

Universidade de São Paulo
Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”

Evolução e mecanismos moleculares da resistência de *Spodoptera frugiperda* (J.E. Smith, 1797) (Lepidoptera: Noctuidae) a teflubenzuron

Fernando Semmelroth de Assunção e Amaral

Tese apresentada para obtenção do título de Doutor em
Ciências. Área de concentração: Entomologia

Piracicaba
2023

Fernando Semmelroth de Assunção e Amaral
Engenheiro Agrônomo

Evolução e mecanismos moleculares da resistência de *Spodoptera frugiperda* (J.E. Smith, 1797) (Lepidoptera: Noctuidae) a teflubenzuron
versão revisada de acordo com a Resolução CoPGr 6018 de 2011

Orientador:
Prof. Dr. **CELSO OMOTO**

Tese apresentada para obtenção do título de Doutor em
Ciências. Área de concentração: Entomologia

Piracicaba
2023

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
DIVISÃO DE BIBLIOTECA – DIBD/ESALQ/USP**

Amaral, Fernando Semmelroth de Assunção e

Evolução e mecanismos moleculares da resistência de *Spodoptera frugiperda* (J.E. Smith, 1797) (Lepidoptera: Noctuidae) a teflubenzuron / Fernando Semmelroth de Assunção e Amaral. -- versão revisada de acordo com a Resolução CoPGr 6018 de 2011 -- Piracicaba, 2023.

171 p.

Tese (Doutorado) -- USP / Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz".

1. Lagarta-do-cartucho 2. Teflubenzuron 3. Monitoramento 4. Mecanismos de resistência 5. Genômica 6. Transcritoma 7. Manejo da resistência I. Título

DEDICATÓRIA

Aos meus pais José Jordan de Assunção e Amaral e Rosemarie Semmelroth de Assunção e Amaral,
por todo o empenho e dedicação em minha formação.

À minha esposa Alessandra Pereira Rodrigues Barreto, por todo apoio nesta trajetória

DEDICO E AGRADEÇO

AGRADECIMENTOS

Ao Prof. Dr. Celso Omoto, pela orientação, paciência, sabedoria e dedicação em minha condução na trajetória da graduação e pós-graduação.

Ao Programa de Pós-Graduação em Entomologia da Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, pela oportunidade de realização de meu doutorado.

A todos os professores do Programa de Pós-Graduação em Entomologia, pelo conhecimento e ensinamentos transmitidos.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) (Processo 141089/2018-0), pelo auxílio na concessão da bolsa de estudos.

Ao Comitê Brasileiro de Ação à Resistência a Inseticidas (IRAC-BR), pelo apoio financeiro e coleta de populações de *Spodoptera frugiperda* para os trabalhos de monitoramento da suscetibilidade a teflubenzuron.

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP), pelo apoio financeiro para a condução dos trabalhos de investigação de mecanismos moleculares (Processos 2017/50455-5 e 2018/21155-6).

A todos os amigos do Programa de Pós-Graduação em Entomologia da ESALQ/USP pelo convívio e aprendizado.

Um agradecimento especial aos amigos Antônio Rogério Bezerra do Nascimento, Rubens Hideo Kanno e Aline Sartori Guidolin por todo auxílio em experimentos, análises e correções.

Aos amigos e colegas que são ou foram do Laboratório de Resistência de Artrópodes (ESALQ/USP) durante o período: Anderson Bolzan, Cristiane Tibola, Daniela Miyuki Okuma, Dyrson de Oliveira Abbade Neto, Dionei Muraro, Douglas Amado, Eduardo Perkovski, Fábio Miguel Führ, Fernando Padovez, Gabriel Dias, Gabriela Alves Carvalho, Ingrid Schimidt Kaiser, José Paulo Bentivenha, Juliana Gonzalez Rodrigues, Leonardo Libardi Miraldo, Leonardo Vinicius Thiesen, Matheus Sacilotto, Pedro Henrique Campos, Renato Horikoshi, Sandy Spinelli Silva, Thalles Zambon, e a todos os estagiários do laboratório, por todo companheirismo e auxílio na condução deste trabalho.

Ao Professor Chris Bass da Universidade de Exeter, Campus Penryn, pelo auxílio no projeto e no sequenciamento de amostras.

A todos os funcionários do Departamento de Entomologia e Acarologia da ESALQ/USP por todo o empenho e dedicação nos serviços prestados.

À bibliotecária Eliana Maria Garcia da Biblioteca Central da ESALQ/USP pela formatação deste trabalho.

A todos aqueles, que direta ou indiretamente, tiveram participação na realização deste trabalho, meu sincero agradecimento.

SUMÁRIO

RESUMO.....	8
ABSTRACT.....	9
LISTA DE FIGURAS.....	10
LISTA DE TABELAS.....	12
1. INTRODUÇÃO.....	13
Referências.....	16
2. EVOLUÇÃO DA RESISTÊNCIA DE <i>Spodoptera frugiperda</i> (J. E. SMITH, 1797) (LEPIDOPTERA: NOCTUIDAE) A TEFLUBENZURON EM CONDIÇÕES DE CAMPO NO BRASIL	21
Resumo.....	21
Abstract	21
2.1. Introdução	21
2.2. Material e Métodos	23
2.2.1. Populações de <i>Spodoptera frugiperda</i>	23
2.2.2. Bioensaios.....	24
2.2.3. Curva de concentração-resposta de linhagem suscetível de <i>Spodoptera frugiperda</i> para estimar a concentração diagnóstica de teflubenzuron.....	24
2.2.4. Padrões temporais da suscetibilidade de <i>Spodoptera frugiperda</i> a teflubenzuron	25
2.2.5. Padrões espaciais da suscetibilidade de <i>Spodoptera frugiperda</i> a teflubenzuron..	25
2.3. Resultados	25
2.4. Discussão	29
2.5. Conclusão.....	34
Referências.....	34
3. ANÁLISE COMPARATIVA DE GENOMA E TRANSCRITOMA PARA ELUCIDAR MECANISMOS MOLECULARES DA RESISTÊNCIA DE <i>Spodoptera frugiperda</i> (J.E. SMITH, 1797) (LEPIDOPTERA: NOCTUIDAE) A TEFLUBENZURON.....	39
Resumo.....	39
Abstract	39
3.1. Introdução	40
3.2. Material e Métodos	42
3.2.1. Linhagens de <i>Spodoptera frugiperda</i>	42

3.2.2. Preparo e extração de DNA e RNA total.....	43
3.2.2.1. Purificação do DNA	43
3.2.2.2. Purificação do RNA total	43
3.2.3. Sequenciamento de DNA	44
3.2.3.1. Preparo dos dados e SNP calling	44
3.2.4. Sequenciamento de RNA	45
3.2.4.1. Pré-processamento e montagem <i>de novo</i>	45
3.2.4.2. Anotação Funcional	46
3.2.4.3. Expressão diferencial entre linhagens suscetível e resistente de <i>S. frugiperda</i> a teflubenzuron	46
3.2.4.4. Validação da expressão gênica por PCR em tempo real	47
3.3. Resultados.....	49
3.3.1. Variantes no DNA de <i>S. frugiperda</i> resistente a teflubenzuron	49
3.3.2. Genômica funcional de <i>S. frugiperda</i> resistente a teflubenzuron.....	49
3.3.2.1. Pré-processamento e montagem <i>de novo</i>	49
3.3.2.2. Expressão diferencial entre linhagens suscetível e resistente de <i>S. frugiperda</i> a teflubenzuron	52
3.3.2.3. Validação da expressão diferencial por qPCR	62
3.4. Discussão	63
3.5. Conclusões.....	67
Referências.....	67
4. CONSIDERAÇÕES FINAIS	75
APÊNDICES.....	77

RESUMO

Evolução e mecanismos moleculares da resistência de *Spodoptera frugiperda* (J.E. Smith, 1797) (Lepidoptera: Noctuidae) a teflubenzuron

A lagarta-do-cartucho, *Spodoptera frugiperda* (J.E. Smith, 1797) (Lepidoptera: Noctuidae), é uma praga de importância mundial e de difícil controle, devido à sua alta capacidade adaptativa. Recentemente, a resistência de *S. frugiperda* ao inseticida teflubenzuron foi caracterizada no Brasil. Não foram detectadas mutações nas enzimas quitina sintases e alguns polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs) foram identificados. Até o momento, os mecanismos moleculares de resistência de *S. frugiperda* a teflubenzuron ainda não foram completamente elucidados. Portanto, os objetivos desta pesquisa foram *i)* compreender a evolução da resistência de *S. frugiperda* a teflubenzuron em condições de campo no Brasil, e *ii)* avaliar os mecanismos moleculares associados a esta resistência por meio do sequenciamento do DNA e RNA de linhagens de *S. frugiperda* obtidas por cruzamentos controlados para otimizar a segregação dos alelos associados à resistência. Para compreender a evolução da resistência de *S. frugiperda* a teflubenzuron, foi realizado o monitoramento da suscetibilidade a teflubenzuron em mais de 200 populações de *S. frugiperda* coletadas nas principais regiões produtoras de milho no Brasil de 2004 a 2020. A concentração diagnóstica de 10 g.ml⁻¹ de teflubenzuron foi definida para o monitoramento da suscetibilidade mediante bioensaios de contaminação superficial da dieta. Foram verificadas reduções significativas na suscetibilidade a teflubenzuron, de acordo com a localidade e no decorrer do tempo, em todas as populações de *S. frugiperda* avaliadas, com sobrevivência larval na concentração diagnóstica variando entre <5% em 2004 até 80% em 2020. Para entender os mecanismos moleculares da resistência a teflubenzuron, os sequenciamentos do DNA e RNA de linhagens de *S. frugiperda* foram realizados para uma linhagem suscetível (Sf-ss) e uma resistente a teflubenzuron (Tef-rr) e mais duas linhagens provenientes de cruzamentos controlados. Estes cruzamentos foram realizados autocruzando as linhagens Tef-rr e Sf-ss por 8 gerações para alta recombinação; após essas gerações parte dos indivíduos foi selecionada com uma concentração discriminatória (Tef-sel), enquanto o restante dos indivíduos não sofreu seleção (Tef-unsel). Com relação aos mecanismos moleculares envolvidos na resistência de *S. frugiperda* a teflubenzuron, foram verificadas mutações de SNPs em genes associados com a desintoxicação, com proteínas cuticulares e genes responsáveis por regulação gênica. No total foram obtidas 3.543 SNPs, entre os quais 89 representavam enzimas associadas com processos de desintoxicação, 26 representavam genes associados a cutícula, além de mutações associadas com regulação gênica. O estudo de genômica funcional, por meio do sequenciamento do cDNA, apresentou a participação principal de enzimas associadas com desintoxicação, degradação de quitina e proteínas cuticulares. Foram observados um total de 3413 genes diferencialmente expressos entre Sf-ss e Tef-sel, 3562 genes diferencialmente expressos entre Sf-ss e Tef-unsel e apenas um gene diferencialmente expresso entre Tef-sel e Tef-unsel. Dentre estes genes, se destacaram os que codificam enzimas envolvidas na desintoxicação de inseticidas, incluindo monooxigenases citocromo P450 (CYP), esterases (EST), glutatona S-transferases (GST), UDP-glucuronosiltransferases (UGT), enzimas associadas com a degradação de quitina e proteínas associadas a cutícula. No presente estudo foi possível demonstrar a evolução da resistência a campo de *S. frugiperda* a teflubenzuron no Brasil, além de contribuir para uma maior compreensão dos mecanismos moleculares associados a esta resistência.

Palavras-chave: Lagarta-do-cartucho, Teflubenzuron, Monitoramento, Mecanismos de resistência, Genômica, Transcritoma, Manejo da resistência

ABSTRACT

Evolution and molecular mechanisms of teflubenzuron resistance in *Spodoptera frugiperda* (J.E. Smith, 1797) (Lepidoptera: Noctuidae)

The fall armyworm, *Spodoptera frugiperda* (J.E. Smith, 1797) (Lepidoptera: Noctuidae), is a worldwide relevant pest that is difficult to control, due to its wide adaptive capacity. Recently, the resistance of *S. frugiperda* to the insecticide teflubenzuron was characterized in Brazil. No mutations were detected in the chitin synthase enzymes and some single nucleotide polymorphisms (SNPs) were identified. The molecular mechanisms of *S. frugiperda* resistance to teflubenzuron have not yet been fully elucidated. Therefore, the objectives of this research were i) to understand the evolution of resistance of *S. frugiperda* to teflubenzuron under field conditions in Brazil, and ii) to evaluate the molecular mechanisms associated with this resistance through DNA and RNA sequencing of *S. frugiperda* obtained by controlled crosses to optimize the segregation of alleles associated with resistance. To understand the evolution of resistance of *S. frugiperda* to teflubenzuron, susceptibility monitoring to teflubenzuron was done in more than 200 populations of *S. frugiperda* collected in the main corn producing regions in Brazil from 2004 to 2020. The diagnostic concentration of 10 $\mu\text{g}\cdot\text{ml}^{-1}$ of teflubenzuron was defined for susceptibility monitoring using diet overlay bioassays. A variation in the susceptibility to teflubenzuron in *S. frugiperda* was detected among populations from different locations. A significant reduction in the susceptibility to teflubenzuron throughout time was detected for the populations of *S. frugiperda* evaluated, with larval survival at diagnostic concentration varying from values of <5% in 2004 to as high as 80% in 2020. To understand the molecular mechanisms of teflubenzuron resistance, DNA and RNA sequencing of *S. frugiperda* strains were performed for a susceptible strain (Sf-ss) and a teflubenzuron-resistant strain (Tef-rr) and two strains from controlled crosses. These crosses were performed by self-crossing the Tef-rr and Sf-ss lines for 8 generations for high recombination; after these generations, part of the individuals was selected with a discriminatory concentration (Tef-sel), while the remaining individuals were not selected (Tef-unsel). Regarding the molecular mechanisms involved in the resistance of *S. frugiperda* to teflubenzuron, mutations of SNPs were verified in genes associated with detoxification, with cuticular proteins and genes responsible for gene regulation. Overall, 3,543 SNPs were obtained, among which 89 represented enzymes associated with detoxification processes, 26 represented cuticle-associated genes, in addition to mutations associated with gene regulation. The functional genomics study, through cDNA sequencing, showed the main participation of enzymes associated with detoxification, degradation of chitin and cuticular proteins. A total of 3,413 genes differentially expressed between Sf-ss and Tef-sel, a total of 3,562 genes differentially expressed between Sf-ss and Tef-unsel and only one gene differentially expressed between Tef-sel and Tef-unsel were observed. Among these genes, those that encode enzymes involved in insecticide detoxification stand out, including cytochrome P450 monooxygenases (CYP), esterases (EST), glutathione S-transferases (GST), UDP-glucuronosyltransferases (UGT), enzymes associated with the degradation of chitin and cuticle-associated proteins. In this study, it was possible to elucidate the field-evolved resistance of *S. frugiperda* to teflubenzuron in Brazil, in addition to contributing to a greater understanding of the molecular mechanisms associated with this resistance.

Keywords: Fall armyworm, Teflubenzuron, Monitoring, Resistance mechanisms, Genomics, Transcriptome, Resistance management

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1. Curva de concentração-resposta da linhagem suscetível (Sf-ss) de *Spodoptera frugiperda* a teflubenzuron. 26
- Figura 2. Boxplot mostrando o aumento na sobrevivência de populações de *Spodoptera frugiperda* a teflubenzuron de 2004 a 2020. O sinal de (+) mostra a sobrevivência média a teflubenzuron em concentração diagnóstica das populações testadas naquele ano. Letras diferentes mostram diferenças estatisticamente significativas entre os grupos (teste de Dunn, $p < 0,05$). 27
- Figura 3. Distribuição espacial da sobrevivência de *Spodoptera frugiperda* a teflubenzuron na concentração diagnóstica, cada ponto colorido é uma população testada diferente. (a) mostra níveis seguros de sobrevivência (menos de 5%) em todas as localidades avaliadas; (b) mostra um aumento na sobrevivência para um nível de alerta (5 a 20% de sobrevivência) principalmente nas áreas nordeste e noroeste entre os locais avaliados; (c) mostra o alerta se espalhando para outras áreas; em (d) o nível de sobrevivência de alerta se espalha ainda mais e as taxas de sobrevivência altas (20 a 40%) e críticas (> 40%) aparecem; (e) o problema se espalha por todo o país e observam-se muitas taxas críticas de sobrevivência; (f) as taxas críticas de sobrevivência são mantidas ao longo dos anos. 29
- Figura 4. Mapas mostrando a área cultivada entre as principais regiões produtoras de milho de Brasil. A área cultivada representada em cada mapa é o valor médio dos anos representados pelo mapa. A base de dados utilizada para a construção dos mapas está disponível no link: <https://www.ibge.gov.br/estatisticas/economicas/agricultura-e-pecuaria/9117-producao-agricola-municipal-culturas-temporarias-e-permanentes.html?=&t=destaques>. 31
- Figura 5. Temperatura média anual de 1991 a 2020. Fonte: https://clima.inmet.gov.br/normaisclimatologicas/1961-1990/precipitacao_acumulada_mensal_anual. visitado em 10/11/2022. 32
- Figura 6. Esquema dos cruzamentos realizados entre as linhagens de *S. frugiperda* suscetível (Sf-ss) e resistente a teflubenzuron (Tef-rr) para a obtenção das duas outras linhagens também utilizadas no trabalho, Tef-sel e Tef-unsel. 42
- Figura 7. Histograma dos alinhamentos dos unigenes da montagem do transcrito de *S. frugiperda* na base de dados ncbi nr por número de êxitos na busca. 51
- Figura 8. Diagrama de Venn com os conjuntos de genes diferencialmente expressos entre os diferentes tratamentos de *Spodoptera frugiperda*. 52
- Figura 9. *Volcano plot* para a visualização de genes diferencialmente expressos (em vermelho) entre os três tratamentos de *S. frugiperda*. 53
- Figura 10. Análise de enriquecimento de ontologia gênica (gene ontology - GO) dos genes diferencialmente expressos, a figura mostra os 10 mais significativos para os componentes celulares, funções moleculares e processos biológicos entre as comparações das linhagens de *S. frugiperda* Sf-ss e Tef-sel (a) e Sf-ss e Tef-unsel (b). 55

- Figura 11. Mapa de calor das P450 diferencialmente expressas nas linhagens de *S. frugiperda* Sf-ss, Tef-sel e Tef-unsel..... 58
- Figura 12. Mapa de calor das esterases diferencialmente expressas nas linhagens de *S. frugiperda* Sf-ss, Tef-sel e Tef-unsel..... 59
- Figura 13. Mapa de calor das glutiona-s-transferases diferencialmente expressas nas linhagens de *S. frugiperda* Sf-ss, Tef-sel e Tef-unsel. 59
- Figura 14. Mapa de calor das udp-glucuronosiltransferases diferencialmente expressas nas linhagens de *S. frugiperda* Sf-ss, Tef-sel e Tef-unsel..... 60
- Figura 15. Mapa de calor das proteínas cuticulares diferencialmente expressas nas linhagens de *S. frugiperda* Sf-ss, Tef-sel e Tef-unsel. 61
- Figura 16. Mapa de calor de proteínas envolvidas na degradação de quitina (quitinase, endoquitinase e quitina deacetilase) diferencialmente expressas nas linhagens de *S. frugiperda* Sf-ss, Tef-sel e Tef-unsel. 62
- Figura 17. Análise de pcr em tempo real de transcritos associados com a cutícula entre as linhagens de *S. frugiperda* Sf-ss e Tef-rr. A expressão relativa é a divisão da expressão (2- $\delta\delta ct$) da linhagem Tef-rr dividida pela expressão obtida em Sf-ss. 63

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Iniciadores selecionados para a validação do transcrito de <i>S. frugiperda</i>	48
Tabela 2. Parâmetros obtidos pela montagem <i>de novo</i>	50
Tabela 3. Anotação funcional do transcrito de <i>S. frugiperda</i> contra 8 diferentes bases de dados.	51
Tabela 4. Número de genes de enzimas associados com a desintoxicação, com a degradação de quitina e com proteínas cuticulares, diferencialmente expressos para cada comparação entre Sf-ss, Tef-sel e Tef-unsel.	57

1. INTRODUÇÃO

O controle de insetos-praga tem sido um dos grandes desafios da produção agrícola mundial, e representa enorme prejuízo para toda a cadeia produtiva. As principais táticas para o controle destas pragas são mediante o uso de inseticidas e plantas expressando proteínas de *Bacillus thuringiensis* (Bt), táticas essas que vem sendo utilizadas de forma bastante intensiva, resultando em forte pressão de seleção para a resistência das pragas, isso pode ser visto através do aumento significativo no número de casos de resistência nos últimos anos (Mota-Sanchez & Wise, 2023; Nauen et al., 2019; Sparks & Nauen, 2015). A dificuldade no desenvolvimento de novas moléculas inseticidas que atendam as demandas atuais de segurança e seletividade, tem sido cada vez maior, aumentando também o custo de desenvolvimento e reduzindo a entrada de novos produtos no mercado (Sparks & Lorsbach, 2017). Portanto, há a necessidade de se preservar os produtos já presentes no mercado, de se adquirir conhecimento aprofundado de fatores que afetam a evolução da resistência e de seus mecanismos. Um melhor entendimento dos mecanismos que levam à resistência de insetos a inseticidas é de grande importância, pois visa aprimorar o monitoramento da resistência e, permitindo assim, a utilização de técnicas mais sensíveis e específicas. Um maior conhecimento dos produtos a serem utilizados no manejo da resistência poderá também ajudar no desenvolvimento de métodos para suprimir os mecanismos já conhecidos que conferem resistência à praga (Roush & Tabashnik, 1991).

Uma das pragas que vem ganhando cada vez mais destaque dentro dos programas de manejo da resistência a inseticidas é *Spodoptera frugiperda* (J.E. Smith, 1797), sendo considerada uma das mais importantes pragas agrícolas do mundo, já atingiu a marca de 200 casos de resistência ao redor do mundo (Mota-Sanchez & Wise, 2023). Trata-se de uma praga extremamente polífaga, possuindo mais de 350 plantas hospedeiras (Montezano et al., 2018). Esta praga é originária do continente americano, e foi recentemente detectada também na África, Ásia e Oceania causando sérios prejuízos principalmente na cultura do milho (Fao.org, 2022; Ganiger et al., 2018; Goergen et al., 2016).

No Brasil, *Spodoptera frugiperda* é uma das pragas mais importantes da cultura do milho (*Zea mays* L.), além de ter expressiva importância em outras culturas como o algodão (*Gossypium hirsutum* L.), o sorgo (*Sorghum bicolor* (L.) Merrill) e a soja (*Glycine max* L.), dentre outras (Montezano et al., 2018). As condições climáticas brasileiras permitem o plantio destas culturas durante todo o ano (FAS-USDA, 2023), favorecendo assim um maior número de gerações de *S. frugiperda* por ano e o estabelecimento de uma alta densidade populacional da praga. Esta praga tem sido controlada principalmente por meio do uso de inseticidas. No entanto, em decorrência do manejo incorreto, vários casos de resistência já foram reportados para diversos grupos de

inseticidas, tais como os piretroides (Carvalho et al., 2013; Diez-Rodríguez & Omoto, 2001), organofosforados (Carvalho et al., 2013), benzoilureias (Nascimento et al., 2015), espinosinas (Okuma et al., 2018) e diamidas (Bolzan et al., 2019), além das proteínas Bt Cry1F (Farias et al., 2014) e Cry1Ab (Omoto et al., 2016) expressas em milho geneticamente modificado.

Dentre os inseticidas utilizados para o manejo de *S. frugiperda*, destacam-se as benzoilureias pertencentes ao grupo dos inibidores da biossíntese de quitina. O primeiro inseticida deste grupo foi o diflubenzuron lançado comercialmente em 1975, posteriormente, outros inseticidas deste grupo com maior atividade inseticida foram inseridos no mercado, como o triflumuron, clorfluazuron, hexaflumuron, flufenoxuron, lufenuron, novaluron e por fim, teflubenzuron (Sun et al., 2015). Teflubenzuron ganhou destaque no manejo de pragas por apresentar alta atividade contra lepidópteros (Becher et al., 1983; Merzendorfer, 2013). Acredita-se que as benzoilureias possam agir impedindo a formação de novas cutículas no inseto, inibindo ou bloqueando a incorporação de N-acetilglicosamina durante a síntese de quitina, polissacarídeo essencial para a manutenção estrutural e rigidez do tegumento do inseto. Contudo, os mecanismos moleculares envolvidos na ação de benzoilureias ainda não foram totalmente elucidados. As principais características de insetos contaminados por benzoilureias são a ocorrência de deformações estruturais no tegumento e matriz peritrófica, a retenção de estruturas e tecidos pós-ecdise, rompimento do tegumento recém-formado e extravasamento de hemolinfa (Merzendorfer, 2013).

Linhagens de *S. frugiperda* resistentes a benzoilureias já foram reportadas no Brasil (Nascimento et al., 2022, 2015). Contudo, este grupo de inseticidas ainda tem sido bastante explorado em programas de MIP e MRI. Um dos importantes componentes de programas de manejo da resistência está no monitoramento da suscetibilidade, que visa detectar alterações na suscetibilidade antes que uma frequência crítica da resistência seja atingida, além de auxiliar na tomada de decisões para retardar a evolução da resistência (Downes et al., 2007; Roush & Miller, 1986). O monitoramento pode ser realizado mediante a comparação entre as estimativas das concentrações letais das populações de campo com populações suscetíveis de referência ou ainda com o uso de concentrações diagnósticas ou discriminatórias (Ffrench-Constant et al., 1990; Roush & Miller, 1986). Outra estratégia importante do manejo da resistência de pragas é conhecer as características genéticas e moleculares associadas à resistência. A resistência de *S. frugiperda* a teflubenzuron no Brasil foi caracterizada como autossômica, incompletamente recessiva e poligênica (Nascimento et al., 2022). No mesmo estudo, a partir de sequenciamento de DNA de linhagens suscetível, resistente e retrocruzamentos, os autores não detectaram mutações em genes responsáveis pela expressão de enzimas quitina sintases, mas observaram

polimorfismos de nucleotídeo único (do inglês *single nucleotide polymorphisms* – SNPs) ligados a uma maior expressão de enzimas associadas com processos de desintoxicação, dentre elas citocromo P450s (CYPs), glutatona S-transferases (GSTs), esterases (ESTs) e UDP-glucuronosiltransferases (UGTs) foram identificadas.

Vários estudos sobre os mecanismos responsáveis pela resistência aos inibidores da biossíntese de quitina já foram realizados. Uma pesquisa utilizando uma análise de segregantes agrupados (do inglês *Bulk Segregant Analysis* – BSA) mostrou que uma mutação presente no gene quitina sintase 1 (do inglês *Chitin synthase 1* – CHS1) (I1017F) responsável pela expressão da enzima quitina sintase conferiu resistência a etoxazole em *Tetranychus urticae* (Koch) (Van Leeuwen et al., 2012). Outro estudo verificou esta mesma mutação em CHS1 (I1042M/F) de *Plutella xylostella* (L.) através de pirosequenciamento e validada por CRISPR/Cas9, estaria envolvida na resistência para diversos inseticidas do grupo dos inibidores da biossíntese de quitina (Douris et al., 2016), esta mutação em CHS1 também foi observada em *Frankliniella occidentalis* (Pergrande) conferindo resistência a novaluron (Suzuki et al., 2017). Outra mutação em CHS1 (G932C) foi identificada utilizando o método de BSA, e conferiu resistência a buprofezin em *Nilaparvata lugens* (Stål) (Zeng et al., 2022). Entretanto, a literatura aponta que o alvo de inseticidas inibidores de biossíntese de quitina pode ser diferente entre espécies, uma vez que detalhes do mecanismo de ação do grupo ainda não foi totalmente esclarecido (Yang & Fukamizo, 2019). Em *S. frugiperda*, o gene associado à expressão da enzima quitina sintase não se mostrou responsável pela resistência a teflubenzuron, no entanto sugere-se que diversos outros genes podem estar associados com a resistência, tais como genes ligados à expressão de hormônios ecdisteroides e diversos transportadores ABC, além de enzimas responsáveis pela destoxificação de xenobióticos encontradas em alta expressão (Nascimento et al., 2022).

Quando se trata de estudos orientados para a detecção destes mecanismos associados com a resistência, algumas técnicas como as análises de QTL (do inglês *Quantitative Trait Locus* – QTL) e BSA são bastante utilizadas (Fotoukkaia et al., 2021; Michelmore et al., 1991; Snoeck et al., 2019; Taylor et al., 2021; Van Leeuwen et al., 2012). Estas técnicas são baseadas em cruzamentos direcionados entre linhagens com fenótipos extremos (suscetível e resistente a inseticidas por exemplo), e visam a identificação de regiões genômicas (marcadores) que sejam associadas com as características fenotípicas da resistência.

A busca por mecanismos moleculares genéticos envolvidos com a resistência de pragas procura mutações que reduzam os impactos causados pelos inseticidas nas pragas. Estas mutações, na presença da seleção pelos inseticidas, tendem a aumentar no decorrer do tempo. A classificação de mutações que possam estar associadas com a evolução da resistência já foi

amplamente discutida (Feyereisen et al., 2015). Algumas classes de mutações que conferem resistência são, os SNPs não-sinônimos, e inserções ou deleções (indels) que tenham impacto na regulação gênica ou a genes que codifiquem o alvo de ação do inseticida, os indels também podem agir também modificando o número de cópias do gene (Fritz, 2022). A regulação gênica pode estar associada por exemplo, com aumento ou redução da expressão de genes responsáveis pelo metabolismo, sequestro e excreção de compostos, enquanto que, mutações em genes associados com o alvo de ação do inseticida podem modificar a estrutura de aminoácidos do mesmo e modificar a afinidade e ligação da molécula do inseticida. Já as mutações que alteram o número de cópias do gene podem atuar aumentando processos associados com a desintoxicação (Feyereisen et al., 2015; Fritz, 2022; Van Leeuwen & Dermauw, 2016).

Para que seja feito um efetivo manejo de *S. frugiperda* utilizando o inseticida teflubenzuron, é crucial que seja praticado o monitoramento da suscetibilidade da praga a este ingrediente ativo. O conhecimento da resposta da praga ao ingrediente ativo permite a tomada de decisões e um melhor manejo no campo (Barzman et al., 2015). Além disso, a utilização da genômica como aliada aos métodos tradicionais de detecção e estudo da resistência, visa esclarecer os mecanismos responsáveis pela resistência a inseticidas (Bass & Jones, 2018), possibilitando assim um manejo mais eficiente e rápido de *S. frugiperda* no campo, dando suporte aos métodos tradicionais de MIP e MRI já utilizados. Desta forma, este trabalho propôs monitorar a suscetibilidade a teflubenzuron em populações de *S. frugiperda* do Brasil, bem como avaliar, utilizando um delineamento que buscou maximizar a segregação entre as linhagens, os mecanismos moleculares associados com a resistência de *S. frugiperda* a teflubenzuron e selecionar genes candidatos associados a esta resistência.

Referências

- Barzman, M., Bärberi, P., Birch, A. N. E., Boonekamp, P., Dachbrodt-Saaydeh, S., Graf, B., Hommel, B., Jensen, J. E., Kiss, J., Kudsk, P., Lamichhane, J. R., Messéan, A., Moonen, A.-C., Ratnadass, A., Ricci, P., Sarah, J.-L., & Sattin, M. (2015). Eight principles of integrated pest management. *Agronomy for Sustainable Development*, 35(4), 1199–1215. <https://doi.org/10.1007/s13593-015-0327-9>
- Bass, C., & Jones, C. M. (2018). Editorial overview: Pests and resistance: Resistance to pesticides in arthropod crop pests and disease vectors: mechanisms, models and tools. *Current Opinion in Insect Science*, 27, iv–vii. <https://doi.org/10.1016/j.cois.2018.04.009>
- Becher, H. M., Becker, P., Prokic-Immel, R., & Wirtz, W. (1983). CME 134, a new chitin synthesis inhibiting insecticide. *Proceeding of 10th International Congress of Plant Protection*, 1, 408–415.
- Bolzan, A., Padovez, F. E. O., Nascimento, A. R. B., Kaiser, I. S., Lira, E. C., Amaral, F. S. A., Kanno, R. H., Malaquias, J. B., & Omoto, C. (2019). Selection and characterization of the inheritance of resistance of *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) to chlorantraniliprole and cross-resistance to other diamide insecticides. *Pest Management Science*. <https://doi.org/10.1002/ps.5376>

- Carvalho, R. A., Omoto, C., Field, L. M., Williamson, M. S., & Bass, C. (2013). Investigating the Molecular Mechanisms of Organophosphate and Pyrethroid Resistance in the Fall Armyworm *Spodoptera frugiperda*. *PLoS ONE*, *8*(4), e62268. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0062268>
- Diez-Rodríguez, G. I., & Omoto, C. (2001). Herança da resistência de *Spodoptera frugiperda* (J.E. Smith) (Lepidoptera: Noctuidae) a lambda-cialotrina. *Neotropical Entomology*, *30*(2), 311–316. <https://doi.org/10.1590/S1519-566X2001000200016>
- Douris, V., Steinbach, D., Panteleri, R., Livadaras, I., Pickett, J. A., Van Leeuwen, T., Nauen, R., & Vontas, J. (2016). Resistance mutation conserved between insects and mites unravels the benzoylurea insecticide mode of action on chitin biosynthesis. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, *113*(51), 14692–14697. <https://doi.org/10.1073/pnas.1618258113>
- Downes, S., Mahon, R., & Olsen, K. (2007). Monitoring and adaptive resistance management in Australia for Bt-cotton: Current status and future challenges. *Journal of Invertebrate Pathology*, *95*(3), 208–213. <https://doi.org/10.1016/j.jip.2007.03.010>
- Fao.org. (2022). *Fao.org. 2022. FAW map | Global Action for Fall Armyworm Control | Food and Agriculture Organization of the United Nations*. [online] Available at: <<http://www.fao.org/fall-armyworm/monitoring-tools/faw-map/en/>> [Accessed 12 November 2022].
- Farias, J. R., Andow, D. A., Horikoshi, R. J., Sorgatto, R. J., Fresia, P., dos Santos, A. C., & Omoto, C. (2014). Field-evolved resistance to Cry1F maize by *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) in Brazil. *Crop Protection*, *64*, 150–158. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2014.06.019>
- FAS-USDA. (2023). *Crop Calendars for Brazil*. https://ipad.fas.usda.gov/rssiws/al/crop_calendar/br.aspx
- Feyereisen, R., Dermauw, W., & Van Leeuwen, T. (2015). Genotype to phenotype, the molecular and physiological dimensions of resistance in arthropods. *Pesticide Biochemistry and Physiology*, *121*, 61–77. <https://doi.org/10.1016/j.pestbp.2015.01.004>
- Ffrench-Constant, R. H., Roush, R. T., Mortlock, D., & Dively, G. P. (1990). Isolation of dieldrin resistance from field populations of *Drosophila melanogaster* (Diptera: Drosophilidae). *Journal of Economic Entomology*, *83*(5), 1733–1737.
- Fotoukiaii, S. M., Wybouw, N., Kurlovs, A. H., Tsakireli, D., Pergantis, S. A., Clark, R. M., Vontas, J., & Van Leeuwen, T. (2021). High-resolution genetic mapping reveals cis-regulatory and copy number variation in loci associated with cytochrome P450-mediated detoxification in a generalist arthropod pest. *PLoS Genetics*, *17*(6), e1009422. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1009422>
- Fritz, M. L. (2022). Utility and challenges of using whole-genome resequencing to detect emerging insect and mite resistance in agroecosystems. *Evolutionary Applications*, *15*(10), 1505–1520. <https://doi.org/10.1111/eva.13484>
- Ganiger, P. C., Yeshwanth, H. M., Muralimohan, K., Vinay, N., Kumar V, A. R., & Chandrashekar, K. (2018). Occurrence of the new invasive pest, fall armyworm, *Spodoptera frugiperda* (JE Smith) (Lepidoptera: Noctuidae), in the maize fields of Karnataka, India. *CURRENT SCIENCE*, *115*(4), 621–623.
- Goergen, G., Kumar, P. L., Sankung, S. B., Togola, A., & Tamò, M. (2016). First Report of Outbreaks of the Fall Armyworm *Spodoptera frugiperda* (J E Smith) (Lepidoptera, Noctuidae), a New Alien Invasive Pest in West and Central Africa. *PLoS ONE*, *11*(10), e0165632. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0165632>
- Merzendorfer, H. (2013). Chitin synthesis inhibitors: Old molecules and new developments. *Insect Science*, *20*(2), 121–138. <https://doi.org/10.1111/j.1744-7917.2012.01535.x>

- Michelmore, R. W., Paran, I., & Kesseli, R. V. (1991). Identification of markers linked to disease-resistance genes by bulked segregant analysis: A rapid method to detect markers in specific genomic regions by using segregating populations (random amplified polymorphic DNA/restriction fragment length polymorp. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 88(November), 9828–9832.
- Montezano, A. D. G., Specht, A., Montezano, D. G., & Specht, A. (2018). *Host Plants of Spodoptera frugiperda (Lepidoptera : Noctuidae) in the Americas Published By : Entomological Society of Southern Africa Review article Host plants of Spodoptera frugiperda (Lepidoptera : Noctuidae) in the Americas*. 26(2), 286–300.
- Mota-Sanchez, D., & Wise, J. (2023). *Arthropod Pesticide Resistance Database*. <https://www.pesticideresistance.org/>
- Nascimento, A. R. B., Pavinato, V. A. C., Rodrigues, J. G., Silva-Brandão, K. L., Consoli, F. L., Michel, A., & Omoto, C. (2022). There is more than chitin synthase in insect resistance to benzoylureas: molecular markers associated with teflubenzuron resistance in *Spodoptera frugiperda*. *Journal of Pest Science*, 95(1), 129–144. <https://doi.org/10.1007/s10340-021-01373-4>
- Nascimento, A. R. B. do, Fresia, P., Cónsoli, F. L., & Omoto, C. (2015). Comparative transcriptome analysis of lufenuron-resistant and susceptible strains of *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae). *BMC Genomics*, 16(1), 1–12. <https://doi.org/10.1186/s12864-015-2183-z>
- Nauen, R., Slater, R., Sparks, T. C., Elbert, A., & Mccaffery, A. (2019). IRAC: Insecticide Resistance and Mode-of-action Classification of Insecticides. In *Modern Crop Protection Compounds* (pp. 995–1012). Wiley-VCH Verlag GmbH & Co. KGaA. <https://doi.org/10.1002/9783527699261.ch28>
- Okuma, D. M., Bernardi, D., Horikoshi, R. J., Bernardi, O., Silva, A. P., & Omoto, C. (2018). Inheritance and fitness costs of *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) resistance to spinosad in Brazil. *Pest Management Science*, 74(6), 1441–1448. <https://doi.org/10.1002/ps.4829>
- Omoto, C., Bernardi, O., Salmeron, E., Sorgatto, R. J., Dourado, P. M., Crivellari, A., Carvalho, R. A., Willse, A., Martinelli, S., & Head, G. P. (2016). Field-evolved resistance to Cry1Ab maize by *Spodoptera frugiperda* in Brazil. *Pest Management Science*, 72(9), 1727–1736. <https://doi.org/10.1002/ps.4201>
- Roush, R. T., & Miller, G. L. (1986). Considerations for design of insecticide resistance monitoring programs. *Journal of Economic Entomology*, 79(2), 293–298.
- Roush, R. T., & Tabashnik, B. E. (1991). Pesticide Resistance in Arthropods. In R. T. Roush & B. E. Tabashnik (Eds.), *Roush R T And B E Tabashnik* (Vol. 0, Issue 0). Springer US. <https://doi.org/10.1007/978-1-4684-6429-0>
- Snoeck, S., Kurlovs, A. H., Bajda, S., Feyereisen, R., Greenhalgh, R., Villacis-Perez, E., Kosterlitz, O., Dermauw, W., Clark, R. M., & Van Leeuwen, T. (2019). High-resolution QTL mapping in *Tetranychus urticae* reveals acaricide-specific responses and common target-site resistance after selection by different METI-I acaricides. *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, 110, 19–33. <https://doi.org/10.1016/j.ibmb.2019.04.011>
- Sparks, T. C., & Lorschach, B. A. (2017). Perspectives on the agrochemical industry and agrochemical discovery. *Pest Management Science*, 73(4), 672–677. <https://doi.org/10.1002/ps.4457>
- Sparks, T. C., & Nauen, R. (2015). IRAC: Mode of action classification and insecticide resistance management. *Pesticide Biochemistry and Physiology*, 121, 122–128. <https://doi.org/10.1016/j.pestbp.2014.11.014>
- Sun, R., Liu, C., Zhang, H., & Wang, Q. (2015). Benzoylurea Chitin Synthesis Inhibitors. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 63(31), 6847–6865. <https://doi.org/10.1021/acs.jafc.5b02460>

- Suzuki, Y., Shiotsuki, T., Jouraku, A., Miura, K., & Minakuchi, C. (2017). Benzoylurea resistance in western flower thrips *Frankliniella occidentalis* (Thysanoptera: Thripidae): the presence of a point mutation in chitin synthase 1. *Journal of Pesticide Science*, 42(3), 93–96. <https://doi.org/10.1584/jpestics.D17-023>
- Taylor, K. L., Hamby, K. A., DeYonke, A. M., Gould, F., & Fritz, M. L. (2021). Genome evolution in an agricultural pest following adoption of transgenic crops. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 118(52). <https://doi.org/10.1073/pnas.2020853118>
- Van Leeuwen, T., Demaeght, P., Osborne, E. J., Dermauw, W., Gohlke, S., Nauen, R., Grbic, M., Tirry, L., Merzendorfer, H., & Clark, R. M. (2012). Population bulk segregant mapping uncovers resistance mutations and the mode of action of a chitin synthesis inhibitor in arthropods. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 109(12), 4407–4412. <https://doi.org/10.1073/pnas.1200068109>
- Van Leeuwen, T., & Dermauw, W. (2016). The Molecular Evolution of Xenobiotic Metabolism and Resistance in Chelicerate Mites. *Annual Review of Entomology*, 61(1), 475–498. <https://doi.org/10.1146/annurev-ento-010715-023907>
- Yang, Q., & Fukamizo, T. (2019). *Targeting Chitin-containing Organisms* (Q. Yang & T. Fukamizo (eds.); Vol. 1142). Springer Singapore. <https://doi.org/10.1007/978-981-13-7318-3>
- Zeng, B., Chen, F.-R., Liu, Y.-T., Di Guo, Zhang, Y.-J., Feng, Z.-R., Wang, L.-X., Vontas, J., Wu, S.-F., Zhu, K. Y., & Gao, C.-F. (2022). A chitin synthase mutation confers widespread resistance to buprofezin, a chitin synthesis inhibitor, in the brown planthopper, *Nilaparvata lugens*. *Journal of Pest Science*. <https://doi.org/10.1007/s10340-022-01538-9>

2. EVOLUÇÃO DA RESISTÊNCIA DE *Spodoptera frugiperda* (J. E. SMITH, 1797) (LEPIDOPTERA: NOCTUIDAE) A TEFLUBENZURON EM CONDIÇÕES DE CAMPO NO BRASIL

Resumo

O monitoramento da suscetibilidade a inseticidas é componente chave para a implementação de programas de manejo da resistência de insetos (MRI). Nesta pesquisa, a suscetibilidade de *Spodoptera frugiperda* (J.E. Smith) a teflubenzuron foi monitorada em mais de 200 populações coletadas em campo nas principais regiões produtoras de milho do Brasil, de 2004 a 2020. Inicialmente, para monitorar a suscetibilidade, foi definida uma concentração diagnóstica de 10 $\mu\text{g}\cdot\text{ml}^{-1}$ de teflubenzuron usando um bioensaio de contaminação superficial da dieta. Foram verificadas variações geográficas na suscetibilidade de *S. frugiperda* a teflubenzuron, além de uma redução significativa na suscetibilidade ao teflubenzuron ao longo do tempo nas populações de *S. frugiperda* avaliadas, com porcentagem média de sobrevivência das populações por ano na concentração diagnóstica variando de <5% em 2004 a até 80% em 2020. Assim, esta pesquisa fornece evidências da evolução da resistência de *S. frugiperda* a teflubenzuron em campo e reforçam a urgente necessidade de implementação de práticas de MRI no Brasil.

Palavras-chave: lagarta-do-cartucho; evolução da resistência; inibidores da biossíntese de quitina; monitoramento.

Abstract

Susceptibility monitoring to insecticides is a key component to implementing insecticide resistance management (IRM) programs. In this research, the susceptibility to teflubenzuron in *Spodoptera frugiperda* (J.E. Smith) was monitored in more than 200 field-collected populations from major corn-growing regions of Brazil, from 2004 to 2020. Initially, we defined a diagnostic concentration of 10 $\mu\text{g}\cdot\text{ml}^{-1}$ of teflubenzuron using a diet-overlay bioassay for monitoring the susceptibility. A variation in the susceptibility to teflubenzuron in *S. frugiperda* was detected among populations from different locations. A significant reduction in the susceptibility to teflubenzuron throughout time was also detected for the populations of *S. frugiperda* evaluated, with larval survival at diagnostic concentration varying from values of <5% in 2004 to as high as 80% in 2020. Thus, this research provides evidence of field-evolved resistance of *S. frugiperda* to teflubenzuron and reinforces that IRM practices are urgently needed to be implemented in Brazil.

Keywords: fall armyworm; field-evolved resistance; chitin synthesis inhibitors; monitoring.

*Este capítulo foi aceito na revista *Insects*. Referência: Fernando S. A. Amaral, Rubens H. Kanno, Antonio Rogério B. do Nascimento, Aline S. Guidolin, Celso Omoto. Trends towards Lower Susceptibility of *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) to Teflubenzuron in Brazil: An Evidence for Field-Evolved Resistance. *Insects*, 2023, 14, 129. <https://doi.org/10.3390/insects14020129>

2.1. Introdução

A lagarta-do-cartucho, *Spodoptera frugiperda* (J.E. Smith, 1797) (Lepidoptera: Noctuidae) é uma espécie nativa do continente americano, mas nos últimos anos tornou-se uma praga de relevância mundial devido à rápida invasão nos países do Velho Mundo, causando sérios danos principalmente nas culturas de milho (*Zea mays* L.) e de algodão (*Gossypium hirsutum* L.) (Fao.org,

2022; Ganiger et al., 2018; Goergen et al., 2016). O alto grau de polifagia, com mais de 350 espécies hospedeiras conhecidas (Montezano et al., 2018), e vantagens biológicas como a alta capacidade reprodutiva e de dispersão, favoreceram a adaptação dessa praga nessas áreas recém-invasidas (Nagoshi et al., 2015). No Brasil, *S. frugiperda* é uma das mais importantes pragas das culturas do milho, algodão e soja (*Glycine max* (L.) Merrill) (de Freitas Bueno et al., 2011; Hardke et al., 2015; Montezano et al., 2018).

