70	hypothetical protein, conserved	2,24E-04
405	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507211.30	hypothetical protein, conserved	2,30E-04
406	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504045.5	hypothetical protein, conserved prolyl-tRNA synthetase, putative,bifunctional aminoacyl-trna	2,44E-04
407	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503939.80	synthetase, putative	2,45E-04
408	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053410923.20	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	2,46E-04
409	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506443.150	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	2,53E-04
410	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503833.40	40S ribosomal protein S2, putative	2,55E-04
411	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507649.80	nucleolar RNA-binding protein, putative	2,58E-04
412	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511815.4	proteasome regulatory ATPase subunit 5, putative	2,73E-04
413	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504213.40	hypothetical protein, conserved	2,93E-04
414	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509039.10	hypothetical protein, conserved	2,93E-04
415	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509831.10	cysteine desulfurase, putative	2,96E-04
416	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511903.110	40S ribosomal protein S8, putative	2,99E-04
417	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503521.89	hypothetical protein, conserved	3,04E-04
418	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508079.10	hypothetical protein, conserved	3,48E-04
419	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506733.20	AMP deaminase, putative glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, cytosolic,	3,49E-04
420	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053461165.16	putative	3,59E-04
421	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507709.10	hypothetical protein, conserved	3,65E-04
422	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506871.140	cleavage and polyadenylation specificity factor, putative	3,96E-04
423	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504231.30	hypothetical protein, conserved	4,41E-04
424	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053422507.10	glycine dehydrogenase [decarboxylating], putative	4,68E-04
425	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503509.10	hypothetical protein, conserved	4,79E-04
426	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503823.40	glycosyl hydrolase-like protein, putative	4,95E-04

427	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507657.10	glutamamyl carboxypeptidase, putative,metallo-peptidase, clan MH, family M18, putative	5,05E-04
428	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507649.70	nucleolar RNA-binding protein, putative	5,07E-04
429	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504703.10	glycosyl hydrolase (pseudogene), putative	5,15E-04
430	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506941.50	hypothetical protein, conserved	5,49E-04
431	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053443397.9	NADH-cytochrome b5 reductase, putative	5,58E-04
432	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506817.30	ribosomal protein L27, putative	5,63E-04
433	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511807.120	hypothetical protein, conserved	5,95E-04
434	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509769.134	hypothetical protein, conserved	6,38E-04
435	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511393.10	nonspecific lipid-transfer protein, putative,sterol carrier protein, putative	6,71E-04
436	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053413977.10	hypothetical protein, conserved	7,10E-04
437	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508547.20	hypothetical protein, conserved	7,25E-04
438	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508205.48	hypothetical protein, conserved	7,27E-04
439	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504225.20	hypothetical protein, conserved (pseudogene)	7,80E-04
440	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507881.20	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	7,85E-04
441	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506263.10	D-isomer specific 2-hydroxyacid dehydrogenase-protein, putative	7,97E-04
442	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510265.10	quinone oxidoreductase, putative	8,54E-04
443	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511011.10	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	9,23E-04
444	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510509.30	hypothetical protein, conserved	9,26E-04
445	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510649.24	membrane associated protein, putative	9,42E-04
446	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507015.10	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	1,03E-03
447	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511761.60	hypothetical protein, conserved	1,07E-03
448	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507011.150	hypothetical protein, conserved	1,07E-03
449	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503447.40	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	1,11E-03
450	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504575.20	hypothetical protein, conserved	1,17E-03
451	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506587.40	ATP-dependent DEAD/H RNA helicase, putative	1,19E-03

---

452	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510311.190	hypothetical protein, conserved	1,21E-03
453	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053507669.70	dynein intermediate chain, putative	1,23E-03
454	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508173.54	hypothetical protein, conserved	1,24E-03
455	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053484299.10	trypanothione reductase, putative	1,33E-03
456	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503593.70	eukaryotic peptide chain release factor subunit 1, putative	1,40E-03
457	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503865.20	hypothetical protein, conserved	1,45E-03
458	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508723.80	rab-like GTPase activating protein, putative	1,56E-03
459	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509161.110	hypothetical protein, conserved	1,62E-03
460	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506629.150	hypothetical protein, conserved	1,89E-03
461	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506957.23	hypothetical protein, conserved	1,93E-03
462	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510437.40	cytosolic malate dehydrogenase, putative	2,03E-03
463	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508859.100	hypothetical protein, conserved	2,14E-03
464	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506297.150	40S ribosomal protein S5, putative	2,19E-03
465	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504051.20	RNA helicase, putative	2,39E-03
466	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509999.20	hypothetical protein, conserved	2,43E-03
467	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510373.60	mucin-associated surface protein (MASP), putative	2,48E-03
468	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508597.9	retrotransposon hot spot (RHS) protein, putative	2,48E-03
469	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506337.140	hypothetical protein, conserved	2,49E-03
470	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053511395.90	serine/threonine protein kinase, putative	2,55E-03
471	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508297.30	hypothetical protein, conserved	2,71E-03
472	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506831.50	hypothetical protein, conserved	2,72E-03
473	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508089.60	hypothetical protein, conserved	2,84E-03
474	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506937.40	dynein heavy chain, putative	2,87E-03
475	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506929.30	hypothetical protein, conserved	2,92E-03
476	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510719.20	short-chain dehydrogenase, putative	3,26E-03
477	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508899.110	actin-related protein 2, putative	3,41E-03
478	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053508501.300	hypothetical protein, conserved	3,61E-03

---

---

479	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053503487.50	UDP-Gal or UDP-GlcNAc-dependent glycosyltransferase, putative	3,64E-03
480	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509945.10	hypothetical protein, conserved	3,66E-03
481	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053504069.20	cytochrome C oxidase subunit VI, putative	3,76E-03
482	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506693.4	elongation initiation factor 2 alpha subunit, putative	3,81E-03
483	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053506729.20	hypothetical protein, conserved	3,97E-03
484	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509393.50	hypothetical protein, conserved	3,97E-03
485	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509119.39	dynein heavy chain, putative	4,09E-03
486	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510243.110	hypothetical protein, conserved	4,41E-03
487	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053510491.40	hypothetical protein, conserved	4,50E-03
488	Low	3	Stress	Postpol	Tc00.1047053509489.29	proteasome regulatory non-ATP-ase subunit, putative	4,88E-03