O controle químico e as plantas geneticamente modificadas expressando proteínas de *Bacillus thuringiensis* Berliner (Bt) são as principais estratégias para o manejo da lagarta-do-cartucho (Burtet et al., 2017). No entanto, o uso intensivo desses métodos de controle, associado ao uso incorreto dessas ferramentas ao longo do tempo, levou à ocorrência de algumas falhas de controle provavelmente devido à resistência. Aproximadamente 200 casos de resistência de *S. frugiperda* foram relatados a ingredientes ativos da maioria dos grupos químicos e plantas Bt (Mota-Sanchez & Wise, 2023). No Brasil, a situação é agravada devido às extensas áreas de cultivos intensivos com grande diversidade de insetos-praga, tornando o sistema altamente complexo. Além disso, o uso de inseticidas no controle de insetos-praga de culturas que são plantadas em sucessão e/ou concomitantes pode favorecer a seleção da resistência de *S. frugiperda* a inseticidas. A resistência de *S. frugiperda* já foi documentada para inseticidas e proteínas Bt, incluindo piretroides, organofosforados, carbamatos, inibidores da biossíntese de quitina, espinosinas, diamidas e proteínas Cry1 (Bolzan et al., 2019; Carvalho et al., 2013; Diez-Rodríguez & Omoto, 2001; Farias et al., 2014; Lira et al., 2020; Muraro et al., 2021; Nascimento et al., 2015; Okuma et al., 2018, 2022).

O grupo químico das benzoilureias tem sido amplamente utilizado no controle de lepidópteros-praga como *S. frugiperda* no Brasil, sendo que nos últimos 8 anos este grupo tem representado de 15 a 29% de todo o mercado de inseticidas para o controle de lepidópteros-praga (Kynetec Group, 2022). Sugere-se que as benzoilureias atuam bloqueando a deposição de quitina e a síntese da cutícula no inseto, atuando nas enzimas quitina sintase 1 (CHS1), responsáveis por catalisar estágios críticos no desenvolvimento do inseto (Andersen, 1979; Cohen, 2001; Deep et al., 2018; Merzendorfer, 2013; van Eck, 1979). O inseticidas deste grupo são bem explorados em programas de manejo integrado de pragas (MIP) e manejo de resistência de insetos (MRI), devido à baixa toxicidade que apresentam para mamíferos e da alta seletividade para organismos não-alvo (Yang & Fukamizo, 2019). O teflubenzuron é um dos princípios ativos desse grupo que ganhou visibilidade para o manejo de *S. frugiperda*, principalmente por apresentar alta atividade contra lepidópteros e hemípteros-pragas (Becher et al., 1983; Merzendorfer, 2013). Devido ao alto uso de benzoilureias no Brasil, já foram relatados casos de resistência a *S. frugiperda*,

Chrysodeixis includens (Lepidoptera: Noctuidae) e *Tuta absoluta* (Lepidoptera: Gelechiidae) (Nascimento et al., 2022, 2015; Silva et al., 2021a; Stacke et al., 2020a), evidenciando o alto risco de evolução da resistência também para teflubenzuron, prejudicar assim o controle de *S. frugiperda*.

O estudo por uma melhor compreensão da suscetibilidade a inseticidas de populações geograficamente distintas ao longo do tempo é essencial para projetar estratégias de manejo de resistência de insetos (MRI). Os padrões de sobrevivência de diferentes populações de insetos podem ser discutidos em associação com muitas variáveis, como clima e sistemas de produção agrícola, para mostrar as regiões propensas à evolução da resistência a inseticidas. Neste contexto, objetivou-se avaliar a variação espaço-temporal na suscetibilidade ao teflubenzuron em populações de *S. frugiperda* coletadas em campo nas principais regiões produtoras de milho do Brasil entre os anos de 2004 a 2020. Esta pesquisa fornece bases para a implementação de estratégias de MRI no Brasil.

2.2. Material e Métodos

2.2.1. Populações de *Spodoptera frugiperda*

A linhagem suscetível (Sf-ss) utilizada para estimar a concentração diagnóstica foi obtida da Embrapa Milho e Sorgo (Sete Lagoas, Minas Gerais, Brasil) em 1996, e tem sido mantida em condições de laboratório sem qualquer pressão de seleção com inseticidas. Populações de *S. frugiperda* usadas para monitorar a suscetibilidade ao teflubenzuron foram coletadas das principais regiões produtoras de milho do Brasil em campos de milho não Bt (*Zea mays* L.). Duzentas e dezesseis populações foram coletadas entre 2004 e 2020 (Apêndice A). Foram coletadas cerca de 600 a 800 lagartas por população.

Lagartas de todas as populações de *S. frugiperda* foram criadas em dieta artificial à base de trigo, feijão, soja e levedura até a fase de pupa (Greene et al., 1976). As pupas foram mantidas em gaiolas de PVC (24 × 22,5 cm) revestidas internamente com papel, onde os adultos emergiram para acasalamento e oviposição. Os adultos foram alimentados com solução de mel a 10% e, tanto o mel quanto o papel de revestimento da gaiola foram substituídos a cada 2 dias. As neonatas foram colocadas em copos plásticos (100 ml) contendo dieta artificial até atingirem o 3º ínstar, quando foram utilizados nos bioensaios. Os insetos foram mantidos em condições controladas de 25 ± 1 °C, 70 ± 10% de umidade relativa e fotoperíodo de 14:10 h (L:E) durante todas as fases de criação e bioensaios.

2.2.2. Bioensaios

Um método de bioensaio de contaminação superficial da dieta foi usado para avaliar a suscetibilidade de populações de *S. frugiperda* ao teflubenzuron usando placas de 24 células (Corning® Costar®, Sigma-Aldrich Brasil Ltda, São Paulo, Brasil) com 1,25 ml de dieta artificial por célula (1,9 cm² de área) (Greene et al., 1976). Em cada célula foram pipetados 30 µl de solução de teflubenzuron. A solução de teflubenzuron foi obtida pela diluição do produto comercial (Nomolt®, 150g teflubenzuron l⁻¹, BASF SA, São Paulo, Brasil) em água destilada com 0,1% (v/v) Triton™ X-100 (Sigma-Aldrich Brasil Ltda.) como surfactante. Após a secagem, uma única lagarta de 3º ínstar foi colocada em cada poço. As placas foram fechadas e mantidas em câmara a 25 ± 2 °C, 70 ± 10% UR e fotoperíodo de 14:10 h (L:E). A mortalidade foi avaliada cinco dias após a exposição ao inseticida. As lagartas que não apresentaram nenhum movimento coordenado após o toque e/ou falha ou má formação na mudança de ínstar foram consideradas mortas.

2.2.3. Curva de concentração-resposta de linhagem suscetível de *Spodoptera frugiperda* para estimar a concentração diagnóstica de teflubenzuron

Sete concentrações de teflubenzuron espaçadas logaritmicamente variando de 0,1 a 5,6 µg.ml⁻¹ foram usadas para obter mortalidades de 5 a 95% para a estimativa da curva de concentração-resposta da linhagem Sf-ss. Os bioensaios foram conduzidos utilizando um delineamento inteiramente casualizado com quatro repetições (cada repetição composta por 24 lagartas), totalizando 96 lagartas testadas por concentração.

Os dados de mortalidade do controle foram corrigidos usando a fórmula de Abbott (Abbott, 1925). Os valores de CL₅₀ e CL₉₉ (concentração letal que mata 50% e 99% dos indivíduos, respectivamente) e os respectivos intervalos de confiança de 95% foram estimados usando um modelo linear generalizado (GLM) com distribuição binomial e função de ligação *logit* utilizando o programa R (R Team, 2022). A concentração diagnóstica utilizada para monitorar a suscetibilidade das populações de *S. frugiperda* ao teflubenzuron foi baseada em uma concentração próxima ao limite superior de CL₉₉, estimada a partir da curva concentração-resposta da linhagem Sf-ss.

2.2.4. Padrões temporais da suscetibilidade de *Spodoptera frugiperda* a teflubenzuron

A suscetibilidade de *S. frugiperda* ao inseticida teflubenzuron foi estimada utilizando a concentração diagnóstica descrita no item acima. Para os bioensaios, aproximadamente 480 lagartas de 3º instar (20 replicatas de 24 lagartas) foram testadas por população. A sobrevivência larval foi avaliada após 5 dias, usando os mesmos critérios descritos na Seção 2.2.2. O padrão temporal de suscetibilidade de *S. frugiperda* foi analisado usando boxplots dos dados de sobrevivência larval de todas as populações testadas em cada ano. Os dados anteriores ao ano de 2018 foram provenientes do banco de dados do Laboratório de Resistência de Artrópodes, ESALQ/USP.

Para a análise estatística, os dados foram avaliados em termos de homogeneidade com o teste de Bartlett e a normalidade com o teste de Shapiro-Wilk. Como os dados não se encaixavam nas suposições da ANOVA, foi realizado o teste não-paramétrico de Kruskal-Wallis seguido do teste post-hoc de Dunn, visando comparar a sobrevivência ano a ano utilizando o programa R.

2.2.5. Padrões espaciais da suscetibilidade de *Spodoptera frugiperda* a teflubenzuron

Para estudar os padrões espaciais da suscetibilidade de *S. frugiperda* a teflubenzuron, foi avaliada a relação entre a latitude e longitude de cada amostra e os dados de sobrevivência do monitoramento de *S. frugiperda* a teflubenzuron. Os dados foram separados em janelas de dois ou três anos monitorados. Os mapas foram criados com o programa QGIS 3.26.2 (*QGIS Development Team*, 2022). Quatro categorias foram definidas com base na sobrevivência obtida pelo monitoramento: menos de 5% de sobrevivência (seguro); de 5 a 20% de sobrevivência (alerta); de 20 a 40% (alto); e mais de 40% (crítico). A categorização foi feita assegurando que os pontos sejam plotados com as taxas de sobrevivência menores para as maiores; isso garante que no caso de mais de um ponto no mesmo local, mostra-se sempre a categoria de sobrevivência mais alta.

2.3. Resultados

A CL_{50} estimada para a linhagem suscetível foi de 0,577 (0,518 – 0,643 IC 95%) e a CL_{99} estimada foi 4,773 (3,353 – 6,794 IC 95%) $\mu\text{g}\cdot\text{ml}^{-1}$ ($n = 789$; inclinação = $5,01 \pm 0,41$; $\chi^2 = 6,81$; g.l. = 4) (Figura 1). A concentração diagnóstica para monitoramento da suscetibilidade de *S. frugiperda*

a teflubenzuron no Brasil foi definida como $10 \mu\text{g}\cdot\text{ml}^{-1}$ de teflubenzuron, com base no ponto superior mais próximo ao limite superior da CL_{99} da linhagem suscetível.

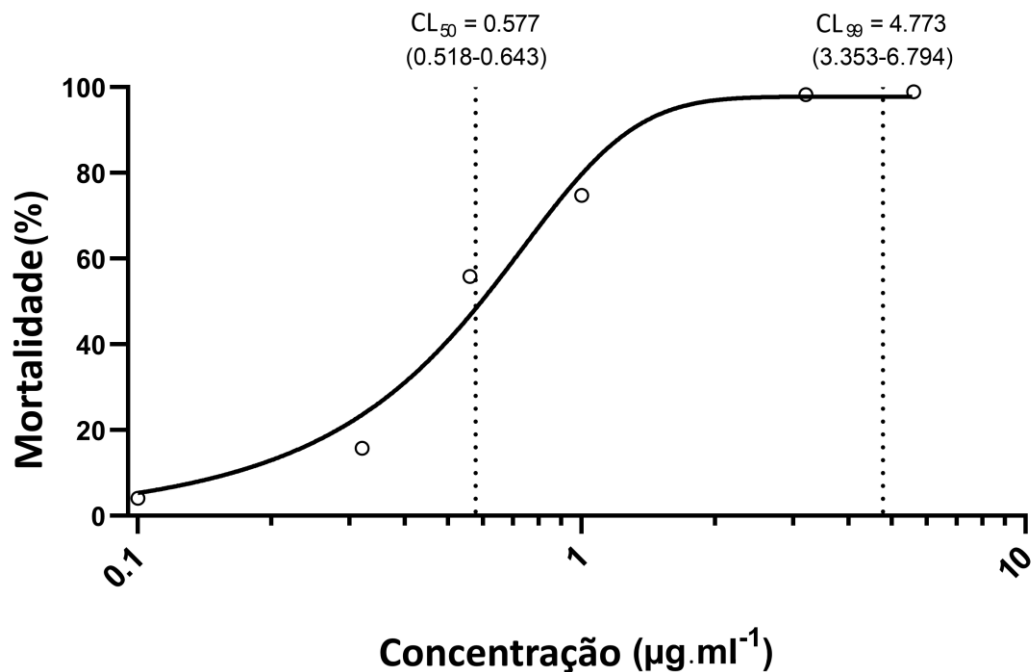


Figura 1. Curva de concentração-resposta da linhagem suscetível (Sf-ss) de *Spodoptera frugiperda* a teflubenzuron.

A análise temporal da suscetibilidade de populações de *S. frugiperda* a teflubenzuron mostrou uma tendência de redução da suscetibilidade ao longo dos anos (Figura 2). Inicialmente, a média de sobrevivência de *S. frugiperda* foi inferior a 5% na concentração diagnóstica para todas as populações testadas em 2004, mas atingiu valores superiores a 80% em algumas populações ao longo dos anos (Figura 2). No entanto, esta tendência não foi a mesma em todas as localidades. Após 2012, uma alta variação na suscetibilidade a teflubenzuron foi detectada entre populações de *S. frugiperda* de diferentes locais (Figura 2; Apêndice A).

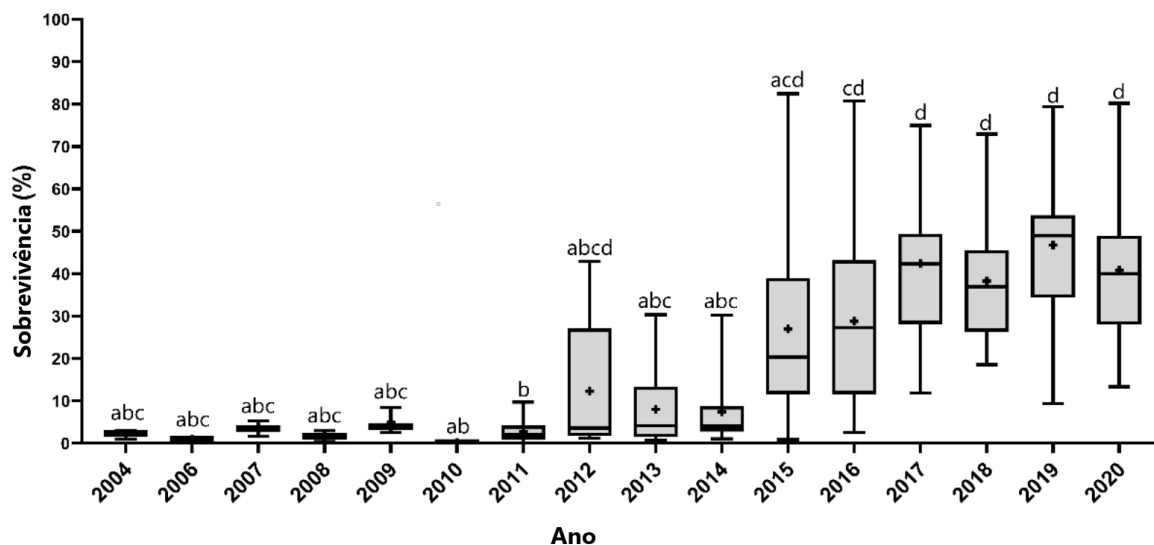


Figura 2. Boxplot mostrando o aumento na sobrevivência de populações de *Spodoptera frugiperda* a teflubenzuron de 2004 a 2020. O sinal de + mostra a sobrevivência média a teflubenzuron em concentração diagnóstica das populações testadas naquele ano. Letras diferentes mostram diferenças estatisticamente significativas entre os grupos (teste de Dunn, $p < 0,05$).

Cinco populações de *S. frugiperda* foram avaliadas em 2012. As taxas de sobrevivência foram inferiores a 5% em quatro populações, mas a população do estado de GO apresentou uma sobrevivência de $\approx 43\%$. Em 2013, foram avaliadas 19 populações e as taxas de sobrevivência dos estados de GO, BA e MT foram superiores às taxas de sobrevivência das populações de outros estados. Assim, a suscetibilidade a teflubenzuron foi reduzida mais cedo nos estados de GO, BA e MT e posteriormente nos demais estados. Até 2015, a maioria das populações apresentou altas taxas de sobrevivência, independentemente do estado (Apêndice A). Portanto, a diminuição da suscetibilidade de *S. frugiperda* a teflubenzuron teve diferentes padrões espaciais ao longo do tempo.

O padrão espacial da suscetibilidade de *S. frugiperda* a teflubenzuron ao longo do tempo foi observado plotando as populações coloridas de acordo com a taxa de sobrevivência (Figura 3). De 2004 a 2006 foi observada alta suscetibilidade em todas as populações monitoradas, independentemente do estado de onde a população foi coletada (Figura 3A). Em 2007 e 2008, os estados de MT e BA começaram a dar sinais de alerta (Figura 3B), onde uma população do estado do MT apresentou taxa de sobrevivência de $\approx 6\%$, enquanto a população do estado da BA apresentou taxa de sobrevivência superior a 7% (Apêndice A). De 2009 a 2011, os sinais de alerta continuaram nos estados de MT e BA, mas também apareceram nas populações coletadas nos estados de SP e PR (Figura 3C). A maior taxa de sobrevivência neste período foi de 8,4% para uma população do MT, 12,4% para uma população da BA, 6,9% para uma população de SP e 9,7% para uma população do PR (Apêndice A).

Após 2012 foram identificadas taxas de sobrevivência altas e críticas. De 2012 a 2014 foram observados sinais de frequências altas e críticas em populações dos estados de MT, BA,

GO e MG. O sinal crítico foi observado na população GO-19, com $\approx 43\%$ de sobrevivência. Os sinais altos foram observados em duas populações do estado da BA com taxas de sobrevivência de $\approx 24\%$ em cada população, e duas populações do estado do MT com taxas de sobrevivência de 30% em cada população (Apêndice A). Nesse período, as populações dos estados de SP, PR, MS e SC apresentaram frequências seguras e de alerta, enquanto as populações coletadas no estado do RS permanecem na categoria de frequência segura com $< 5\%$ de sobrevivência (Figura 3D).

A partir de 2015 foram observados sinais críticos de sobrevivência em praticamente todas as populações de *S. frugiperda* avaliadas nos diferentes estados. Todas as populações do estado do MT avaliadas de 2015 a 2017 apresentaram taxas críticas de sobrevivência, variando de $51,6\%$ em MT-33 a $82,46\%$ em MT-32. As populações avaliadas nos estados da BA, GO, MS e MG apresentaram taxas de sobrevivência altas e críticas neste período. A perda de suscetibilidade aconteceu rapidamente nesses estados, por exemplo no estado da BA o aumento da sobrevivência mudou de um ano para o outro, pois a população BA-40 apresentou $32,3\%$ de sobrevivência em 2017, e a população BA-41 apresentou $49,7\%$ de sobrevivência em 2018 (Apêndice A). As populações dos demais estados apresentaram sobrevivência em todas as quatro categorizações, sendo que uma população do estado de SP ainda apresentou sobrevivência segura de $2,5\%$ (Figura 3E e Apêndice A).

Por fim, no monitoramento da suscetibilidade entre os anos 2018 à 2020, a maioria das taxas de sobrevivência de *S. frugiperda* a teflubenzuron foi superior a 20% , independentemente do estado da população coletada. As sobrevivências das populações dos estados de MT, GO, MG e PR variaram de altas a críticas, enquanto as populações de SP e RS apresentaram apenas altas taxas de sobrevivência (Figura 3F). A maior taxa de sobrevivência no período foi observada na população MT-55 em 2020 ($80,2\%$) (Apêndice A).

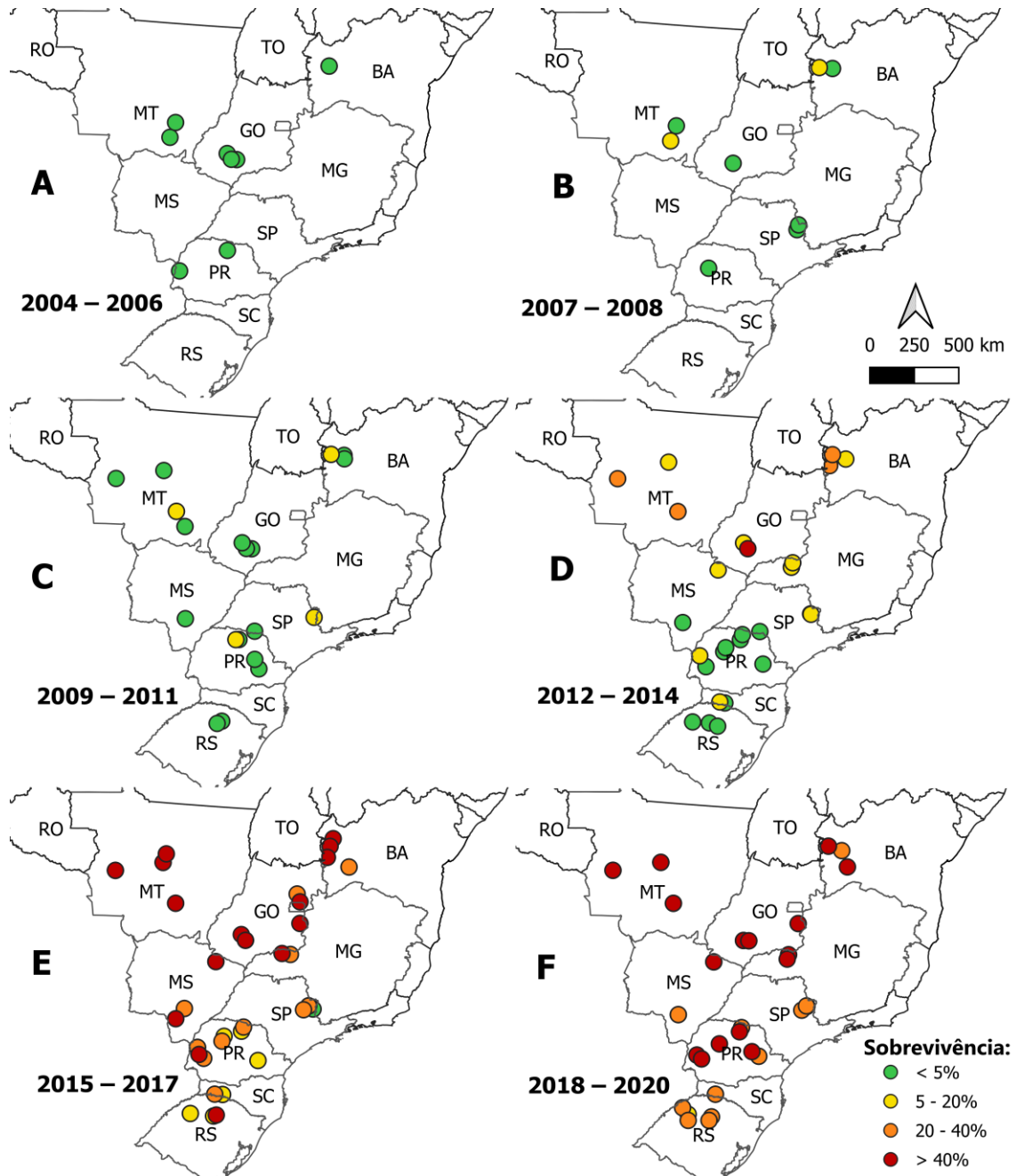


Figura 3. Distribuição espacial da sobrevivência de *Spodoptera frugiperda* a teflubenzuron na concentração diagnóstica, cada ponto colorido é uma população testada diferente. (A) mostra níveis seguros de sobrevivência (menos de 5%) em todas as localidades avaliadas; (B) mostra um aumento na sobrevivência para um nível de alerta (5 a 20% de sobrevivência) principalmente nas áreas nordeste e noroeste entre os locais avaliados; (C) mostra o alerta se espalhando para outras áreas; em (D) o nível de sobrevivência de alerta se espalha ainda mais e as taxas de sobrevivência altas (20 a 40%) e críticas (> 40%) aparecem; (E) o problema se espalha por todo o país e observam-se muitas taxas críticas de sobrevivência; (F) as taxas críticas de sobrevivência são mantidas ao longo dos anos.

2.4. Discussão

Foram verificadas variações geográficas na suscetibilidade de populações de *S. frugiperda* ao inseticida teflubenzuron, além da redução significativa da suscetibilidade ao longo dos anos. Nos primeiros anos do programa de monitoramento da suscetibilidade (2004 a 2006), a

sobrevivência na concentração diagnóstica de teflubenzuron foi inferior a 5% em todas as populações testadas e nenhuma falha de campo no controle de *S. frugiperda* foi relatada com o uso desse inseticida. Entre os anos de 2007 e 2008 já se observavam sinais de alerta, registrando-se algumas taxas de sobrevivência mais elevadas (5 a 20%) na concentração diagnóstica. Esses primeiros alertas surgiram nos estados de MT e BA, regiões de uso intensivo de inseticidas, grande produção de milho e com temperatura média anual de 26–28 °C (IBGE, 2022; INMET, 2022). Esta faixa de temperatura se encontra dentro da faixa de temperatura ideal para o desenvolvimento de *S. frugiperda* (Ramirez-Cabral et al., 2017).

Os sistemas agrícolas são intensivos no Brasil, com extensas áreas e sobreposição de safras, isto ocorre devido a condições favoráveis de solo e clima na maioria das regiões. Em algumas regiões, como parte dos estados da BA e MT, é comum o cultivo em sucessão de milho, algodão e soja, sendo todas essas culturas hospedeiros adequados para *S. frugiperda*. Além disso, durante o período de entressafra é muito comum cultivar milheto (*Pennisetum americanum* (L.) K. Schum) como planta de cobertura, a qual também é um bom hospedeiro para *S. frugiperda*. Dessa forma, esta praga tem uma fonte de alimento constante. Essas plantações são geralmente pulverizadas com o mesmo conjunto de inseticidas, portanto, a praga está sob constante exposição à pressão de seleção, favorecendo a redução da suscetibilidade a teflubenzuron e outros inseticidas em populações de *S. frugiperda* no Brasil ao longo dos anos.

O efeito da agricultura extensiva na redução da suscetibilidade a teflubenzuron em populações de *S. frugiperda* ao longo do tempo, também pode ser analisado considerando a área plantada de milho em uma determinada região. Os dois primeiros sinais de alerta foram coletados em microrregiões dos estados de MT e BA, que apresentam grandes áreas cultivadas de milho com aproximadamente 85.000 e 147.000 ha de milho por ano, respectivamente (IBGE, 2022) (Figura 4). Por outro lado, microrregiões com menores áreas cultivadas de milho apresentaram uma redução mais tardia da suscetibilidade a teflubenzuron. Nos anos seguintes, também foram observados os primeiros sinais de sobrevivências altas (20–40%) e críticas (>40%) em regiões com grandes áreas de milho. O primeiro nível de sobrevivência considerado crítico surgiu em 2012 em uma microrregião com quase 750.000 ha de milho cultivado por ano no estado de GO, uma região com uma das maiores áreas plantadas de milho no Brasil (IBGE, 2022).

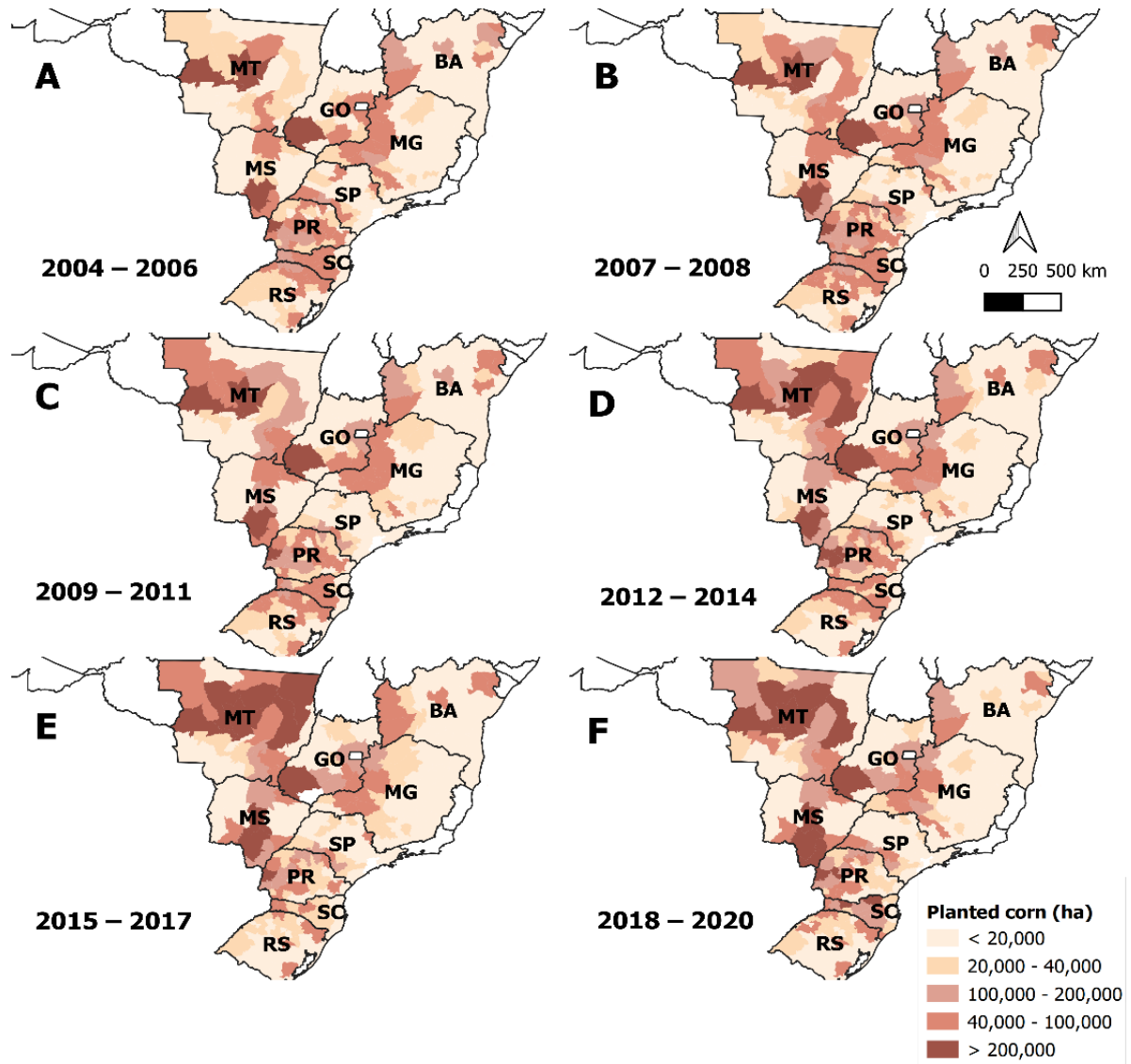


Figura 4. Mapas mostrando a área cultivada entre as principais regiões produtoras de milho de Brasil. A área cultivada representada em cada mapa é o valor médio dos anos representados pelo mapa. A base de dados utilizada para a construção dos mapas está disponível no link: <https://www.ibge.gov.br/estatisticas/economicas/agricultura-e-pecuaria/9117-producao-agricola-municipal-culturas-temporarias-e-permanentes.html?=&t=destaques>.

Altas sobrevivências a teflubenzuron na concentração diagnóstica foram observadas em populações de *S. frugiperda* provenientes de microrregiões com temperaturas médias anuais mais elevadas (26 a 28°C) (Figura 5). Sabe-se que a temperatura está ligada ao aumento de populações de insetos, tem uma correlação positiva com as taxas metabólicas e uma correlação negativa com perdas de produtividade em colheitas por insetos-praga (Deutsch et al., 2018). As altas temperaturas nas regiões dos estados da BA e MT, onde foram observados pela primeira vez sinais de alerta nos níveis de sobrevivência, são ótimas para o desenvolvimento de *S. frugiperda*, levando esta praga a apresentar mais gerações por ano, às vezes com mais de duas gerações em uma mesma safra. O elevado número de gerações de *S. frugiperda*, associado à alta pressão de seleção com o uso de inseticidas, favorece a seleção de indivíduos mais tolerantes aos inseticidas.

Além disso, temperaturas mais altas podem estar associadas a taxas metabólicas mais altas, as quais podem causar o aumento dos processos de desintoxicação na praga (Deutsch et al., 2018). Mecanismos de desintoxicação foram recentemente associados à resistência de *S. frugiperda* a teflubenzuron (Nascimento et al., 2022).

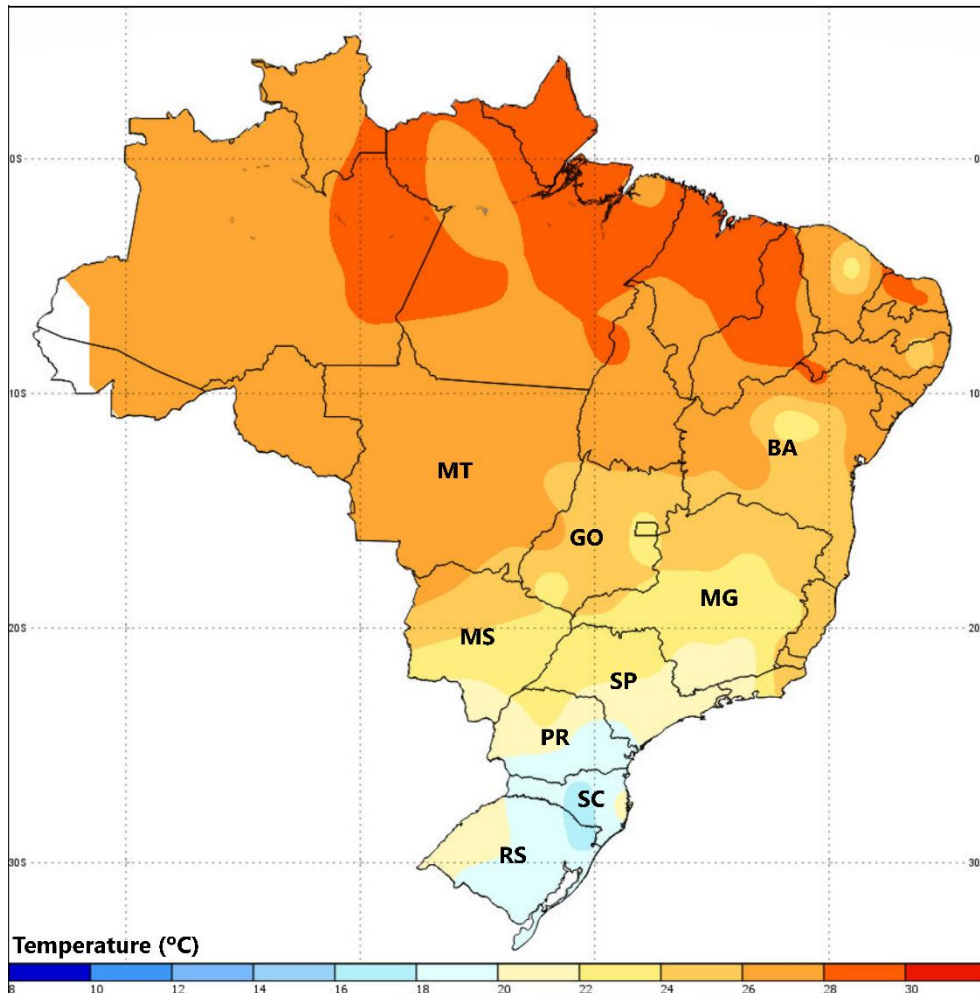


Figura 5. Temperatura média anual de 1991 a 2020. Fonte: https://clima.inmet.gov.br/NormaisClimatologicas/1961-1990/precipitacao_acumulada_mensal_anual. Visitado em 10/11/2022.

A partir de 2009 os alertas se espalharam para outras partes do país e, mesmo com a alta adoção do milho Bt, a taxa de sobrevivência a teflubenzuron continuou aumentando em ritmo acelerado, atingindo valores críticos de até 80% em algumas localidades; estes valores críticos de sobrevivência se mantiveram até o final da avaliação no ano de 2020. A tendência de redução na suscetibilidade de *S. frugiperda* a teflubenzuron, redução esta detectada na maioria das populações avaliadas a partir de 2015, pode estar associada a um maior uso de inseticidas do grupo das benzoilureias ocorrido após a detecção de *Helicoverpa armigera* (Hübner) no Brasil em 2013 (Czepak et al., 2013). Vários inseticidas, incluindo benzoilureias, foram liberados em caráter emergencial para o controle dessa praga invasora no Brasil naquela época (Brasil, 2013). Tanto *S.*

frugiperda quanto *H. armigera* compartilham diversas plantas hospedeiras e táticas de controle químico, portanto, pulverizações de inseticidas para controlar *H. armigera* também aumentaram a pressão de seleção em *S. frugiperda*. Essa hipótese de que os inseticidas usados para controlar *H. armigera* interferiram na suscetibilidade de *S. frugiperda* a inseticidas foi observada também no monitoramento da suscetibilidade a benzoato de emamectina em populações de *S. frugiperda* coletadas em campo no Brasil (Muraro et al., 2022). Devido à evolução da resistência a benzoilureias em algumas pragas de lepidópteros no Brasil (Nascimento et al., 2015; Silva et al., 2021b; Stacke et al., 2020b), foi detectada redução no uso deste grupo químico de inseticida no Brasil (Kynetec Group, 2022), visto que benzoilureias foram responsáveis por 27% do mercado dos inseticidas para controle de lepidópteros-pragas em 2015 e reduzido a 18% do mercado em 2020.

A redução da suscetibilidade a teflubenzuron em populações de *S. frugiperda* ao longo dos anos fornece evidências claras de evolução da resistência a nível de campo no Brasil. A resistência a teflubenzuron foi recentemente caracterizada para *S. frugiperda* no Brasil, com uma razão de resistência de 1365 vezes e apresentando resistência cruzada com outras benzoilureias. A resistência foi caracterizada como poligênica, autossômica e incompletamente recessiva; e sugere-se que a resistência esteja associada com mecanismos de desintoxicação de xenobióticos (Nascimento et al., 2022), o que corrobora com nossos primeiros relatos de redução da suscetibilidade no monitoramento em regiões com maiores médias anuais de temperatura (26 a 28°C) no Brasil. A resistência decorrente de desintoxicação metabólica pode acarretar um alto custo adaptativo associado a esta resistência (Kliot & Ghanim, 2012; Stanislav, 2016). A presença de custo adaptativo associado à resistência pode ser uma ferramenta a ser utilizada no manejo da resistência de insetos (MRI), uma vez que, na ausência de pressão de seleção pelo inseticida ao qual os indivíduos são resistentes, os que carregam esses alelos de resistência têm valor adaptativo inferior aos suscetíveis (Gassmann et al., 2009). Uma das estratégias para manejar a resistência a inseticidas é a rotação de inseticidas que não apresentem resistência múltipla ou cruzada entre ou dentro dos diferentes modos de ação (Nascimento et al., 2022; Sparks & Nauen, 2015). O uso de estratégias de manejo integrado de pragas (MIP) também são essenciais, podemos citar o uso de cultivos Bt, inseticidas seletivos para a manutenção de inimigos naturais e uso do controle biológico com macro e microrganismos, interrupção de acasalamento com feromônios e indivíduos de *S. frugiperda* transgênicos com genes autolimitantes (Bentivenha et al., 2019; Burtet et al., 2017; Reavey et al., 2022; Rizvi et al., 2021; Van den Berg & du Plessis, 2022; Wengrat et al., 2021).

Por fim, uma redução significativa na suscetibilidade a teflubenzuron em populações de *S. frugiperda* ao longo dos anos foi confirmada no Brasil. Esta redução está associada ao intenso uso do produto, bem como variações nas condições climáticas e paisagens agrícolas em diferentes locais. Esta pesquisa fornece evidências da evolução da resistência de *S. frugiperda* a teflubenzuron em campo, e reforça que estratégias de MRI devem ser implementadas efetivamente no Brasil.

2.5. Conclusão

- A evolução da resistência de *S. frugiperda* a teflubenzuron foi evidenciada em condições de campo no Brasil.

Referências

- Abbott, W.S. A method of computing the effectiveness of an insecticide. *J. Econ. Entomol.* 1925, 18, 265–267. <https://doi.org/10.1093/jee/18.2.265a>.
- Andersen, S.O. Biochemistry of insect cuticle. *Annu. Rev. Entomol.* 1979, 24, 29–59.
- Becher, H.M.; Becker, P.; Prokic-Immel, R.; Wirtz, W. CME 134, a new chitin synthesis inhibiting insecticide. In *Proceedings of the 10th International Congress of Plant Protection, Brighton, UK, 20–25 November 1983; Volume 1, pp. 408–415.*
- Belinato, T.A.; Martins, A.J. Insecticide Resistance and Fitness Cost. In *Insecticides Resistance*. Stanislav Trdan, Ed., InTech, 2016. <http://dx.doi.org/10.5772/61826.43>. Gassmann, A.J.; Carrière, Y.; Tabashnik, B.E. Fitness costs of insect resistance to *Bacillus thuringiensis*. *Annu. Rev. Entomol.* 2009, 54, 147–163. <https://doi.org/10.1146/annurev.ento.54.110807.090518>.
- Bentivenha, J.P.F.; Rodrigues, J.G.; Lima, M.F.; Marçon, P.; Popham, H.J.R.; Omoto, C. Baseline susceptibility of *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) to SfMNPV and evaluation of cross-resistance to major insecticides and Bt proteins. *J. Econ. Entomol.* 2019, 112, 91–98. <https://doi.org/10.1093/jee/toy342>.
- Bolzan, A.; Padovez, F.E.O.; Nascimento, A.R.B.; Kaiser, I.S.; Lira, E.C.; Amaral, F.S.A.; Kanno, R.H.; Malaquias, J.B.; Omoto, C. Selection and characterization of the inheritance of resistance of *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) to chlorantraniliprole and cross-resistance to other diamide insecticides. *Pest Manag. Sci.* 2019, 75, 2682–2689. <https://doi.org/10.1002/ps.5376>.
- Brasil. Portaria n° 1.109, de 6 de novembro de 2013. *Diário Oficial da União, Brasília*. URL: <https://www.jusbrasil.com.br/diarios/61394114/dou-secao-1-07-11-2013-pg-5> Accessed in 8 November 2022.

- Bueno, R.C.O.F.; Bueno, A.F.; Moscardi, F.; Parra, J.R.P.; Hoffmann-Campo, C.B. Lepidopteran larva consumption of soybean foliage: Basis for developing multiple-species economic thresholds for pest management decisions. *Pest Manag. Sci.* 2011, 67, 170–174. <https://doi.org/10.1002/ps.2047>.
- Burtet, L.M.; Bernardi, O.; Melo, A.A.; Pes, M.P.; Strahl, T.T.; Guedes, J.V. Managing fall armyworm, *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae), with Bt maize and insecticides in southern Brazil. *Pest Manag. Sci.* 2017, 73, 2569–2577. <https://doi.org/10.1002/ps.4660>.
- Carvalho, R.A.; Omoto, C.; Field, L.M.; Williamson, M.S.; Bass, C. Investigating the molecular mechanisms of organophosphate and pyrethroid resistance in the fall armyworm *Spodoptera frugiperda*. *PLoS ONE* 2013, 8, e62268. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0062268>.
- Cohen, E. Chitin synthesis and inhibition: A revisit. *Pest Manag. Sci.* 2001, 57, 946–950. <https://doi.org/10.1002/ps.363>.
- Czepak, C.; Albernaz, K.C.; Vivan, L.M.; Guimarães, H.O.; Carvalhais, T. Primeiro registro de ocorrência de *Helicoverpa armigera* (Hübner) (Lepidoptera: Noctuidae) no Brasil. *Pesqui. Agropecuária Trop.* 2013, 43, 110–113. <https://doi.org/10.1590/S1983-40632013000100015>.
- Deep, G.; Patil, J.; Saroj, Y.; Brajesh, K.; Ravinder, N. Novel insecticides: A potential tool for the management of insect pest. *J. Entomol. Zool. Stud.* 2018, 6, 277–281.
- Deutsch, C.A.; Tewksbury, J.J.; Tigchelaar, M.; Battisti, D.S.; Merrill, S.C.; Huey, R.B.; Naylor, R.L. Increase in crop losses to insect pests in a warming climate. *Science* 2018, 361, 916–919. <https://doi.org/10.1126/science.aat3466>.
- Diez-Rodríguez, G.I.; Omoto, C. Inheritance of lambda-cyhalothrin resistance in *Spodoptera frugiperda* (JE Smith) (Lepidoptera: Noctuidae). *Neotrop. Entomol.* 2001, 30, 311–316.
- Farias, J.R.; Andow, D.A.; Horikoshi, R.J.; Sorgatto, R.J.; Fresia, P.; dos Santos, A.C.; Omoto, C. Field-evolved resistance to Cry1F maize by *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) in Brazil. *Crop Prot.* 2014, 64, 150–158. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2014.06.019>.
- Ganiger, P.C.; Yeshwanth, H.M.; Muralimohan, K.; Vinay, N.; Kumar, V., A.R.; Chandrashekara, K. Occurrence of the new invasive pest, fall armyworm, *Spodoptera frugiperda* (JE Smith) (Lepidoptera: Noctuidae), in the maize fields of Karnataka, India. *Curr. Sci.* 2018, 115, 621–623.
- Global action for fall armyworm control | Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO). Available online: <http://Www.Fao.Org/Fall-Armyworm/Monitoring-Tools/Faw-Map/En/> (accessed on 12 November 2022).
- Goergen, G.; Kumar, P.L.; Sankung, S.B.; Togola, A.; Tamò, M. First report of outbreaks of the fall armyworm *Spodoptera frugiperda* (JE Smith) (Lepidoptera, Noctuidae), a new alien invasive pest in west and central Africa. *PLoS ONE* 2016, 11, e0165632. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0165632>.

- Greene, G.L.; Leppla, N.C.; Dickerson, W.A. Velvetbean caterpillar: A rearing procedure and artificial medium. *J. Econ. Entomol.* 1976, 69, 487–488. <https://doi.org/10.1093/jee/69.4.487>.
- Hardke, J.T.; Lorenz, G.M.; Leonard, B.R. Fall armyworm (Lepidoptera: Noctuidae) ecology in southeastern cotton. *J. Integr. Pest Manag.* 2015, 6, 10. <https://doi.org/10.1093/jipm/pmv009>.
- IBGE—Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Available online: <https://www.ibge.gov.br/estatisticas/economicas/agricultura-e-pecuaria/9117-producao-agricola-municipal-culturas-temporarias-e-permanentes.html?=&t=destaques> (accessed on 10 November 2022).
- INMET—Instituto Nacional de Meteorologia. Available online: https://clima.inmet.gov.br/NormaisClimatologicas/1961-1990/precipitacao_acumulada_mensal_anual (accessed on 10 November 2022).
- Kliot, A.; Ghanim, M. Fitness costs associated with insecticide resistance. *Pest Manag. Sci.* 2012, 68, 1431–1437. <https://doi.org/10.1002/ps.3395>.
- Kynetec Group, Kynetec. Available online: www.kynetec.com.
- Lira, E.C.; Bolzan, A.; Nascimento, A.R.B.; Amaral, F.S.A.; Kanno, R.H.; Kaiser, I.S.; Omoto, C. Resistance of *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) to spinetoram: Inheritance and cross-resistance to spinosad. *Pest Manag. Sci.* 2020, 76, 2674–2680. <https://doi.org/10.1002/ps.5812>.
- Merzendorfer, H. Chitin synthesis inhibitors: Old molecules and new developments. 2013, 20, 121–138. <https://doi.org/10.1111/j.1744-7917.2012.01535.x>.
- Montezano, D.G.; Specht, A.; Sosa-Gómez, D.R.; Roque-Specht, V.F.; Sousa-Silva, J.C.; Paula-Moraes, S.V.; Peterson, J.A.; Hunt, T.E. Host Plants of *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) in the Americas. *Afr. Entomol.* 2018, 26, 286–300.
- Mota-Sanchez, D.; Wise, J. Arthropod Pesticide Resistance Database. Available online: <https://www.pesticideresistance.org/> (accessed on 12 November 2022).
- Muraro, D.S.; Abbade Neto, D.O.; Kanno, R.H.; Kaiser, I.S.; Bernardi, O.; Omoto, C. Inheritance patterns, cross-resistance and synergism in *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) resistant to emamectin benzoate. *Pest Manag. Sci.* 2021, 77, 5049–5057. <https://doi.org/10.1002/ps.6545>.
- Muraro, D.S.; Salmeron, E.; Cruz, J.V.S.; Amaral, F.S.A.; Guidolin, A.S.; Nascimento, A.R.B.; Malaquias, J.B.; Bernardi, O.; Omoto, C. Evidence of field-evolved resistance in *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) to emamectin benzoate in Brazil. *Crop Prot.* 2022, 162, 106071. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2022.106071>.

- Nagoshi, R.N.; Rosas-Garcia, N.M.; Meagher, R.L.; Fleischer, S.J.; Westbrook, J.K.; Sappington, T.W.; Hay-Roe, M.; Thomas, J.M.G.; Murua, G.M. Haplotype profile comparisons between *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) populations from Mexico with those from Puerto Rico, South America, and the United States and their implications to migratory behavior. *J. Econ. Entomol.* 2015, 108, 135–144. <https://doi.org/10.1093/jee/tou044>.
- Nascimento, A.R.B. do; Fresia, P.; Cónsoli, F.L.; Omoto, C. Comparative transcriptome analysis of lufenuron-resistant and susceptible strains of *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae). *BMC Genom.* 2015, 16, 985. <https://doi.org/10.1186/s12864-015-2183-z>.
- Nascimento, A.R.B.; Pavinato, V.A.C.; Rodrigues, J.G.; Silva-Brandão, K.L.; Consoli, F.L.; Michel, A.; Omoto, C. There is more than chitin synthase in insect resistance to benzoylureas: Molecular markers associated with teflubenzuron resistance in *Spodoptera frugiperda*. *J. Pest Sci.* 2022, 95, 129–144. <https://doi.org/10.1007/s10340-021-01373-4>.
- Okuma, D.M.; Bernardi, D.; Horikoshi, R.J.; Bernardi, O.; Silva, A.P.; Omoto, C. Inheritance and fitness costs of *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) resistance to spinosad in Brazil. *Pest Manag. Sci.* 2018, 74, 1441–1448. <https://doi.org/10.1002/ps.4829>.
- Okuma, D.M.; Cuenca, A.; Nauen, R.; Omoto, C. Large-scale monitoring of the frequency of ryanodine receptor target-site mutations conferring diamide resistance in Brazilian field populations of fall armyworm, *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae). *Insects* 2022, 13, 626. <https://doi.org/10.3390/insects13070626>.
- QGIS.org. QGIS Geographic Information System. QGIS Association 2022. Available online: <http://www.qgis.org>. (accessed on 5 November 2022).
- R Core Team. R: A Language and Environment for Statistical Computing, R Foundation for Statistical Computing 2022, Vienna, Austria. Available online: <https://www.r-project.org/> (accessed on 5 November 2022)..
- Ramirez-Cabral, N.Y.Z.; Kumar, L.; Shabani, F. Future climate scenarios project a decrease in the risk of fall armyworm outbreaks. *J. Agric. Sci.* 2017, 155, 1219–1238. <https://doi.org/10.1017/S0021859617000314>.
- Reavey, C.E.; Walker, A.S.; Joyce, S.P.; Broom, L.; Willse, A.; Ercit, K.; Poletto, M.; Barnes, Z.H.; Marubbi, T.; Troczka, B.J.; et al. Self-limiting fall armyworm: A new approach in development for sustainable crop protection and resistance management. *BMC Biotechnol.* 2022, 22, 5. <https://doi.org/10.1186/s12896-022-00735-9>.
- Rizvi, S.A.H.; George, J.; Reddy, G.V.P.; Zeng, X.; Guerrero, A. Latest developments in insect sex pheromone research and its application in agricultural pest management. *Insects* 2021, 12, 484. <https://doi.org/10.3390/insects12060484>.
- Silva, J.E.; Silva, W.M.; Silva, T.B.M.; Campos, M.R.; Filho, A.B.E.; de Siqueira, H.Á.A. High resistance to insect growth disruptors and control failure likelihood in Brazilian populations of the tomato pinworm *Tuta absoluta*. *Phytoparasitica* 2021, 49, 689–701. <https://doi.org/10.1007/s12600-021-00895-y>.

- Sparks, T.C.; Nauen, R. IRAC: Mode of action classification and insecticide resistance management. *Pestic. Biochem. Physiol.* 2015, 121, 122–128. <https://doi.org/10.1016/j.pestbp.2014.11.014>.
- Stacke, R.F.; Godoy, D.N.; Pretto, V.E.; Führ, F.M.; Gubiani, P. da S.; Hettwer, B.L.; Garlet, C.G.; Somavilla, J.C.; Muraro, D.S.; Bernardi, O. Field-evolved resistance to chitin synthesis inhibitor insecticides by soybean looper, *Chrysodeixis includens* (Lepidoptera: Noctuidae), in Brazil. *Chemosphere* 2020, 259, 127499. <https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2020.127499>.
- Van den Berg, J.; du Plessis, H.; Chemical control and insecticide resistance in *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae). *J. Econ. Entomol.*, 2022, 115, 1761–1771. <https://doi.org/10.1093/jee/toac108>.
- van Eck, W.H. Mode of action of two benzoylphenyl ureas as inhibitors of chitin synthesis in insects. *Insect Biochem.* 1979, 9, 295–300. [https://doi.org/10.1016/0020-1790\(79\)90009-X](https://doi.org/10.1016/0020-1790(79)90009-X).
- Wengrat, A.P.G.S.; Coelho Junior, A.; Parra, J.R.P.; Takahashi, T.A.; Foerster, L.A.; Corrêa, A.S.; Polaszek, A.; Johnson, N.F.; Costa, V.A.; Zucchi, R.A. Integrative taxonomy and phylogeography of *Telenomus remus* (Scelionidae), with the first record of natural parasitism of *Spodoptera* spp. in Brazil. *Sci. Rep.* 2021, 11, 14110. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-93510-3>.
- Yang, Q.; Fukamizo, T. Targeting chitin-containing organisms. In *Advances in Experimental Medicine and Biology*; Yang, Q., Fukamizo, T., Eds.; Springer Singapore: Singapore, 2019; Volume 1142, ISBN 978-981-13-7317-6.

3. ANÁLISE COMPARATIVA DE GENOMA E TRANSCRITOMA PARA ELUCIDAR MECANISMOS MOLECULARES DA RESISTÊNCIA DE *Spodoptera frugiperda* (J.E. SMITH, 1797) (LEPIDOPTERA: NOCTUIDAE) A TEFLUBENZURON

Resumo

O inseticida teflubenzuron vem sendo bastante utilizado para o manejo de *Spodoptera frugiperda* (J.E. Smith, 1797) no Brasil. Sendo assim, uma linhagem resistente de *S. frugiperda* a teflubenzuron já foi selecionada e caracterizada como autossômica, incompletamente recessiva e poligênica. Acredita-se que o mecanismo molecular associado a essa resistência possa estar envolvida com enzimas quitina sintase 1 (CHS1) como ocorre com outras espécies, porém este mecanismo ainda não foi completamente elucidado. O sequenciamento de DNA de linhagens suscetíveis e resistentes de *S. frugiperda* a teflubenzuron (Sf-ss, Tef-rr, Tef-sel, Tef-unsel) indicou mutações de nucleotídeo único (SNPs) em genes associados a processos de desintoxicação, proteínas cuticulares e regulação gênica. No total foram obtidas 3.543 SNPs, entre os quais 89 representavam enzimas associadas com processos de desintoxicação, 26 representavam genes associados a cutícula, além de genes associados com regulação gênica. O estudo de genômica funcional, por meio do sequenciamento de cDNA, mostrou participação de proteínas cuticulares, enzimas associadas com a destoxificação, e com a degradação da quitina. Foram observados um total de 3413 genes diferencialmente expressos entre Sf-ss e Tef-sel, 3562 genes diferencialmente expressos entre Sf-ss e Tef-unsel e 1 gene diferencialmente expresso entre Tef-sel e Tef-unsel. Foram identificados genes que codificam enzimas envolvidas na desintoxicação de inseticidas, que incluem as monooxigenases citocromo P450 (CYP), esterases (EST), glutationa S-transferases (GST) e UDP- glucuronosiltransferases (UGT), além de proteínas associadas com a cutícula e e com processos associados com a degradação de quitina. O mecanismo molecular da resistência de *S. frugiperda* a teflubenzuron na linhagem selecionada no Brasil não apresentou associação com mutação na enzima da quitina sintase 1 (CHS1), mas sim em proteínas associadas com a cutícula, nos processos de desintoxicação ligados a P450, EST, GST e UGT e processos de degradação da quitina. A compreensão dos mecanismos de resistência permitirá a proposição de estratégias de manejo mais específicas a este inseticida.

Palavras-chave: enzimas de desintoxicação, proteínas cuticulares, genômica funcional, variantes de DNA, mecanismos moleculares da resistência

Abstract

The insecticide teflubenzuron has been used to manage *Spodoptera frugiperda* (J.E. Smith, 1797) in Brazil. A strain of *S. frugiperda* resistant to teflubenzuron has already been selected and characterized as autosomal, incompletely recessive and polygenic. It is believed that the molecular mechanism associated with resistance is involved with chitin synthase 1 (CHS1) as occurs to other species, but this mechanism has not yet been fully elucidated. The DNA sequencing of teflubenzuron susceptible and resistant strains of *S. frugiperda* (Sf-ss, Tef-rr, Tef-sel, Tef-unsel) indicated single nucleotide polymorphisms (SNP) in genes associated with detoxification, cuticle proteins and gene regulation. In total, 3,543 SNPs were obtained, where 89 represented enzymes associated with detoxification processes, 26 represented cuticle-associated proteins, as well as genes associated with gene regulation. The functional genomics study, through cDNA sequencing, showed the participation of detoxification enzymes, cuticle proteins and chitin degradation. A total of 3413 genes were differentially expressed between Sf-ss and Tef-sel, 3562 between Sf-ss and Tef-unsel and 1 gene between Tef-sel and Tef-unsel. These genes encode enzymes involved in the detoxification of insecticides, which include cytochrome P450 monooxygenases (CYP), esterases (EST), glutathione S-transferases (GST) and UDP-glucuronosyltransferases (UGT), proteins associated with cuticle and with processes of chitin

degradation. The molecular mechanism associated with resistance of *S. frugiperda* to teflubenzuron in the strain selected in Brazil did not show association with mutation in the enzyme chitin synthase 1 (CHS1), but with cuticle proteins, detoxification processes linked to P450, EST, GST and UGT, and chitin degradation processes. Understanding the resistance mechanisms will allow the recommendation of more specific management strategies for this insecticide.

Keywords: detoxification enzymes, cuticle proteins, functional genomics, DNA variants, molecular mechanism of resistance

3.1. Introdução

Os inseticidas do grupo dos inibidores da biossíntese de quitina vêm sendo bastante explorados em programas de Manejo Integrado de Pragas (MIP) e Manejo da Resistência de Insetos (MRI), mantendo-se na primeira posição em participação de mercado quando somado o uso para o controle de lagartas em algodão, milho e soja nos últimos anos no Brasil (Kynetec Group, 2022). Os produtos deste grupo provavelmente agem na cadeia de síntese de quitina impedindo a formação de novas cutículas no inseto. Entretanto, alvo de ação destes inseticidas ainda não foi totalmente elucidado, mas acredita-se que possa estar envolvido com as enzimas quitina sintase 1 (CHS1), responsáveis por catalisar estágios críticos de desenvolvimento do inseto (Andersen, 1979; Cohen, 2001; Deep et al., 2018; Merzendorfer, 2013; Merzendorfer et al., 2012; Van Eck, 1979; Yang & Fukamizo, 2019). O primeiro inseticida deste grupo foi o diflubenzuron, lançado comercialmente em 1975 e amplamente utilizado, sendo mais tarde substituído por diversos outros inseticidas deste mesmo grupo conforme foram sendo desenvolvidos (Mulder & Gijswijt, 1973; Sun et al., 2015b). Dentro deste grupo, um dos inseticidas que ganhou grande destaque no manejo de pragas foi o teflubenzuron, pois apresenta alta atividade contra lepidópteros e hemípteros (Becher et al., 1983; Merzendorfer, 2013).

Dentro de programas de manejo integrado de pragas, uma das principais pragas-alvo do teflubenzuron tem sido *Spodoptera frugiperda* (J.E. Smith, 1797). Essa praga é considerada uma das mais importantes pragas agrícolas do mundo, possuindo mais de 350 plantas hospedeiras, e originária do continente americano, entretanto, recentemente foi detectada na África, Ásia e Oceania causando sérios prejuízos principalmente na cultura do milho (Fao.org, 2022; Ganiger et al., 2018; Goergen et al., 2016; Montezano et al., 2018). No Brasil, *S. frugiperda* é a praga mais importante da cultura do milho (*Zea mays* L.), além de ser de grande importância para outras culturas como algodão (*Gossypium hirsutum* L.), sorgo (*Sorghum bicolor* (L.) Merrill) e soja (*Glycine max* L.) (Montezano et al., 2018).

O estudo dos mecanismos moleculares que levam à resistência de insetos a inseticidas é essencial, podendo aprimorar o monitoramento da resistência mediante o uso de técnicas mais

sensíveis e específicas, o fornecimento de um maior conhecimento dos produtos a serem utilizados no manejo da resistência e, principalmente, na ajuda no desenvolvimento de métodos para sobrepujar os mecanismos de resistência da praga (Roush & Tabashnik, 1991). Estudos envolvendo a busca pelo esclarecimento dos mecanismos responsáveis pela resistência dentro do grupo das benzoilfenilureias, sugerem que a resistência a esse grupo estaria envolvida com proteínas ABC (do inglês ATP Binding Cassette) transportadoras, especificamente com os receptores de sulfonilureias (SUR) pertencentes a família ABCC interagindo com as benzoilfeniluréesias (Matsumura, 2010), outros trabalhos apresentam evidências contrárias, onde os receptores SUR não estariam envolvidos com a resistência a este grupo (Broehan et al., 2013; Merzendorfer et al., 2012; Meyer et al., 2013). Estudos têm associado a resistência para este grupo em *Tetranychus urticae* (Koch), *Plutella xylostella* (L.), *Frankliniella occidentalis* (Pergrande) e *Nilaparvata lugens* (Stål), a mutações no gene responsável pela expressão da enzima quitina sintase 1 (CHS1) conferindo resistência a etoxazole em *T. urticae*, novaluron em *F. occidentalis*, buprofezin em *N. lugens*, bem como a diversos inseticidas do grupo dos inibidores da biossíntese de quitina para *P. xylostella* (Douris et al., 2016; Suzuki et al., 2017; Van Leeuwen et al., 2012; Zeng et al., 2022).

Entretanto, a literatura aponta que o alvo de inseticidas inibidores de biossíntese de quitina pode ser diferente entre os insetos, uma vez que detalhes do mecanismo de ação do grupo ainda não estão totalmente elucidados (Yang & Fukamizo, 2019). Em trabalho recente com *S. frugiperda*, o gene associado à expressão da enzima CHS1 não se mostrou responsável pela resistência a teflubenzuron, entretanto, sugeriu que diversos outros genes podem estar associados com a resistência para o produto, tais como genes ligados à expressão de hormônios ecdisteroides e diversos transportadores ABC, além de enzimas responsáveis pela desintoxicação de xenobióticos que foram encontradas em alta expressão (Nascimento et al., 2022).

Sendo assim, estudos buscando respostas biológicas para a resistência de *S. frugiperda* a teflubenzuron deverão continuar utilizando estratégias a nível molecular envolvendo DNA e RNA, as quais permitirão uma análise profunda e busca pelo esclarecimento dos mecanismos associados com a resistência (Bass & Jones, 2018). Este trabalho utilizou um delineamento com linhagens segregantes para buscar por marcadores moleculares associados à resistência de *S. frugiperda* a teflubenzuron e esclarecer mecanismos associados a esta resistência, resultando em um manejo mais eficiente e rápido de *S. frugiperda* no campo, e dando suporte aos métodos tradicionais de MIP e MRI já utilizados.

3.2. Material e Métodos

3.2.1. Linhagens de *Spodoptera frugiperda*

A linhagem suscetível de referência (Sf-ss) vem sendo mantida no laboratório sem nenhuma pressão de seleção por inseticidas ou toxinas Bt por mais de 20 anos. A linhagem resistente a teflubenzuron (denominada Tef-rr) vem sendo mantida sob pressão de seleção no laboratório. Essa linhagem apresenta uma razão de resistência de 1365 vezes, resistência cruzada com outras benzoilureias e padrão de herança poligênica, autossômica e incompletamente recessiva (Nascimento et al., 2022).

A partir de cruzamentos entre Sf-ss e Tef-rr foi obtida a geração F1 de indivíduos heterozigotos. Foram realizados cruzamentos endogâmicos dos indivíduos da geração F1 por oito gerações (F8) para maximizar a recombinação entre os genomas de Sf-ss e Tef-rr. Os indivíduos da geração F8 foram então divididos em dois grupos, o primeiro foi selecionado na dose discriminatória previamente estabelecida de 320 $\mu\text{g}\cdot\text{ml}^{-1}$ para teflubenzuron, para o resgate dos indivíduos resistentes para a obtenção da linhagem denominada de Tef-sel (presença da característica de interesse), enquanto que o outro grupo, o qual não passou por nenhum tipo de seleção, foi denominado de Tef-unsel (Figura 6). Uma geração adicional foi conduzida em cada uma das quatro linhagens (Sf-ss, Tef-rr, Tef-sel e Tef-unsel), as quais não sofreram nenhuma pressão de seleção por inseticidas. Isso permite a detecção de marcadores moleculares e de transcritos diferencialmente expressos de uma forma constitutiva, sem que a seleção com o inseticida possa distorcer e/ou induzir uma maior variação nas respostas obtidas.

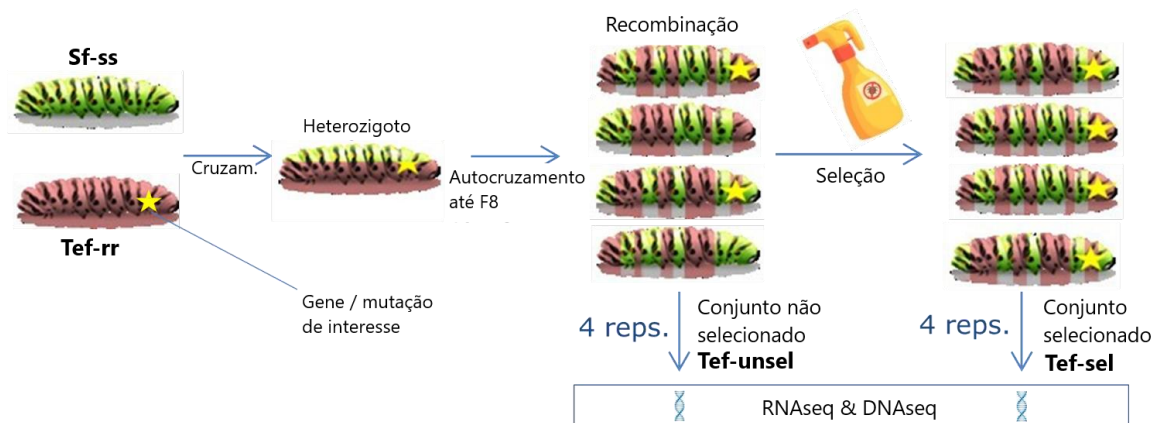


Figura 6. Esquema dos cruzamentos realizados entre as linhagens de *S. frugiperda* suscetível (Sf-ss) e resistente a teflubenzuron (Tef-rr) para a obtenção das duas outras linhagens também utilizadas no trabalho, Tef-sel e Tef-unsel.

3.2.2. Preparo e extração de DNA e RNA total

O DNA e o RNA foram extraídos das linhagens Sf-ss, Tef-rr, Tef-sel e Tef-unsel utilizando o kit de extração “AllPrep DNA - RNA Mini Kit” (Qiagen) seguindo as orientações do fabricante. Para cada uma das linhagens foram feitas quatro replicatas biológicas utilizando insetos de início de quarto ínstar, cada replicata composta por 10 insetos, sendo congelados a -80 °C e posteriormente macerados e homogeneizados com 600µl do buffer RLT Plus em um *TissueLyser* (Qiagen), deste material total foi separada uma massa de 30 mg para seguir com a extração. O lisado foi centrifugado a 8000g por 3 minutos, o sobrenadante foi transferido para uma coluna *AllPrep DNA* e centrifugado por 30s a 8.000g, a coluna *AllPrep DNA* foi então transferida para um novo tubo e reservada a 4°C para subsequente purificação de DNA, já a solução que fluiu através da coluna durante a centrifugação e ficou contida no tubo de coleta, foi posteriormente utilizada para a purificação do RNA. A seguir serão descritos os passos para a purificação tanto do DNA quanto do RNA.

3.2.2.1. Purificação do DNA

Para a purificação do DNA, foram realizados dois passos de lavagem da coluna, primeiramente 500µl do buffer AW1 foram adicionados à coluna *AllPrep DNA* e a mesma foi centrifugada por 15s a 8000g para a primeira lavagem da coluna, a solução que passou para o tubo de coleta foi descartada, em seguida foi realizada uma segunda lavagem, adicionando o buffer AW2 à coluna *AllPrep DNA* e centrifugando por 2 minutos na velocidade máxima do aparelho. Em seguida, a coluna *AllPrep DNA* foi transferida para um novo tubo de coleta e nela foi adicionado 100µl do Buffer EB, incubado por 1 minuto em temperatura ambiente e por fim centrifugado por 1 minuto a 8000g para eluir o DNA.

3.2.2.2. Purificação do RNA total

Para a purificação do RNA total, 430µl de etanol 70% foram adicionados ao volume contido no tubo de coleta referido no final do tópico 3.2.2., e o volume total foi mixado por pipetagem. Foram realizadas então 4 etapas de lavagem e purificação do material. Primeiramente, do volume total, 700µl foram transferidos para uma coluna *RNeasy* previamente montada em um tubo de coleta, o material foi centrifugado por 15s a 8000g, toda a solução que fluiu pela coluna foi descartada. Para o segundo passo de purificação, 700µl do buffer RW1 foram adicionados à

coluna *RNeasy*, centrifugados por 15s a 8000g, a solução que fluiu pela coluna foi descartada. As próximas duas etapas foram realizadas adicionando 500µl do buffer RPE à coluna *RNeasy*, a primeira foi centrifugada a 8000g por 15s, foi feito o descarte do conteúdo que fluiu pela coluna e um mesmo volume do buffer foi adicionado uma segunda vez, porém, agora foi centrifugado por 2 minutos a 8000g. A coluna *RNeasy* foi colocada em um novo tubo de coleta, e a ela foram adicionados 50µl de água livre de RNase, o material foi então centrifugado por 1min a 8000g para eluir o RNA. O RNA eluído em água livre de RNase foi imediatamente armazenado a -80°C.

3.2.3. Sequenciamento de DNA

A qualidade, concentração e integridade das amostras de DNA foram verificadas por eletroforese em gel de agarose e por Fluorômetro Qubit (Thermo Fisher Scientific). Para o sequenciamento, foram utilizados materiais biológicos das populações Sf-ss, Tef-rr, Tef-sel e Tef-unsel. As amostras de DNA foram enviadas para a “Science and Engineering Research Support Facility” da Universidade de Exeter, Reino Unido, onde foram preparadas as bibliotecas e sequenciadas em uma plataforma Illumina HiSeq 2500 utilizando leituras de finais pareados de 150 pares de bases.

3.2.3.1. Preparo dos dados e SNP calling

A qualidade do sequenciamento de DNA foi verificada utilizando o programa FastQC (Andrews, 2010), em seguida foram alinhadas ao genoma de *S. frugiperda* (número de acesso NCBI PRJNA590312) usando o programa BWA versão 0.7.17 (H. Li & Durbin, 2010). Os arquivos alinhados foram convertidos do formato SAM para BAM, ordenados e, os que representavam a mesma linhagem foram mesclados utilizando o programa SAMTOOLS (H. Li, 2011). O programa Picard (v.2.24.0) foi usado para adicionar grupos de leitura e marcar duplicatas nos arquivos BAM previamente mesclados. A análise de busca por variantes foi realizada usando o programa freebayes com o parâmetro `--min-coverage 10` (Garrison & Marth, 2012). As variantes foram anotadas usando o programa SnpEff (Cingolani et al., 2012). O arquivo já anotado foi filtrado com as posições de SNPs sob seleção com o programa vcftools. Vários critérios foram considerados para a análise com a busca de variantes: removemos i) variantes com profundidade <15; ii) alelos heterozigotos na amostra suscetível; iii) variantes em regiões íntron; iv) e regiões intergênicas; v) efeitos de baixo impacto de acordo com a anotação do SnpEff (como por exemplo as variantes sinônimas tanto em códons iniciadores quanto terminadores); vi)

diferentes alelos entre as linhagens Tef-rr e Tef-sel, uma vez que ambas as linhagens foram selecionadas em concentração discriminatória para teflubenzuron, os alelos dos genes associados com a resistência devem ser identificados em ambas as linhagens.

Para realizar a análise de BSA (do inglês *Bulk Segregant Analysis* – BSA), o arquivo final de busca de variantes obtido após as filtrações com amostras de Sf-ss, Tef-rr, Tef-sel e Tef-unsel foi usado para estimar o snp-index no programa MutMap (Abe et al., 2012). Variantes com snp index $\geq 0,90$ foram consideradas homozigotas de acordo com os critérios propostos por Abe et al. (2012).

Os dados obtidos foram utilizados para a buscar mutações em genes que pudessem estar envolvidos com a resistência de *Spodoptera frugiperda* a teflubenzuron.

3.2.4. Sequenciamento de RNA

A integridade das amostras foi verificada usando gel de agarose, Qubit e Bioanalyzer. Para o sequenciamento e trabalhos com o RNA foram utilizados materiais das linhagens Sf-ss, Tef-sel e Tef-unsel. As amostras de RNA foram sequenciadas utilizando uma plataforma Illumina HiSeq 2500 com leituras de finais pareados de 150 pares de bases, no Laboratório de Biotecnologia Animal do Departamento de Zootecnia da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” (ESALQ) da Universidade de São Paulo (USP), Piracicaba - SP.

3.2.4.1. Pré-processamento e montagem *de novo*

A montagem do transcrito foi feita a partir das leituras obtidas com o sequenciamento do cDNA proveniente das amostras de RNA. Com a saída de dados brutos do sequenciamento, a primeira etapa realizada foi o controle de qualidade utilizando o programa FastQC (Andrews, 2010). Em seguida, as sequências foram trimadas utilizando o programa Trimmomatic (Bolger et al., 2014) com o parâmetro de corte de phred33. Após a trimagem das sequências, foi utilizada a ferramenta `insilico_read_normalization.pl` do programa Trinity (Haas et al., 2013) com o valor 100 como parâmetro de cobertura máxima, esse passo tem como finalidade reduzir o número de leituras utilizadas na montagem *de novo*, visando otimizar e reduzir o tempo de análise em virtude da diminuição do poder computacional necessário para a construção do transcrito de referência. A montagem do transcrito *de novo* foi realizada com o programa Trinity usando 300 bases nitrogenadas como tamanho mínimo dos transcritos após isso, a pipeline Necklace (Davidson & Oshlack, 2017) foi utilizada para juntar a montagem *de novo* com um genoma de

referência, as entradas foram o transcrito *de novo* montado com o Trinity e um genoma de referência de *S. frugiperda* (número de acesso: PRJNA590312). Esses transcritos da montagem *de novo* e genoma foram atribuídos a clusters de genes usando o programa Blat (Kent, 2002) e mesclados com o programa Lace (Davidson & Oshlack, 2017) para produzir uma nova montagem de transcrito que foi usada nas próximas etapas do trabalho.

3.2.4.2. Anotação funcional

A anotação dos transcritos provenientes do transcrito foi realizada utilizando o programa Diamond (Buchfink et al., 2015) contra as bases de dados, de proteínas não redundantes (nr) do NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>), Swiss-Prot (<https://www.uniprot.org/uniprot/?query=reviewed:yes>), TrEMBL (<https://www.uniprot.org/uniprot/?query=reviewed:no>), Pfam (<http://pfam.xfam.org/>), KEGG, KOG e o genoma de referência (número de acesso: PRJNA590312).

3.2.4.3. Expressão diferencial entre linhagens suscetível e resistente de *S. frugiperda* a teflubenzuron

Buscando identificar variações na expressão dos transcritos entre as diferentes linhagens foi conduzida uma análise de expressão diferencial. As leituras foram mapeadas à montagem final do transcrito usando o software Hisat2 (Kim et al., 2019) e contagem do número de leituras com o programa featureCounts (Liao et al., 2014). A partir dos dados de contagem associados a cada transcrito obtidos com o programa featureCounts, foram removidos todos que possuíam menos de duas leituras associadas a um transcrito. O restante dos dados foi utilizado para a análise de expressão diferencial dos transcritos entre os diferentes tratamentos. Estes transcritos diferencialmente expressos foram detectados usando o pacote DESeq2 do programa R com os seguintes parâmetros estatísticos de significância, p_{adj} (p ajustado) $< 0,05$ e \log_2 da expressão relativa $> |2|$.

O enriquecimento com a classificação funcional dos transcritos nas três grandes categorias (processos biológicos, funções moleculares e composição celular) foi feito utilizando o pacote TopGO do programa R.

3.2.4.4. Validação da expressão gênica por PCR em tempo real

Para a escolha de transcritos para a validação do transcrito foram selecionados aqueles que apresentaram alta expressão diferencial entre a linhagem Sf-ss e a linhagem Tef-rr, podendo estar associados com a resistência de *S. frugiperda* ao inseticida teflubenzuron. Foram feitas filtragens e buscas na literatura, bem como estudos sobre etapas e processos envolvidos na desintoxicação de compostos, precursores e proteínas envolvidas na formação do tegumento, na formação e degradação da quitina e regulação gênica.

Os iniciadores para os genes selecionados para a validação foram desenhados a partir das sequências de cada transcrito com as ferramentas PrimerQuest Tool (<https://www.idtdna.com/Primerquest/Home/Index>) e OligoAnalyzer (<https://www.idtdna.com/calc/analyzer>), ambos na plataforma IDT (Integrated DNA Technologies). Para o testes de validação dos genes selecionados, o primeiro passo foi a extração do RNA da linhagem resistente e da linhagem suscetível utilizando o reagente TRI Reagent (Sigma-Aldrich®, Saint Louis, MO, USA), o qual foi quantificado por espectrofotômetro Epoch (Biotek® Instruments, Inc., Winooski, USA), concentrações padronizadas pela adição de água até a obtenção da concentração de $1 \mu\text{g} \cdot \mu\text{l}^{-1}$, e em seguida convertido para cDNA utilizando o kit “GoScript™ Reverse Transcriptase” (Promega), esse cDNA foi homogeneizado em um pool (resistente + suscetível) e então utilizado em diferentes concentrações para a construção de curvas de eficiência para um gene de referência e para cada um dos iniciadores fabricados (Tabela 1).

A partir dos iniciadores que apresentaram boa eficiência de amplificação, foram feitos os testes de expressão relativa entre das linhagens Tef-rr e Sf-ss para o gene controle GAPDH (Souza, 2013) e para os genes de interesse a partir do método $2^{-\Delta\Delta\text{CT}}$ também conhecido como método Livak (Livak & Schmittgen, 2001).

Tabela 1. Iniciadores selecionados para a validação do transcrito de *S. frugiperla*.

Transcrito	Eficiência (%)	Oligos Iniciadores	Sequência	Descrição
GAPDH	100,42	GAPDH_senso	CGTGGGAGCAGGTTTCGT	gliceraldeído-3-fosfato desidrogenase
		GAPDH_antisenso	ACGGCCGCTTTAGTGTGTC	
XM_035597026.2	103,66	lcp-A2B_senso	CATGTCTGTGTGTGTGGGATAG	proteína cuticular larval A2B
		lcp-A2B_antisenso	GCTGTATGTCCATCACGTACTTAG	
XM_035573124.1	104,49	cp-7_senso	CCTGTATCGTGGGTGCATTTA	proteína cuticular 7
		cp-7_antisenso	GCGAAGCAAGTCTTTGTGTG	
XM_035573123.2	92,04	cp-19_senso	GTTGAAACCGTTGTGGTCATC	Proteína cuticular 19
		cp-19_antisenso	CGATGTCGTGAAGGGAGAATAC	
XM_035573119.1	97,72	cp-8_senso	AACGGTTTCAACGCAGTAGTA	Proteína cuticular 8
		cp-8_antisenso	TGGTCTTAGTGGTGGTAGTAGG	
XM_035573274.1	100,59	acp-20_senso	CCCAAATACGAGTTCGGATACA	Proteína cuticular adulto-específica ACP20
		acp-20_antisenso	CGTAGTAACCCITGACGACATC	

3.3. Resultados

3.3.1. Variantes no DNA de *S. frugiperda* resistente a teflubenzuron

Foi realizado o sequenciamento das bibliotecas de DNA (Sf-ss, Tef-rr, Tef-sel e Tef-unsel), estas foram alinhadas e anotadas no genoma de *S. frugiperda*, retornaram 103.754 SNPs, os quais foram filtrados e um total de 3.543 polimorfismos de nucleotídeo único permaneceram para a busca de alvos de interesse.

Dentro do conjunto total descrito acima, foram observados polimorfismos de nucleotídeo único relacionados à processos de desintoxicação, sendo eles divididos em 40 SNPs pertencentes à superfamília do citocromo P450, 35 SNPs pertencentes a esterases (EST), 3 SNPs pertencentes a glutathione S-transferases (GST), 7 SNPs pertencentes a UDP-glucuronosiltransferases (UGT). Além disso, foram identificados 4 SNPs pertencentes a ABC transportadores, 5 SNPs pertencentes a quitina sintase chs-2 e 26 SNPs associados com proteínas cuticulares (Apêndice B).

Dentre os 3.543 polimorfismos de nucleotídeo únicos filtrados, também foram obtidos um total de 36 variantes de sentido trocado que alteram o aminoácido produzido (do inglês *missense variant*), de onde foram prospectados possíveis genes associados com a resistência, tais como variantes associadas com processos de desintoxicação, estrutura do tegumento e regulação gênica (Apêndice B).

3.3.2. Genômica funcional de *S. frugiperda* resistente a teflubenzuron

3.3.2.1. Pré-processamento e montagem *de novo*

O sequenciamento do cDNA retornou 216.943.773 leituras pareadas, distribuídas em 12 bibliotecas (Apêndice C). Após a trimagem e normalização ao estabelecer uma profundidade máxima de leituras, um total de 209.242.021 leituras *paired end* foram utilizadas para a montagem *de novo*. Foram obtidos 130.971 transcritos subdivididos entre 44.783 genes com a proporção GC de 40,55%, sendo o tamanho médio de cada transcrito de 1.285 bases.

Nos alinhamentos individualizados por biblioteca foram obtidas porcentagens entre 82,96% e 92,34%, demonstrando a alta porcentagem de mapeamento de leituras sobre o *de novo*

construído (Apêndice C). Após reduzir o número de transcritos em baixa expressão utilizando uma filtragem baseada em 2 TPM (transcritos por milhão), obteve-se 61.240 transcritos e 25.819 genes (Tabela 2).

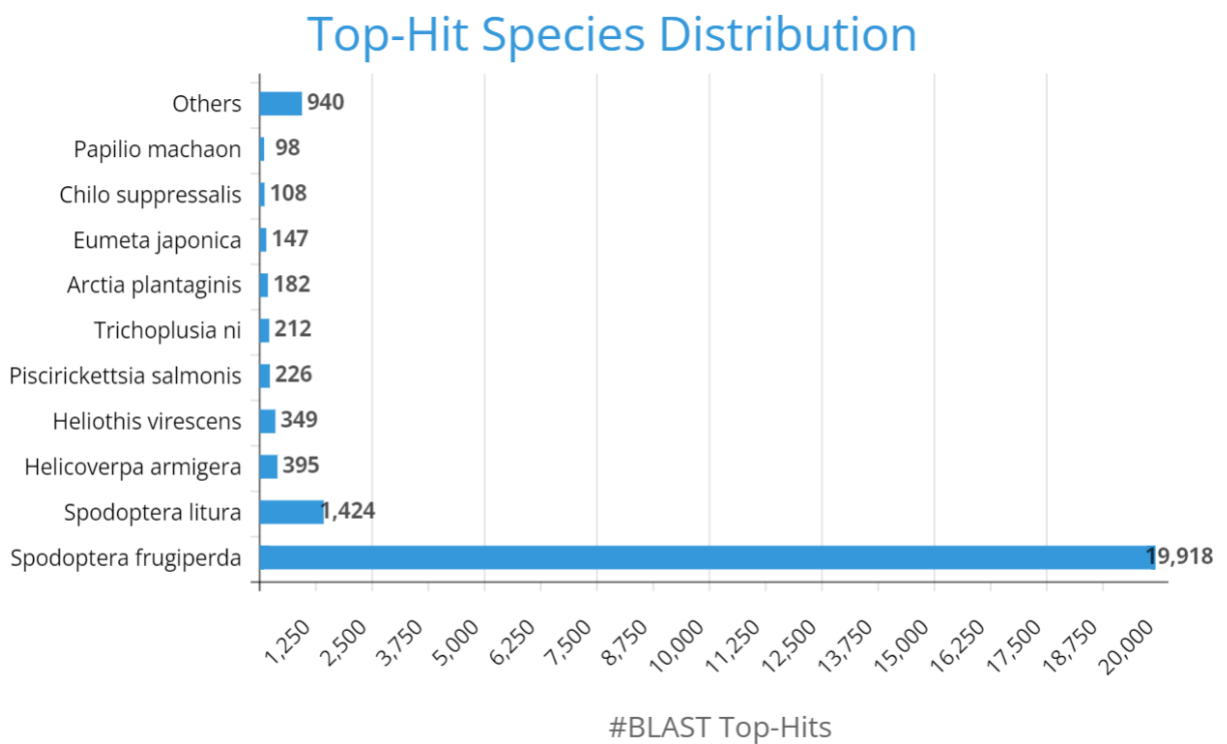
Tabela 2. Parâmetros obtidos pela montagem *de novo*.

Descrição	
Total de genes	25.819
Porcentagem GC	38,83
Contigs N50	14.502
Média dos contigs	5.361,89
Total de bases montadas	138.438.572

A anotação funcional foi realizada nos 25.819 genes, como descrito acima. A anotação retornou 22.036 (85,35%) anotações do genoma de referência, 22.834 (88,44%) do NR NCBI, 14.320 (55,46%) do SwissProt, 23.382 (90,56%) de TrEMBL, 18.136 (70,24%) de Pfam, 9.133 (35,37%) de GO, 17.214 (66,67%) de COG e 10.413 (40,33%) de KEGG (Tabela 3). Analisando a anotação no NR NCBI, a maioria dos genes era homóloga a espécies de lepidópteros. A distribuição das espécies com mais sequências homólogas às obtidas nesta pesquisa com base na anotação do banco de dados NR NCBI são mostradas na Figura 7. A maioria dos genes foram homólogos a *S. frugiperda* (82,97%), seguido por *S. litura* (5,93%), *Helicoverpa armigera* (1,65%) e *Heliothis virescens* (1,45%).

Tabela 3. Anotação funcional do transcrito de *S. frugiperda* contra 8 diferentes bases de dados.

Base de dados	Número de genes	Porcentagem (%)
Anotado no genoma	22,036	85.35
Anotado na NR NCBI	22,834	88.44
Anotado na SwissProt	14,320	55.46
Anotado na TrEMBL	23,382	90.56
Anotado na Pfam	18,136	70.24
Anotado na GO	9,133	35.37
Anotado na COG	17,214	66.67
Anotado na KEGG	10,413	40.33
Total de genes	25,819	100

**Figura 7.** Histograma dos alinhamentos dos genes da montagem do transcrito de *S. frugiperda* na base de dados NCBI NR por número de êxitos na busca.

3.3.2.2. Expressão diferencial entre linhagens suscetível e resistente de *S. frugiperda* a teflubenzuron

A análise dos genes diferencialmente expressos entre as comparações Sf-ss vs Tef-sel, Sf-ss vs Tef-unsel e Tef-sel vs Tef-unsel foi realizada nos 25.819 genes obtidos pela montagem *de novo* do transcrito. A partir das análises foram obtidos 3.413 genes diferencialmente expressos entre Sf-ss e Tef-sel, 3.562 genes diferencialmente expressos entre Sf-ss e Tef-unsel e 1 gene diferencialmente expresso entre Sf-ss e Tef-unsel. O maior número de genes partilhados entre os delineamentos descritos ocorreu entre a comparação “Sf-ss vs Tef-unsel” e a “Sf-ss vs Tef-sel” com 2.888 genes, enquanto que “Tef-sel vs Tef-unsel” não partilhou genes diferencialmente expressos com nenhuma outra comparação (Figura 8). Entre Sf-ss e Tef-unsel, foi possível observar do total de 3.562 genes diferencialmente expressos, 2.067 sendo superexpressos em Tef-unsel e 1.495 supressos em Tef-unsel (Apêndice D), já para a comparação entre Sf-ss e Tef-sel, dentre os 3.413 genes diferencialmente expressos, observou-se 1.989 superexpressos em Tef-sel e 1.424 supressos em Tef-sel (Apêndice E), e entre Tef-sel e Tef-unsel, um único gene supresso em Tef-sel (ID: 26126, descrição: similar à serina protease de cobra, \log_2 expressão relativa = -3,03, p-valor ajustado = 0,02) (Figura 9).

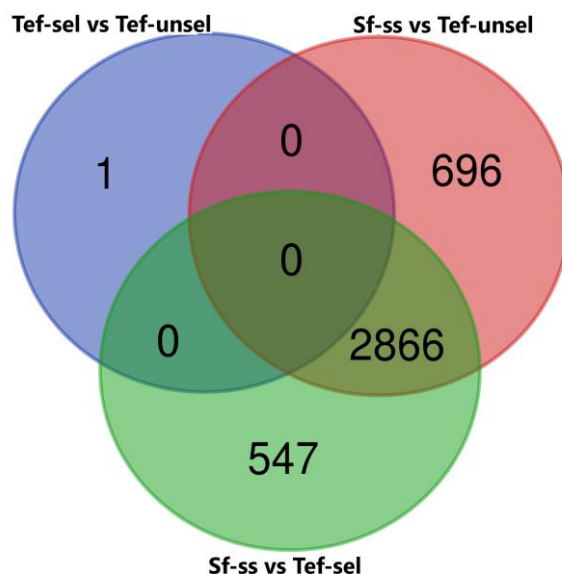


Figura 8. Diagrama de Venn com os conjuntos de genes diferencialmente expressos entre os diferentes tratamentos de *Spodoptera frugiperda*.

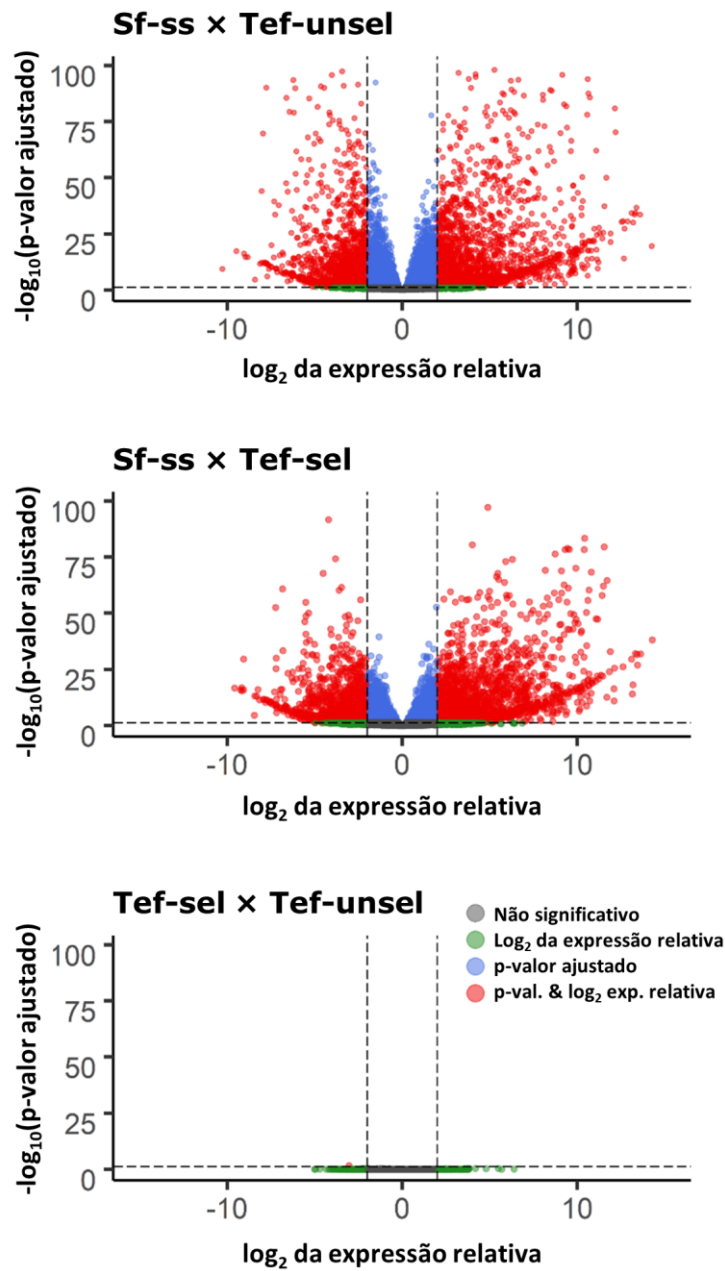


Figura 9. Gráfico do tipo *volcano plot* para a visualização de genes diferencialmente expressos (em vermelho) entre os três tratamentos de *S. frugiperda* de acordo com os parâmetros de filtragem utilizados, $-\log_{10}$ do p-valor a 0,05 e o \log_2 da expressão relativa a ± 2 .

A análise de enriquecimento de ontologia gênica dos genes diferencialmente expressos apresentou as dez subcategorias mais abundantes a 0,01 de significância, e mostrou-se bastante semelhante entre as duas comparações Sf-ss vs Tef-sel e Sf-ss vs Tef-unsel. Dentro da categoria

de componente celular, as subcategorias referentes à “matriz extracelular”, “estrutura de encapsulamento externa”, “espaço extracelular” e “região extracelular” foram as que apresentaram o maior número de transcritos. Já na categoria de função molecular, o “constituente estrutural da cutícula”, “constituente estrutural da cutícula larval à base de quitina” e “constituente estrutural da cutícula à base de quitina”, além da “atividade oxireductase” foram as subcategorias de função molecular mais significativas. E na categoria referente aos processos biológicos, as subcategorias de destaque foram “desenvolvimento de cutícula à base de quitina”, “desenvolvimento de cutícula”, “processo metabólico de pequenas moléculas”, “processo metabólico de isoprenoides” e “processo metabólico de xenobióticos” (Figura 10).

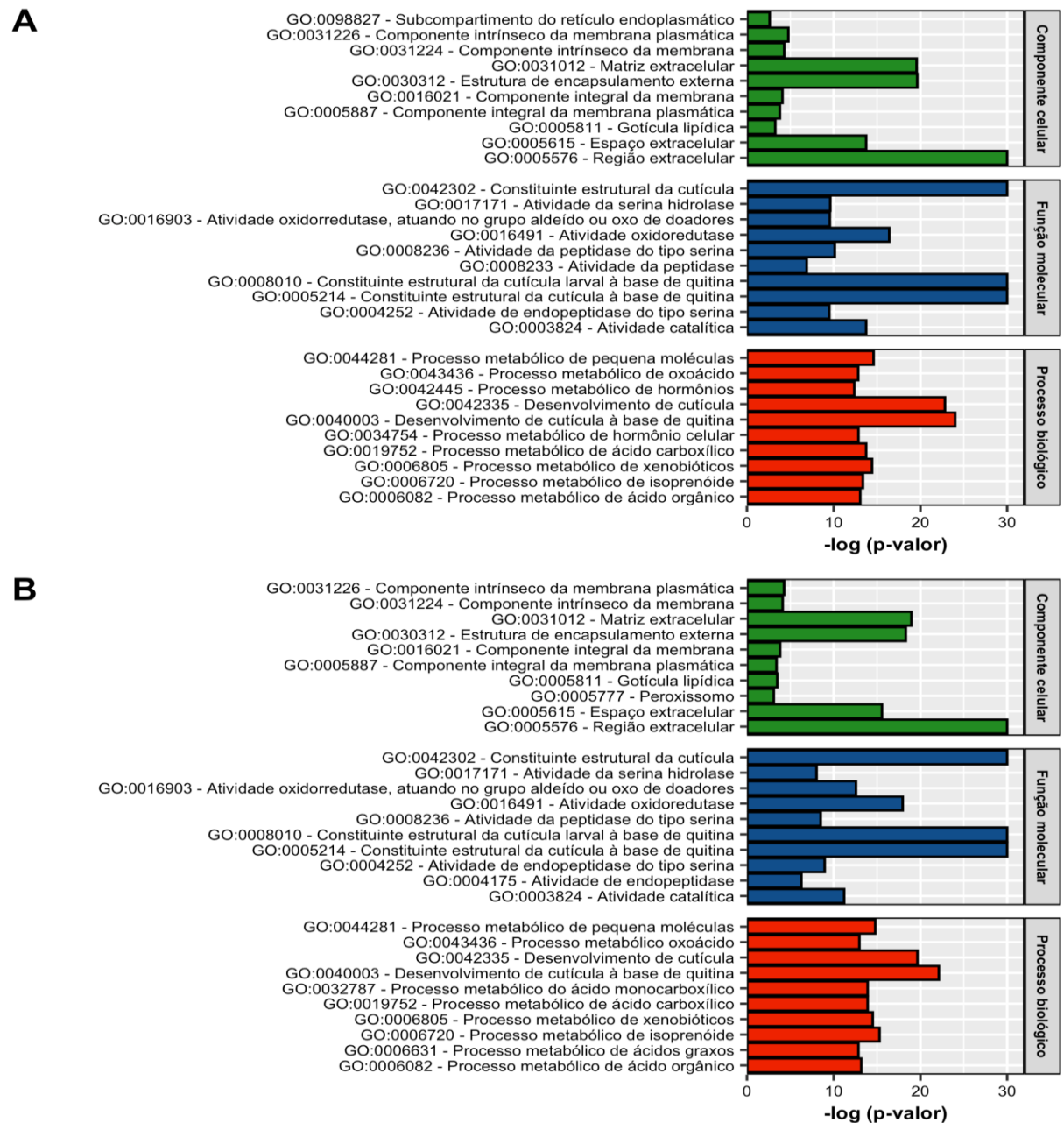


Figura 10. Análise de enriquecimento de ontologia gênica (gene ontology - GO) dos genes diferencialmente expressos, a figura mostra os 10 mais abundantes para os componentes celulares, funções moleculares e processos biológicos entre as comparações das linhagens de *S. frugiperda* Sf-ss e Tef-sel (A) e Sf-ss e Tef-unsel (B).

Os genes diferencialmente expressos que codificam enzimas envolvidas na desintoxicação de inseticidas que incluem, as monooxigenases citocromo P450 (CYP), esterases (EST), glutathione S-transferases (GST) e UDP-glucuronosiltransferases (UGT), foram obtidos a partir da comparação entre as linhagens Tef-sel, Tef-unsel e Sf-ss. Analisando os genes diferencialmente expressos (DEGs), foram identificados 111 P450s, 20 ESTs, 17 GSTs e 45 UGTs. O número de genes diferencialmente expressos para cada grupo enzimático de desintoxicação é apresentado na

Tabela 4. Em comparação com a Sf-ss, 25 genes de CYP foram superexpressos em Tef-sel e 21 em Tef-unsel, enquanto 30 e 35 foram supressos para Tef-sel e Tef-unsel respectivamente quando comparadas com a Sf-ss. Para as EST, as linhagens Tef-sel e Tef-unsel apresentaram, genes supressos em maior quantidade do que superexpressos ambas em relação a Sf-ss, com 6 e 10 genes supressos para Tef-sel e Tef-unsel respectivamente, e 2 superexpressos em ambas as comparações. Para as GSTs, as comparações Tef-sel vs Sf-ss e Tef-unsel vs Sf-ss apresentaram 2 e 7, e 1 e 7 para genes superexpressos e supressos respectivamente para as duas linhagens em relação a linhagem Sf-ss. Para os DEGs que codificam UGTs, na comparação da Sf-ss com Tef-sel e Tef-unsel, obteve-se 8 e 13, e 9 e 15 para genes superexpressos e supressos respectivamente. Entre Tef-sel e Tef-unsel não foi encontrado nenhum gene diferencialmente expresso de enzimas associadas com processos de desintoxicação.

As análises dos genes diferencialmente expressos também indicaram genes associados a proteínas envolvidos com a cutícula e com a produção e degradação de quitina. Comparadas com a linhagem Sf-ss, a linhagem Tef-sel apresentou 93 genes superexpressos e 17 supressos, enquanto a linhagem Tef-unsel apresentou 85 e 21, para as mesmas categorias, respectivamente. Genes associados à degradação de quitina tiveram aumento na regulação, sendo 12 genes para Tef-sel em comparação com Sf-ss, e 10 genes para Tef-unsel em comparação com Sf-ss. Entre Tef-sel e Tef-unsel não foram encontrados genes diferencialmente expressos associados a nenhum destes grupos.

Foram construídos mapas de calor (Figuras 11 a 16) representando os genes diferencialmente expressos supracitados para cada tratamento, os genes representados pelo identificador (ID) estão organizados nos Apêndices D e E.

Tabela 4. Número de genes de enzimas associados com a desintoxicação, com a degradação de quitina e com proteínas cuticulares, diferencialmente expressos para cada comparação entre Sf-ss, Tef-sel e Tef-unsel.

Genes diferencialmente expressos	Tef-sel vs Sf-ss		Tef-unsel vs Sf-ss		Tef-sel vs Tef-unsel	
	Superexpressos	Supressos	Superexpressos	Supressos	Superexpressos	Supressos
CYP (111)	25	30	21	35	0	0
EST (20)	2	6	2	10	0	0
GST (17)	2	7	1	7	0	0
UGT (45)	8	13	9	15	0	0
Cutícula (220)	93	17	89	21	0	0
Degradação de quitina (22)	12	0	10	0	0	0

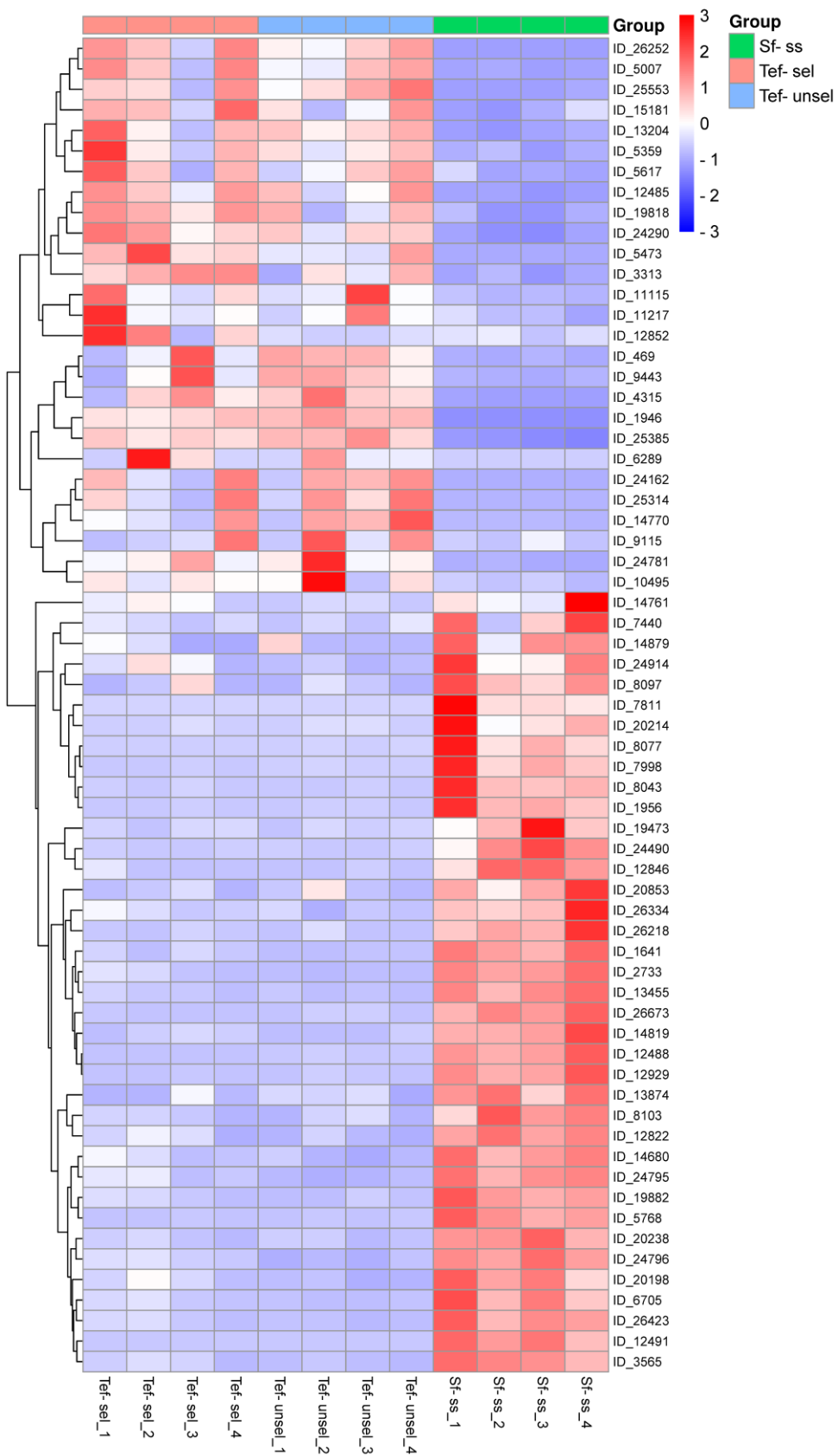


Figura 11. Mapa de calor das P450 diferencialmente expressas nas linhagens de *S. frugiperda* Tef-sel, Tef-unsel, e Sf-ss.

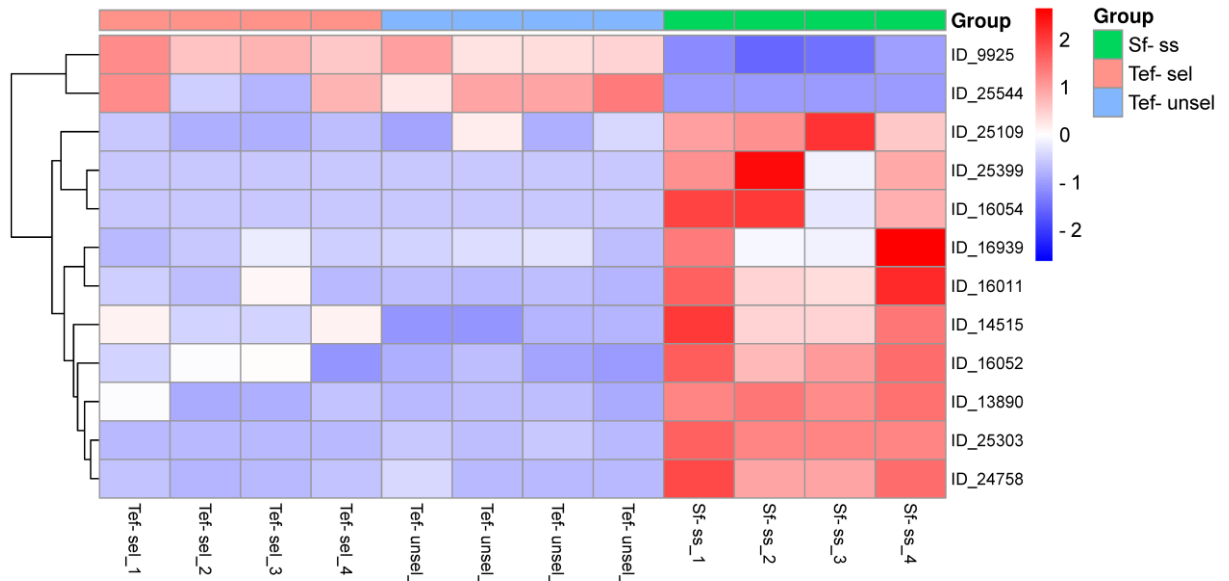


Figura 12. Mapa de calor das esterases diferencialmente expressas nas linhagens de *S. frugiperda* Tef-sel, Tef-unsel, e Sf-ss.

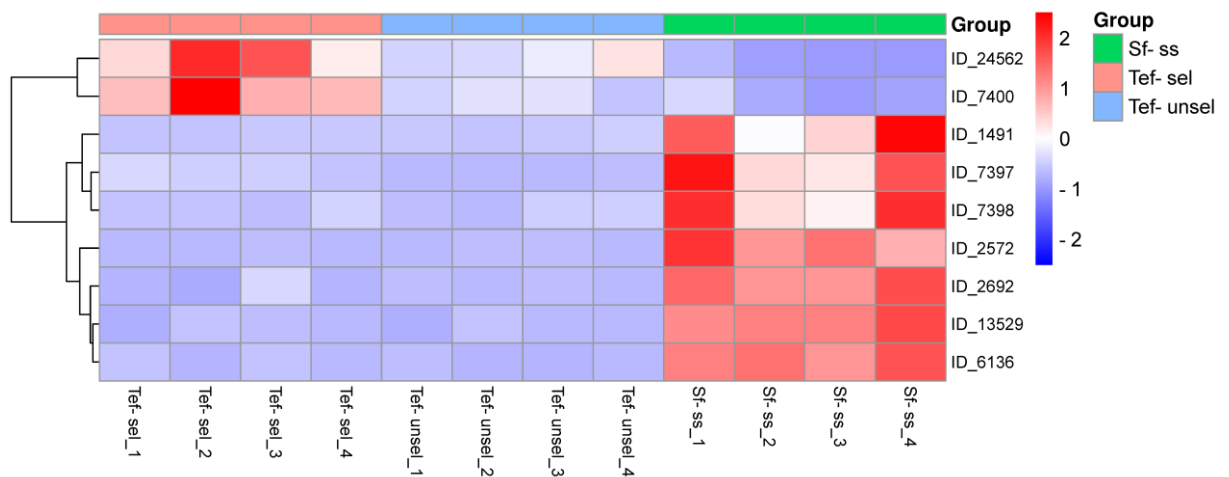


Figura 13. Mapa de calor das glutathione-s-transferases diferencialmente expressas nas linhagens de *S. frugiperda* Tef-sel, Tef-unsel, e Sf-ss.

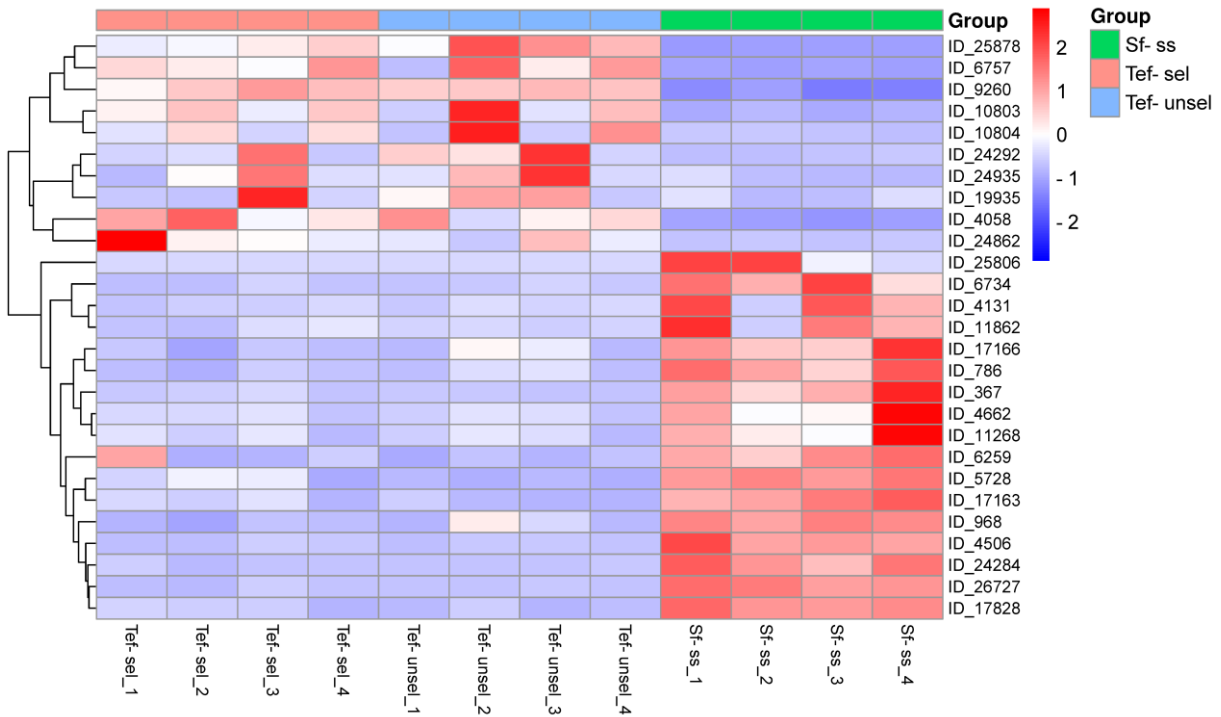


Figura 14. Mapa de calor das UDP-glucuronosiltransferases diferencialmente expressas nas linhagens de *S. frugiperda* Tef-sel, Tef-unsel, e Sf-ss.

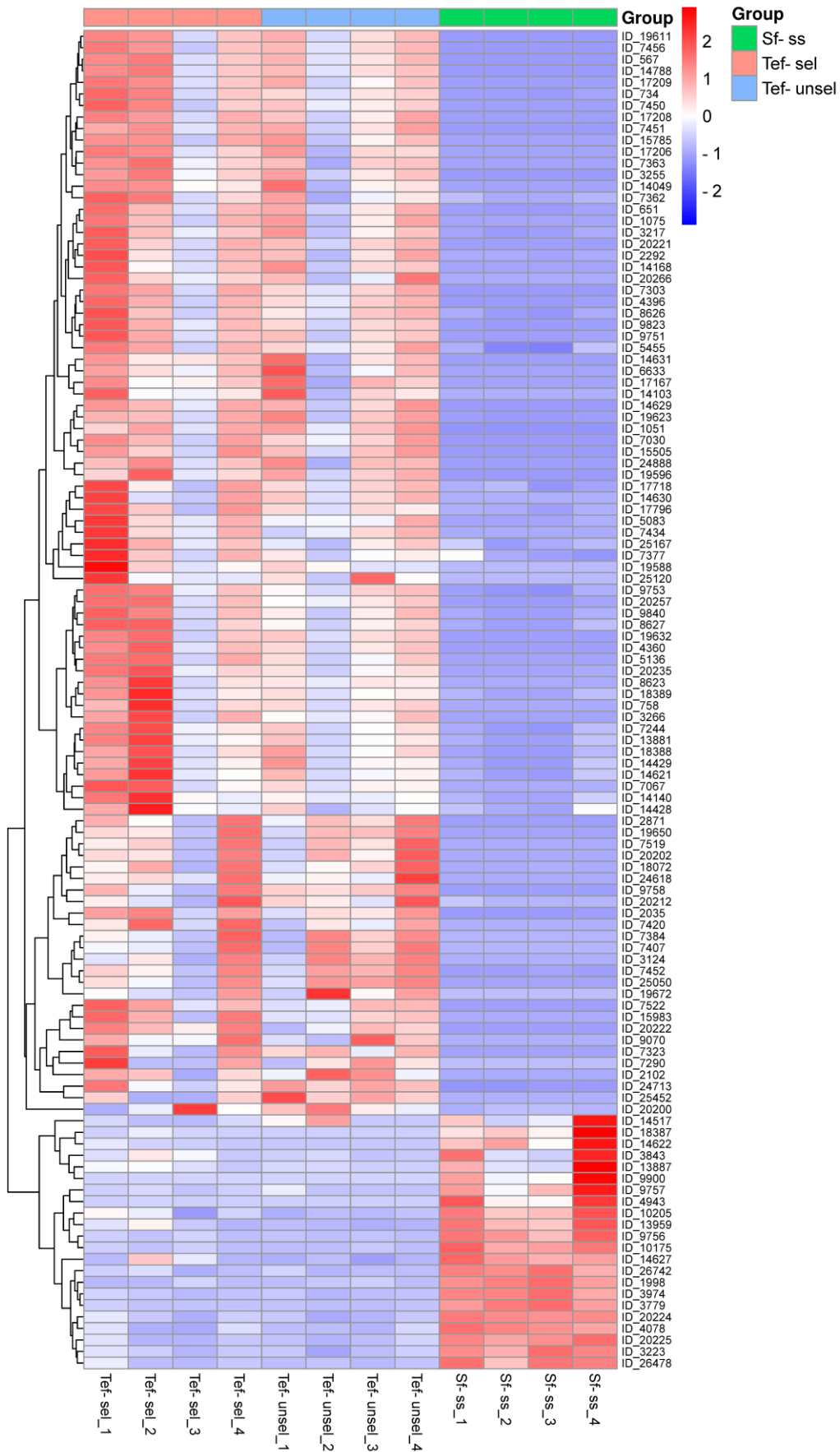


Figura 15. Mapa de calor das proteínas cuticulares diferencialmente expressas nas linhagens de *S. frugiperda* Tef-sel, Tef-unsel, e Sf-ss.

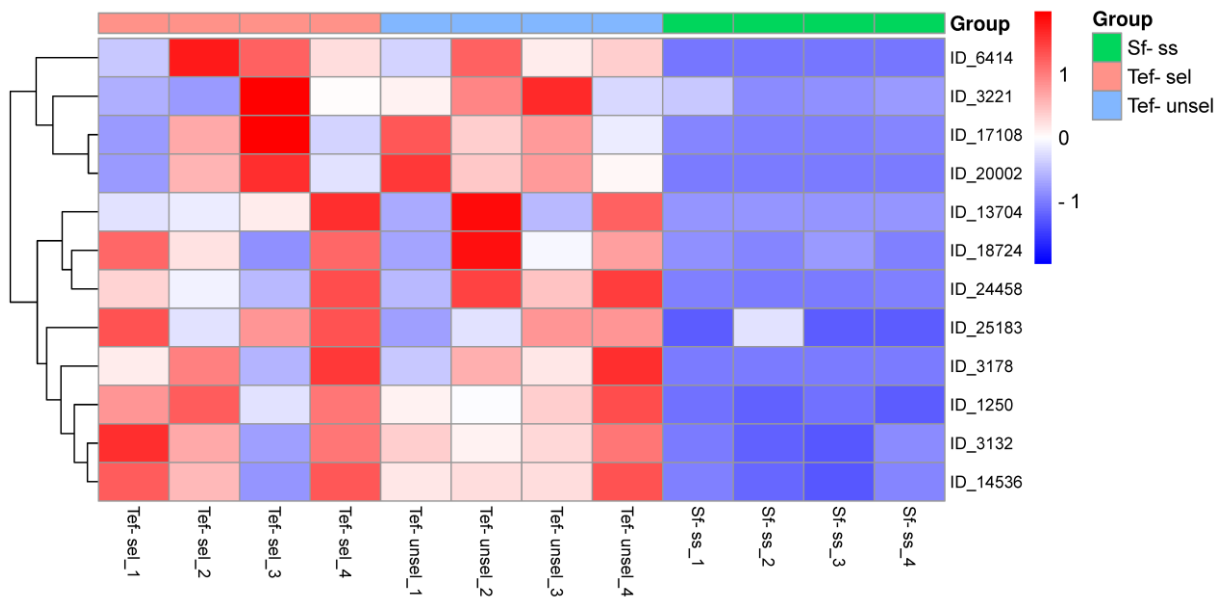


Figura 16. Mapa de calor de proteínas envolvidas na degradação de quitina (quitinase, endoquitinase e quitina deacetilase) diferencialmente expressas nas linhagens de *S. frugiperda* Tef-sel, Tef-unsel, e Sf-ss.

3.3.2.3. Validação da expressão diferencial por qPCR

Os padrões de expressão entre as linhagens Sf-ss e Tef-rr foram observados para os iniciadores testados utilizando a expressão relativa obtida pelo método $2^{-\Delta\Delta CT}$ (Figura 17). Os valores de expressão obtidos com o qPCR condizem, em todos os cinco iniciadores testados, com a expressão diferencial obtida pela montagem do transcrito. Os valores de expressão relativa (razão entre a expressão em Tef-rr e Sf-ss) foram de: 626,5 para CP8, 239,25 para CP7, 76,52 para CP19, 55,34 para acp e 91,44 para lcp.

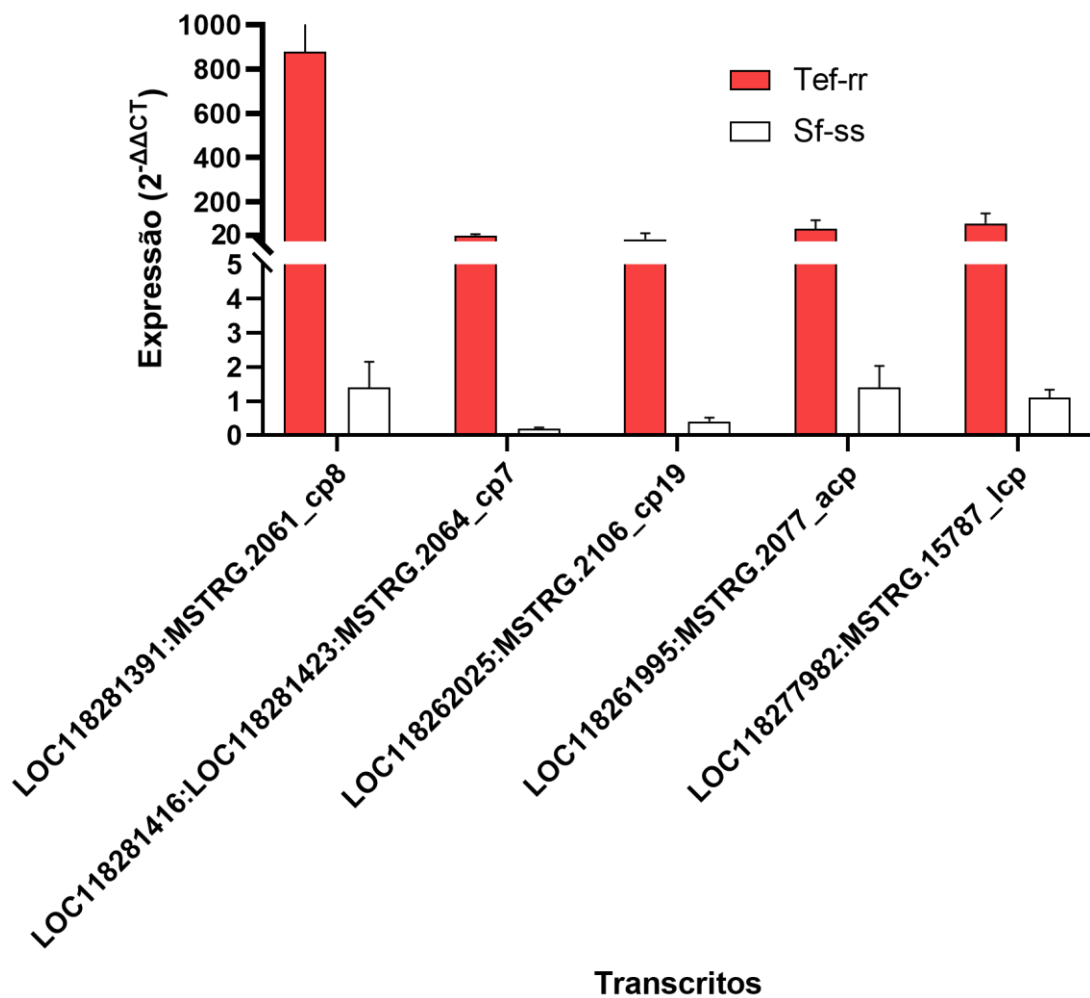


Figura 17. Análise de PCR em tempo real de transcritos associados com a cutícula entre as linhagens de *S. frugiperda* Sf-ss e Tef-rr. A expressão relativa é a divisão da expressão ($2^{-\Delta\Delta CT}$) da linhagem Tef-rr dividida pela expressão obtida em Sf-ss.

3.4. Discussão

A partir de sequenciamento de DNA e RNA utilizando delineamento com linhagens segregantes foi possível realizar a prospecção de marcadores moleculares associados à resistência de *S. frugiperda* a teflubenzuron.

Nas análises referentes ao sequenciamento de DNA, foram feitas buscas por polimorfismos de nucleotídeo único (do inglês, *single nucleotide polymorphisms* - SNPs) em genes que pudessem estar envolvidos com resistência de *S. frugiperda* a teflubenzuron, nestes foram encontradas mutações associadas com enzimas de desintoxicação, síntese de quitina, proteínas cuticulares e regulação gênica. Já para as análises envolvendo o sequenciamento do RNA, foram encontrados principalmente genes diferencialmente expressos associados com enzimas de desintoxicação, proteínas cuticulares e degradação de quitina.

Diversos trabalhos têm trazido informações buscando explicar a resistência a benzoilfeniluréias (BPU), uma das hipóteses é a do envolvimento de proteínas ABC transportadoras com a resistência, mais especificamente dos receptores de sulfoniluréias (SUR) da família ABCC interagindo com as BPU (Matsumura, 2010), entretanto, alguns trabalhos vêm mostrando evidências contrárias, indicando que os receptores SUR não estariam envolvidos (Broehan et al., 2013; Merzendorfer et al., 2012; Meyer et al., 2013). Já outros trabalhos têm associado a resistência de artrópodes a BPU a mutações em genes responsáveis pela síntese da quitina, como a quitina sintase 1 (CHS1) em pelo menos quatro espécies (Douris et al., 2016; Suzuki et al., 2017; Van Leeuwen et al., 2012; Zeng et al., 2022), e também associada a outros processos detoxificativos e regulatórios (Nascimento et al., 2022, 2015).

A partir de métodos genômicos para a identificação de marcadores de polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs), foi feita a prospecção daqueles que pudessem estar associados com a resistência de *S. frugiperda* a teflubenzuron. Primeiramente, para a busca por variantes associadas com tegumento, diferentemente do observado por outros autores, não foram observadas variantes em CHS1, bem como nenhuma para os precursores na cadeia biossintese da quitina, no entanto foram observadas 5 variantes downstream em CHS2, as quais são associadas com a formação de quitina da faringe e da membrana peritrófica (Merzendorfer, 2011; Y. Zhang et al., 2005). Além disso, para as proteínas cuticulares, foram observadas 27 variantes, sendo 22 variantes antes do início da transcrição do gene (do inglês *upstream variant*), na região promotora, 4 após a região final da transcrição do gene (do inglês *downstream variant*) e uma variante de sentido trocado mudando o aminoácido produzido (do inglês *missense variant*) sendo também variante em região de splicing.

Para SNPs relacionados com enzimas associadas com a desintoxicação, corroborando com o já observado anteriormente por Nascimento et al. (2015), foram encontradas 40 variantes em CYP, sendo 32 variantes na região promotora, 7 após a região final de transcrição do gene e uma variante *missense*, para GST foram encontradas 3 variantes em regiões não codificantes do mRNA (do inglês *3_prime_UTR*), variantes imediatamente posteriores ao códon de parada, as quais podem estar associadas com a regulação da transcrição, 21 ESTs, sendo 17 variantes na região promotora, duas após a região final de transcrição do gene, e duas variantes imediatamente anteriores ao início do códon iniciador (do inglês *5_prime_UTR_variant*), que podem estar associadas com a regulação da transcrição, no mais, nenhuma variante associada com UGTs foi encontrada.

Foram identificadas também três variantes *missense* e duas em região promotora para o “complexo THO subunidade 4”, que participa no transporte de RNAm do núcleo para o

citoplasma celular, além de desempenhar papel regulatório, uma vez que sua atividade pode afetar a exportação de RNAm para o citoplasma e conseqüentemente a produção de proteínas (Gewartowski et al., 2012; Rehwinkel et al., 2004). Foram identificadas também, duas variantes *missense* para a proteína de ligação a poliadenilato 4 (do inglês *polyadenylate-binding protein 4*), responsáveis pela regulação da síntese de RNAm (Craig et al., 1998; Ivanov et al., 2019; Siddiqui et al., 2007).

Além das variantes *missense* reportadas acima, os dados apresentaram outras variantes deste mesmo tipo, como 2 variantes *missense* associadas com pro-resilina (Lerch et al., 2020), uma proteína que traz elasticidade para o tegumento, 3 variantes *missense* para mucina, proteína associada principalmente à mucosa intestinal a qual é secretada em grandes quantidades para proteção (Dias et al., 2018), e duas para titina, proteína muscular associada com a elasticidade (Maruyama, 1997).

A análise de enriquecimento de ontologia gênica dos genes diferencialmente expressos apresentou resultados associados principalmente com diversos processos metabólicos associados com degradação de compostos e com proteínas estruturais da cutícula e degradação da quitina, para ambas as linhagens Tef-sel e Tef-unsel em relação à linhagem Sf-ss, e auxiliou na busca por genes diferencialmente expressos relevantes em relação à resistência de *S. frugiperda* ao inseticida teflubenzuron.

Os dados de genes diferencialmente expressos presentes nas duas linhagens Tef-sel e Tef-unsel em relação à Sf-ss não apresentaram nenhuma variação associada com a quitina sintase 1, no entanto, apresentaram variações em proteínas cuticulares e processos de degradação da quitina como quitinases, endoquitinases e quitino deacetilases se apresentaram como diferencialmente expressas, todas em alta expressão tanto em Tef-sel quanto em Tef-unsel em relação à Sf-ss. Os genes diferencialmente expressos associados com as proteínas cuticulares foram os mais abundantes dentre os grupos de interesse, e se mostraram predominantemente superexpressos em ambas as linhagens Tef-sel e Tef-unsel quando comparadas com a Sf-ss, dentre eles se destacaram as proteínas cuticulares CPA2B, CP7, CP8, CP16,5, CP18,6, CP19 e CP19,8, sendo todos exclusivamente superexpressos enquanto CP16,8 e CP65 supressos nas duas linhagens em relação à Sf-ss, além disso, proteínas estruturais endocuticulares também ocorreram diferencialmente expressas, com ABD-5 superexpressa e SgAbd-5 supressos e superexpressos em ambas as linhagens (Tef-sel e Tef-unsel) em relação à Sf-ss. Neste sentido, um trabalho mostrou que, a superexpressão de proteínas cuticulares aumentou a espessura da cutícula em mosca-branca, levando a uma resistência ao inseticida imidacloprid (He et al., 2023), já trabalhos com cupins mostraram que, tanto para as modificações em tecidos para a mudança de castas e

desenvolvimento quanto para adaptações ao ambiente, as proteínas endocuticulares parecem ter grande importância na flexibilidade, hidratação e dureza da endocutícula (Rasheed et al., 2019; Ye et al., 2021).

Já para as enzimas associadas com mecanismos de desintoxicação, na comparação da linhagem Tef-sel em relação à linhagem Sf-ss, observou-se 37 genes superexpressos e 56 genes supressos enquanto que, para a linhagem Tef-unsel em relação à Sf-ss 33 e 68, respectivamente. Para o grupo das P450, associado com oxidação, foram observados genes diferencialmente superexpressos, supressos ou ambos, dentre os exclusivamente superexpressos nas linhagens Tef-sel e Tef-unsel podemos destacar o CYP6a14, que já foi associado com a participação na desintoxicação de xenobióticos e resistência em *Drosophila melanogaster* a DDT e *Sitobion avenae* (F.) a imidacloprid (Seong et al., 2018; B.-Z. Zhang et al., 2020), bem como os genes CYP301a1 e CYP304a1 também foram observados somente superexpressos, e já foram associados com resistência a inseticidas (Pei et al., 2023; Ullah et al., 2020). Algumas respostas de expressão bastante diversas podem estas associadas à expressão em tecidos específicos, genes CYP4 já foram observados tendo variação em sua expressão associada com diferentes tecidos (Davies et al., 2006), em nossos estudos os genes CYP4C1 apresentaram grandes variações de expressão para tanto superexpressos quanto supressos nas linhagens Tef-sel e Tef-unsel em relação à Sf-ss. A supressão de outras P450 podem estar associadas com a desintoxicação de xenobióticos em insetos, evitando a transformação do composto em metabólitos mais ativos (Hodgson & Wallace, 2012), como para CYP4V2 e CYP6B6 que se apresentaram exclusivamente supressos nas comparações Tef-sel e Tef-unsel em relação a Sf-ss.

Esterases também são enzimas responsáveis por processos associados com a desintoxicação de compostos e resistência a inseticidas (Montella et al., 2012). Os dados apresentaram superexpressão em Tef-sel e Tef-unsel em relação à Sf-ss apenas para a esterase E4, que já foi associada à resistência a lambda-cyhalotrina em *Aphis glycines* (Matsumura) (Xi et al., 2015). Os outros genes de esterases diferencialmente expressos por Tef-sel e Tef-unsel em relação à Sf-ss foram supressos, como esterase FE4 e B1.

Outras enzimas associadas com processos de desintoxicação de xenobióticos são as glutathione S-transferases, consideradas peças-chave na metabolização de diversos inseticidas, protegendo contra o estresse oxidativo exercido por estes (Enayati et al., 2005; Pavlidi et al., 2018). Os dados apresentaram a maioria dos genes associados com GSTs supressos tanto em Tef-sel quanto em Tef-unsel em relação à Sf-ss, sugerindo que estes não estariam associados com a resistência de *S. frugiperda* a teflubenzuron. As UDP-glucuronosyltransferases (UGTs) também se mostraram com os mesmos genes superexpressos e supressos em Tef-sel e Tef-unsel em

relação a Sf-ss, estas enzimas participam ativamente em processos de desintoxicação e resistência a inseticidas, para *P. xylostella* estudos apresentaram possíveis relações destas proteínas com a resistência a múltiplos inseticidas (X. Li et al., 2017).

Em síntese, no presente estudo foram identificados genes que codificam enzimas envolvidas na desintoxicação de inseticidas, que incluem as monooxigenases citocromo P450 (CYP), esterases (EST), glutathione S-transferases (GST) e UDP- glucuronosiltransferases (UGT), além de proteínas associadas com a cutícula e processos associados com a degradação de quitina. O mecanismo molecular da resistência de *S. frugiperda* a teflubenzuron na linhagem selecionada no Brasil não apresentou associação com a mutação na enzima da quitina sintase 1 (CHS1), mas sim em proteínas associadas com a cutícula, nos processos de desintoxicação ligados a P450, EST, GST e UGT e processos de degradação da quitina. A compreensão dos mecanismos de resistência permitirá a proposição de estratégias de manejo mais específicas a este inseticida.

3.5. Conclusões

- Genes que codificam enzimas envolvidas na desintoxicação de inseticidas, que incluem as monooxigenases citocromo P450 (CYP), esterases (EST), glutathione S-transferases (GST) e UDP- glucuronosiltransferases (UGT), além de proteínas associadas com a cutícula e processos associados com a degradação de quitina, são candidatos para elucidar os mecanismos moleculares de resistência de *S. frugiperda* a teflubenzuron.
- A resistência de *S. frugiperda* a teflubenzuron em Tef-rr não está associada à mutação na enzima da quitina sintase 1 (CHS1).

Referências

- Abe, A., Kosugi, S., Yoshida, K., Natsume, S., Takagi, H., Kanzaki, H., Matsumura, H., Yoshida, K., Mitsuoka, C., Tamiru, M., Innan, H., Cano, L., Kamoun, S., & Terauchi, R. (2012). Genome sequencing reveals agronomically important loci in rice using MutMap. *Nature Biotechnology*, *30*(2), 174–178. <https://doi.org/10.1038/nbt.2095>
- Andersen, S. O. (1979). Biochemistry of insect cuticle. *Annual Review of Entomology*, *24*(1), 29–59.
- Andrews, S. (2010). *FastQC: a quality control tool for high throughput sequence data*. Babraham Bioinformatics, Babraham Institute, Cambridge, United Kingdom.

- Bass, C., & Jones, C. M. (2018). Editorial overview: Pests and resistance: Resistance to pesticides in arthropod crop pests and disease vectors: mechanisms, models and tools. *Current Opinion in Insect Science*, 27, iv–vii. <https://doi.org/10.1016/j.cois.2018.04.009>
- Becher, H. M., Becker, P., Prokic-Immel, R., & Wirtz, W. (1983). CME 134, a new chitin synthesis inhibiting insecticide. *Proceeding of 10th International Congress of Plant Protection*, 1, 408–415.
- Bolger, A. M., Lohse, M., & Usadel, B. (2014). Trimmomatic: a flexible trimmer for Illumina sequence data. *Bioinformatics*, 30(15), 2114–2120. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu170>
- Brochan, G., Kroeger, T., Lorenzen, M., & Merzendorfer, H. (2013). Functional analysis of the ATP-binding cassette (ABC) transporter gene family of *Tribolium castaneum*. *BMC Genomics*, 14(1), 6. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-14-6>
- Buchfink, B., Xie, C., & Huson, D. H. (2015). Fast and sensitive protein alignment using DIAMOND. *Nature Methods*, 12(1), 59–60. <https://doi.org/10.1038/nmeth.3176>
- Cingolani, P., Platts, A., Wang, L. L., Coon, M., Nguyen, T., Wang, L., Land, S. J., Lu, X., & Ruden, D. M. (2012). A program for annotating and predicting the effects of single nucleotide polymorphisms, SnpEff. *Fly*, 6(2), 80–92. <https://doi.org/10.4161/fly.19695>
- Cohen, E. (2001). Chitin synthesis and inhibition: A revisit. *Pest Management Science*, 57(10), 946–950. <https://doi.org/10.1002/ps.363>
- Craig, A. W. B., Haghghat, A., Yu, A. T. K., & Sonenberg, N. (1998). Interaction of polyadenylate-binding protein with the eIF4G homologue PAIP enhances translation. *Nature*, 392(6675), 520–523. <https://doi.org/10.1038/33198>
- Davidson, N. M., & Oshlack, A. (2017). Necklace: Combining reference and assembled transcriptomes for more comprehensive RNA-Seq analysis. *BioRxiv*, May 2018. <https://doi.org/10.1101/200287>
- Davies, L., Williams, D. R., Aguiar-Santana, I. A., Pedersen, J., Turner, P. C., & Rees, H. H. (2006). Expression and down-regulation of cytochrome P450 genes of the CYP4 family by ecdysteroid agonists in *Spodoptera littoralis* and *Drosophila melanogaster*. *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, 36(10), 801–807. <https://doi.org/10.1016/j.ibmb.2006.08.001>
- Deep, G., Patil, J., Saroj, Y., Brajesh, K., & Ravinder, N. (2018). Novel insecticides: A potential tool for the management of insect pest. *Journal of Entomology and Zoology Studies*, 6(5), 277–281.

- Dias, R. O., Cardoso, C., Pimentel, A. C., Damasceno, T. F., Ferreira, C., & Terra, W. R. (2018). The roles of mucus-forming mucins, peritrophins and peritrophins with mucin domains in the insect midgut. *Insect Molecular Biology*, 27(1), 46–60. <https://doi.org/10.1111/imb.12340>
- Douris, V., Steinbach, D., Panteleri, R., Livadaras, I., Pickett, J. A., Van Leeuwen, T., Nauen, R., & Vontas, J. (2016). Resistance mutation conserved between insects and mites unravels the benzoylurea insecticide mode of action on chitin biosynthesis. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 113(51), 14692–14697. <https://doi.org/10.1073/pnas.1618258113>
- Enayati, A. A., Ranson, H., & Hemingway, J. (2005). Insect glutathione transferases and insecticide resistance. *Insect Molecular Biology*, 14(1), 3–8. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2583.2004.00529.x>
- Fao.org. (2022). *Fao.org. 2022. FAW map | Global Action for Fall Armyworm Control | Food and Agriculture Organization of the United Nations.* [online] Available at: <<http://www.fao.org/fall-armyworm/monitoring-tools/faw-map/en/>> [Accessed 12 November 2022].
- Ganiger, P. C., Yeshwanth, H. M., Muralimohan, K., Vinay, N., Kumar V, A. R., & Chandrashekara, K. (2018). Occurrence of the new invasive pest, fall armyworm, *Spodoptera frugiperda* (JE Smith) (Lepidoptera: Noctuidae), in the maize fields of Karnataka, India. *CURRENT SCIENCE*, 115(4), 621–623.
- Garrison, E., & Marth, G. (2012). Haplotype-based variant detection from short-read sequencing. *ArXiv Preprint ArXiv:1207.3907*.
- Georghiou, G. P. (1972). The Evolution of Resistance to Pesticides. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 3(1), 133–168. <https://doi.org/10.1146/annurev.es.03.110172.001025>
- Gewartowski, K., Cuéllar, J., Dziembowski, A., & Valpuesta, J. M. (2012). The yeast THO complex forms a 5-subunit assembly that directly interacts with active chromatin. *BioArchitecture*, 2(4), 134–137. <https://doi.org/10.4161/bioa.21181>
- Goergen, G., Kumar, P. L., Sankung, S. B., Togola, A., & Tamò, M. (2016). First Report of Outbreaks of the Fall Armyworm *Spodoptera frugiperda* (J E Smith) (Lepidoptera, Noctuidae), a New Alien Invasive Pest in West and Central Africa. *PLOS ONE*, 11(10), e0165632. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0165632>
- Group, K. (2022). *Kynetec*. www.kynetec.com

- Haas, B. J., Papanicolaou, A., Yassour, M., Grabherr, M., Blood, P. D., Bowden, J., Couger, M. B., Eccles, D., Li, B., Lieber, M., MacManes, M. D., Ott, M., Orvis, J., Pochet, N., Strozzi, F., Weeks, N., Westerman, R., William, T., Dewey, C. N., ... Regev, A. (2013). De novo transcript sequence reconstruction from RNA-seq using the Trinity platform for reference generation and analysis. *Nature Protocols*, *8*(8), 1494–1512. <https://doi.org/10.1038/nprot.2013.084>
- He, C., Liang, J., Yang, J., Xue, H., Huang, M., Fu, B., Wei, X., Liu, S., Du, T., Ji, Y., Yin, C., Gong, P., Hu, J., Du, H., Zhang, R., Xie, W., Wang, S., Wu, Q., Zhou, X., ... Zhang, Y. (2023). Over-expression of CP9 and CP83 increases whitefly cell cuticle thickness leading to imidacloprid resistance. *International Journal of Biological Macromolecules*, *233*, 123647. <https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2023.123647>
- Hodgson, E., & Wallace, A. D. (2012). *Human Metabolic Interactions of Pesticides: Inhibition, Induction, and Activation* (pp. 115–132). <https://doi.org/10.1021/bk-2012-1099.ch008>
- Ivanov, A., Shuvalova, E., Egorova, T., Shuvalov, A., Sokolova, E., Bizyaev, N., Shatsky, I., Terenin, I., & Alkalaeva, E. (2019). Polyadenylate-binding protein–interacting proteins PAIP1 and PAIP2 affect translation termination. *Journal of Biological Chemistry*, *294*(21), 8630–8639. <https://doi.org/10.1074/jbc.RA118.006856>
- Kent, W. J. (2002). BLAT--the BLAST-like alignment tool. *Genome Research*, *12*(4), 656–664. <https://doi.org/10.1101/gr.229202>
- Kim, D., Paggi, J. M., Park, C., Bennett, C., & Salzberg, S. L. (2019). Graph-based genome alignment and genotyping with HISAT2 and HISAT-genotype. *Nature Biotechnology*, *37*(8), 907–915. <https://doi.org/10.1038/s41587-019-0201-4>
- Lerch, S., Zuber, R., Gehring, N., Wang, Y., Eckel, B., Klass, K. D., Lehmann, F. O., & Moussian, B. (2020). Resilin matrix distribution, variability and function in *Drosophila*. *BMC Biology*, *18*(1), 1–15. <https://doi.org/10.1186/S12915-020-00902-4/FIGURES/8>
- Li, H. (2011). A statistical framework for SNP calling, mutation discovery, association mapping and population genetical parameter estimation from sequencing data. *Bioinformatics (Oxford, England)*, *27*(21), 2987–2993. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btr509>
- Li, H., & Durbin, R. (2010). Fast and accurate long-read alignment with Burrows–Wheeler transform. *Bioinformatics*, *26*(5), 589–595. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btp698>
- Li, X., Zhu, B., Gao, X., & Liang, P. (2017). Over-expression of UDP-glycosyltransferase gene UGT2B17 is involved in chlorantraniliprole resistance in *Plutella xylostella* (L.). *Pest Management Science*, *73*(7), 1402–1409. <https://doi.org/10.1002/ps.4469>

- Liao, Y., Smyth, G. K., & Shi, W. (2014). featureCounts: an efficient general purpose program for assigning sequence reads to genomic features. *Bioinformatics*, *30*(7), 923–930. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btt656>
- Livak, K. J., & Schmittgen, T. D. (2001). Analysis of relative gene expression data using real-time quantitative PCR and the $2^{-\Delta\Delta CT}$ method. *Methods*, *25*(4), 402–408. <https://doi.org/10.1006/meth.2001.1262>
- Maruyama, K. (1997). Connectin/titin, giant elastic protein of muscle. *The FASEB Journal*, *11*(5), 341–345. <https://doi.org/10.1096/fasebj.11.5.9141500>
- Matsumura, F. (2010). Studies on the action mechanism of benzoylurea insecticides to inhibit the process of chitin synthesis in insects: A review on the status of research activities in the past, the present and the future prospects. *Pesticide Biochemistry and Physiology*, *97*(2), 133–139. <https://doi.org/10.1016/j.pestbp.2009.10.001>
- Merzendorfer, H. (2011). The cellular basis of chitin synthesis in fungi and insects: Common principles and differences. *European Journal of Cell Biology*, *90*(9), 759–769. <https://doi.org/10.1016/j.ejcb.2011.04.014>
- Merzendorfer, H. (2013). Chitin synthesis inhibitors: Old molecules and new developments. *Insect Science*, *20*(2), 121–138. <https://doi.org/10.1111/j.1744-7917.2012.01535.x>
- Merzendorfer, H., Kim, H. S., Chaudhari, S. S., Kumari, M., Specht, C. A., Butcher, S., Brown, S. J., Robert Manak, J., Beeman, R. W., Kramer, K. J., & Muthukrishnan, S. (2012). Genomic and proteomic studies on the effects of the insect growth regulator diflubenzuron in the model beetle species *Tribolium castaneum*. *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, *42*(4), 264–276. <https://doi.org/10.1016/j.ibmb.2011.12.008>
- Meyer, F., Flötenmeyer, M., & Moussian, B. (2013). The sulfonylurea receptor Sur is dispensable for chitin synthesis in *Drosophila melanogaster* embryos. *Pest Management Science*, *69*(10), 1136–1140. <https://doi.org/10.1002/ps.3476>
- Montella, I. R., Schama, R., & Valle, D. (2012). The classification of esterases: an important gene family involved in insecticide resistance - A review. *Memórias Do Instituto Oswaldo Cruz*, *107*(4), 437–449. <https://doi.org/10.1590/S0074-02762012000400001>
- Montezano, A. D. G., Specht, A., Montezano, D. G., & Specht, A. (2018). *Host Plants of Spodoptera frugiperda (Lepidoptera: Noctuidae) in the Americas Published By: Entomological Society of Southern Africa Review article Host plants of Spodoptera frugiperda (Lepidoptera: Noctuidae) in the Americas*. *26*(2), 286–300.
- Mulder, R., & Gijswijt, M. J. (1973). The laboratory evaluation of two promising new insecticides which interfere with cuticle deposition. *Pesticide Science*, *4*(5), 737–745.

- Nascimento, A. R. B., Pavinato, V. A. C., Rodrigues, J. G., Silva-Brandão, K. L., Consoli, F. L., Michel, A., & Omoto, C. (2022). There is more than chitin synthase in insect resistance to benzoylureas: molecular markers associated with teflubenzuron resistance in *Spodoptera frugiperda*. *Journal of Pest Science*, *95*(1), 129–144. <https://doi.org/10.1007/s10340-021-01373-4>
- Nascimento, A. R. B. do, Fresia, P., Cônsoli, F. L., & Omoto, C. (2015). Comparative transcriptome analysis of lufenuron-resistant and susceptible strains of *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae). *BMC Genomics*, *16*(1), 1–12. <https://doi.org/10.1186/s12864-015-2183-z>
- Pavlidis, N., Vontas, J., & Van Leeuwen, T. (2018). The role of glutathione S-transferases (GSTs) in insecticide resistance in crop pests and disease vectors. *Current Opinion in Insect Science*, *27*, 97–102. <https://doi.org/10.1016/j.cois.2018.04.007>
- Pei, Y., Hao, H., Zuo, Y., Xue, Y., Aioub, A. A. A., & Hu, Z. (2023). Functional validation of *CYP304A1* associated with haedoxan A detoxification in *Aedes albopictus* by RNAi and transgenic *Drosophila*. *Pest Management Science*, *79*(1), 447–453. <https://doi.org/10.1002/ps.7213>
- Rasheed, H., Ye, C., Meng, Y., Ran, Y., Li, J., & Su, X. (2019). Comparative transcriptomic analysis and endocuticular protein gene expression of alate adults, workers and soldiers of the termite *Reticulitermes aculabialis*. *BMC Genomics*, *20*(1), 742. <https://doi.org/10.1186/s12864-019-6149-4>
- Rehwinkel, J., Herold, A., Gari, K., Köcher, T., Rode, M., Ciccarelli, F. L., Wilm, M., & Izaurrealde, E. (2004). Genome-wide analysis of mRNAs regulated by the THO complex in *Drosophila melanogaster*. *Nature Structural & Molecular Biology*, *11*(6), 558–566. <https://doi.org/10.1038/nsmb759>
- Roush, R. T., & Tabashnik, B. E. (1991). Pesticide Resistance in Arthropods. In R. T. Roush & B. E. Tabashnik (Eds.), *Roush R T And B E Tabashnik* (Vol. 0, Issue 0). Springer US. <https://doi.org/10.1007/978-1-4684-6429-0>
- Seong, K. M., Coates, B. S., Berenbaum, M. R., Clark, J. M., & Pittendrigh, B. R. (2018). Comparative CYP-omic analysis between the DDT-susceptible and -resistant *Drosophila melanogaster* strains 91-C and 91-R. *Pest Management Science*, *74*(11), 2530–2543. <https://doi.org/10.1002/ps.4936>
- Siddiqui, N., Mangus, D. A., Chang, T.-C., Palermino, J.-M., Shyu, A.-B., & Gehring, K. (2007). Poly(A) Nuclease Interacts with the C-terminal Domain of Polyadenylate-binding Protein Domain from Poly(A)-binding Protein. *Journal of Biological Chemistry*, *282*(34), 25067–25075. <https://doi.org/10.1074/jbc.M701256200>

- Sun, R., Liu, C., Zhang, H., & Wang, Q. (2015). Benzoylurea Chitin Synthesis Inhibitors. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 63(31), 6847–6865. <https://doi.org/10.1021/acs.jafc.5b02460>
- Suzuki, Y., Shiotsuki, T., Jouraku, A., Miura, K., & Minakuchi, C. (2017). Benzoylurea resistance in western flower thrips *Frankliniella occidentalis* (Thysanoptera: Thripidae): the presence of a point mutation in chitin synthase 1. *Journal of Pesticide Science*, 42(3), 93–96. <https://doi.org/10.1584/jpestics.D17-023>
- Ullah, F., Gul, H., Tariq, K., Desneux, N., Gao, X., & Song, D. (2020). Functional analysis of cytochrome P450 genes linked with acetamiprid resistance in melon aphid, *Aphis gossypii*. *Pesticide Biochemistry and Physiology*, 170, 104687. <https://doi.org/10.1016/j.pestbp.2020.104687>
- Van Eck, W. H. (1979). Mode of action of two benzoylphenyl ureas as inhibitors of chitin synthesis in insects. *Insect Biochemistry*, 9(3), 295–300.
- Van Leeuwen, T., Demaeght, P., Osborne, E. J., Dermauw, W., Gohlke, S., Nauen, R., Grbic, M., Tirry, L., Merzendorfer, H., & Clark, R. M. (2012). Population bulk segregant mapping uncovers resistance mutations and the mode of action of a chitin synthesis inhibitor in arthropods. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 109(12), 4407–4412. <https://doi.org/10.1073/pnas.1200068109>
- Xi, J., Pan, Y., Bi, R., Gao, X., Chen, X., Peng, T., Zhang, M., Zhang, H., Hu, X., & Shang, Q. (2015). Elevated expression of esterase and cytochrome P450 are related with lambda-cyhalothrin resistance and lead to cross resistance in *Aphis glycines* Matsumura. *Pesticide Biochemistry and Physiology*, 118, 77–81. <https://doi.org/10.1016/j.pestbp.2014.12.002>
- Yang, Q., & Fukamizo, T. (2019). *Targeting Chitin-containing Organisms* (Q. Yang & T. Fukamizo (eds.); Vol. 1142). Springer Singapore. <https://doi.org/10.1007/978-981-13-7318-3>
- Ye, C., Song, Z., Wu, T., Zhang, W., Saba, N. us, Xing, L., & Su, X. (2021). Endocuticle is involved in caste differentiation of the lower termite. *Current Zoology*, 67(5), 489–499. <https://doi.org/10.1093/cz/zoab005>
- Zeng, B., Chen, F.-R., Liu, Y.-T., Di Guo, Zhang, Y.-J., Feng, Z.-R., Wang, L.-X., Vontas, J., Wu, S.-F., Zhu, K. Y., & Gao, C.-F. (2022). A chitin synthase mutation confers widespread resistance to buprofezin, a chitin synthesis inhibitor, in the brown planthopper, *Nilaparvata lugens*. *Journal of Pest Science*. <https://doi.org/10.1007/s10340-022-01538-9>
- Zhang, B.-Z., Su, X., Xie, L.-F., Zhen, C.-A., Hu, G.-L., Jiang, K., Huang, Z. Y., Liu, R.-Q., Gao, Y.-F., Chen, X.-L., & Gao, X.-W. (2020). Multiple detoxification genes confer imidacloprid resistance to *Sitobion avenae* Fabricius. *Crop Protection*, 128, 105014. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2019.105014>

Zhang, Y., Foster, J. M., Nelson, L. S., Ma, D., & Carlow, C. K. S. (2005). The chitin synthase genes *chs-1* and *chs-2* are essential for *C. elegans* development and responsible for chitin deposition in the eggshell and pharynx, respectively. *Developmental Biology*, 285(2), 330–339. <https://doi.org/10.1016/j.ydbio.2005.06.037>

4. CONSIDERAÇÕES FINAIS

O Manejo da Resistência de Insetos (MRI) tem papel fundamental no manejo de pragas. Este trabalho apresentou a situação atual da suscetibilidade de *Spodoptera frugiperda* ao inseticida teflubenzuron, bem como avaliou e contribuiu para o esclarecimento dos mecanismos moleculares associados a resistência a este inseticida selecionando genes candidatos à resistência.

O monitoramento de *S. frugiperda* apresentado no Capítulo 2 mostrou a redução da suscetibilidade ao teflubenzuron, que atingiu níveis críticos no decorrer do tempo e em diferentes regiões produtoras do país, comprovando a falta de implementação de boas práticas de manejo no campo. Neste capítulo, conclui-se que a necessidade de contornar a adaptação da praga às medidas de controle que vem sendo tomadas é imediata e urgente.

A resistência a inseticidas do grupo das benzoilureias já foi amplamente observada em artrópodes, e vem motivando diversos estudos moleculares que procuram esclarecer os mecanismos associados à resistência a estes compostos. Buscas na literatura mostram a resistência de benzoiluréias associada a mutações no gene da quitina sintase 1 (CHS1), o que foi verificado (Capítulo 3) e não foi encontrada associação com a resistência em *S. frugiperda* a teflubenzuron. Neste capítulo também foi realizado o sequenciamento de cDNA proveniente de amostras de RNA, o qual indicou grande abundância de leituras associadas com processos metabólicos de desintoxicação e com proteínas associadas com a cutícula e quitina. Análises de genes diferencialmente expressos mostraram importantes candidatos para estas mesmas categorias. As análises provenientes do sequenciamento de DNA confirmaram variantes também associadas à desintoxicação de compostos e proteínas cuticulares. Portanto, os resultados deste capítulo mostram que os mecanismos moleculares associados a resistência de *S. frugiperda* a teflubenzuron estão associados a mudança de expressão gênica e variantes nas sequências de DNA de genes referentes a enzimas de desintoxicação e formação/degradação da cutícula.

Por fim, os resultados obtidos nesta tese corroboram com trabalhos recentes associados com a resistência de *S. frugiperda* ao grupo químico dos inibidores da biossíntese de quitina, e enriquecem a base de dados disponível para próximos trabalhos. Esta tese fornece importantes contribuições para o entendimento da resistência de *S. frugiperda* a teflubenzuron, esclarece lacunas no escasso conhecimento disponível, proporciona informações para futuros trabalhos de genômica e transcritômica e indica a evolução da resistência a teflubenzuron em condições de campo nas populações de *S. frugiperda* do Brasil.

APÊNDICES

Apêndice A. Informações de coleta e monitoramento de populações de campo de *S. frugiperda* ao inseticida teflubenzuron.

Ano	Código	Estado	Localidade	Latitude	Longitude	Coleta	n*	Sobrevivência (%)	EPM
2004	BA-4	BA	Barreiras	-12,144003	-44,996741	09/02/2004	479	2,92	0,82
2004	MT-4	MT	Primavera do Leste	-15,561413	-54,299395	04/03/2004	406	2,95	1,46
2004	GO-6	GO	Rio Verde	-17,443934	-51,172815	11/03/2004	432	2,31	0,69
2004	MT-2	MT	Rondonópolis	-16,460353	-54,63971	14/04/2004	406	0,98	0,44
2004	BA-5	BA	Barreiras	-12,144003	-44,996741	15/04/2004	405	2,72	1,33
2004	PR-5	PR	Toledo	-24,557048	-54,057146	19/05/2004	408	4,66	0,87
2006	GO-8	GO	Rio Verde	-17,792126	-50,919122	04/11/2005	470	0,75	0,37
2006	PR-7	PR	Londrina	-23,311288	-51,159502	26/01/2006	480	0,25	0,23
2006	BA-6	BA	Barreiras	-12,144003	-44,996741	07/03/2006	498	2,96	0,92
2006	GO-7	GO	Rio Verde	-17,81152	-50,597664	06/04/2006	473	1,25	0,56
2007	CB-2	SP	Casa Branca	-21,7515	-47,1115	02/11/2006	480	3,33	1,40
2007	MT-5	MT	Rondonópolis	-16,460353	-54,63971	10/04/2007	489	5,27	1,47
2007	GO-9	GO	Rio Verde	-17,792126	-50,919122	18/05/2007	480	1,67	0,76
2007	BA-7	BA	Barreiras	-12,144003	-44,996741	13/07/2007	144	4,17	1,86
2007	MOC-1	SP	Casa Branca	-21,463934	-47,018186	01/08/2007	479	1,04	0,51
2008	BAH-10	BA	Barreiras	-12,144003	-44,996741	01/02/2008	575	4,01	2,33
2008	MT-7	MT	Primavera do Leste	-15,561413	-54,299395	14/03/2008	480	2,94	1,13
2008	PR-15	PR	Engenheiro Beltrão	-24,046329	-52,37802	08/04/2008	477	1,91	0,95
2008	GO-10	GO	Rio Verde	-17,792126	-50,919122	11/04/2008	510	0,38	0,37
2008	MOC-2	SP	Casa Branca	-21,463934	-47,018186	15/05/2008	471	1,68	0,40
2008	BAH-11	BA	LEM	-12,086912	-45,783416	08/08/2008	468	7,26	1,54
2009	GO-11	GO	Rio Verde	-17,81152	-50,597664	22/12/2008	478	2,50	1,33
2009	PR-16	PR	Castro	-25,089169	-50,160181	22/12/2008	609	1,19	0,48
2009	RS-5	RS	Não-Me-Toque	-28,261614	-52,408905	22/12/2008	523	2,11	0,72

(continua)

Ano	Código	Estado	Localidade	Latitude	Longitude	Coleta	n*	Sobrevivência (%)	EPM
2009	BAH-12	BA	LEM	-12,086912	-45,783416	19/01/2009	240	12,40	3,92
2009	MT-9	MT	Sapezal	-13,547958	-58,814624	16/03/2009	504	3,97	1,30
2009	SJ-1	SP	Casa Branca	-21,966	-46,814929	24/03/2009	504	6,94	2,44
2009	MT-10	MT	Campo Verde	-15,543079	-55,159051	06/05/2009	686	8,39	1,60
2010	BA-18	BA	LEM	-12,086912	-45,783416	17/12/2009	453	0,88	0,68
2010	MT-12	MT	Rondonópolis	-16,460353	-54,63971	23/12/2009	570	0,35	0,24
2010	MT-13	MT	Rondonópolis	-16,460353	-54,63971	29/04/2010	335	0,00	0,00
2010	PR-22	PR	Londrina	-23,31199	-51,367415	07/05/2010	479	0,21	0,21
2010	BA-21	BA	Barreiras	-12,144003	-44,996741	14/07/2010	500	4,00	0,90
2011	RS-8	RS	Não-Me-Toque	-28,39918	-52,691032	16/11/2010	479	2,78	1,81
2011	GO-15	GO	Rio Verde	-17,792126	-50,919122	30/11/2010	456	0,00	0,00
2011	PR-23	PR	Londrina	-23,319019	-51,554411	30/11/2010	288	9,70	3,40
2011	BA-22	BA	Barreiras	-12,357196	-44,976881	07/12/2010	500	1,68	0,90
2011	MT-15	MT	Campo Verde	-15,543079	-55,159051	20/12/2010	359	1,32	0,89
2011	PR-25	PR	Castro	-24,515167	-50,410149	20/12/2010	403	0,49	0,33
2011	MT-16	MT	Campo Verde	-15,543079	-55,159051	19/04/2011	312	6,09	2,29
2011	SP-9	SP	Cândido Mota	-22,807411	-50,416631	05/05/2011	144	0,69	0,69
2011	GO-16	GO	Rio Verde	-17,792126	-50,919122	11/05/2011	478	0,85	0,49
2011	MS-4	MS	Dourados	-22,048393	-54,615756	18/05/2011	263	2,36	1,97
2011	GO-17	GO	Rio Verde	-17,443934	-51,172815	22/06/2011	456	1,97	0,92
2011	MT-17	MT	Lucas do Rio Verde	-13,065594	-55,919836	01/07/2011	504	2,78	1,16
2011	BA-24	BA	LEM	-12,086912	-45,783416	08/07/2011	432	5,56	2,02
2012	GO-19	GO	Rio Verde	-17,792126	-50,919122	22/12/2011	286	42,86	8,45
2012	RS-11	RS	Não-Me-Toque	-28,365472	-53,2511	30/01/2012	167	3,57	2,30
2012	SP-13	SP	Casa Branca	-21,7515	-47,1115	02/03/2012	382	2,34	1,00
2012	PR-38	PR	Engenheiro Beltrão	-24,046329	-52,37802	23/05/2012	500	1,21	0,51
2012	MG-15	MG	Uberlândia	-18,918804	-48,276784	29/05/2012	475	11,30	2,80
2013	SP-15	SP	Casa Branca	-21,774314	-47,085218	23/11/2012	500	1,19	0,71

(continuação)

Ano	Código	Estado	Localidade	Latitude	Longitude	Coleta	n*	Sobrevivência (%)	EPM
2013	PR-40	PR	Toledo	-24,9555	-53,456054	29/11/2012	480	1,04	0,41
2013	PR-42	PR	Engenheiro Beltrão	-24,046329	-52,37802	13/12/2012	503	4,01	1,39
2013	GO-24	GO	Rio Verde	-17,792126	-50,919122	27/12/2012	503	13,35	2,40
2013	BA-32	BA	Barreiras	-12,357196	-44,976881	27/12/2012	515	10,10	2,24
2013	MG-16	MG	Uberlândia	-18,651126	-48,193376	22/01/2013	480	1,10	0,60
2013	GO-27	GO	Rio Verde	-17,443934	-51,172815	28/01/2013	623	5,77	1,70
2013	RS-13	RS	Santo Ângelo	-28,306008	-54,264872	14/02/2013	480	2,50	1,02
2013	SC-2	SC	Chapecó	-27,092236	-52,616688	14/02/2013	528	5,11	1,09
2013	PR-43	PR	Toledo	-24,9555	-53,456054	27/02/2013	480	0,63	0,46
2013	MT-22	MT	Campo Verde	-15,543079	-55,159051	08/03/2013	492	16,36	3,18
2013	MG-18	MG	Uberlândia	-18,918804	-48,276784	13/03/2013	528	1,50	0,70
2013	MT-23	MT	Campo Verde	-15,543079	-55,159051	25/03/2013	528	30,30	2,98
2013	MS-16	MS	Chapadão do Sul	-19,085483	-52,717521	25/03/2013	504	7,14	1,15
2013	BA-33	BA	Roda Velha	-12,756866	-45,948649	11/04/2013	536	24,37	3,94
2013	GO-29	GO	Rio Verde	-17,443934	-51,172815	25/04/2013	504	17,86	2,93
2013	MG-19	MG	Uberlândia	-18,918804	-48,276784	03/05/2013	480	4,00	1,20
2013	PR-48	PR	Londrina	-23,31199	-51,367415	10/05/2013	480	4,17	1,32
2013	SP-16	SP	Cândido Mota	-22,821	-50,186528	03/06/2013	456	2,19	0,86
2014	SP-17	SP	Casa Branca	-21,774314	-47,085218	13/11/2013	552	5,07	1,59
2014	MG-20	MG	Uberlândia	-18,651126	-48,193376	18/11/2013	480	7,30	2,10
2014	PR-51	PR	Castro	-24,794072	-49,997291	10/12/2013	504	1,39	0,60
2014	RS-16	RS	Não-Me-Toque	-28,563163	-52,749535	10/12/2013	480	3,75	1,21
2014	PR-52	PR	Toledo	-24,9555	-53,456054	14/12/2013	383	1,04	0,71
2014	SC-3	SC	Chapecó	-27,153101	-52,309677	14/12/2013	504	2,78	0,60
2014	BA-35	BA	LEM	-12,086912	-45,783416	23/01/2014	312	23,08	5,89
2014	PR-53	PR	Londrina	-23,006007	-51,245422	04/04/2014	503	3,99	1,64
2014	PR-54	PR	Toledo	-24,292896	-53,830801	11/04/2014	480	8,75	1,24
2014	PR-55	PR	Engenheiro Beltrão	-23,7996	-52,259268	11/04/2014	480	3,33	1,03

(continuação)

Ano	Código	Estado	Localidade	Latitude	Longitude	Coleta	n*	Sobrevivência (%)	EPM
2014	MT-28	MT	Campo Verde	-15,543079	-55,159051	16/04/2014	480	4,79	1,36
2014	MT-29	MT	Lucas do Rio Verde	-12,544489	-55,723397	23/04/2014	502	11,35	3,44
2014	MS-19	MS	Dourados	-22,276422	-54,862821	30/04/2014	480	1,04	0,60
2014	GO-32	GO	Rio Verde	-17,792126	-50,919122	08/05/2014	501	3,45	1,21
2014	MT-30	MT	Sapezal	-13,547958	-58,814624	16/05/2014	504	30,16	3,00
2015	RS-18	RS	Santo Ângelo	-28,306008	-54,264872	31/10/2014	478	12,50	2,77
2015	RS-19	RS	Não-Me-Toque	-28,460919	-52,855971	07/11/2014	480	1,25	0,53
2015	SC-4	SC	Chapecó	-27,153101	-52,309677	07/11/2014	480	0,83	0,38
2015	SP-19	SP	Casa Branca	-21,774314	-47,085218	14/11/2014	527	8,14	2,76
2015	PR-57	PR	Toledo	-24,292896	-53,830801	18/11/2014	480	18,75	3,48
2015	PR-56	PR	Castro	-25,089169	-50,160181	18/11/2014	468	8,80	2,22
2015	MG-22	MG	Uberlândia	-18,651126	-48,193376	18/11/2014	456	32,70	3,70
2015	BA-39	BA	Roda Velha	-12,756866	-45,948649	03/12/2014	480	42,29	4,21
2015	GO-33	GO	Planaltina	-14,980337	-47,782431	12/12/2014	504	37,90	3,31
2015	BA-40	BA	Correntina	-13,344157	-44,634507	12/12/2014	480	23,33	3,46
2015	MT-32	MT	Sapezal	-13,547958	-58,814624	19/03/2015	475	82,46	2,31
2015	MT-31	MT	Lucas do Rio Verde	-13,065594	-55,919836	19/03/2015	475	69,56	2,70
2015	MT-33	MT	Campo Verde	-15,543079	-55,159051	31/03/2015	475	51,59	2,95
2015	PR-59	PR	Toledo	-24,292896	-53,830801	22/04/2015	480	18,33	2,54
2015	PR-61	PR	Londrina	-23,311288	-51,159502	22/04/2015	480	15,21	4,07
2015	PR-60	PR	Engenheiro Beltrão	-23,618722	-52,217449	22/04/2015	480	12,92	1,93
2015	MS-21	MS	Dourados	-21,932823	-54,625309	05/05/2015	480	21,87	4,10
2015	SP-20	SP	Casa Branca	-21,774314	-47,085218	12/05/2015	552	26,45	2,90
2016	SP-21	SP	Casa Branca	-21,774314	-47,085218	23/10/2015	480	18,33	3,53
2016	RS-20	RS	Não-Me-Toque	-28,460919	-52,855971	03/11/2015	480	16,87	2,15
2016	RS-21	RS	Santo Ângelo	-28,306008	-54,264872	05/11/2015	480	13,75	1,42
2016	SC-5	SC	Chapecó	-27,153101	-52,309677	07/11/2015	480	8,75	1,95
2016	PR-63	PR	Toledo	-24,9555	-53,456054	24/11/2015	480	9,37	2,05

(continuação)

Ano	Código	Estado	Localidade	Latitude	Longitude	Coleta	n*	Sobrevivência (%)	EPM
2016	PR-62	PR	Castro	-25,089169	-50,160181	24/11/2015	480	13,12	1,46
2016	MG-23	MG	Uberlândia	-18,651126	-48,193376	04/12/2015	480	9,00	2,30
2016	GO-36	GO	Planaltina	-15,457154	-47,608902	10/12/2015	456	46,71	3,33
2016	BA-43	BA	Correntina	-13,344157	-44,634507	14/12/2015	504	36,11	3,02
2016	GO-37	GO	Rio Verde	-17,792126	-50,919122	18/12/2015	432	46,97	3,84
2016	BA-44	BA	LEM	-11,621956	-45,595583	23/02/2016	384	49,74	4,62
2016	GO-38	GO	Rio Verde	-17,792126	-50,919122	14/03/2016	480	31,46	2,21
2016	MT-35	MT	Sapezal	-13,547958	-58,814624	23/03/2016	473	64,03	3,92
2016	MS-22	MS	Dourados	-21,932823	-54,625309	23/03/2016	478	32,20	3,04
2016	MS-23	MS	Chapadão do Sul	-19,085483	-52,717521	29/03/2016	504	39,68	3,89
2016	MT-36	MT	Lucas do Rio Verde	-13,065594	-55,919836	30/03/2016	523	80,77	2,84
2016	PR-65	PR	Engenheiro Beltrão	-23,914212	-52,34556	15/04/2016	480	31,04	3,78
2016	PR-66	PR	Toledo	-24,292896	-53,830801	18/04/2016	480	27,29	2,52
2016	SP-22	SP	Casa Branca	-21,774314	-47,085218	20/04/2016	480	16,87	2,17
2016	GO-39	GO	Rio Verde	-17,792126	-50,919122	27/07/2016	288	10,07	4,30
2016	SP-23	SP	Casa Branca	-21,966	-46,814929	01/08/2016	480	2,50	1,19
2017	PR-70	PR	Toledo	-24,9555	-53,456054	16/11/2016	502	26,87	3,47
2017	MG-25	MG	Uberlândia	-18,593212	-48,699901	28/11/2016	480	41,70	6,30
2017	SC-6	SC	Chapecó	-27,133314	-52,78521	29/11/2016	480	28,12	6,47
2017	GO-41	GO	Rio Verde	-17,792126	-50,919122	12/12/2016	504	49,40	3,31
2017	RS-22	RS	Não-Me-Toque	-28,39918	-52,691032	12/12/2016	480	42,29	4,36
2017	GO-42	GO	Cristalina	-16,767608	-47,613128	23/12/2016	547	45,45	3,67
2017	BA-47	BA	LEM	-12,086912	-45,783416	23/12/2016	480	46,04	4,06
2017	SP-24	SP	Casa Branca	-21,774314	-47,085218	30/12/2016	480	11,87	2,42
2017	GO-43	GO	Rio Verde	-17,443934	-51,172815	02/03/2017	480	47,71	3,80
2017	MS-24	MS	Chapadão do Sul	-19,085483	-52,717521	02/03/2017	480	26,87	4,42
2017	MT-41	MT	Sapezal	-13,547958	-58,814624	07/03/2017	480	60,21	6,15
2017	MT-42	MT	Campo Verde	-15,543079	-55,159051	07/03/2017	454	61,28	4,88

(continuação)

Ano	Código	Estado	Localidade	Latitude	Longitude	Coleta	n*	Sobrevivência (%)	EPM
2017	MT-40	MT	Lucas do Rio Verde	-13,065594	-55,919836	07/03/2017	480	62,50	3,30
2017	MS-25	MS	Dourados	-22,554923	-55,150555	10/03/2017	480	42,32	5,30
2017	PR-71	PR	Toledo	-24,722244	-53,740248	10/03/2017	480	42,08	5,30
2017	PR-73	PR	Londrina	-23,060043	-51,037354	30/03/2017	480	35,00	2,79
2017	SP-25	SP	Casa Branca	-22,008675	-47,395082	07/04/2017	480	30,62	2,64
2017	MT-44	MT	Lucas do Rio Verde	-12,544489	-55,723397	12/07/2017	600	70,67	3,26
2017	MS-26	MS	Chapadão do Sul	-19,085483	-52,717521	12/07/2017	480	58,33	3,63
2017	GO-44	GO	Rio Verde	-17,792126	-50,919122	28/07/2017	480	48,33	3,09
2017	BA-48	BA	Roda Velha	-12,756866	-45,948649	28/07/2017	480	44,17	3,46
2017	SP-26	SP	Casa Branca	-21,774314	-47,085218	03/08/2017	480	17,71	2,93
2018	RS-24	RS	Santo Ângelo	-28,306008	-54,264872	18/10/2017	480	18,54	3,12
2018	SP-27	SP	Casa Branca	-21,774314	-47,085218	16/11/2017	480	28,12	3,82
2018	RS-26	RS	Não-Me-Toque	-28,460919	-52,855971	16/11/2017	526	26,27	3,07
2018	PR-75	PR	Castro	-24,794072	-49,997291	23/11/2017	480	21,67	2,78
2018	SC-7	SC	Chapecó	-27,092236	-52,616688	23/11/2017	504	22,42	3,30
2017	GO-45	GO	Cristalina	-16,767608	-47,613128	06/12/2017	479	74,96	2,19
2018	BA-49	BA	Barreiras	-12,357196	-44,976881	06/12/2017	480	26,46	3,51
2018	PR-76	PR	Toledo	-24,722244	-53,740248	13/12/2017	144	36,11	8,72
2018	GO-46	GO	Rio Verde	-17,792126	-50,919122	26/12/2017	480	53,96	3,43
2018	MG-27	MG	Uberlândia	-18,651126	-48,193376	26/12/2017	552	40,90	6,60
2018	PR-77	PR	Engenheiro Beltrão	-24,046329	-52,37802	27/02/2018	480	34,17	3,30
2018	MT-45	MT	Lucas do Rio Verde	-13,065594	-55,919836	20/03/2018	480	45,21	4,92
2018	MT-46	MT	Sapezal	-13,547958	-58,814624	27/03/2018	526	68,54	2,97
2018	PR-78	PR	Toledo	-24,9555	-53,456054	27/03/2018	480	19,79	1,67
2018	MS-27	MS	Chapadão do Sul	-19,085483	-52,717521	29/03/2018	720	39,17	2,43
2018	MS-28	MS	Dourados	-22,276422	-54,862821	06/04/2018	480	37,92	2,28
2018	SP-28	SP	Casa Branca	-21,774314	-47,085218	06/04/2018	504	34,92	3,60
2018	GO-47	GO	Rio Verde	-17,792126	-50,919122	09/04/2018	528	38,63	3,13

(continuação)

Ano	Código	Estado	Localidade	Latitude	Longitude	Coleta	n*	Sobrevivência (%)	EPM
2018	MT-47	MT	Campo Verde	-15,543079	-55,159051	18/04/2018	480	61,67	3,11
2018	PR-79	PR	Londrina	-23,060043	-51,037354	23/04/2018	456	23,02	2,87
2018	MS-29	MS	Chapadão do Sul	-19,085483	-52,717521	19/06/2018	504	37,69	3,63
2018	GO-49	GO	Rio Verde	-17,792126	-50,919122	02/08/2018	480	45,62	2,98
2018	MT-49	MT	Lucas do Rio Verde	-13,065594	-55,919836	02/08/2018	576	72,92	3,52
2018	BA-50	BA	LEM	-12,086912	-45,783416	29/08/2018	480	55,00	3,07
2018	SP-29	SP	Casa Branca	-21,774314	-47,085218	12/09/2018	480	30,21	3,46
2019	RS-27	RS	Não-Me-Toque	-28,674145	-53,005114	25/10/2018	526	29,68	3,50
2019	RS-28	RS	Santo Ângelo	-27,909984	-54,603736	25/10/2018	480	31,25	2,73
2019	PR-80	PR	Toledo	-24,722244	-53,740248	01/11/2018	480	40,00	1,92
2019	PR-81	PR	Castro	-24,794072	-49,997291	12/11/2018	480	37,29	2,69
2019	GO-50	GO	Cristalina	-16,767608	-47,613128	23/11/2018	480	53,75	2,93
2019	BA-51	BA	LEM	-12,086912	-45,783416	04/12/2018	503	52,32	3,51
2019	SC-8	SC	Chapecó	-27,092236	-52,616688	07/12/2018	480	39,58	4,10
2019	GO-51	GO	Rio Verde	-17,81152	-50,597664	18/12/2018	480	48,96	2,51
2019	MG-28	MG	Uberlândia	-18,651126	-48,193376	21/12/2018	480	30,80	4,20
2019	SP-30	SP	Casa Branca	-21,774314	-47,085218	27/12/2018	480	9,37	1,67
2019	PR-82	PR	Toledo	-24,722244	-53,740248	08/03/2019	480	41,46	3,75
2019	MT-51	MT	Sapezal	-13,547958	-58,814624	15/03/2019	480	73,96	2,28
2019	MT-50	MT	Lucas do Rio Verde	-13,065594	-55,919836	15/03/2019	480	73,54	2,81
2019	PR-84	PR	Londrina	-23,311288	-51,159502	28/03/2019	480	52,29	3,84
2019	PR-83	PR	Engenheiro Beltrão	-24,046329	-52,37802	28/03/2019	480	57,92	3,43
2019	MS-31	MS	Dourados	-22,276422	-54,862821	01/04/2019	480	39,38	2,71
2019	MS-30	MS	Chapadão do Sul	-19,085483	-52,717521	01/04/2019	526	52,45	5,06
2019	SP-31	SP	Casa Branca	-21,774314	-47,085218	02/04/2019	479	30,47	2,90
2019	GO-52	GO	Rio Verde	-17,792126	-50,919122	26/04/2019	480	51,04	4,27
2019	MT-52	MT	Campo Verde	-15,543079	-55,159051	26/04/2019	480	62,29	3,71
2019	SP-32	SP	Casa Branca	-21,774314	-47,085218	12/06/2019	480	34,38	2,47

(continuação)

Ano	Código	Estado	Localidade	Latitude	Longitude	Coleta	n*	Sobrevivência (%)	EPM
2019	BA-52	BA	Correntina	-13,344157	-44,634507	18/06/2019	480	57,71	2,33
2019	GO-53	GO	Rio Verde	-17,81152	-50,597664	26/06/2019	480	42,29	2,82
2019	MT-53	MT	Lucas do Rio Verde	-13,065594	-55,919836	26/06/2019	478	79,35	2,75
2019	MS-32	MS	Chapadão do Sul	-19,085483	-52,717521	08/08/2019	480	49,79	3,35
2020	RS-29	RS	Não-Me-Toque	-28,674145	-53,005114	24/10/2019	480	36,67	3,95
2020	RS-30	RS	Santo Ângelo	-28,674145	-54,264872	24/10/2019	480	39,17	4,48
2020	SP-33	SP	Casa Branca	-22,008675	-47,395082	25/10/2019	480	36,04	3,42
2020	PR-85	PR	Castro	-24,515167	-50,410149	29/10/2019	480	52,71	4,52
2020	MG-29	MG	Uberlândia	-18,918804	-48,276784	07/11/2019	480	47,70	3,36
2020	PR-86	PR	Toledo	-24,9555	-53,456054	13/11/2019	480	44,79	3,27
2020	GO-54	GO	Rio Verde	-17,81152	-50,597664	20/11/2019	480	43,33	3,15
2020	GO-55	GO	Cristalina	-16,767608	-47,613128	28/11/2019	480	59,17	3,65
2020	SC-9	SC	Chapecó	-27,092236	-52,616688	04/12/2019	480	37,71	3,60
2020	BA-53	BA	LEM	-12,086912	-45,783416	15/01/2020	480	48,54	2,94
2020	SP-34	SP	Casa Branca	-21,7515	-47,1115	21/02/2020	456	25,44	4,13
2020	PR-87	PR	Engenheiro Beltrão	-24,046329	-52,37802	06/03/2020	480	19,58	4,32
2020	PR-89	PR	Londrina	-23,311288	-51,159502	10/03/2020	480	25,00	3,87
2020	MT-54	MT	Sapezal	-13,547958	-58,814624	12/03/2020	480	40,83	4,48
2020	MT-55	MT	Lucas do Rio Verde	-13,065594	-55,919836	13/03/2020	504	80,16	2,11
2020	MT-56	MT	Campo Verde	-15,543079	-55,159051	17/03/2020	480	56,88	5,38
2020	PR-88	PR	Toledo	-24,9555	-53,456054	17/03/2020	456	49,12	3,03
2020	MS-34	MS	Dourados	-22,276422	-54,862821	24/03/2020	480	24,17	3,21
2020	MS-33	MS	Chapadão do Sul	-19,085483	-52,717521	24/03/2020	480	13,33	1,50
2020	GO-56	GO	Rio Verde	-17,792126	-50,919122	26/04/2020	480	35,83	3,88

* Número de lagartas testadas

(conclusão)

Apêndice B. Mutações de interesse nos dados filtrados de *S. frugiperda* potencialmente envolvidas com a resistência a teflubenzuron.

Descrição	Cromossomo	Posição	Tipo de variante*	Mutação	a.a.
Similar à proteína 1 de ligação à topoisomerase 2 do DNA	NC_049713.1	12308566	STM	c.3174C>G	p.Asp1058Glu
Similar à papilina	NC_049730.1	11598653	STM	c.5701_5702delAGinsTA	p.Ser1901Tyr
Similar à proteína 6 derivada do elemento transponível Tigger	NC_049710.1	5665755	STF	c.547_548insCCTTCTCGTC	p.Val183fs
Similar à proteína 81 contendo repetições WD	NC_049715.1	3680273	STM, STF	c.4758_4763delCCGCGAinsCCGG	p.Glu1588fs
Similar à redutase de aldo-cetona AKR2E4	NC_049737.1	9518158	STM	c.580_581delGCinsAG	p.Ala194Ser
Similar à antiqumotripsina-1	NC_049717.1	14505908	STM	c.918_921delTCGGinsACGA	p.Phe306Leu
Similar à antiqumotripsina-1, isoforma X4	NC_049717.1	14995908	STM	c.976C>A	p.Gln326Lys
Similar à proteína cuticular 7	NC_049712.1	12670496	STM	c.10T>A	p.Tyr4Asn
Similar ao citocromo P450 4c21	NC_049723.1	6519653	STM	c.657_659delTAGinsAAC	p.AsnSer219Lys Thr
Similar à mucina-22, isoforma X24	NC_049737.1	9103433	STM	c.3457_3459delGACinsAAT	p.Asp1153Asn
Similar à mucina-2, isoforma X1	NC_049719.1	13466904	STM	c.3988A>G	p.Thr1330Ala
Similar à mucina-2, isoforma X1	NC_049719.1	13466929	STM	c.3960_3963delGGAGinsAGAC	p.Glu1321Asp
Similar à peroxidase	NC_049712.1	18652506	STM	c.1287_1288delTGinsCA	p.Ala430Thr
Similar à proteína de ligação a poliadenilato 4	NC_049719.1	14928214	STM	c.404G>A	p.Cys135Tyr
Similar à proteína de ligação a poliadenilato 4	NC_049719.1	14928490	STM	c.128G>A	p.Gly43Glu
Similar à ariadne-2, potencial ubiquitina-proteína ligase E3, isoforma X1	NC_049711.1	9162102	STM, STS	c.1458delA	p.Ter486fs
Similar à pro-resilina	NC_049716.1	13394634	STM	c.477_481delTGGCGinsAGGCA	p.Gly161Arg
Similar à pro-resilina	NC_049716.1	13395026	STM	c.89G>A	p.Gly30Asp
Provável 1-fosfoinositol 3-fosfato 5-quinase	NC_049726.1	2471917	STM	c.1192_1195delGCCinsTCCA	p.Ala398Ser
Similar à oxidoredutase sacaropina desidrogenase	NC_049722.1	13119229	STM	c.390G>C	p.Glu130Asp
Similar à SCO-spondina	NC_049712.1	7156846	STM	c.916C>A	p.Gln306Lys
Similar à serina protease de cobra	NC_049735.1	10689291	STM	c.106_108delTTTinsGTC	p.Phe36Val
Similar à proteína de superfície de esporozoítos 2	NW_023337150.1	59598	STM	c.578C>A	p.Pro193His
Similar à subunidade 4 do complexo THO	NC_049719.1	14952432	STM	c.567_568delTTinsCA	p.Ser190Thr
Similar à subunidade 4 do complexo THO	NC_049719.1	14952483	STM	c.517A>T	p.Thr173Ser
Similar à subunidade 4 do complexo THO	NC_049719.1	14952498	STM	c.502G>A	p.Ala168Thr

(continuação)

Similar à titina	NC_049728.1	729014	STM	c.16292_16296delTCGATinsCCGAA	p.ValAsp5431AlaGlu
Similar à titina	NC_049728.1	729089	STM	c.16221C>A	p.Asp5407Glu
Similar à miosina-Va não convencional	NC_049737.1	2529803	STM	c.4720C>T	p.Leu1574Phe
Similar à proteína contendo repetições WD 3	NC_049717.1	8038435	STM	c.908G>T	p.Gly303Val
Similar à zonadesina	NC_049712.1	7194848	STM	c.326T>A	p.Phe109Tyr
Similar ao citocromo P450 4C1	NC_049723.1	6519416	UG	c.-12787T>A	–
Similar ao citocromo P450 4C1	NC_049723.1	7343526	UG	c.-162C>A	–
Similar ao citocromo P450 4C1	NC_049723.1	7343532	UG	c.-168A>G	–
Similar ao citocromo P450 4C1	NC_049723.1	7389652	UG	c.-6613A>G	–
Similar ao citocromo P450 4C1	NC_049723.1	7598544	UG	c.-1163A>G	–
Similar ao citocromo P450 4C1	NC_049723.1	7598549	UG	c.-1171_-1168delGTCAinsGAATCG	–
Similar ao citocromo P450 4C1	NC_049728.1	1446917	UG	c.-9246A>G	–
Similar ao citocromo P450 4C1	NC_049728.1	1448603	UG	c.-10932T>C	–
Similar ao citocromo P450 4C1	NC_049729.1	7106345	DG	c.*11702_*11703delCAinsTC	–
Similar ao citocromo P450 4c21	NC_049723.1	358955	UG	c.-11274_-11268delAGACGTT	–
Similar ao citocromo P450 4c21	NC_049723.1	358970	UG	c.-11259_-11257delTGA	–
Similar ao citocromo P450 4c21	NC_049723.1	358979	UG	c.-11252G>C	–
Similar ao citocromo P450 4c21	NC_049723.1	358997	UG	c.-11234_-11232delACGinsGCT	–
Similar ao citocromo P450 4d2	NC_049714.1	6759383	UG	c.-13896T>C	–
Similar ao citocromo P450 4d2	NC_049714.1	6761544	UG	c.-11735T>A	–
Similar ao citocromo P450 4V2	NC_049712.1	4390611	UG	c.-844_-841delAAATinsGAAG	–
Similar ao citocromo P450 4V2, isoforma X2	NC_049723.1	155328	UG	c.-4112T>C	–
Similar ao citocromo P450 6B2	NC_049726.1	9980949	UG	c.-6041G>A	–
Similar ao citocromo P450 6B4	NC_049729.1	12836978	DG	c.*3506G>A	–
Similar ao citocromo P450 6B4	NC_049729.1	12840342	DG	c.*6872A>G	–
Similar ao citocromo P450 6B5	NC_049713.1	12198737	DG	c.*4509G>T	–
Similar ao citocromo P450 6B5	NC_049713.1	12198745	DG	c.*4517G>A	–
Similar ao citocromo P450 6B5	NC_049713.1	12198772	DG	c.*4544A>G	–
Similar ao citocromo P450 6B5	NC_049713.1	12200774	DG	c.*6548_*6555delACAACGTA	–
Similar ao citocromo P450 6B6	NC_049712.1	6393606	UG	c.-1128G>T	–
Similar ao citocromo P450 6B6	NC_049728.1	4517860	UG	c.-1797T>C	–
Similar ao citocromo P450 6B7	NC_049737.1	10152045	UG	c.-7027_-7024delCGTAinsTGTT	–

(continuação)

Similar ao citocromo P450 6k1	NC_049713.1	12282821	UG	c.-3029T>A	–
Similar ao citocromo P450 6k1	NC_049713.1	12282828	UG	c.-3022T>G	–
Similar ao citocromo P450 6k1	NC_049713.1	12282834	UG	c.-3016A>G	–
Similar ao citocromo P450 6l1	NC_049713.1	310085	UG	c.-12237T>A	–
Similar ao citocromo P450 6l1	NC_049713.1	311792	UG	c.-10530_-10528delACCinsTCT	–
Similar ao citocromo P450 6l1	NC_049713.1	311806	UG	c.-10516_-10514delAAAinsGAG	–
Similar ao citocromo P450 6l1	NC_049713.1	311815	UG	c.-10507C>A	–
Similar ao citocromo P450 6l1	NC_049713.1	603515	UG	c.-13453G>A	–
Similar ao citocromo P450 9e2	NC_049715.1	17550425	UG	c.-7803G>T	–
Similar ao citocromo P450 9e2	NC_049715.1	17550452	UG	c.-7776G>A	–
Similar ao citocromo P450 9e2, isoforma X1	NC_049715.1	17509841	UG	c.-3823_-3820delATGCinsTTGA	–
Similar ao citocromo P450 9e2, isoforma X1	NC_049715.1	17509853	UG	c.-3832A>T	–
Similar à esterase B1	NC_049731.1	886355	UG	c.-7207C>T	–
Similar à esterase B1	NC_049731.1	886398	UG	c.-7164G>A	–
Similar à esterase B1	NC_049731.1	886641	UG	c.-6921_-6920delGGinsTT	–
Similar à esterase E4	NC_049717.1	15947951	UG	c.-5409_-5405delGGAAAinsAGAAG	–
Similar à esterase E4	NC_049717.1	15947965	UG	c.-5395C>T	–
Similar à esterase FE4	NC_049726.1	9684881	UG	c.-675_-674delCAinsTAAG	–
Similar à esterase FE4	NC_049730.1	694933	DG	c.*5398C>T	–
Similar à esterase FE4	NC_049731.1	1563002	UG	c.-1470_-1469delCGinsAA	–
Similar à esterase FE4, isoforma X1	NC_049713.1	14937883	UG	c.-5464T>G	–
Similar à esterase FE4, isoforma X1	NC_049713.1	14938000	UG	c.-5347A>T	–
Similar à esterase FE4, isoforma X1	NC_049713.1	14938007	UG	c.-5340A>T	–
Similar à esterase FE4, isoforma X1	NC_049713.1	14938012	UG	c.-5335T>A	–
Similar à esterase FE4, isoforma X1	NC_049713.1	14938020	UG	c.-5327_-5324delCGGTinsTGGC	–
Similar à esterase FE4, isoforma X1	NC_049713.1	14938184	UG	c.-5163A>G	–
Similar à esterase FE4, isoforma X1	NC_049731.1	884083	UG	c.-2167_-2164delACCT	–
Similar à esterase FE4, isoforma X2	NC_049712.1	18002747	UG	c.-13127T>A	–
Similar à esterase FE4, isoforma X3	NC_049713.1	14938477	5UTR	c.-4C>A	–
Similar à esterase FE4, isoforma X3	NC_049713.1	14938515	5UTR	c.-42C>T	–
Similar à esterase FE4, isoforma X3	NC_049713.1	14938682	UG	c.-209T>A	–
Similar à esterase FE4, isoforma X3	NC_049713.1	14943452	UG	c.-4983_-4979delTACGTinsCACGC	–
Similar à glutationa S-transferase 1	NC_049723.1	8264443	3UTR	c.*94G>T	–

(continuação)

Similar à glutationa S-transferase 1	NC_049723.1	8264448	3UTR	c.*89A>G	–
Similar à glutationa S-transferase 1	NC_049723.1	8264456	3UTR	c.*81C>T	–
Similar à UDP-glucuronosiltransferase 2B10	NC_049721.1	5231525	UG	c.-8320_-8317delAACTinsCAT	–
Similar à UDP-glucuronosiltransferase 2B10	NC_049721.1	5231530	UG	c.-8315G>T	–
Similar à UDP-glucuronosiltransferase 2B10	NC_049721.1	5231536	UG	c.-8309_-8307delCTGinsTTT	–
Similar à UDP-glucuronosiltransferase 2C1	NC_049719.1	14172303	UG	c.-4967T>C	–
Similar à UDP-glucuronosiltransferase 2C1	NC_049719.1	14188637	UG	c.-21301C>A	–
Similar à UDP-glucuronosiltransferase 2C1	NC_049719.1	14742825	UG	c.-2996_-2995delCAinsGG	–
Similar à UDP-glucuronosiltransferase 2C1	NC_049719.1	14742836	UG	c.-3006T>A	–
Similar ao transportador ABC membro 20 da família G	NC_049723.1	13430274	UG	c.-88740T>A	–
Similar ao transportador ABC membro 20 da família G	NC_049723.1	13430283	UG	c.-88731_-88729delGACinsAAT	–
Similar ao transportador ABC membro 20 da família G	NC_049723.1	14355547	UG	c.-103041C>T	–
Similar ao transportador ABC membro 23 da família G	NC_049723.1	13531337	UG	c.-60716_-60715delTCinsCGTG	–
Similar à quitina sintase CHS2, isoforma X2	NC_049727.1	9111804	DG	c.*3685G>A	–
Similar à quitina sintase CHS2, isoforma X2	NC_049727.1	9111823	DG	c.*3704_*3705delATinsGC	–
Similar à quitina sintase CHS2, isoforma X3	NC_049727.1	9140644	DG	c.*1782T>C	–
Similar à quitina sintase CHS2, isoforma X3	NC_049727.1	9140652	DG	c.*1790C>T	–
Similar à quitina sintase CHS2, isoforma X3	NC_049727.1	9140655	DG	c.*1793A>G	–
Similar à proteína cuticular 18.6	NC_049728.1	13720040	UG	c.-939T>C	–
Similar à proteína cuticular 19	NC_049717.1	15811012	DG	c.*3167C>T	–
Similar à proteína cuticular 19	NC_049717.1	15811021	DG	c.*3176_*3177delGAinsAT	–
Similar à proteína cuticular 19	NC_049717.1	15811025	DG	c.*3180_*3190delGAGAAAAAAATinsA AGAAGAAAT	–
Similar à proteína cuticular 1	NC_049737.1	2746191	UG	c.-2448T>C	–
Similar à proteína cuticular 3	NC_049717.1	11882241	UG	c.-9588A>G	–
Similar à proteína cuticular 3	NC_049717.1	13593513	UG	c.-3111A>G	–
Similar à proteína cuticular 3, isoforma X2	NC_049717.1	11769926	UG	c.-3846T>C	–
Similar à proteína cuticular 3, isoforma X2	NC_049717.1	11770129	UG	c.-3643T>C	–
Similar à proteína cuticular 3, isoforma X2	NC_049717.1	11770135	UG	c.-3637A>G	–
Similar à proteína cuticular 8, isoforma X1	NC_049712.1	6641320	UG	c.-3405C>T	–
Similar à proteína cuticular 8, isoforma X1	NC_049712.1	6641327	UG	c.-3412A>G	–
Similar à proteína cuticular 8, isoforma X1	NC_049712.1	4771016	UG	c.-1715T>A	–
Similar à proteína estrutural da glicoproteína SgAbd-3	NC_049717.1	11983624	DG	c.*11249A>T	–

(continuação)

Similar à proteína cuticular larval 1	NC_049712.1	9696141	UG	c.-3327_- 3314delTGCTGGGGCTCTGGinsTCT GC	–
Similar à proteína cuticular larval A2B	NC_049727.1	4448137	UG	c.-5139T>C	–
Similar à proteína cuticular larval A2B	NC_049727.1	4637826	UG	c.-4703C>A	–
Similar à proteína cuticular larval F1	NC_049719.1	13201514	UG	c.-7076A>G	–
Similar à proteína cuticular larval F1	NC_049719.1	13201520	UG	c.-7070C>G	–
Similar à proteína cuticular larval F1	NC_049719.1	13201529	UG	c.-7061G>A	–
Similar à proteína cuticular larval LCP-22	NC_049712.1	9805518	UG	c.-4444_-4442delATAinsGTG c.-4436_- 4431delGTTTCGAinsAGGGCGC	–
Similar à proteína cuticular larval LCP-22	NC_049712.1	9805525	UG	c.-4334T>C	–
Similar à proteína cuticular larval LCP-22	NC_049712.1	9805628	UG	c.-4334T>C	–
Similar à proteína cuticular pupal 36a, isoforma X2	NC_049717.1	13446521	UG	c.-2337A>G	–
Similar à proteína cuticular pupal PCP52	NC_049737.1	2764727	UG	c.-3437_-3435delGTGinsAGT	–
Similar à proteína cuticular pupal PCP52	NC_049737.1	3208073	UG	c.-7491C>T	–

(conclusão)

*STM = variante de sentido trocado *missense*; STF = variante de sentido trocado *frameshift*; STS= variante de sentido trocado *stop lost*; UG = variante *upstream gene*; DG = variante *downstream gene*; 5UTR = região 5' não traduzida; 3UTR = região 3' não traduzida.

Apêndice C. Pré-processamento dos dados de RNAseq de *S. frugiperda*.

Amostras	Leituras brutas (n° sequências)*	Leituras filtradas (n° sequências)	Proporção GC (%)	Total mapeado (n° sequências)	Razão de mapeamento (%)
Sf-ss 1	20.079.571	19.537.692	45	16.459.535	84,25
Sf-ss 2	18.879.975	18.290.122	46	15.827.740	86,54
Sf-ss 3	17.549.877	17.040.029	45	15.407.386	90,42
Sf-ss 4	19.764.274	19.273.147	46	16.359.966	84,88
Tef-sel 1	20.443.873	19.793.441	46	16.583.972	83,79
Tef-sel 2	17.005.248	16.223.296	50	14.639.846	90,24
Tef-sel 3	16.956.730	16.289.218	46	15.041.715	92,34
Tef-sel 4	18.150.774	17.432.334	46	15.651.821	89,79
Tef-unsel1	17.475.601	16.777.824	47	13.983.237	83,34
Tef-unsel2	15.916.760	15.282.528	47	13.404.845	87,71
Tef-unsel3	16.803.434	16.094.743	47	13.749.959	85,43
Tef-unsel4	17.917.656	17.207.647	46	14.276.060	82,96

*Leituras *paired-end*

Apêndice D. Genes diferencialmente expressos anotados entre os tratamentos Sf-ss e Tef-unsel de *S. frugiperda*.

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
5	Homólogo do transportador de trealose facilitado Tret1-2	2,48	< 0,05
28	Similar à luciferina 4-monoxigenase	-5,49	< 0,05
54	Proteína de baixa qualidade: provável ligase 1 de 4-cumarato-coa	-2,54	< 0,05
92	Similar à hemocitina	-2,17	< 0,05
100	Similar ao membro da família do domínio HIG1 1A, mitocondrial	-2,10	< 0,05
106	Proteína de baixa qualidade: similar ao precursor da hidrolase de ácidos graxos acil-coa, cadeia média, parcial	-4,48	< 0,05
108	Similar à desidrogenase de retinol 12	-3,09	< 0,05
119	Similar à proteína de parede celular DAN4	9,61	< 0,05
143	Similar à redutase de ácidos graxos acil-coa wat	9,76	< 0,05
187	Similar à subunidade alfa do complexo associado ao polipeptídeo nascente, forma específica do músculo	2,93	< 0,05
195	Similar à proteína rica em glicina DOT1	-3,17	< 0,05
223	Similar à proteína de parede celular DAN4	7,97	< 0,05
232	Similar ao membro 4 da família de transportadores de soluto 12	2,78	< 0,05
249	Homólogo do fator de transcrição SPT20	7,11	< 0,05
250	Similar à colina O-acetiltransferase	3,52	< 0,05
252	Similar à enzima pró-coagulante	4,57	< 0,05
270	Similar à galactocinase	-2,97	< 0,05
285	Similar às proteínas de ligação de cálcio sarcoplásmicas I, III e IV	-3,22	< 0,05
289	Similar à proteína associada à queratina 6-2	3,33	< 0,05
306	Similar ao icor	10,32	< 0,05
322	Similar ao membro 6 do transportador de glicose facilitado da família 2	-3,52	< 0,05
331	Similar à proteína de resistência nasal para fluoxetina 6	4,17	< 0,05
364	Similar à proteína contendo o domínio EF-hand 1	4,44	< 0,05
365	Similar à proteína homeobox <i>Mobawk</i>	2,45	< 0,05
367	Similar à UDP-glicuronosiltransferase 2B15	-4,11	< 0,05
374	Similar ao alérgeno Tha p 1, isoforma X1	3,66	< 0,05
396	Similar à N-acetilgalactosamina cinase	2,04	< 0,05
405	Similar à proteína obstrutora-E	2,57	< 0,05
414	Similar à isomerase de glucose-6-fosfato	-2,24	< 0,05
430	Similar à dipeptidil peptidase 4 venenoso, isoforma X1	2,45	< 0,05
432	Similar à proteína contendo o domínio somatomedina-B e trombospondina tipo-1	3,45	< 0,05
443	Similar à adesina rica em serina para plaquetas	2,47	< 0,05
445	Similar à clavesina-1	2,08	< 0,05
460	Similar à proteína de resistência nasal para fluoxetina 6	-5,79	< 0,05
469	Similar ao citocromo P450 6j1	3,71	< 0,05
477	Similar ao receptor nuclear específico para fotorreceptor	4,72	< 0,05
480	Similar ao polipeptídeo médio de neurofilamento	3,07	< 0,05
507	Similar à espinha, isoforma X1	6,01	< 0,05
518	Similar à proteína rica em prolina, ácido glutâmico e leucina 1	2,34	< 0,05
567	Similar à proteína cuticular	8,12	< 0,05

(continua)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
574	Similar à proteína de ligação a RNA 33	13,28	< 0,05
575	Similar à espidroína-2	6,57	< 0,05
577	Similar ao transportador do tipo facilitador principal sort	2,59	< 0,05
580	Similar à proteína de resistência nasal para fluoxetina 6	3,38	< 0,05
589	Similar à titina	5,09	< 0,05
595	Similar à desidrogenase de glicose [FAD, quinona]	6,34	< 0,05
651	Similar à proteína cuticular 16,5	5,42	< 0,05
677	Similar à lactosilceramida 4-alfa-galactosiltransferase	5,29	< 0,05
687	Similar à esfingomielina fosfodiesterase, isoforma X2	2,77	< 0,05
691	Similar à proteína contendo o domínio de citocromo b5 1	4,95	< 0,05
692	Proteína de baixa qualidade: proteína controlada pelo relógio circadiano <i>daywake</i>	6,18	< 0,05
699	Proteína de baixa qualidade: similar ao receptor de histamina H2	2,98	< 0,05
704	Provável mediador da subunidade 29 da transcrição da RNA polimerase II, isoforma X1	5,15	< 0,05
709	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1	2,35	< 0,05
712	Similar à proteína biossintética trifuncional de purina adenosina-3 isoforma X1	-2,12	< 0,05
734	Similar à proteína cuticular 8	5,48	< 0,05
737	Similar à proteína de elongação de ácidos graxos de cadeia muito longa 7, isoforma X1	5,49	< 0,05
748	Similar à proteína de montagem da linha M do músculo unc-89	4,31	< 0,05
758	Similar à proteína cuticular	8,36	< 0,05
762	Similar à peroxidase	-4,17	< 0,05
767	Similar à proteína rica em histidina e glicoproteína	6,41	< 0,05
786	Similar à UDP-glicuronosiltransferase 2B19	-2,17	< 0,05
810	Similar à proteína branca, isoforma X2	-3,04	< 0,05
823	Similar à subunidade 1 do receptor tipo B de ácido gama-aminobutírico, isoforma X1	2,36	< 0,05
840	Proteína contendo o domínio C3 e PZP-like alpha-2-macroglobulin 8	2,06	< 0,05
848	Similar à proteína de ligação a ommocromo, isoforma X1	-2,67	< 0,05
857	Similar à neocalmodulina, isoforma X3	-2,69	< 0,05
877	Similar à citoglobina-1, isoforma X3	-3,12	< 0,05
882	Similar à helicase de RNA dependente de ATP glh-1	6,36	< 0,05
901	Similar ao transportador de monocarboxilato 3	-2,11	< 0,05
918	Similar à oxidoreductase não caracterizada TM_0325	-2,07	< 0,05
927	Similar à proteína homeobox Hox-A1	2,47	< 0,05
938	Similar à proteína chaoptin, isoforma X1	2,02	< 0,05
964	Similar à lipase membro H-B	4,32	< 0,05
969	Similar à alfa-manosidase 2	-2,51	< 0,05
986	Similar à aminometiltransferase mitocondrial	-2,52	< 0,05
987	Similar à melanotransferrina	-2,75	< 0,05
1002	Similar à fosfatase de tirosina proteína cdc-14 isoforma X1	4,26	< 0,05
1003	Similar à N-acetilneuramato liase isoforma X2	-5,31	< 0,05
1010	Similar à carboxipeptidase B	5,18	< 0,05
1029	Homólogo similar à bombyxina A-1	2,05	< 0,05
1038	Similar à proteína extensina rica em leucina específica de pólen 4	10,59	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
1051	Similar à proteína cuticular 16.5	9,04	< 0,05
1052	Similar à proteína rica em histidina ligadora de cálcio do retículo sarcoplasmático	7,85	< 0,05
1064	Similar à luciferina 4-monooxigenase	-4,78	< 0,05
1072	Similar à proteína de reconhecimento de peptidoglicano 2 isoforma X1	3,04	< 0,05
1075	Similar à proteína cuticular 8 isoforma X1	8,12	< 0,05
1084	Similar à proteína relacionada a LA 6	5,36	< 0,05
1104	Similar à proteína de flocculação FLO11 isoforma X1	3,28	< 0,05
1111	Similar à proteína estrutural de parede celular rica em glicina	2,51	< 0,05
1114	Similar à proteína de glicoproteção de estruturação de gelo	5,94	< 0,05
1124	Similar à proteína de reconhecimento de peptidoglicano SC2 isoforma X5	2,56	< 0,05
1138	Similar à mucina-22 isoforma X1	-2,08	< 0,05
1147	Similar à esterase de hormônio juvenil	-4,47	< 0,05
1158	Similar à redutase de 3-hidroxi-3-metilglutaril-coenzima A	2,39	< 0,05
1181	Similar à peroxidase de heme 2 de baixa qualidade	2,54	< 0,05
1183	Similar à tripsina alcalina C	4,31	< 0,05
1192	Similar à desidrogenase de glicose [FAD, quinona]	3,40	< 0,05
1207	homólogo ao fator de transcrição SPT20	7,21	< 0,05
1231	Similar à proteína rica em cisteína associada a mitocôndrias de espermatozoides isoforma X2	3,96	< 0,05
1240	Homólogo à proteína 3 de resistência antiestrogênio do câncer de mama	2,22	< 0,05
1245	Similar à protease serina modular	-4,01	< 0,05
1261	Similar à proteína derivada do elemento transponível piggybac 3	-2,69	< 0,05
1287	Homólogo ao componente B" do fator de transcrição TFIIB, isoforma X1	-2,35	< 0,05
1289	Similar à proteína derivada do elemento transponível piggybac 4	-2,51	< 0,05
1296	Homólogo ao receptor de hormônio 4 isoforma X4	8,42	< 0,05
1328	Provável nucleosidase de uridina isoforma X1	2,01	< 0,05
1331	Similar à redutase de ácidos graxos de coa putativo CG5065	2,28	< 0,05
1342	Similar à enzima conversora de angiotensina	2,35	< 0,05
1356	Similar à proteína contendo domínios MATH e LRR PFE0570w	5,15	< 0,05
1367	Similar à proteína contendo domínio abhidrolase não caracterizada	10,28	< 0,05
1377	DDB_G0269086 isoforma X3		
1377	Similar à carboxipeptidase A 1 de zinco	2,20	< 0,05
1478	Similar à proteína estrutural de parede celular rica em glicina	6,51	< 0,05
1484	Similar ao fator de iniciação da tradução IF-2 isoforma X1	5,64	< 0,05
1485	Similar à proteína relacionada a lipase pancreática 2	4,72	< 0,05
1491	Similar à glutational S-transferase 1 de baixa qualidade	-4,39	< 0,05
1498	Similar à lipase membro H-A isoforma X1	4,92	< 0,05
1508	Similar à proteína de membrana peroxissomal PEX16	2,05	< 0,05
1525	Similar à sintase de óxido nítrico	-2,51	< 0,05
1552	Similar à proteína transmembrana 216	2,79	< 0,05
1562	Similar à proteína <i>Yellow</i>	3,68	< 0,05
1563	Similar à proteína granzima 1	-3,19	< 0,05
1568	Similar à fosfatase ácida prostática	-2,79	< 0,05
1580	Similar à proteína de susceptibilidade ao câncer de mama tipo 2	-2,59	< 0,05
1591	Similar à proteína <i>Yellow</i> isoforma X1	5,04	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
1620	Similar à proteína rica em glicina, alanina e asparagina	4,61	< 0,05
1630	Similar à proteína do tipo dedo de zinco MYM 1	3,23	< 0,05
1641	Similar ao citocromo P450 4C1	-4,56	< 0,05
1645	Similar à proteína relacionada à MD-2 que reconhece lipídios	2,01	< 0,05
1665	Similar à proteína relacionada a lipase pancreática 3 isoforma X1	4,41	< 0,05
1678	Similar à fosfolipase A1	3,45	< 0,05
1687	Similar à proteína da zona de gravidez	2,36	< 0,05
1700	Provável transportador svop-1	-3,72	< 0,05
1710	Similar à anidrase carbônica 7	-2,87	< 0,05
1718	Similar à proteína relacionada à vesícula sináptica 2 isoforma X1	-5,01	< 0,05
1733	Similar à desidrogenase	-3,62	< 0,05
1734	Similar à neurexina-4 de baixa qualidade	-2,08	< 0,05
1766	Similar à mucina-5AC	2,96	< 0,05
1777	Similar à proteína semelhante a O-acyltransferase	3,71	< 0,05
1803	Similar à mono-ADP-ribosiltransferase de proteína PARP16	-7,14	< 0,05
1815	Similar à protease de serina transmembrana 9	6,21	< 0,05
1817	Similar à carboxipeptidase B	2,18	< 0,05
1847	Similar à cotransportador de sódio/nucleosídeo 2 isoforma X1	2,88	< 0,05
1861	Similar ao receptor de polipeptídeo intestinal vasoativo 2	-2,84	< 0,05
1863	Similar à proteína <i>Yellow</i>	4,63	< 0,05
1875	Similar à desidrogenase de glicose [FAD, quinona]	6,42	< 0,05
1892	Similar à proteína homóloga 2 de ligação a reticulócitos a	2,33	< 0,05
1910	Similar à proteína homóloga 49 de resistência a múltiplas drogas	2,62	< 0,05
1923	Similar à tirosina 3-monooxigenase	2,94	< 0,05
1941	Similar à subunidade 3 do complexo integrador homólogo	4,53	< 0,05
1946	Similar à provável citocromo P450 301a1, mitocondrial	7,01	< 0,05
1956	Similar ao citocromo P450 6B6	-5,54	< 0,05
1971	Similar à proteína semelhante a inativa hidroxisteroide desidrogenase 1	2,08	< 0,05
1992	Similar à proteína semelhante a enzima pró-coagulante isoforma X1	6,28	< 0,05
1998	Similar à proteína cuticular larval LCP-17	-3,87	< 0,05
2031	Similar à aciltransferase beta de 1-acil-sn-glicerol-3-fosfato	-3,24	< 0,05
2035	Similar à proteína cuticular 3	8,96	< 0,05
2073	Receptor acoplado à proteína G provável semelhante a Mth 1	2,07	< 0,05
2074	Similar à proteína da subfamília G do transportador ABC de ligação de ATP 1	3,31	< 0,05
2090	Similar à subunidade 11 do fator de iniciação da transcrição TFIID isoforma X1	-2,21	< 0,05
2102	Similar à proteína cuticular 19	5,22	< 0,05
2128	Similar à desidrogenase de farnesol	-3,95	< 0,05
2148	Similar à ligase 4-cumarato-coa 5	2,92	< 0,05
2152	Similar à proteína de ligação de ommocromo isoforma X1	-2,80	< 0,05
2177	Similar à proteína semelhante a sprint isoforma X1	2,08	< 0,05
2182	Similar à neuroligin-4, semelhante a X, isoforma X3	2,20	< 0,05
2193	Similar à triocinase/FMN ciclase	-5,77	< 0,05
2201	Similar ao transportador de aminoácidos catiônicos 2, isoforma X1	2,16	< 0,05
2243	Similar à proteína contendo repetições WD 78	-2,18	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
2247	Similar à proteína zonadesina	4,11	< 0,05
2248	Similar à proteína de ligação a odorantes 59a	-4,42	< 0,05
2274	Similar à subunidade 1 da sintase de difosfato de decaprenil	2,62	< 0,05
2288	Similar à proteína rica em histidina e glicoproteína	11,21	< 0,05
2292	Similar à glicoproteína estrutural da endocutícula ABD-4	4,50	< 0,05
2293	Similar à proteína da família de redutase aldo-ceto 1 membro B1	-6,22	< 0,05
2297	Similar à proteína controlada pelo relógio circadiano daywake	-4,92	< 0,05
2301	Similar à fosfolipase B1, associada à membrana	6,50	< 0,05
2303	Similar à proteína homóloga 18 de fidelidade na transmissão cromossômica	-2,00	< 0,05
2310	Similar à proteína gelsolina	-2,08	< 0,05
2323	Similar à proteína enzima pró-coagulante isoforma X1	5,57	< 0,05
2324	Similar à proteína de resistência nasal para fluoxetina 6	6,95	< 0,05
2325	Similar à proteína transferência de alfa-tocoferol isoforma X2	4,81	< 0,05
2331	Similar à proteína krueppel isoforma X1	2,03	< 0,05
2337	Similar à proteína central da proteoglicana de heparan sulfato específica da membrana basal isoforma X1	4,30	< 0,05
2355	Similar à esterase do hormônio juvenil	3,44	< 0,05
2362	Proteína de baixa qualidade: similar à desidrogenase de glicose [FAD, quinona]	2,50	< 0,05
2363	Similar à tautomerase L-dopacromo amarelo-f2	2,93	< 0,05
2389	Proteína de baixa qualidade: similar à proteína contactina	-2,31	< 0,05
2398	Isoforma X2 do provável receptor nuclear de hormônio HR38	2,12	< 0,05
2401	Isoforma X1 da proteína neuralizada	2,96	< 0,05
2420	Similar à proteína estabilizadora de interação de MAPK e fuso	4,01	< 0,05
2445	Similar à proteína de ligação a GTP REM 1	5,30	< 0,05
2446	Similar à proteína myb F isoforma X1	7,54	< 0,05
2454	Similar à proteína semelhante a estromelisina-3 isoforma X1	2,00	< 0,05
2466	Similar à tripsina alcalina B	5,24	< 0,05
2498	Similar à aminotransferase de serina-piruvato, mitocondrial	3,90	< 0,05
2501	Similar ao receptor de polipeptídeo intestinal vasoativo 2	-2,27	< 0,05
2525	Similar à provável sintase de cisteína inativa 2	-2,57	< 0,05
2569	Similar ao homólogo da proteína 72 associada à ordenação de proteínas vacuolares	-2,06	< 0,05
2572	Similar à glutational S-transferase 1	-5,07	< 0,05
2602	Similar à proteína vasorina isoforma X1	6,66	< 0,05
2609	Similar à proteína fosfatase de dupla especificidade MPK-4	-2,25	< 0,05
2634	Similar à lipase de triacilglicerol pancreática isoforma X1	3,08	< 0,05
2637	Similar à proteína da família 4 de domínio lectina C tipo E	4,23	< 0,05
2640	Similar à sintase de C-1-tetrahidrofolato, citoplasmática isoforma X2	-3,42	< 0,05
2642	Similar à proteína derivada do elemento transponível piggybac 3	-4,13	< 0,05
2648	Similar ao fator de transcrição AP-2-epsilon isoforma X2	2,03	< 0,05
2671	Similar à proteína de ligação a retinaldeído 1	3,03	< 0,05
2675	Similar à cadeia beta da provável carboxilase de metilcrotonoil-coa, mitocondrial	-2,05	< 0,05
2692	Similar à glutational S-transferase 1, isoforma X1	-2,33	< 0,05
2698	Similar à desidrogenase de glicose [FAD, quinona]	7,97	< 0,05
2708	Similar à innexina semelhante a inx7	3,26	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
2716	Similar à proteína homóloga à fenda 3	-2,04	< 0,05
2733	Similar ao citocromo P450 4d2	-3,46	< 0,05
2736	Similar à proteína homeobox Nkx-2.2	2,25	< 0,05
2797	Similar à proteína rica em histidina e glicoproteína	10,63	< 0,05
2800	Similar à proteína rica em histidina e glicoproteína	10,81	< 0,05
2828	Similar ao receptor de neuropeptídeo sifamida	4,20	< 0,05
2831	Similar à redutase fabg de 3-oxoacil-[proteína carregadora de acila]	-2,58	< 0,05
2846	Similar à proteína relacionada a T	2,65	< 0,05
2870	Similar à proteína contendo o domínio HORMA 1	2,80	< 0,05
2871	Similar à glicoproteína estrutural da endocutícula sgabd-8	7,67	< 0,05
2873	Similar à proteína 25 com repetição de tetratricopeptídeo	4,72	< 0,05
2889	Similar à lacase-1, isoforma X2	5,60	< 0,05
2897	Similar ao transportador de cátions orgânicos/carnitina 7	-3,35	< 0,05
2905	Similar à proteína relacionada à ovalbumina X	-4,46	< 0,05
2916	Similar ao antígeno CD109	-2,61	< 0,05
2930	Similar ao fator 2 ativador da fenoloxidase	-2,55	< 0,05
2937	Similar à proteína estrutural da parede celular rica em glicina 1	8,85	< 0,05
2973	Similar à alfa-N-acetilgalactosaminidase, isoforma X2	2,78	< 0,05
2996	Similar à lisozima	2,90	< 0,05
3005	Similar à homogentisato 1,2-dioxigenase	-3,68	< 0,05
3017	Similar à carboxipeptidase A 1 de zinco, isoforma X1	2,45	< 0,05
3027	Similar à beta-ureidopropionase	-4,44	< 0,05
3039	Similar à proteína semelhante ao transportador de aminoácidos acoplado a prótons patético	2,91	< 0,05
3048	Similar à proteína PAN1 do complexo regulador do citoesqueleto de actina	9,74	< 0,05
3062	Similar à proteína do anel de Balbiani 3, isoforma X1	2,00	< 0,05
3064	Similar à proteína tipo dedo de zinco MYM 1	4,00	< 0,05
3109	Similar ao alérgeno Tha p 1	-4,26	< 0,05
3124	Similar à proteína cuticular específica para adultos ACP-20	6,23	< 0,05
3132	Similar à quitina deacetilase 1	2,39	< 0,05
3144	Similar à queratina tipo II citoesquelética 2 epitelial	-2,37	< 0,05
3146	Similar à proteína de alongamento de ácidos graxos de cadeia muito longa AAEL008004	-2,78	< 0,05
3149	Similar à proteína ligante CCAAT/aumentadora de enhancer	5,18	< 0,05
3152	Similar ao transportador de zinco 1	3,58	< 0,05
3157	Similar à proteína semelhante a kielin/chordin, isoforma X2	4,19	< 0,05
3177	Similar à dessaturase de estearoil-coa 5	3,39	< 0,05
3178	Similar à endoquitinase A, isoforma X1	7,24	< 0,05
3187	Similar à proteína semelhante a capon, isoforma X1	-2,61	< 0,05
3217	Similar à proteína cuticular larval LCP-22	4,01	< 0,05
3219	Similar à poli(A) polimerase tipo 3, parcial	-4,70	< 0,05
3221	Similar à quitinase provável 10	2,76	< 0,05
3223	Similar à glicoproteína estrutural da endocutícula sgabd-5	-2,40	< 0,05
3232	Similar à galectina-4	-3,11	< 0,05
3255	Similar à proteína cuticular de pupa C1B de baixa qualidade	8,29	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
3265	Similar à proteína semelhante à proteína regulada pelo gene 1 de p63 em tumor, isoforma X1	2,09	< 0,05
3266	Similar à proteína cuticular 8	9,94	< 0,05
3300	Similar ao receptor ryamida	2,94	< 0,05
3304	Similar à protease serina transmembrana 9	6,42	< 0,05
3315	Similar à provável desidrogenase de 3-hidroxiisobutirato, mitocondrial	-2,60	< 0,05
3317	Similar à proteína semelhante a spaetzle-4, isoforma X1	5,01	< 0,05
3343	Similar à proteína semelhante a yippee CG15309, isoforma X3	2,95	< 0,05
3347	Similar à sintase de fosforibosilformilglicinamida	-3,08	< 0,05
3348	Similar à tiolase de 3-cetoacil-coa, semelhante à mitocondrial	-5,21	< 0,05
3349	Similar à efrina-b2a	-2,43	< 0,05
3352	Similar à lipase endotelial provável, isoforma X1	2,88	< 0,05
3362	Isoforma X1 do provável receptor nuclear de hormônio HR3	7,39	< 0,05
3412	Similar à lipase pancreática de triacilglicerol, isoforma X1	-3,56	< 0,05
3420	Similar à proteína da matriz de placa adesiva	4,37	< 0,05
3457	Similar à aminopeptidase N, isoforma X2	-2,43	< 0,05
3459	Similar à mirosinase 1	2,84	< 0,05
3477	Similar à proteína semelhante a tripsina de baixa qualidade	3,35	< 0,05
3508	Similar à mucina-19, isoforma X2	-2,64	< 0,05
3515	Similar à tioredoxina, semelhante à mitocondrial, isoforma X1	2,06	< 0,05
3537	Similar à apolipoporfirina-3	-2,69	< 0,05
3541	Similar à queratina tipo I citoesquelética 10	9,56	< 0,05
3557	Similar à proteína semelhante a piccolo	6,44	< 0,05
3565	Similar ao citocromo P450 4V2, isoforma X1	-4,74	< 0,05
3613	Similar à desidrogenase de glicose [FAD, quinona]	3,40	< 0,05
3619	Similar à fosfatase 1 de polifosfato de inositol múltiplo	2,80	< 0,05
3633	Similar à proteína quinase de serina/treonina STE20	2,42	< 0,05
3661	Similar à sintase de ácido graxo	-2,17	< 0,05
3674	Similar à proteína semelhante a takeout	8,32	< 0,05
3680	Similar à prisilquina-39	9,64	< 0,05
3691	Similar à cadeia L da classe 3 da desidrogenase de álcool	-3,80	< 0,05
3696	Similar à liase de adenylosuccinato	-2,02	< 0,05
3710	Similar à oxidação de lathosterol, isoforma X1	-2,43	< 0,05
3718	Similar à sulfotransferase 1E1	2,62	< 0,05
3738	Similar à provável oxidase de aldeído gad-3	-4,38	< 0,05
3752	Similar à mirosinase 1	3,84	< 0,05
3759	Similar à proteína rica em histidina e glicoproteína	9,65	< 0,05
3779	Similar à proteína cuticular larval LCP-14	-4,86	< 0,05
3797	Similar à proteína controlada pelo relógio circadiano daywake	-2,55	< 0,05
3827	Similar à desidrogenase de glicose [FAD, quinona]	-3,25	< 0,05
3833	Similar à pro-resilina	9,14	< 0,05
3843	Similar à proteína cuticular rígida larval/pupal 66	-3,82	< 0,05
3844	Similar ao receptor acoplado à proteína G moody	-2,16	< 0,05
3862	Similar à proteína da vesícula sináptica glicoproteína 2C	-4,88	< 0,05
3875	Similar à provável redutase de acil-coa gordo CG5065	-3,28	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
3876	Similar ao membro 1 da superfamília de enolase mitocondrial	-2,46	< 0,05
3896	Similar à proteína de reparo de desajuste de DNA provável Msh6, isoforma X1	-2,46	< 0,05
3947	Similar à helicase provável mov-10-B.1	3,07	< 0,05
3948	Similar à proteína associada a microtúbulos futsch	2,23	< 0,05
3974	Similar à proteína cuticular larval 16/17	-3,46	< 0,05
3984	Similar à peroxidase, isoforma X1	4,74	< 0,05
3993	Similar à ceramidase neutra	4,98	< 0,05
4001	Similar à proteína receptor de adiponectina	2,13	< 0,05
4004	Similar à esterase alvo de neuropatia sws, isoforma X1	3,04	< 0,05
4012	Similar à subunidade p40 da proteína ribonuclease P	-2,70	< 0,05
4013	Similar à (2R)-3-sulfolactato desidrogenase (NADP(+))	-6,09	< 0,05
4037	Similar à proteína de resistência nasal para fluoxetina 6	3,66	< 0,05
4052	Similar à helicase provável mov-10-B.1	3,23	< 0,05
4058	Similar à UDP-glucuronosiltransferase 2B13	2,24	< 0,05
4067	Similar à 1-acil-glicerol-3-fosfato beta aciltransferase	3,31	< 0,05
4078	Similar à proteína cuticular larval 1	-2,32	< 0,05
4131	Similar à UDP-glucuronosiltransferase 2B19	-2,83	< 0,05
4137	Similar à proteína ALP1	-6,26	< 0,05
4138	Similar à tektina 3	-2,97	< 0,05
4144	Similar à redutase putativa de ácido graxo acil-coa	5,58	< 0,05
4147	Similar à proteína 3 GAS2	2,13	< 0,05
4176	Homólogo de proteína jerky	-5,54	< 0,05
4195	Similar à ceramida sintase 6	-3,33	< 0,05
4203	Similar à papilina	-3,11	< 0,05
4216	Similar ao estabilizador de microtúbulos axonemais 1	4,21	< 0,05
4228	Similar à proteína 10 contendo domínio START	4,90	< 0,05
4246	Similar à proteína generalista ligante de odorantes	-6,19	< 0,05
4265	Similar à proteína de transferência de alfa-tocoferol	3,29	< 0,05
4282	Similar à lipase 1	2,05	< 0,05
4291	Proteína de baixa qualidade: similar à acetilcolinesterase	2,45	< 0,05
4315	Provável citocromo P450 305a1 isoforma X2	3,86	< 0,05
4328	Similar à proteína contendo domínio fumarilacetoacetato hidrolase 2	-2,40	< 0,05
4352	Similar à proteína contendo domínio CUB e sushi 3 isoforma X1	6,40	< 0,05
4357	Similar à protease de mastócito 3	-3,83	< 0,05
4358	Similar à desidrogenase	-3,32	< 0,05
4360	Similar à glicoproteína endocuticular estrutural sgabd-8	7,21	< 0,05
4389	Similar à inseticianina B	-2,90	< 0,05
4396	Similar à proteína cuticular 18.6	6,98	< 0,05
4424	Possível glicerol quinase 5	2,15	< 0,05
4451	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	-7,76	< 0,05
4460	Similar à proteína de alongação de ácidos graxos de cadeia muito longa AAEL008004	-2,66	< 0,05
4465	Similar à adesina rica em serina para plaquetas	-2,44	< 0,05
4468	Similar à fosfolipase A1	3,57	< 0,05
4469	Homóloga da proteína HGH1	-6,36	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
4506	Similar à UDP-glucuronosiltransferase 1-2	-4,35	< 0,05
4515	Similar à proteína alcachofra	3,22	< 0,05
4519	Similar à delta(24)-esterol redutase	-3,10	< 0,05
4532	Similar à serina proteinase stubble	3,69	< 0,05
4536	Similar à proteína obstructor-E isoforma X1	3,17	< 0,05
4573	Similar à oxidase de indol-3-acetaldeído	-2,22	< 0,05
4617	Similar à proteína croquemort	2,64	< 0,05
4662	Similar à UDP-glucuronosiltransferase 2B15	-2,75	< 0,05
4684	Similar à helicase de RNA dependente de ATP de fator de splicing de pré-mrna PRP16	11,17	< 0,05
4710	Similar à proteína relacionada à ras Rab-18	2,21	< 0,05
4713	Similar à proteína rica em prolina 4	7,78	< 0,05
4718	Similar à proteína de hélice-alfa básica 15 classe A	2,35	< 0,05
4740	Similar à cadeia de colágeno alfa-1(I) isoforma X1	3,32	< 0,05
4746	Similar à proteína dedo de zinco 112	4,95	< 0,05
4748	Similar à subunidade beta-2 da atpase de transporte de sódio/potássio	-2,14	< 0,05
4782	Similar à proteína não caracterizada PE_PGRS10 da família PE-PGRS, isoforma X2	-10,28	< 0,05
4806	Similar à regucalcina	-2,82	< 0,05
4811	Similar à proteína rolling stone	2,48	< 0,05
4830	Similar à transportador de folato acoplado a prótons	2,22	< 0,05
4860	Similar à proteína TANC2, isoforma X3	3,22	< 0,05
4863	Similar à desidrogenase	5,43	< 0,05
4899	Similar à proteína efetora rxlr secretada 161	-7,34	< 0,05
4900	Similar à prominina-1-A, isoforma X2	-3,17	< 0,05
4909	Similar à proteína contendo ácido transformante coiled-coil 3	-2,20	< 0,05
4931	Similar à proteína spaetzle 3	2,37	< 0,05
4943	Similar à proteína cuticular pupal PCP52	-7,06	< 0,05
4951	Similar à serina protease gd, isoforma X2	-4,02	< 0,05
4973	Proteína de baixa qualidade: deacetilase N-acetilglucosamina-6-fosfatase	2,89	< 0,05
4977	Similar à papilina	-3,29	< 0,05
4979	Similar à proteína de 125 kda relacionada com gelsolina	-5,78	< 0,05
4997	Similar à gloverina	-2,51	< 0,05
5007	Similar ao citocromo P450 4c21	3,98	< 0,05
5035	Provável proteína S-aciltransferase 23	2,00	< 0,05
5038	Similar à enzima ativadora de fenoloxidase, isoforma X1	-3,68	< 0,05
5052	Similar à proteína obstrutora-E	3,36	< 0,05
5064	Similar à proteína transportadora de cáion orgânico	2,75	< 0,05
5083	Similar à proteína cuticular larval A2B	3,97	< 0,05
5084	Similar à miosina 11	2,91	< 0,05
5102	Similar à proteína antagonista da proteína semelhante à heterocromatina 1	4,35	< 0,05
5103	Similar à protocaderina-16, isoforma X6	2,06	< 0,05
5136	Similar à proteína cuticular pupal 20	7,83	< 0,05
5161	Similar à serina protease filzig	10,65	< 0,05
5166	Similar ao carreador de glutamato mitocondrial 1	4,77	< 0,05
5187	Similar à loricrina	6,39	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
5243	Similar ao transportador de monocarboxilato 12, isoforma X1	2,06	< 0,05
5248	Similar à drebrina	2,67	< 0,05
5281	Similar à alquil diidroxiacetona fosfato sintase	4,16	< 0,05
5310	Similar à U-escoloptoxina(19)-Sm1a	2,66	< 0,05
5351	Similar à proteína rolling stone, isoforma X1	3,03	< 0,05
5377	Similar à mucina-5AC, isoforma X1	2,00	< 0,05
5379	Proteína similar à cinesina CG14535, isoforma X1	2,19	< 0,05
5388	Similar à hipodermina-A	4,34	< 0,05
5394	Similar à lipase membro I	7,87	< 0,05
5404	Provável serina/treonina quinase clka, isoforma X1	-3,18	< 0,05
5445	Similar à enzima conversora de peptídeo natriurético atrial	3,65	< 0,05
5455	Similar à proteína cuticular pupal	2,45	< 0,05
5459	Similar à gelsolina	-2,50	< 0,05
5460	Similar à titina	2,08	< 0,05
5468	Similar à proteína dedo de zinco 395	3,44	< 0,05
5473	Provável citocromo P450 6a14	7,67	< 0,05
5481	Similar à Acil-coa desidrogenase mitocondrial específica para cadeia curta/ramificada	-2,21	< 0,05
5490	Similar ao fator de degradação I da RNA polimerase	7,88	< 0,05
5507	Similar à proteína homeobox ortopedia, isoforma X1	2,28	< 0,05
5513	Similar à lipase membro H	7,16	< 0,05
5514	Similar à lisoplasmalogenase	2,84	< 0,05
5541	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	-2,53	< 0,05
5587	Similar à proteína relacionada à angiopoietina 2	2,65	< 0,05
5612	Similar à proteína estrutural de parede celular rica em glicina 1	8,42	< 0,05
5621	Similar à proteína relacionada à lipase pancreática 2	6,59	< 0,05
5627	Similar à proteína redutora de dendritos do tipo 1, isoforma X3	2,27	< 0,05
5637	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	-4,18	< 0,05
5639	Similar à tripsina alcalina C	2,34	< 0,05
5648	Similar à luciferina 4-monooxigenase	-4,17	< 0,05
5660	Similar à proteína singles bar	4,99	< 0,05
5693	Similar à sintase de glicogênio [amido], isoforma X1	-3,53	< 0,05
5698	Similar ao proteoglicano 4	2,64	< 0,05
5705	Similar à mucina 2	-2,59	< 0,05
5706	Similar à proteína associada com microtúbulos de equinodermos CG42247, isoforma X1	2,74	< 0,05
5720	Homóloga à proteína 2 da síndrome de Bardet-Biedl	-4,34	< 0,05
5728	Similar à UDP-glucuronosiltransferase 2B15	-2,70	< 0,05
5734	Similar à proteína de resistência nasal a fluoxetina 6	-4,46	< 0,05
5748	Similar à proteína derivada de elemento transponível piggybac 4	2,26	< 0,05
5760	Similar à zonadesina, isoforma X1	2,74	< 0,05
5761	Similar à proteína derivada de elemento transponível piggybac 4	2,46	< 0,05
5764	Similar à transmembrana protease serina 9	2,19	< 0,05
5768	Similar ao citocromo P450 709B2	-7,85	< 0,05
5775	Proteína de baixa qualidade: similar à caderina 89D	8,42	< 0,05
5789	Similar à proteína de resistência nasal a fluoxetina 6	-2,19	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
5791	Similar à metaloprotease seminal 1	3,00	< 0,05
5815	Similar à SCO-spondina	-2,01	< 0,05
5825	Similar à arilsulfatase J	2,31	< 0,05
5828	Similar à proteína de alongamento de ácidos graxos de cadeia muito longa AAEL008004	-5,16	< 0,05
5839	Similar à antiqumotripsina 1, isoforma X1	-3,97	< 0,05
5845	Similar à hemicentina 1	-2,29	< 0,05
5846	Proteína de baixa qualidade: similar à proteína contendo domínio de arrestina 17	-2,10	< 0,05
5864	Similar à U-scopotoxina(19)-Sm1a	5,55	< 0,05
5926	Similar à carboxilesterase 5A	-2,64	< 0,05
5929	Similar à proteína de resistência nasal a fluoxetina 6	-3,37	< 0,05
5946	Similar à proteína do forkhead box I2	2,89	< 0,05
5959	Similar à triquinase/FMN ciclase	-3,41	< 0,05
6027	Similar à proteína estrutural da parede celular rica em glicina 1.8	9,06	< 0,05
6033	Similar ao triacilglicerol lipase pancreático	-3,16	< 0,05
6043	Similar à mucina 2	4,98	< 0,05
6054	Proteína de baixa qualidade: similar ao receptor de lipoproteína de baixa densidade	2,31	< 0,05
6059	Similar à histona-lisina N-metiltransferase SETMAR	-3,74	< 0,05
6068	Proteína de baixa qualidade: semelhante à vilina de codorna	2,98	< 0,05
6110	Semelhante à ceramidase	2,39	< 0,05
6115	Similar ao fator de iniciação de translação eucariótico	2,80	< 0,05
6119	Similar à fibulina 1	-2,03	< 0,05
6124	Similar à adenosina deaminase 2	4,03	< 0,05
6136	Similar à glutatona S-transferase 1	-4,29	< 0,05
6138	Similar à proteína pancreática relacionada com a lipase 2	2,40	< 0,05
6146	Similar à exonuclease de reparação de três terminações 2	3,42	< 0,05
6150	Similar à serina protease específica do cérebro 4, isoforma X1	6,18	< 0,05
6155	Similar à proteína derivada do elemento transponível piggybac 3	3,62	< 0,05
6170	Similar à alaserpina, isoforma X1	-2,10	< 0,05
6193	Similar à proteína músculo-específica 20	-2,06	< 0,05
6226	Similar ao fator de regulação de hipoxia indutível 1	5,13	< 0,05
6232	Similar à catalase	4,64	< 0,05
6236	Similar ao fator de leucemia hepático, isoforma X11	2,52	< 0,05
6259	Similar à UDP-glucuronosiltransferase 2B7	-3,27	< 0,05
6287	Similar à carbonil redutase [NADPH] 1	2,12	< 0,05
6289	Similar ao citocromo P450 4C1, isoforma X1	5,39	< 0,05
6314	Similar à mucina-17, isoforma X2	5,53	< 0,05
6342	Similar à proteína homóloga ao receptor neurogênico Notch 3, isoforma X1	-3,48	< 0,05
6347	Similar ao transportador carcinina	-4,34	< 0,05
6360	Similar à proteína membranar integral de 23kda	2,60	< 0,05
6384	Homólogo da midnolina	8,44	< 0,05
6403	Similar ao receptor scavenger classe B, isoforma X2	2,87	< 0,05
6414	Similar à endoquitinase	5,14	< 0,05
6419	Similar à gefirina	-2,04	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
6423	Possível serina protease K12H4.7	2,57	< 0,05
6433	Similar à redutase de acil-coa de ácido graxo wat, isoforma X1	-7,95	< 0,05
6434	Similar à proteína de transferência alfa-tocoferol, isoforma X1	3,69	< 0,05
6442	Similar à proteína escabrosa	2,39	< 0,05
6444	Similar à proteína homeobox OTX1, isoforma X1	2,02	< 0,05
6456	Similar à caderina 99C, isoforma X1	2,05	< 0,05
6457	Similar à proteína de alongamento de ácidos graxos de cadeia muito longa AAEL008004	2,34	< 0,05
6477	Similar à pirofosfoquinase ribose-fosfato 2	-4,95	< 0,05
6502	Similar à pequena subunidade 2 do transportador de aminoácidos grande neutro	-2,08	< 0,05
6508	Similar à chaoptina, isoforma X4	2,11	< 0,05
6524	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	5,26	< 0,05
6525	Similar ao antígeno CD109	-2,61	< 0,05
6533	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	-6,03	< 0,05
6561	Similar à exonuclease de reparação de três terminações 2	4,83	< 0,05
6585	Similar à proteína eaf 1 relacionada com a modificação de cromatina	4,84	< 0,05
6609	Proteína de baixa qualidade: similar à adenosina kinase	-2,75	< 0,05
6613	Similar ao membro 1 da família 22 de carregadores de soluto	2,19	< 0,05
6629	Similar à ninjurina 2, isoforma X3	3,27	< 0,05
6632	Similar à helicase de RNA dependente de ATP DHX30	2,26	< 0,05
6633	Similar à proteína cuticular larval A2B	14,26	< 0,05
6642	Similar ao transportador de carcinica	-4,92	< 0,05
6646	Similar à zonadesina	6,47	< 0,05
6662	Similar à proteína obstructor-E	6,04	< 0,05
6694	Similar à neplilisina 2, isoforma X3	2,73	< 0,05
6705	Similar ao citocromo P450 4d2	-4,17	< 0,05
6734	Similar ao UDP-glucuronosiltransferase 2C1	-2,52	< 0,05
6740	Provável nuclease harbl1	-3,20	< 0,05
6757	Similar ao UDP-glucuronosiltransferase 2C1	5,05	< 0,05
6786	Similar à redutase wat de ácido graxo de acil-coa	4,61	< 0,05
6805	Similar à apolipoforinas, isoforma X2	-3,27	< 0,05
6814	Similar à proteína de ligação de odorante geral 70	3,71	< 0,05
6855	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1	4,36	< 0,05
6859	Similar à proteína de matriz repetitiva de serina/arginina 1, isoforma X1	-2,00	< 0,05
6866	Similar à lipase ativada por sais biliares	-2,32	< 0,05
6896	Similar à subunidade alfa-1 da laminina	2,02	< 0,05
6904	Similar à proteína de 16kda regulada por ecdisteróides	2,62	< 0,05
6918	Similar à subunidade 2 da carboxipeptidase N	2,05	< 0,05
6941	Provável serina/treonina quinase nek3	7,18	< 0,05
6949	Similar à lisozima	-2,69	< 0,05
6962	Similar à peroxidase de córion	3,55	< 0,05
6965	Similar à proteína 7 de alongação de ácidos graxos de cadeia muito longa, isoforma X1	4,40	< 0,05
6976	Provável transportador svop-1	2,20	< 0,05
6978	Similar ao transportador de zinco 1, isoforma X2	2,57	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
6984	Proteína de baixa qualidade: similar ao receptor nuclear de hormônio FTZ-F1	3,99	< 0,05
6986	Similar à desidrogenase retinal 1	-3,55	< 0,05
6993	Similar ao tubo 2-O-sulfotransferase de sulfato de heparana	3,13	< 0,05
6998	Similar à proteína de segmentação Runt	2,05	< 0,05
7006	Similar à redutase de poliprenol	2,36	< 0,05
7008	Similar ao membro 3 da família 22 de carreadores de soluto	2,47	< 0,05
7011	Similar à proteína de repetição neuronal rica em leucina 3	2,04	< 0,05
7027	Similar à desidrogenase de retinol 11	-2,24	< 0,05
7030	Similar à proteína cuticular larval A2B	11,08	< 0,05
7034	Similar à lacase	2,09	< 0,05
7052	Similar à proteína rica em prolina 4	8,90	< 0,05
7067	Similar à proteína cuticular larval A3A	7,15	< 0,05
7079	Similar à hidratase-desidrogenase-epimerase peroxisomal	3,18	< 0,05
7086	Similar à mucina 17	2,60	< 0,05
7137	Similar à glicoproteína rica em histidina	6,00	< 0,05
7139	Similar à proteína inibidora de crescimento relacionada à ras e regulada por estrógeno	3,61	< 0,05
7152	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	3,91	< 0,05
7201	Similar à colagenase	2,17	< 0,05
7211	Similar à cadeia alfa de colágeno formadora de fibrilas	3,27	< 0,05
7217	Similar à histona-lisina N-metiltransferase, específica lisina-79 H3, isoforma X1	2,69	< 0,05
7221	Similar à pro-resilina	9,34	< 0,05
7244	Similar à proteína cuticular pupal	3,07	< 0,05
7277	Similar à glicoproteína rica em histidina	10,28	< 0,05
7283	Similar à glicoproteína rica em histidina	9,71	< 0,05
7290	Similar à proteína cuticular	5,14	< 0,05
7303	Similar à proteína cuticular	6,78	< 0,05
7306	Similar ao receptor do peptídeo cardioaceleratório	3,40	< 0,05
7309	Proteína de baixa qualidade: similar à glicoproteína rica em histidina	10,02	< 0,05
7312	Similar à glicoproteína rica em histidina	7,53	< 0,05
7314	Similar à glicoproteína rica em histidina	10,28	< 0,05
7319	Similar à glicoproteína rica em histidina	6,75	< 0,05
7323	Similar à proteína cuticular 19	5,49	< 0,05
7326	Similar à aminoacilase 1	-2,23	< 0,05
7359	Similar à proteína inibidora metaloproteinase indutível	-3,05	< 0,05
7363	Similar à glicoproteína estrutural da endocutícula sgabd-5	9,75	< 0,05
7366	Similar ao membro 3 da família 46 de carreadores de soluto	2,04	< 0,05
7374	Similar à peroxidase	3,48	< 0,05
7381	Proteína de baixa qualidade: similar à decaprenila-difosfato sintase subunidade 2	4,66	< 0,05
7382	Similar à proteína da banda 7 AGAP004871, isoforma X2	3,66	< 0,05
7384	Similar à proteína cuticular 8	9,04	< 0,05
7394	Similar à proteína derivada de elemento transponível piggybac 3	2,02	< 0,05
7397	Similar à glutational S-transferase 1	-3,90	< 0,05
7398	Similar à glutational S-transferase 1	-3,82	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
7405	Similar à proteína da banda 7 AGAP004871, isoforma X2	4,03	< 0,05
7407	Similar à proteína cuticular 8	9,74	< 0,05
7415	Similar à proteína 7 de alongação de ácidos graxos de cadeia muito longa	3,10	< 0,05
7420	Similar à proteína cuticular 19	4,70	< 0,05
7424	Similar à proteína cuticular zonadesina	3,11	< 0,05
7425	Similar à proteína zonadular	2,60	< 0,05
7431	Similar à proteína cuticular histidina	8,01	< 0,05
7434	Similar ao cuticular protein ACP-20 do peptídeo adult-speleratório	10,16	< 0,05
7440	Similar à proteína cuticular citocromo P450 4V2	-3,21	< 0,05
7445	Similar à proteína proteular 5	2,68	< 0,05
7450	Similar à proteína cuticular 7	9,37	< 0,05
7451	Similar à proteína cuticular 19	10,95	< 0,05
7452	Similar à proteína cuticular 8	9,60	< 0,05
7456	Similar à proteína cuticular 7	9,41	< 0,05
7464	Similar à proteína cuticular proton	-4,35	< 0,05
7465	Similar à proteína 7 de alongação de ácidos graxos de cadeia muito longa	2,49	< 0,05
7481	Similar à proteína AAEL008004 de alongação de ácidos graxos de cadeia muito longa	-3,73	< 0,05
7502	Similar à proteína de expressão paternal do gene 3	6,69	< 0,05
7517	Similar à neurotropina 1	4,91	< 0,05
7519	Similar à proteína cuticular 8	8,21	< 0,05
7520	Similar à proteína rica em histidina PFHRP-II	8,71	< 0,05
7522	Similar à proteína cuticular adulto-específica ACP-20	9,88	< 0,05
7536	Similar à catalase	7,40	< 0,05
7537	Similar à catalase	3,82	< 0,05
7538	Similar à catalase	5,98	< 0,05
7558	Similar à proteína ligante 1-B de topoisomerase 2 de DNA	-2,05	< 0,05
7563	Similar à proteína takeout	-2,66	< 0,05
7584	Similar à proteína takeout	2,35	< 0,05
7633	Similar à lipase triacilglicerol pancreática	-2,81	< 0,05
7641	Similar à proteína dedo de zinco gastrula xlcgf57.1	-2,23	< 0,05
7675	Similar à proteína multifuncional ADE2	-2,32	< 0,05
7696	Similar ao fator de replicação C subunidade 1	-2,35	< 0,05
7730	Similar à proteína de resistência nasal para fluoxetina 6	4,46	< 0,05
7732	Similar ao mediador da subunidade 12 da transcrição da RNA polimerase II	-2,39	< 0,05
7740	Similar ao retinol desidrogenase 11	-3,01	< 0,05
7763	Provável nucleosidase de uridina 2 isoforma X1	-3,00	< 0,05
7791	Similar à innexina inx7	2,07	< 0,05
7811	Similar ao citocromo P450 6B6	-7,62	< 0,05
7852	Similar ao peptidil-prolil cis-trans isomerase 3	-2,38	< 0,05
7856	Similar à exonuclease de reparo de três terminações 2	4,06	< 0,05
7865	Similar ao inibidor de serino protease 88Ea	2,05	< 0,05
7888	Similar à lipase 3	3,29	< 0,05
7889	Similar à sarcoosina desidrogenase, mitocondrial	-2,44	< 0,05
7940	Proteína de baixa qualidade: similar à N-acetiltransferase 9	-4,33	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
7959	Similar à colinesterase 1	-2,22	< 0,05
7961	Provável nuclease harbl1	-4,89	< 0,05
7982	Similar ao transportador de tiamina 2	-2,80	< 0,05
7998	Similar ao citocromo P450 6B6	-5,37	< 0,05
8000	Provável nuclease harbl1	-4,52	< 0,05
8019	Similar à proteína de resistência nasal para fluoxetina 6	4,88	< 0,05
8038	Similar à proteína grindewald	-2,27	< 0,05
8043	Similar ao citocromo P450 6B6	-5,97	< 0,05
8044	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	3,85	< 0,05
8046	Similar à proteína do ecdisônio induzido 74EF, isoforma X4	3,70	< 0,05
8052	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	4,24	< 0,05
8055	Similar à extensina	6,93	< 0,05
8059	Similar à adenyl cyclase 78C	-2,81	< 0,05
8071	Similar à proteína takeout	2,11	< 0,05
8075	Similar à esterase para-nitrobenzila	-2,17	< 0,05
8077	Similar ao citocromo P450 6B6	-5,92	< 0,05
8086	Similar à proteína contendo repetições ricas em leucina 40, isoforma X2	2,94	< 0,05
8097	Similar ao citocromo P450 6k1	-2,08	< 0,05
8103	Similar ao citocromo P450 6k1	-3,14	< 0,05
8165	Similar à aminotransferase aspartato, citoplasmática, isoforma X2	-2,08	< 0,05
8182	Provável arginina -- rnat ligase, mitocondrial	-3,23	< 0,05
8191	Proteína de baixa qualidade: similar ao complexo promotor da anáfase subunidade 4	-2,66	< 0,05
8198	Similar à neplisina 4	3,48	< 0,05
8201	Similar à glicina N-metiltransferase	-2,97	< 0,05
8209	Similar à trimetil-lisina dioxigenase, mitocondrial	-3,27	< 0,05
8221	Similar à neplisina 4	4,23	< 0,05
8233	Proteína de baixa qualidade: similar à proteína contendo domínio coiled-coil 22	-2,81	< 0,05
8249	Similar à proteína relacionada com a quinesina 4	-2,33	< 0,05
8268	Similar à proteína acopladora de prótons transportadora de aminoácidos CG1139 isoforma X1	2,38	< 0,05
8288	Similar à proteína contendo domínio CRAL-TRIO C3H8.02	-2,13	< 0,05
8289	Similar à proteína contendo domínio CRAL-TRIO C3H8.02	-2,31	< 0,05
8304	Similar ao transportador monocarboxilato 9	-2,44	< 0,05
8322	Similar à proteína membro 3 da família transportadora de solutos 22	2,52	< 0,05
8326	Similar à proteína de alongação de ácidos graxos de cadeia muito longa 4	2,22	< 0,05
8338	Similar à proteína relacionada à vesícula sináptica 2 isoforma X1	-4,72	< 0,05
8348	Similar à proteína de captação de cobre de alta afinidade 1	2,12	< 0,05
8349	Similar à proteína de captação de cobre de alta afinidade 1	2,02	< 0,05
8367	Similar à U-scoloptoxina (01) -Cw1a	8,95	< 0,05
8372	Similar à tripsina-3	5,30	< 0,05
8403	Provável subunidade RPAC2 de RNA polimerases I e III dirigidas por DNA	-3,08	< 0,05
8411	Similar à U-scoloptoxina (01) -Cw1a	7,40	< 0,05
8436	Similar à subunidade complexa de sintase de difosfato dehidrodolicil DHDDS	-3,49	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
8446	Proteína de baixa qualidade: similar à proteína contendo domínio de repetição de anquirina, SAM e alça básica de leucina zipper 1	-3,01	< 0,05
8461	Similar à tetraspanina-2A	2,41	< 0,05
8466	Similar à carboxipeptidase Q	-2,28	< 0,05
8472	Similar à proteína acopladora de prótons transportadora de aminoácidos CG1139 isoforma X1	2,94	< 0,05
8494	Similar à proteína de alongação de ácidos graxos de cadeia muito longa 4	2,51	< 0,05
8513	Similar à molécula de adesão da junção	-2,81	< 0,05
8530	Similar à proteína da membrana de neurônio sensorial 2	-2,52	< 0,05
8535	Proteína de baixa qualidade: similar à proteína homóloga de células XP-C complementando a reparação de DNA	-3,34	< 0,05
8544	Similar à proteína contendo domínio oxidoreductase de dissulfeto de nucleotídeo de piridina 1	-2,01	< 0,05
8551	Similar à carboxipeptidase Q	-2,26	< 0,05
8559	Similar à proteína yellow	6,64	< 0,05
8567	Similar à redutase de poliprenol	2,32	< 0,05
8568	Similar à glicoproteína 2C da vesícula sináptica	-2,32	< 0,05
8581	Similar à tripsina 3A1	2,02	< 0,05
8591	Similar à glicoproteína 2C da vesícula sináptica	-3,01	< 0,05
8611	Similar à desidrogenase de álcool 1	-4,76	< 0,05
8612	Similar à 15-hidroxi prostaglandina desidrogenase [NAD(+)]	-4,25	< 0,05
8623	Similar à proteína cuticular pupal 20	7,20	< 0,05
8626	Similar à proteína cuticular pupal 20	4,09	< 0,05
8627	Similar à proteína cuticular pupal 20, isoforma X1	3,38	< 0,05
8655	Similar à oxidase do córion	3,10	< 0,05
8669	Similar à desidrogenase de álcool 1	-3,30	< 0,05
8724	Similar à UNC93 proteína MFSD11	2,97	< 0,05
8758	Similar ao fator de indução de apoptose nuclear	-3,24	< 0,05
8782	Similar à UNC93 proteína MFSD11	2,85	< 0,05
8836	Similar à oxireductase não caracterizada yoxd	-3,53	< 0,05
8870	Similar ao receptor de manose tipo C	-2,83	< 0,05
8880	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	-4,87	< 0,05
8883	Similar à desidrogenase D-eritronato	-5,39	< 0,05
8913	Similar à proteína 4 contendo o domínio dedo de zinco BED	2,13	< 0,05
8988	Similar à proteína 4 derivada de elemento transponível piggybac	2,03	< 0,05
9008	Similar ao transportador de ânion de sulfato de sódio independente	-2,67	< 0,05
9016	Similar à desidrogenase D-eritronato	-5,28	< 0,05
9057	Similar à proteína contendo repetições acídicas	9,21	< 0,05
9064	Similar à proteína interaptina, isoforma X1	2,77	< 0,05
9065	Similar à proteína interaptina, isoforma X1	2,29	< 0,05
9068	Similar à galactoquinase	-3,04	< 0,05
9070	Similar à proteína cuticular 7	5,48	< 0,05
9076	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	-4,07	< 0,05
9109	Similar à proteína 5 contendo repetições de IAP baculoviral	-3,85	< 0,05
9115	Similar ao citocromo P450 9e2	2,77	< 0,05
9117	Similar à prostaglandina redutase 1	-4,94	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
9146	Similar à DNA helicase pif1 dependente de ATP	-2,56	< 0,05
9191	Similar ao receptor piroquinina 1, isoforma X1	-2,29	< 0,05
9197	Similar à proteína apnoia	9,80	< 0,05
9199	Similar à proteína de complexo de partículas de tráfego subunidade 4	2,37	< 0,05
9217	Similar ao membro A de fosfolipase A1	4,65	< 0,05
9222	Similar à cadeia pesada de dineína 2, axonemal	4,65	< 0,05
9224	Similar à cadeia pesada de dineína 2, axonemal	4,09	< 0,05
9230	Similar à proteína contendo domínio de arrestina 17	-2,02	< 0,05
9250	Similar à proteína dedo de zinco 311	-3,27	< 0,05
9256	Similar à sintase de ácido graxo	6,48	< 0,05
9259	Similar à proteína da família PE-PGRS não caracterizada PE_PGRS54	-7,71	< 0,05
9260	Similar à UDP-glicuronosiltransferase 2B1	2,06	< 0,05
9263	Similar à proteína relacionada a gelsolina de 125 kda	-6,86	< 0,05
9264	Similar à ceramidase neutra	2,54	< 0,05
9267	Similar à plectina	-5,58	< 0,05
9277	Similar à proteína ftsk de translocação de DNA, isoforma X1	2,23	< 0,05
9280	Similar à proteína 3 de herança alterada de mitocôndrias	5,08	< 0,05
9289	Similar à proteína O-acyltransferase	-4,47	< 0,05
9318	Similar à lisozima	5,35	< 0,05
9388	Similar à aminoacilase-1	-2,12	< 0,05
9405	Similar à proteína contendo domínio START 10	2,14	< 0,05
9443	Similar ao citocromo P450 6j1	3,45	< 0,05
9466	Provável redutase de ácidos graxos de coa de cadeia longa CG5065 isoforma X1	-2,73	< 0,05
9469	Similar à redutase de ácidos graxos de coa 1	-2,30	< 0,05
9475	Similar à proteína de alta massa molecular de citoadesão 3	5,34	< 0,05
9491	Similar à succinato desidrogenase subunidade b560, mitocondrial	-4,35	< 0,05
9509	Glicoproteína rica em histidina	10,94	< 0,05
9525	Glicoproteína rica em histidina	12,70	< 0,05
9531	Similar à fosfolipase A1 vest1.02	2,39	< 0,05
9554	Similar à early nodulin-75	-2,33	< 0,05
9567	Similar à triocinase/FMN ciclase	-4,58	< 0,05
9568	Similar à transportador de aminoácidos excitatórios isoforma X1	-2,24	< 0,05
9584	Similar à integrina alfa-PS3	-2,24	< 0,05
9589	Similar à ftsk de translocação de dnaisoforma X1	2,64	< 0,05
9604	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	-4,21	< 0,05
9606	Provável reductase de ácidos graxos de coa de cadeia longa CG5065	4,69	< 0,05
9610	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	-5,89	< 0,05
9615	Similar à proteína 24 contendo domínio de dedo de zinco e domínio BTB	2,68	< 0,05
9640	Similar à glicoproteína 2C da vesícula sináptica	-2,19	< 0,05
9644	Similar ao inibidor da tirosina quinase de Bruton	-2,55	< 0,05
9651	Similar à calfotina	3,01	< 0,05
9662	Similar à proteína específica do bulbo ejaculatório 3	-4,40	< 0,05
9664	Similar ao alergênico Tha p 1	-2,15	< 0,05
9665	Similar à proteína específica do bulbo ejaculatório 3	-2,44	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
9715	Similar à antiqumotripsina-1 isoforma X1	-3,58	< 0,05
9740	Proteína de baixa qualidade: similar à midasina	-2,04	< 0,05
9745	Similar à proteína de ligação CABYR de bainha fibrosa	2,80	< 0,05
9746	Similar à metiltransferase específica de N(6)-adenina METTL4 isoforma X1	-4,38	< 0,05
9751	Similar à proteína cuticular pupal 36a isoforma X2	7,13	< 0,05
9753	Similar à proteína cuticular pupal 36	3,20	< 0,05
9756	Similar à proteína cuticular pupal 36	-2,75	< 0,05
9757	Similar à proteína cuticular pupal 27	-3,75	< 0,05
9758	Similar à proteína cuticular 3	6,99	< 0,05
9769	Similar à mucina-19 isoforma X2	-3,61	< 0,05
9776	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	-4,06	< 0,05
9812	Similar à proteína estrutural da parede celular rica em glicina	3,36	< 0,05
9816	Similar ao transportador de folato por acoplamento de prótons	3,42	< 0,05
9819	Similar à proteína contendo dedo de zinco GATA 7	3,99	< 0,05
9822	Provável serina/treonina-proteína quinase cka	6,78	< 0,05
9823	Similar à proteína cuticular pupal 36a	6,29	< 0,05
9839	Similar à proteína de membrana peroxissomal 11B	-2,49	< 0,05
9840	Similar à proteína cuticular pupal 36	3,51	< 0,05
9844	Similar à proteína reguladora transcricional LGE1	-6,30	< 0,05
9887	Similar à proteína GINS do complexo de replicação de DNA PSF3	-4,22	< 0,05
9893	Similar à proteína específica do bulbo ejaculatório 3	-3,61	< 0,05
9894	Similar ao alergênico Tha p 1 isoforma X1	4,03	< 0,05
9896	Similar à proteína específica do bulbo ejaculatório 3	-2,52	< 0,05
9899	Similar à proteína específica do bulbo ejaculatório 3	-2,54	< 0,05
9900	Similar à proteína cuticular pupal 27	-5,26	< 0,05
9917	Similar à esterase de hormônio juvenil isoforma X1	2,70	< 0,05
9924	Similar à proteína de resistência nasal para fluoxetina 6	-2,71	< 0,05
9925	Similar à esterase E4	2,36	< 0,05
9926	Proteína de baixa qualidade: proteína de ligação a lipopolissacarídeo de hemolinfa	2,61	< 0,05
9960	Similar à proteína de ligação a lipopolissacarídeo de hemolinfa	-2,21	< 0,05
9977	Similar ao homólogo 49 da proteína de resistência multidrogas	-3,21	< 0,05
9984	Similar à proteína GINS do complexo de replicação de DNA PSF3	-5,58	< 0,05
10007	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	-3,15	< 0,05
10017	Similar à desidrogenase	3,80	< 0,05
10024	Similar ao trocador de sódio/potássio/cálcio Nckx30C	2,76	< 0,05
10046	Similar à 3-cetoacil-coa tiolase, mitocondrial	-3,99	< 0,05
10048	Similar à alfa-N-acetilgalactosaminidase	3,50	< 0,05
10076	Similar ao transportador de prótons acoplados de folato	3,43	< 0,05
10079	Similar ao inibidor da tirosina quinase de Bruton	-3,15	< 0,05
10086	Provável serina/treonina-proteína quinase nek3	7,60	< 0,05
10101	Similar à proteína clássica contendo domínio de zinco de arabinogalactana 9	6,43	< 0,05
10144	Similar à oxidoreductase não caracterizada yjmc	-3,60	< 0,05
10145	Similar à 3-cetoacil-coa tiolase, mitocondrial	-2,20	< 0,05
10153	Proteína de baixa qualidade: similar à acetilcolinesterase	3,30	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
10154	Similar ao alergênico Tha p 1	-4,36	< 0,05
10155	Similar à proteína 4 contendo domínio de bromo	7,74	< 0,05
10159	Similar à desidrogenase (NADP (+)) (2R) -3-sulfolactato	-5,73	< 0,05
10160	Similar à proteína de resistência nasal para fluoxetina 6	6,89	< 0,05
10163	Similar à proteína de resistência nasal para fluoxetina 6	-2,57	< 0,05
10165	Similar à proteína da família PE-PGRS PE_PGRS16	6,01	< 0,05
10168	Similar ao transportador de prótons acoplados de folato	-3,00	< 0,05
10169	Similar à cadeia alfa-1(I) do colágeno	2,40	< 0,05
10175	Similar à proteína cuticular pupal 36	-3,03	< 0,05
10179	Similar à queratina-3, tipo I citoesquelética 51 kda	-3,34	< 0,05
10183	Similar à alfa-N-acetilgalactosaminidase	5,84	< 0,05
10205	Similar à glicoproteína endocuticular estrutural sgabd-3	-2,06	< 0,05
10248	Similar à proteína 3 contendo domínio Patched	2,51	< 0,05
10368	Similar à proteína Tob1	2,01	< 0,05
10419	Similar ao receptor de manose do tipo C 2 isoforma X3	-5,04	< 0,05
10436	Similar à proteína de reparação de DNA homóloga a RAD51 4	-2,14	< 0,05
10472	Similar à proteína derivada do elemento transponível piggybac 3	2,55	< 0,05
10473	Similar à redutase fabg de 3-oxoacil-[proteína carregadora de acil]	-4,44	< 0,05
10480	Similar à quinurenina 3-monoxigenase	-3,34	< 0,05
10481	Similar à proteína ALP1	-3,63	< 0,05
10495	Proteína de baixa qualidade: similar ao citocromo P450 18a1	3,45	< 0,05
10496	Similar à proteína white isoforma X2	-2,96	< 0,05
10530	Similar à proteína derivada do elemento transponível piggybac 4	3,45	< 0,05
10539	Similar à caspase-1	3,65	< 0,05
10586	Homólogo da ester hidrolase c11orf54	-3,43	< 0,05
10656	Similar à oxidase de indol-3-acetaldeído	-2,24	< 0,05
10684	Similar à proteína crooked neck	-2,27	< 0,05
10703	Provável metilmalonato-semialdeído desidrogenase	-2,54	< 0,05
10720	Similar à proteína delta locus neurogênico isoforma X1	7,63	< 0,05
10730	Similar à quimotripsina-2	-2,18	< 0,05
10739	Similar à sintase de ácido graxo	10,57	< 0,05
10742	Similar à ctenidina-3	3,03	< 0,05
10752	Similar à redutase de ácidos graxos de coa wat	3,48	< 0,05
10758	Similar ao ativador desgrenhado associado à morfogênese 1 isoforma X2	2,15	< 0,05
10759	Similar ao ativador desgrenhado associado à morfogênese 1 isoforma X1	2,03	< 0,05
10764	Provável poliglutamilase de tubulina ttl1-15 isoforma X2	2,67	< 0,05
10765	Provável poliglutamilase de tubulina ttl1-15	2,31	< 0,05
10785	Similar à proteína tetra-peptídeo homeobox 1	11,55	< 0,05
10789	Similar à desidrogenase xantina	-4,68	< 0,05
10790	Similar à desidrogenase xantina 1	-4,61	< 0,05
10792	Similar à oxidase de indol-3-acetaldeído	-3,96	< 0,05
10803	Similar à UDP-glicuronosiltransferase 2C1	2,52	< 0,05
10804	Similar à UDP-glicuronosiltransferase 2C1	2,38	< 0,05
10818	Similar à proteína rica em glicina	5,63	< 0,05
10819	Similar à sialidase	7,55	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
10844	Similar à proteína supressora de metástase de câncer de mama 1	-2,08	< 0,05
10862	Similar à conectina	-2,20	< 0,05
10863	Similar à redutase de ácidos graxos de coa wat	-3,55	< 0,05
10873	Similar à desidrogenase xantina	4,30	< 0,05
10880	Similar ao proteoglicano 4 isoforma X1	4,65	< 0,05
10884	Similar à desidrogenase de trans-1,2-di-hidrobenzeno-1,2-diol	3,81	< 0,05
10887	Similar à quimotripsina-1	-2,76	< 0,05
10897	Similar à proteína associada a queratina 19-2	2,75	< 0,05
10900	Similar à proteína associada a queratina 19-2	3,05	< 0,05
10928	Similar à proteína serina protease transmembranar 9	2,57	< 0,05
10946	Similar à proteína de parece delular vegetativa gp1	4,70	< 0,05
10952	Similar à ligase 1 de 4-cumarato-coa	-2,36	< 0,05
10954	Similar à conectina	-2,29	< 0,05
10973	Similar à desidrogenase xantina	-3,79	< 0,05
10974	Similar à quimotripsina-1	2,24	< 0,05
10981	Similar à desidrogenase xantina	4,33	< 0,05
11017	Proteína de baixa qualidade: similar à histona acetiltransferase p300	7,28	< 0,05
11036	Similar à família 1 do transportador de peptídeo isoforma X2	2,11	< 0,05
11046	Similar à lipase 3	5,42	< 0,05
11048	Similar ao potencializador de migração e invasão 1	-2,49	< 0,05
11055	Similar à proteína relacionada a citocromo b5	-3,29	< 0,05
11058	Similar à proteína relacionada a citocromo b5 isoforma X1	-2,71	< 0,05
11096	Provável proteína de defesa 3	2,86	< 0,05
11115	Provável citocromo P450 304a1	2,62	< 0,05
11157	Similar ao alergênico de veneno 5.02	2,89	< 0,05
11158	Similar à fasciclina 1 isoforma X1	-2,49	< 0,05
11161	Similar à fasciclina 1 isoforma X1	-2,69	< 0,05
11168	Similar ao aril-sulfato B	2,06	< 0,05
11171	Similar ao alergênico de veneno 5.02	2,07	< 0,05
11179	Similar à proteína homeobox engrailed-2-B	3,96	< 0,05
11203	Similar à lipase 3	4,62	< 0,05
11218	Similar ao homólogo da proteína jerky	3,09	< 0,05
11221	Provável transportador multivitamínico dependente de sódio isoforma X2	-2,09	< 0,05
11255	Similar à proteína relacionada a citocromo b5	-2,45	< 0,05
11258	Similar à proteína relacionada a citocromo b5	-2,39	< 0,05
11260	Similar à girdina isoforma X1	-5,13	< 0,05
11267	Similar à proteína relacionada a citocromo b5	-2,73	< 0,05
11268	Similar à UDP-glucuronosiltransferase 2B15	-2,15	< 0,05
11269	Similar à mucina-5AC isoforma X1	7,45	< 0,05
11276	Similar ao inibidor de crescimento regulado por estrogênio e relacionado a ras	4,32	< 0,05
11277	Similar à proteína relacionada a citocromo b5	-2,94	< 0,05
11296	Similar à fosfolipase B1, associada à membrana	4,77	< 0,05
11298	Similar à fosfolipase B1, associada à membrana	4,64	< 0,05
11308	Similar à desidrogenase retinal 1	-2,40	< 0,05
11329	Proteína de baixa qualidade: similar à xaa-Pro aminopeptidase 1	-2,97	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
11377	Similar à mucina-5AC	-2,84	< 0,05
11382	Provável proteína defensiva 3	4,36	< 0,05
11399	Similar à arilsulfatase B	2,74	< 0,05
11423	Provável nuclease HARBI1	-3,31	< 0,05
11466	Similar à proteína 1 do complexo de subunidades redutoras de epóxido de vitamina K isoforma 1	-2,61	< 0,05
11548	Similar à proteína 1 do complexo de subunidades redutoras de epóxido de vitamina K isoforma 1	-2,69	< 0,05
11563	Similar à desidrogenase de glicose 1	-2,26	< 0,05
11584	Similar à subunidade 8 do complexo oligomérico conservado de Golgi	2,07	< 0,05
11587	Proteína de baixa qualidade: similar ao transportador de trealose facilitado Tret1	2,45	< 0,05
11588	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1 isoforma X1	2,69	< 0,05
11624	Similar à dioxigenase de 4-hidroxifenilpiruvato	-5,45	< 0,05
11656	Similar à proteína GVQW3	2,35	< 0,05
11668	Similar à proteína estrutural rica em glicina da parede celular	10,26	< 0,05
11728	Similar à dioxigenase de 4-hidroxifenilpiruvato	-5,43	< 0,05
11737	Similar à desaturase de acil-coa Delta (11)	12,15	< 0,05
11760	Similar à aminotransferase serina-piruvato, mitocondrial	-2,30	< 0,05
11761	Similar à aminotransferase serina-piruvato, mitocondrial	2,51	< 0,05
11762	Proteína de baixa qualidade: provável rnat (citidina (32) / guanosina (34) -2'-O) -metiltransferase	2,10	< 0,05
11779	Similar à proteína GVQW3	2,04	< 0,05
11862	Similar à UDP-glucuronosiltransferase 2B19	-2,03	< 0,05
11899	Similar à titina	9,43	< 0,05
11915	Similar à proteína da superfície celular 1 isoforma X1	3,10	< 0,05
11919	Similar à fosfatase alcalina, isozima não tecidual	3,90	< 0,05
11989	Similar à calmodulina 1	-2,70	< 0,05
11997	Similar ao solúvel guanilato ciclase 89Db	2,52	< 0,05
12048	Similar à subunidade 6 da proteína prefoldina	-3,19	< 0,05
12059	Similar à proteína disks-large	-2,45	< 0,05
12073	Similar à proteína CREG1 isoforma X2	-3,76	< 0,05
12080	Similar ao inibidor de protease de serina de veneno isoforma X1	-2,16	< 0,05
12082	Proteína de baixa qualidade: similar à tripsina	5,89	< 0,05
12136	Similar ao receptor scavenger classe B membro 1	-2,61	< 0,05
12141	Similar à desidrogenase de glutamato, mitocondrial	-4,19	< 0,05
12152	Similar à desidrogenase de glutamato, mitocondrial	-4,36	< 0,05
12168	Similar à proteína dedo de zinco 175	-2,51	< 0,05
12179	Similar à sacaropina desidrogenase oxidoreductase	-3,00	< 0,05
12181	Similar à sacaropina desidrogenase oxidoreductase	-3,26	< 0,05
12187	Similar à mucina 5B	-2,22	< 0,05
12203	Hormônio de eclosão	5,64	< 0,05
12210	Similar ao inibidor de protease de serina de veneno	-3,99	< 0,05
12216	Similar à desaturase de acil-coa	13,32	< 0,05
12220	Similar à peroxidase isoforma X1	3,97	< 0,05
12226	Proteína de baixa qualidade: similar à caderina 89D	7,21	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
12240	Similar à pro-resilina	6,16	< 0,05
12244	Similar à glicoproteína de vesícula sináptica 2B isoforma X1	3,35	< 0,05
12249	Similar à protease transmembranas serina 12	5,02	< 0,05
12290	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1	-6,41	< 0,05
12304	Similar à glicoproteína de vesícula sináptica 2C	-2,78	< 0,05
12437	Similar à subunidade C da sintase de micosubtilina	4,22	< 0,05
12483	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1	6,31	< 0,05
12485	Similar ao citocromo P450 4C1	2,83	< 0,05
12488	Similar ao citocromo P450 4V2	-4,85	< 0,05
12491	Similar ao citocromo P450 4V2 isoforma X2	-6,66	< 0,05
12501	Similar à proteína ribossomal L35 39s, mitocondrial	2,29	< 0,05
12510	Similar à aminopeptidase	3,07	< 0,05
12531	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1	-4,49	< 0,05
12546	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1	3,57	< 0,05
12547	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1	3,43	< 0,05
12548	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1	2,92	< 0,05
12581	Similar ao transportador de monocarboxilato acoplado ao sódio 1	4,37	< 0,05
12677	Similar ao receptor acoplado à proteína G Mth2 isoforma X1	-4,64	< 0,05
12692	Similar à sulfotransferase 1C4	-4,27	< 0,05
12718	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1	3,95	< 0,05
12805	Similar ao receptor acoplado à proteína G Mth2 isoforma X1	-4,87	< 0,05
12817	Similar ao retinol desidrogenase 14	3,99	< 0,05
12822	Similar ao citocromo P450 4C1 isoforma X2	-3,58	< 0,05
12823	Similar à proteína derivada do elemento transponível piggybac 4	2,19	< 0,05
12824	Similar à cadeia pesada de fibroína	5,78	< 0,05
12831	Provável proteína ribossômica 28S S25, mitocondrial	-2,17	< 0,05
12846	Similar ao citocromo P450 4c3	-5,30	< 0,05
12870	Similar à proteína <i>Skeletor</i> , isoformas D/E isoforma X1	3,58	< 0,05
12887	Similar à cadeia pesada de fibroína	5,89	< 0,05
12890	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1	-3,10	< 0,05
12929	Similar ao citocromo P450 4V2	-5,49	< 0,05
12943	Similar ao inibidor de carboxilesterase-6 de veneno isoforma X1	-2,32	< 0,05
13042	Proteína de malha isoforma X1	2,28	< 0,05
13043	Similar à carboxilesterase-6 de veneno	-2,17	< 0,05
13133	Similar ao transportador de folato acoplado a prótons	-3,35	< 0,05
13141	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	4,10	< 0,05
13143	Similar à redutase fabg de 3-oxoacil-[proteína carregadora de acil]	-3,66	< 0,05
13204	Provável citocromo P450 301a1, mitocondrial	2,71	< 0,05
13228	Similar ao homólogo 1 de proteína nuclear ribonucleoproteica A2	5,64	< 0,05
13268	Similar à proteína contendo repetições ricas em leucina 24	2,89	< 0,05
13335	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	6,18	< 0,05
13336	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	4,89	< 0,05
13345	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	5,22	< 0,05
13376	Similar à lipase 1	-2,85	< 0,05
13381	Provável nuclease HARBI1	-2,29	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
13382	Similar ao fator nuclear indutor de apoptose 1	-4,50	< 0,05
13403	Similar à zonadesina	4,39	< 0,05
13412	Similar à fosfoglucomutase	-2,05	< 0,05
13455	Similar ao citocromo P450 4V2	-5,15	< 0,05
13466	Similar à proteína do locus Serendipity alpha	-2,08	< 0,05
13529	Similar à glutationa S-transferase 2	-2,80	< 0,05
13550	Similar ao inibidor de protease de serina swm-1 isoforma X2	2,97	< 0,05
13583	Similar à tripsina	5,60	< 0,05
13591	Similar à carboxilpeptidase B	7,01	< 0,05
13597	Proteína de baixa qualidade: similar à hidrolase de ácido graxo acil-coa precursora, cadeia média, parcial	5,07	< 0,05
13598	Similar ao fator de transcrição hamlet	2,57	< 0,05
13603	Similar ao inibidor de protease de serina swm-1	5,76	< 0,05
13620	Similar ao transportador de monocarboxilato 4 isoforma X1	3,00	< 0,05
13628	Similar à desidrogenase de retinol epidérmico 2 isoforma X1	2,69	< 0,05
13630	Similar à carboxipeptidase B	6,95	< 0,05
13639	Similar à redutase de glicolato / redutase de hidroxipiruvato isoforma X1	-2,34	< 0,05
13653	Similar ao transportador de monocarboxilato 4 isoforma X1	3,21	< 0,05
13668	Similar ao fumarilacetoacetase	-3,31	< 0,05
13681	Proteína homóloga ao domínio G patch e anquirina repetição 1	-2,03	< 0,05
13704	Similar à desacetilase de quitina 1	6,86	< 0,05
13750	Similar à proteína transportadora de cátions orgânicos	-2,82	< 0,05
13790	Similar ao inibidor de protease de serina swm-1	4,95	< 0,05
13805	Similar à proteína de ligação de cálcio sarcoplásmico 1 isoforma X1	-2,73	< 0,05
13812	Similar à proteína adaptadora do receptor de lipoproteína de baixa densidade 1-B	5,90	< 0,05
13866	Similar à proteína mpv17	2,93	< 0,05
13876	Similar à proteína reguladora de exocitose de membrana sináptica 2 isoforma X1	-2,11	< 0,05
13881	Similar à proteína cuticular 16.5	2,82	< 0,05
13882	Similar à spidroína	-4,10	< 0,05
13884	Similar à calphotin	-3,17	< 0,05
13887	Similar à proteína cuticular 21	-3,01	< 0,05
13890	Similar à esterase FE4	-2,24	< 0,05
13901	Similar ao retinol desidrogenase 11	2,47	< 0,05
13905	Similar à proteína 1 de alongação de ácidos graxos de cadeia muito longa	9,78	< 0,05
13959	Similar à proteína cuticular larval / pupal H1C	-2,91	< 0,05
14049	Similar à proteína cuticular pupal C1B	9,10	< 0,05
14050	Similar à proteína rica em prolina 27	5,95	< 0,05
14067	Similar à proteína da parede celular vegetativa gp1	12,54	< 0,05
14103	Similar à proteína cuticular 63	9,96	< 0,05
14110	Similar à proteína kelch-2	-2,21	< 0,05
14122	Similar à descarboxilase de ácido cisteíno sulfínico	3,46	< 0,05
14130	Similar à proteína kelch-2	-2,26	< 0,05
14140	Similar à proteína cuticular LPCP-23	2,03	< 0,05
14168	Similar à proteína cuticular 16.5	9,79	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
14227	Similar à subunidade 1 do complexo ativador de sinal co-integrador 1 isoforma X2	2,42	< 0,05
14242	Similar à proteína alcachofra	-2,31	< 0,05
14290	Similar à lipase pancreática de triacilglicerol	-2,46	< 0,05
14377	Similar à proteína contendo o domínio TRIM45	2,27	< 0,05
14398	Similar à caspase-3	2,33	< 0,05
14422	Proteína de baixa qualidade: similar à redutase de carbonila	-2,79	< 0,05
14429	Similar à proteína cuticular rígida larval / pupal 66	2,96	< 0,05
14464	Similar à proteína transportadora de alfa-tocoferol isoforma X2	3,70	< 0,05
14499	Provável nuclease HARBI1 isoforma X2	-2,52	< 0,05
14515	Similar à esterase FE4	-2,22	< 0,05
14536	Similar à desacetilase de quitina 1 isoforma X2	2,10	< 0,05
14560	Similar à proteína estrutural rica em glicina 1.8 isoforma X1	-4,42	< 0,05
14572	Similar ao citocromo b5	-2,07	< 0,05
14605	Similar à proteína white isoforma X2	2,90	< 0,05
14608	Similar à proteína reguladora de excitose de membrana sináptica 2 isoforma X1	-2,53	< 0,05
14618	Similar à calphotin	2,72	< 0,05
14621	Similar à proteína cuticular 16.5	2,52	< 0,05
14622	Similar à proteína cuticular 65	-5,35	< 0,05
14623	Similar à proteína da parede celular vegetativa gp1	11,49	< 0,05
14627	Similar à proteína cuticular larval / pupal H1C	-2,43	< 0,05
14628	Similar à proteína rica em prolina 27	5,99	< 0,05
14629	Similar à proteína cuticular 16.5	13,20	< 0,05
14630	Similar à proteína cuticular 16.5	7,79	< 0,05
14631	Similar à proteína cuticular 63	10,61	< 0,05
14638	Proteína de baixa qualidade: similar à mucina-3A	4,40	< 0,05
14680	Similar ao citocromo P450 4C1	-2,00	< 0,05
14685	Similar à glicosidase reguladora de miogênese	3,57	< 0,05
14688	Similar à subunidade reguladora de anquirina de fosfatase de serina / treonina 6 isoforma A	3,25	< 0,05
14700	Similar à mucina-5AC	3,03	< 0,05
14706	Proteína da família PE-PGRS não caracterizada semelhante a PE_PGRS36	-3,38	< 0,05
14716	Similar à proteína homóloga fem-1 CG6966 isoforma X1	2,15	< 0,05
14743	Similar à proteína transportadora de alfa-tocoferol	2,81	< 0,05
14745	Similar à beta-ureidopropionase	-3,05	< 0,05
14748	Similar ao retinol desidrogenase 12	4,61	< 0,05
14761	Similar ao citocromo P450 6B6	-2,30	< 0,05
14765	Similar ao receptor solúvel scavenger de proteína contendo domínio rico em cisteína SSC5D	3,80	< 0,05
14770	Similar ao citocromo P450 6B1	5,50	< 0,05
14788	Similar à proteína cuticular 18.6	10,08	< 0,05
14805	Similar à desidrogenase de sorbitol	-3,28	< 0,05
14819	Similar ao citocromo P450 6a9	-5,26	< 0,05
14835	Similar à proteína estrutural rica em glicina 1.8	-4,07	< 0,05
14856	Similar à proteína associada à membrana do sistema límbico	3,00	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
14869	Similar à proteína específica do bulbo ejacatório 3	3,38	< 0,05
14882	Similar à proteína associada à queratina 19-2	2,99	< 0,05
14913	Similar à calphotin	-2,24	< 0,05
14915	Similar à proteína de ligação a RNA 33	10,70	< 0,05
15005	Similar à luciferina 4-monooxigenase	-4,59	< 0,05
15009	Similar à proteína PE_PGERS16 da família PE-PGRS	2,18	< 0,05
15014	Similar à queratina 10 do tipo I do citoesqueleto	-3,13	< 0,05
15017	Similar à queratina I do tipo I do citoesqueleto	3,17	< 0,05
15053	Similar à sintase de ácidos graxos isoforma X1	-2,34	< 0,05
15061	Similar à cadeia pesada de fibroína	6,14	< 0,05
15080	Similar ao transportador de monocarboxilato	-3,51	< 0,05
15097	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	3,26	< 0,05
15098	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	7,42	< 0,05
15099	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona] isoforma X1	7,96	< 0,05
15101	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	-6,02	< 0,05
15102	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	-2,22	< 0,05
15104	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	6,17	< 0,05
15107	Similar à frutose-bifosfato aldolase	-2,20	< 0,05
15157	Similar à proteína de transferência de alfa-tocoferol	-3,82	< 0,05
15163	Similar à proteína de transferência de alfa-tocoferol	3,30	< 0,05
15188	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	4,53	< 0,05
15201	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	4,63	< 0,05
15209	Similar à protease de serina gd isoforma X1	-3,73	< 0,05
15214	Similar à desidrogenase de farnesol	2,31	< 0,05
15215	Similar à calmodulina isoforma X1	-3,14	< 0,05
15230	Similar à proteína homóloga a fosfatidiletanolamina de ligação F40A3.3	-4,20	< 0,05
15231	Similar à luciferin 4-monoxigenase	-6,48	< 0,05
15236	Similar à metalo-proteína de zinco nas-4 isoforma X1	2,34	< 0,05
15237	Similar à proteína D3	-2,73	< 0,05
15254	Similar à redutase 3-oxoacil-[acil-carrier-proteína] fabg	-4,15	< 0,05
15267	Probável serina / treonina-proteína quinase tsua	-2,97	< 0,05
15285	Similar à fosfolipase A2	6,12	< 0,05
15297	Similar à proteína transportadora de alfa-tocoferol	3,04	< 0,05
15306	Similar à sintase de ácido graxo	9,98	< 0,05
15328	Similar à sintase de ácido graxo	-2,11	< 0,05
15344	Similar à redutase 3-oxoacil-[acil-carrier-proteína] fabg	-2,87	< 0,05
15358	Similar à sintase de ácido graxo	4,89	< 0,05
15393	Similar à proteína transportadora de alfa-tocoferol	5,58	< 0,05
15402	Similar à aldolase de frutose-bifosfato	-3,72	< 0,05
15411	Similar à proteína transportadora de alfa-tocoferol	2,81	< 0,05
15419	Similar à aldolase de frutose-bifosfato	-4,67	< 0,05
15422	Similar à oxidoreductase não caracterizada TM_0325	-3,15	< 0,05
15428	Similar à proteína somatomedina-B e trombospondina tipo-1	2,49	< 0,05
15451	Similar à proteína da subunidade 3 do complexo de partículas de tráfego	2,10	< 0,05
15453	Similar à proteína transportadora de alfa-tocoferol isoforma X1	5,74	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
15465	Similar à proteína D3	-5,67	< 0,05
15470	Similar à proteína rica em glicina ligante de RNA 2	-2,08	< 0,05
15504	Homólogo da proteína <i>Enabled</i>	-2,47	< 0,05
15505	Similar à glicoproteína estrutural endocuticular ABD-5	13,59	< 0,05
15543	Similar à proteína associada a queratina 10 do tipo I	-3,50	< 0,05
15594	Similar à insectocianina-A	-2,54	< 0,05
15608	Similar à zonadhesina isoforma X1	3,52	< 0,05
15612	Similar à proteína kelch repeat e BTB domain-containing 2	-2,40	< 0,05
15695	Similar à cadeia pesada de fibroína	5,72	< 0,05
15719	Similar à subunidade catalítica 1 da DNA polimerase epsilon	-2,56	< 0,05
15723	Similar à beta-manosidase	-2,20	< 0,05
15724	Similar à proteína da matriz repetitiva de serina / arginina 1	-2,10	< 0,05
15738	Similar ao inibidor de carboxilesterase de veneno-6	3,65	< 0,05
15742	Proteína de baixa qualidade: similar à esterase de hormônio juvenil	-3,56	< 0,05
15759	Similar à proteína de ligação a ácido graxo	5,65	< 0,05
15764	Similar à proteína derivada do elemento transponível piggybac 4	3,95	< 0,05
15785	Similar à proteína cuticular adulta específica ACP-20	9,87	< 0,05
15791	Similar à proteína quinexina KIF18A	4,68	< 0,05
15842	Similar à quinase dependente de ciclina 1 isoforma X4	2,38	< 0,05
15849	Similar à liase de N-acetilneuraminato isoforma X1	-3,50	< 0,05
15859	Similar ao dióxigeno de fitanoil-coa, peroxissomal	-5,09	< 0,05
15873	Similar ao canal de potássio ativado por proteína G de retificação interna 4	-2,01	< 0,05
15879	Subunidade lábil de ácido do complexo de proteína de ligação a fator de crescimento similar à insulina	2,44	< 0,05
15915	Similar à neuroligin-4, ligada ao X	-2,35	< 0,05
15979	Similar à mucina-5AC	3,71	< 0,05
15983	Similar à proteína cuticular larval / pupal H1C	5,01	< 0,05
15984	Similar à proteína associada à queratina 19-2	6,15	< 0,05
15995	Proteína de baixa qualidade: similar à dessaturase de acil-coa Delta (11)	-4,17	< 0,05
16011	Similar à esterase B1	-2,07	< 0,05
16014	Similar ao canal de potássio subfamília K membro 1 isoforma X1	-2,19	< 0,05
16052	Similar à esterase FE4	-2,59	< 0,05
16053	Similar à esterase de hormônio juvenil	-2,12	< 0,05
16054	Similar à esterase FE4	-5,82	< 0,05
16055	Similar à esterase de hormônio juvenil	-4,03	< 0,05
16061	Similar à peroxidase do córion	-2,28	< 0,05
16064	Similar à esterase de carboxilato NOTUM de palmitoleoil	3,81	< 0,05
16078	Similar ao homólogo 1 de ribonucleoproteína nuclear heterogênea A2	5,06	< 0,05
16100	Similar à proteína daywake regulada pelo relógio circadiano	6,73	< 0,05
16139	Similar à proteína letal (2) essencial para a vida	-4,71	< 0,05
16143	Similar à proteína de ligação a hormônio juvenil	-3,04	< 0,05
16146	Subunidade lábil de ácido do complexo de proteína de ligação a fator de crescimento similar à insulina	2,06	< 0,05
16183	Similar à proteína daywake regulada pelo relógio circadiano	-2,25	< 0,05
16190	Similar à proteína daywake regulada pelo relógio circadiano	-6,45	< 0,05
16202	Similar à proteína <i>takeout</i>	-3,90	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
16242	Similar à pro-resilina	5,13	< 0,05
16323	Similar à pro-resilina	5,18	< 0,05
16348	Similar à pro-resilina	6,16	< 0,05
16351	Similar à pro-resilina	6,78	< 0,05
16353	Similar à esferulina-2A	-2,27	< 0,05
16366	Similar à cadeia A de alfa-cristalina	3,47	< 0,05
16368	Similar à oxidoreductase do tipo GMC não caracterizada semelhante a Mb1310	-5,03	< 0,05
16385	Similar à pro-resilina	3,27	< 0,05
16389	Proteína de baixa qualidade: similar à desidrogenase de glicose	2,41	< 0,05
16410	Similar à subunidade 3 da DNA polimerase epsilon	-2,25	< 0,05
16450	Similar à pro-resilina	4,60	< 0,05
16473	Similar ao mediador da subunidade 15 da transcrição da RNA polimerase II isoforma X1	10,97	< 0,05
16499	Similar ao mediador da subunidade 15 da transcrição da RNA polimerase II	8,64	< 0,05
16503	Similar à pro-resilina	3,09	< 0,05
16536	Similar à pro-resilina	2,35	< 0,05
16541	Similar à esferulina-2A	-3,33	< 0,05
16577	Similar à redutase 3-oxoacil-[acil-carrier-proteína] fabg	-2,91	< 0,05
16602	Similar à lachesin isoforma X1	-2,19	< 0,05
16616	Cadeia A de alfa-cristalina-símile	3,70	< 0,05
16635	Similar à calbindina-32 isoforma X1	2,18	< 0,05
16647	Provável peptídeo secretado da saliva	6,76	< 0,05
16648	Provável peptídeo secretado da saliva	5,97	< 0,05
16664	Similar à proteína da matriz N66	-2,89	< 0,05
16803	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1	-3,53	< 0,05
16884	Similar ao inibidor de serina protease dipetalogastina isoforma X1	5,60	< 0,05
16895	Similar à caspase-1	2,58	< 0,05
16897	Fosfoenolpiruvato carboxicinase	-2,72	< 0,05
16928	Similar à holotricin-3	-2,75	< 0,05
16931	Similar ao inibidor de serina protease dipetalogastina isoforma X1	5,16	< 0,05
16939	Similar à esterase B1	-2,06	< 0,05
16947	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1	-3,07	< 0,05
16949	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1	-2,36	< 0,05
16989	Similar à miosinase 1	2,65	< 0,05
16995	Similar à fosfolipase A1	2,91	< 0,05
17001	Provável proteína de transporte de metabólitos csbc	-2,37	< 0,05
17003	Provável proteína de transporte de metabólitos csbc	-2,54	< 0,05
17004	Similar à caspase-1	2,05	< 0,05
17005	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1-2 homólogo	-3,61	< 0,05
17019	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1-2 homólogo	-4,07	< 0,05
17020	Similar à miosinase 1	2,90	< 0,05
17021	Similar à miosinase 1	2,22	< 0,05
17073	Similar à proteína CBFA2T3 isoforma X3	3,10	< 0,05
17108	Similar à quitinase A	6,38	< 0,05
17141	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1	3,83	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
17158	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1	5,58	< 0,05
17161	Similar à redutase de retinol epidérmica 2 isoforma X1	-2,21	< 0,05
17163	Similar à UDP-glucuroniltransferase 2B15	-2,36	< 0,05
17167	Similar à proteína cuticular 16.5	8,13	< 0,05
17168	Similar à loricrina	-3,40	< 0,05
17175	Similar à tripsina CFT-1 isoforma X1	2,35	< 0,05
17188	Similar à proteína masquerade isoforma X1	4,17	< 0,05
17206	Similar à proteína cuticular 19.8	10,29	< 0,05
17207	Similar à proteína ALP1	2,04	< 0,05
17208	Similar à proteína cuticular 7	9,22	< 0,05
17209	Similar à proteína cuticular larval A3A	8,22	< 0,05
17211	Similar ao fator de transcrição stalky	3,45	< 0,05
17215	Similar à proteína scarlet	-2,22	< 0,05
17226	Similar à proteína derivada do elemento transponível piggybac 2	-4,49	< 0,05
17249	Similar à mucina-2	3,95	< 0,05
17271	Similar à acantoscurreina-2	-3,51	< 0,05
17291	Similar à mucina-3A	4,63	< 0,05
17356	Fator de transcrição homólogo SPT20	7,19	< 0,05
17378	Similar à queratina, tipo I citoesquelética 9	-3,70	< 0,05
17409	Similar à proteína da família PE-PGRS não caracterizada PE_PGRS36	-3,55	< 0,05
17437	Similar à proteína neuralizada	4,43	< 0,05
17496	Similar à protease de serina modular	-2,89	< 0,05
17497	Similar à protease de serina modular	-5,25	< 0,05
17507	Similar à subunidade de baixo peso molecular da glutenina	2,10	< 0,05
17508	Similar à subunidade de baixo peso molecular da glutenina	4,71	< 0,05
17536	Similar à dioxygenase de clivagem do anel extradiol	-2,52	< 0,05
17572	Provável alfa-1,2-glucosiltransferase Dol-P-Glc: Glc (2) Man (9) glcnac (2) - PP-Dol	-2,24	< 0,05
17588	Similar à protease de serina da cobra	-3,71	< 0,05
17641	Similar à proteína de dedo de zinco 808	-2,98	< 0,05
17648	Similar à proteína associada ao citoesqueleto regulada por atividade 1	-2,25	< 0,05
17676	Similar à protease de serina da cobra	-3,04	< 0,05
17687	Similar à protease de serina da cobra	-2,76	< 0,05
17718	Similar à glicoproteína estrutural da endocutícula ABD-4	2,44	< 0,05
17740	Similar à proteína substrato do tirosina quinase regulada pelo fator de crescimento de hepatócitos	4,34	< 0,05
17753	Similar ao fator 2 ativador de fenoxidase isoforma X2	-2,41	< 0,05
17766	Similar à gama-gliadina	-2,43	< 0,05
17796	Similar à glicoproteína estrutural da endocutícula ABD-4	2,60	< 0,05
17801	Similar à protease de serina da cobra	-6,35	< 0,05
17813	Similar à proteína derivada do elemento transponível piggybac 4	3,33	< 0,05
17828	Similar à UDP-glucuronosiltransferase 2B15	-3,78	< 0,05
17845	Similar à proteína GILT 1 isoforma X1	2,19	< 0,05
17850	Similar à ligase 1 de 4-cumarato-coa isoforma X1	-2,50	< 0,05
17859	Similar ao Prp4 da ribonucleoproteína nuclear pequena U4/U6	2,00	< 0,05
17887	Similar à protease de veneno isoforma X2	-3,72	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
17972	Similar à serina protease transmembrana 9	2,51	< 0,05
17973	Similar ao fator específico de gametócito 1	3,49	< 0,05
17992	Similar à glicoproteína de superfície celular 1	2,90	< 0,05
18022	Similar à serpina I2	-7,01	< 0,05
18045	Similar à hialuronidase	3,05	< 0,05
18049	Similar à proteína derivada do elemento transponível tigger 4	-3,93	< 0,05
18072	Similar à proteína cuticular larval A3A	7,54	< 0,05
18090	Provável dioxigenase de fitanoil-coa	-2,42	< 0,05
18109	Similar o fator de indução de hipoxia 1	3,22	< 0,05
18146	Similar à proteína de montagem de linha M muscular UNC-89	3,28	< 0,05
18162	Similar à proteína relacionada à ovalbumina X	-2,70	< 0,05
18170	Similar à hidrolase de epóxido de hormônio juvenil	-2,12	< 0,05
18183	Similar à helicase de DNA dependente de ATP PIF1	-3,04	< 0,05
18191	Similar à proteína vanina 2	-2,89	< 0,05
18200	Similar à desidrogenase de glicose	2,43	< 0,05
18205	Similar à titina	8,99	< 0,05
18209	Similar à desidrogenase de glicose	3,70	< 0,05
18212	Similar à aminotransferase de cinurenina/alfa-aminoadipato, mitocondrial	-2,23	< 0,05
18217	Similar ao canal de potássio retificador interno sensível a ATP 1	3,71	< 0,05
18218	Similar à proteína de salvamento de queosina	-2,13	< 0,05
18227	Similar à proteína O-aciltransferase	-3,27	< 0,05
18273	Similar à aldo-ceto redutase AKR2E4	-4,02	< 0,05
18387	Similar proteína de cutícula de pupa PCP52	-4,33	< 0,05
18388	Similar à proteína cuticular 16,5	3,64	< 0,05
18389	Similar à proteína cuticular 16,5	3,23	< 0,05
18413	Similar à serina protease filzig	8,25	< 0,05
18471	Similar à serina proteinase stubble	5,58	< 0,05
18543	Similar à subunidade 2 da sintase de decaprenil-difosfato	5,56	< 0,05
18546	Provável receptor nuclear de hormônio HR3 isoforma X2	7,60	< 0,05
18550	Similar à subunidade 2 da sintase de decaprenil-difosfato	4,92	< 0,05
18563	Similar à proteína homeobox Hox-A1	2,75	< 0,05
18564	Similar à proteína reguladora TFPI andrógeno-dependente	-3,77	< 0,05
18570	Provável transportador de amônio 2	2,30	< 0,05
18577	Similar à fibro-hexamerina	2,66	< 0,05
18584	Similar à serina proteinase stubble	4,29	< 0,05
18588	Similar à proteína reguladora TFPI andrógeno-dependente	-2,14	< 0,05
18592	Similar à proteína reguladora TFPI andrógeno-dependente	-2,66	< 0,05
18608	Similar à serina proteinase stubble	3,66	< 0,05
18634	Proteína de baixa qualidade: similar à aldo-ceto redutase AKR2E4	-2,55	< 0,05
18667	Similar à U-scoloptoxina (01) -Cw1a	4,44	< 0,05
18673	Similar à U-scoloptoxina (01) -Cw1a	6,14	< 0,05
18719	Similar ao inibidor de tripsina	3,59	< 0,05
18724	Provável quitinase 2	2,43	< 0,05
18738	Similar à serina protease filzig	8,48	< 0,05
18745	Similar à mucina-22 isoforma X1	-2,21	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
18763	Similar à plasminogênio semelhante isoforma X2	4,60	< 0,05
18771	Similar à fibro-hexamerina, isoforma X2	2,21	< 0,05
18817	Similar à proteína derivada do elemento transponível piggybac 4	3,81	< 0,05
18821	Similar ao D-arabinitol desidrogenase 1	-5,03	< 0,05
18826	Provável redutase de acil-coa graxo CG5065	5,53	< 0,05
18837	Provável redutase de acil-coa graxo CG5065	2,39	< 0,05
18839	Provável redutase de acil-coa graxo CG5065	5,07	< 0,05
18842	Similar à proteína transportadora de cátion orgânico	5,26	< 0,05
18850	Similar à redutase de ácido graxo acil-coa wat	3,71	< 0,05
18893	Similar à helicase de DNA dependente de ATP PIF1	-2,86	< 0,05
18895	Similar à tripsina	4,34	< 0,05
18913	Similar ao D-arabinitol desidrogenase 1	-3,65	< 0,05
18914	Provável redutase de acil-coa graxo CG5065 isoforma X1	2,73	< 0,05
18918	Provável redutase de acil-coa graxo CG5065	4,63	< 0,05
18929	Similar à redutase de ácido graxo acil-coa wat	-6,33	< 0,05
18930	Similar à redutase de ácido graxo acil-coa wat	3,78	< 0,05
18936	Similar ao transportador de carcinina	-2,20	< 0,05
18963	Similar à proteína transportadora de cátions orgânicos	4,66	< 0,05
18990	Provável redutase de acil-coa graxo CG5065	-2,20	< 0,05
18991	Provável redutase de acil-coa graxo CG5065	2,79	< 0,05
18992	Similar à trealose	-4,00	< 0,05
19010	Similar à peroxidase	-2,53	< 0,05
19077	Similar à proteína 3 contendo domínio de ligação a DNA tipo myb / SANT	-4,69	< 0,05
19079	Similar ao ativador transcricional semelhante a GLI3	5,61	< 0,05
19081	Similar à redutase de ácido graxo acil-coa wat	7,37	< 0,05
19093	Similar à proteína letal (2) essencial para a vida	-2,28	< 0,05
19096	Similar à proteína letal (2) essencial para a vida	-3,33	< 0,05
19097	Similar à proteína letal (2) essencial para a vida	-2,21	< 0,05
19101	Similar à proteína letal (2) essencial para a vida	-3,59	< 0,05
19198	Similar à adesina rica em serina para plaquetas	2,62	< 0,05
19239	Similar à histona lisina N-metiltransferase 2D	6,77	< 0,05
19241	Similar à proteína dedo de zinco 302 isoforma X1	-2,11	< 0,05
19261	Similar à titina	3,73	< 0,05
19278	Similar à tautomerase amarela L-dopacromo f2	-2,23	< 0,05
19284	Similar à inativa peptidil-prolil cis-trans isomerase shutdown	-2,73	< 0,05
19302	Similar à proteína calmodulina 4	2,47	< 0,05
19318	Similar à proteína relacionada a Ras Rab-24	2,25	< 0,05
19326	Similar à 7-desaturase de colesterol	2,49	< 0,05
19388	Similar à proteína dedo de zinco 454	-3,87	< 0,05
19395	Similar à proteína dedo de zinco 439	-3,96	< 0,05
19413	Similar à tautomerase amarela L-dopacromo f2	-3,34	< 0,05
19425	Similar ao transportador mitocondrial de coenzima A SLC25A42	-2,26	< 0,05
19436	Similar à proteína dedo de zinco 83	2,51	< 0,05
19468	Similar à gelsolina	-2,57	< 0,05
19473	Similar ao citocromo P450 307a1	-3,25	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
19484	Similar à gelsolina isoforma X1	-2,17	< 0,05
19493	Similar à proteína derivada do elemento transponível piggybac 4	3,01	< 0,05
19563	Similar à proteína paternalmente expressa do gene 3	6,63	< 0,05
19596	Similar à proteína cuticular 8	10,25	< 0,05
19611	Similar à proteína cuticular 8	12,87	< 0,05
19623	Similar à proteína cuticular 7	9,07	< 0,05
19632	Similar à proteína cuticular 7	9,66	< 0,05
19650	Similar à proteína cuticular 8	9,83	< 0,05
19672	Similar à proteína cuticular 19	7,70	< 0,05
19717	Similar à proteína supressora de metástase 1 do câncer de mama	-2,29	< 0,05
19762	Similar ao componente de lipoamida acetiltransferase do complexo desidrogenase alfa-cetoácido de cadeia ramificada, mitocondrial	-2,38	< 0,05
19787	Similar à desidrogenase de glicina (descarboxilante), mitocondrial	-2,71	< 0,05
19804	Similar à proteína de alto peso molecular de citoadesão 3	4,92	< 0,05
19811	Similar à proteína de translocação de DNA ftsk isoforma X1	2,26	< 0,05
19814	Similar à proteína da família PE-PGRS não caracterizada PE_PGRS46	4,29	< 0,05
19815	Similar à queratina, tipo II citoesquelética I	2,61	< 0,05
19818	Similar ao citocromo P450 4C1	2,34	< 0,05
19882	Similar ao citocromo P450 4V2	-4,89	< 0,05
19920	Similar à proteína contendo repetições ácidas	8,04	< 0,05
19935	Similar à UDP-glicuroniltransferase 1-9	2,59	< 0,05
19942	Similar ao dióxido de fitanoil-coa, peroxissomal	-6,16	< 0,05
20002	Similar à quitinase A	5,81	< 0,05
20016	Similar à desidrogenase de retinol 11	3,07	< 0,05
20018	Similar ao fosfolípido scramblase 1	2,05	< 0,05
20100	Similar ao transportador de família de soluto 22 membro 1	2,44	< 0,05
20141	Similar ao peptídeo venenoso ctap Isoforma X1	-2,68	< 0,05
20144	Similar à proteína de elongação de ácidos graxos muito longos 7	2,26	< 0,05
20145	Similar à proteína de elongação de ácidos graxos muito longos AAEL008004	-2,42	< 0,05
20181	Similar à tautomerase amarela L-dopacromo f2	2,56	< 0,05
20182	Homólogo de cristalina lambda	-2,69	< 0,05
20184	Similar à peroxidase	-2,30	< 0,05
20189	Similar ao peptídeo venenoso ctapi isoforma X1	-4,96	< 0,05
20198	Similar ao citocromo P450 4C1	-3,76	< 0,05
20200	Similar à proteína cuticular 6	2,52	< 0,05
20202	Similar à proteína cuticular 8 isoforma X1	7,33	< 0,05
20212	Similar à proteína cuticular 8	4,29	< 0,05
20213	Similar ao receptor de peptídeo cardioaceleratório isoforma X1	4,96	< 0,05
20214	Similar ao citocromo P450 4V2	-3,86	< 0,05
20219	Similar ao proteoglicano 4	2,86	< 0,05
20221	Similar à glicoproteína estrutural da endocutícula sgabd-8	5,59	< 0,05
20222	Similar à proteína cuticular 8	4,53	< 0,05
20224	Similar à glicoproteína estrutural da endocutícula sgabd-5 isoforma X3	-2,73	< 0,05
20225	Similar à glicoproteína estrutural da endocutícula sgabd-5	-2,90	< 0,05
20235	Similar à glicoproteína estrutural da endocutícula ABD-5	6,17	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
20236	Similar à proteína de alongação de ácidos graxos muito longos 7	7,23	< 0,05
20238	Similar ao citocromo P450 4C1	-3,62	< 0,05
20241	Similar à proteína de alongação de ácidos graxos muito longos 7	7,33	< 0,05
20245	Provável quinase de serina/treonina-proteína kinx isoforma X2	7,54	< 0,05
20246	Similar ao fator de liberação de cadeia peptídica eucariótica subunidade de ligação a GTP ERF3A	-3,56	< 0,05
20252	Similar à proteína de alongação de ácidos graxos muito longos 7	2,35	< 0,05
20256	Provável quinase de serina/treonina-proteína kinx isoforma X2	5,47	< 0,05
20257	Similar à glicoproteína estrutural da endocutícula sgabd-5	5,53	< 0,05
20266	Similar à proteína cuticular 19	5,01	< 0,05
20267	Similar à proteína letal (3) neoplasia maligna do sangue 1 isoforma X1	-2,44	< 0,05
20269	Similar à helicase de DNA dependente de ATP pif1	-4,02	< 0,05
20275	Similar à catalase	8,38	< 0,05
20299	Similar ao transportador de folato protonado	-2,35	< 0,05
20310	Similar à zonadhesina	2,38	< 0,05
20318	Similar à hemicentin-1	-2,11	< 0,05
20624	Similar à proteína derivada do elemento transponível piggybac 3	-7,49	< 0,05
20648	Similar à mucina-5AC	-2,99	< 0,05
20716	Proteína de baixa qualidade: similar à mucina-3A	4,44	< 0,05
20734	Similar à proteína GVQW3	-2,76	< 0,05
20745	Similar ao fator de transcrição relacionado a Myb, parceiro de profilina, parcial	5,26	< 0,05
20750	Similar à proteína específica do bulbo ejaculatório 3	2,40	< 0,05
20791	Similar à obscurina isoforma X7	3,37	< 0,05
20824	Similar ao fator de transcrição relacionado a Myb, parceiro de profilina, parcial	3,30	< 0,05
20908	Similar à proteína associada ao citoesqueleto regulada pela atividade 1	-4,03	< 0,05
20980	Similar à desidrogenase	-5,20	< 0,05
21075	Similar ao fator de transcrição relacionado a Myb, parceiro de profilina, parcial	4,36	< 0,05
21116	Provável quinase de serina/treonina-proteína clka isoforma X1	-4,06	< 0,05
21164	Similar à kalicreína-8	-2,86	< 0,05
21354	Similar à proteína do tipo MYM com dedo de zinco 1	5,19	< 0,05
21367	Similar à proteína efetora rxlr secretada 161	2,54	< 0,05
21369	Similar à proteína do tipo MYM com dedo de zinco 1	6,62	< 0,05
21582	Similar à proteína associada ao citoesqueleto regulada pela atividade 1	-2,77	< 0,05
21654	Similar à proteína derivada do elemento transponível piggybac 3	3,21	< 0,05
21693	Similar à subunidade de baixo peso molecular da proteína glutenina	-4,03	< 0,05
21701	Similar à sintase de ácido graxo	-2,24	< 0,05
21722	Provável homólogo de proteína de processamento de rRNA EBP2	-3,93	< 0,05
21767	Similar à proteína derivada do elemento transponível piggybac 3	3,95	< 0,05
21793	Similar à proteína derivada do elemento transponível tigger 4	-3,75	< 0,05
21885	Similar à proteína ALP1	4,13	< 0,05
22181	Similar à proteína associada ao citoesqueleto regulada pela atividade 1	-2,71	< 0,05
22207	Similar ao receptor de polipeptídeo intestinal vasoativo 2	-3,13	< 0,05
22208	Similar ao receptor de polipeptídeo intestinal vasoativo 2	-3,97	< 0,05
22209	Similar ao receptor de polipeptídeo intestinal vasoativo 2	-3,46	< 0,05
22210	Similar ao receptor de polipeptídeo intestinal vasoativo 2	-5,30	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
22211	Similar ao receptor de polipeptídio intestinal vasoativo 2	-2,06	< 0,05
22212	Similar ao receptor de polipeptídio intestinal vasoativo 2	-2,72	< 0,05
22342	Similar à aminopeptidase Apep de xaa-Pro	5,44	< 0,05
22697	Similar à peroxidase	6,18	< 0,05
22774	Similar ao fator de transcrição relacionado a Myb, parceiro de profilina, parcial	3,89	< 0,05
22880	Similar à 15-hidroxi-prostaglandina desidrogenase [NAD(+)]	-5,20	< 0,05
22882	Similar à álcool desidrogenase 1	-4,91	< 0,05
22885	Similar ao proteoglicano de condroitina 2	-4,58	< 0,05
22940	Similar à proteína associada ao citoesqueleto regulada pela atividade 1	-3,47	< 0,05
23111	Similar à cadeia pesada de dineína 2, axonemal	3,96	< 0,05
23112	Similar à cadeia pesada de dineína 2, axonemal	4,50	< 0,05
23113	Similar à cadeia pesada de dineína 2, axonemal	4,36	< 0,05
23116	Similar à cadeia pesada de dineína 2, axonemal	3,63	< 0,05
23118	Similar ao fator de transcrição relacionado a Myb, parceiro de profilina, parcial	2,70	< 0,05
23122	Similar à proteína derivada do elemento transponível piggybac 3	-5,73	< 0,05
23187	Similar à proteína derivada do elemento transponível piggybac 3	-6,19	< 0,05
23211	Similar à proteína derivada do elemento transponível piggybac 3	5,89	< 0,05
23334	Similar à proteína associada ao citoesqueleto regulada pela atividade 1	-2,02	< 0,05
23397	Similar à redutase fabg de 3-oxoacil-[proteína carregadora de acila]	-3,94	< 0,05
23409	Similar à kaliceína-8	-2,74	< 0,05
23425	Similar à proteína transmembrana induzível por hormônio de crescimento	2,05	< 0,05
23462	Similar à proteína derivada do elemento transponível piggybac 3	2,69	< 0,05
23561	Provável nuclease HARBI1	4,99	< 0,05
23702	Similar ao transportador de translocase de proteína isoforma X1	5,59	< 0,05
23923	Proteína de baixa qualidade: similar à proteína relacionada à síndrome do retardo mental X frágil 1	2,03	< 0,05
24003	Similar ao fator de transcrição relacionado a Myb, parceiro de profilina, parcial	6,45	< 0,05
24094	Similar à proteína relacionada a mionitularina 6 isoforma X1	2,47	< 0,05
24162	Similar ao citocromo P450 9e2	6,20	< 0,05
24165	Similar à proteína de resistência nasal para fluoxetina 6	-7,73	< 0,05
24182	Similar à proteína relacionada ao citocromo b5	-2,20	< 0,05
24185	Similar à proteína contendo domínio de dedo de zinco GATA 7	7,33	< 0,05
24193	Similar à aldo-ceto redutase AKR2E4	-4,31	< 0,05
24202	Similar à laccase-2	2,27	< 0,05
24205	Similar à proteína takeout	4,73	< 0,05
24209	Homólogo do transportador de trealose facilitado Tret1-2	-4,70	< 0,05
24216	Similar à proteína Rab-24 relacionada à ras	2,28	< 0,05
24217	Similar à proteína artichoke	2,55	< 0,05
24223	Similar à desidrogenase de retinol 14	5,47	< 0,05
24225	Similar à iodotirosina deiodinase 1	2,42	< 0,05
24239	Similar à colinesterase 1 isoforma X5	2,01	< 0,05
24250	Similar à monooxigenase de alquilglicerol	-2,24	< 0,05
24252	Homólogo ao transportador de trealose facilitado Tret1	-3,10	< 0,05
24255	Similar ao NADPH oxidase 5	2,78	< 0,05
24274	Similar à proteína ribossomal S6 kinase delta-1 isoforma X1	3,30	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
24278	Similar à protease de serina stubble	7,78	< 0,05
24282	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1	2,58	< 0,05
24284	Similar à UDP-glicuroniltransferase 2B10 isoforma X1	-2,80	< 0,05
24287	Similar à desidrogenase de aldeído, mitocondrial	-2,16	< 0,05
24290	Similar ao citocromo P450 4C1	2,95	< 0,05
24292	Similar à UDP-glicuroniltransferase 1-9	4,76	< 0,05
24311	Similar à neuroglobina	2,11	< 0,05
24313	Similar ao transportador de carcinina	-2,19	< 0,05
24329	Provável proteína de transporte de metabólitos csbc	-3,17	< 0,05
24341	Proteína de baixa qualidade: similar à sintase de pirofosfato de geranilgeranil	2,96	< 0,05
24346	Similar à monooxigenase de luciferina 4 isoforma X1	-2,91	< 0,05
24369	Similar ao transportador facilitado de folato	-2,64	< 0,05
24388	Similar à tripsina	5,88	< 0,05
24392	Provável redutase de acil-coa de ácido graxo CG5065	6,24	< 0,05
24395	Similar à lipase 3	7,02	< 0,05
24396	Similar à neprilisina-4	4,50	< 0,05
24403	Semelhante a proteína de transferência de alfa-tocoferol	3,33	< 0,05
24405	Similar à proteína peste isoforma X1	3,14	< 0,05
24427	Similar ao fator de transcrição stalky	4,75	< 0,05
24429	Similar à dioxigenase de trimetil-lisina, mitocondrial	-2,47	< 0,05
24439	Similar à tetraspanina-33	2,79	< 0,05
24458	Similar à quitina deacetilase 1	6,87	< 0,05
24465	Similar à proteína específica do bulbo ejaculatório 3	6,12	< 0,05
24482	Similar à proteína com repetição de tetratricopeptídeo 5	2,09	< 0,05
24488	Similar ao transportador de monocarboxilato 9	-3,64	< 0,05
24490	Similar ao citocromo P450 4c3	-6,19	< 0,05
24491	Similar à proteína escarlata	-3,26	< 0,05
24494	Similar ao receptor de pirocinina-1 isoforma X1	-2,05	< 0,05
24502	Similar à helicase de RNA 3'-5' YTHDC2 isoforma X2	2,05	< 0,05
24512	Similar à E3 ubiquitina-proteína ligase MARCHF5 isoforma X1	2,16	< 0,05
24517	Similar à homeobox 2 do sistema visual isoforma X6	2,51	< 0,05
24541	Similar à desidrogenase de colina, mitocondrial	3,42	< 0,05
24549	Similar à aminopeptidase N isoforma X1	-2,27	< 0,05
24550	Similar à mirosinase 1	-2,16	< 0,05
24562	Similar à glutationa S-transferase 1	2,25	< 0,05
24573	Similar à desidrogenase retinal 1 isoforma X1	-3,09	< 0,05
24575	Similar ao inibidor de protease de serina 88Ea	4,20	< 0,05
24578	Proteína de baixa qualidade: similar à semaforina-5A	2,57	< 0,05
24585	Similar ao membro da família G do transportador ABC 23	3,46	< 0,05
24588	Similar à subunidade 15 do mediador da transcrição da RNA polimerase II isoforma X1	10,29	< 0,05
24589	Similar à lipase 1	-2,20	< 0,05
24594	Similar à proteína letal (2) essencial para a vida	-4,31	< 0,05
24598	Similar ao receptor ionotrópico 25a	2,35	< 0,05
24609	Similar à subunidade 2 da sintase de decaprenil-difosfato	6,50	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
24618	Similar à proteína cuticular 19	6,92	< 0,05
24622	Similar à desidrogenase de glicose [FAD, quinona]	2,23	< 0,05
24628	Similar à proteína contendo repetição WD 74	-3,82	< 0,05
24630	Similar à proteína transportadora de malato/2-oxoglutarato mitocondrial	-2,55	< 0,05
24633	Similar à proteína de dedo de zinco 2	2,07	< 0,05
24634	Similar à proteína contendo repetição rica em leucina 24	4,00	< 0,05
24638	Similar à hemicentin-1	2,15	< 0,05
24644	Similar à carboxilesterase-6 de veneno isoforma X1	5,14	< 0,05
24654	Proteína de baixa qualidade: similar à ornitina carbamoiltransferase	4,20	< 0,05
24656	Similar ao transportador de monocarboxilato acoplado a sódio 1	2,12	< 0,05
24689	Similar à desidrogenase de retinol 13	-3,82	< 0,05
24692	Similar à protease de serina transmembrana 12	5,48	< 0,05
24693	Similar à desidrogenase de glicose [FAD, quinona]	-2,67	< 0,05
24697	Similar à proteína de ligação odorante geral 69a isoforma X1	-2,65	< 0,05
24699	Similar à tripsina CFT-1	2,86	< 0,05
24711	Similar à desidrogenase de retinol epidérmica 2 isoforma X1	3,80	< 0,05
24713	Similar à proteína cuticular 7	6,23	< 0,05
24714	Similar à redutase de acil-coa de ácido graxo 1	2,88	< 0,05
24715	Similar à proteína de resistência nasal para fluoxetina 6	7,12	< 0,05
24717	Similar à aminoacilase-1	-2,43	< 0,05
24723	Similar à glucose-1-fosfatase	-3,74	< 0,05
24729	Similar ao receptor de peptídeo cardioaceleratório isoforma X1	4,66	< 0,05
24730	Similar à desidrogenase de glicose [FAD, quinona]	-4,01	< 0,05
24731	Similar à redutase fabg de 3-oxoacil-[proteína carregadora de acila]	-2,10	< 0,05
24758	Similar à esterase FE4	-2,53	< 0,05
24763	Similar à subunidade C da sintase de microsubtilina	6,07	< 0,05
24781	Proteína de baixa qualidade: similar ao citocromo P450 18a1	4,75	< 0,05
24785	Similar ao inibidor de protease de serina	3,26	< 0,05
24786	Similar à proteína ativadora de gtpase rac 1	-2,29	< 0,05
24795	Similar ao citocromo P450 4C1	-2,29	< 0,05
24796	Similar ao citocromo P450 4C1	-2,21	< 0,05
24797	Similar à nischarina	2,29	< 0,05
24800	Similar à desidrogenase de glicose [FAD, quinona]	6,85	< 0,05
24802	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1	-3,84	< 0,05
24807	Similar ao membro 3 da família de transportadores solúveis 46	4,50	< 0,05
24809	Similar à proteína de transferência de alfa-tocoferol	-2,89	< 0,05
24815	Homólogo à proteína fuzzy	-2,35	< 0,05
24819	Similar à proteína transportadora de aminoácidos próton-coplada CG1139 isoforma X1	2,01	< 0,05
24825	Similar à glicina N-metiltransferase	-2,63	< 0,05
24834	Similar à desidrogenase de retinol 11	3,85	< 0,05
24844	Similar à tripsina-1	6,10	< 0,05
24856	Provável subunidade 1 do complexo de ribonucleoproteína H/ACA	-5,12	< 0,05
24863	Similar à proteína controlada pelo relógio circadiano daywake	-6,61	< 0,05
24875	Similar à proteína dedo de zinco 418 isoforma X1	2,04	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
24878	Similar à aldo-ceto redutase AKR2E4 isoforma X1	-2,43	< 0,05
24884	Similar à proteína bifuncional de biossíntese de purina ATIC	-2,20	< 0,05
24888	Similar à proteína cuticular 19.8	10,43	< 0,05
24898	Similar à helicase de DNA dependente de ATP DDX11	-2,93	< 0,05
24913	Similar à uridina fosforilase 1	2,61	< 0,05
24914	Similar ao citocromo P450 4c3	-2,58	< 0,05
24922	Similar à desidrogenase de glicose [FAD, quinona]	2,18	< 0,05
24925	Similar à oxidase de espermina	-3,00	< 0,05
24935	Similar à UDP-glicuroniltransferase 2B31	3,16	< 0,05
24936	Similar à pro-resilina	8,09	< 0,05
24939	Similar à ribonuclease H1	-3,66	< 0,05
24956	Similar à cadeia pesada H4 do inibidor inter-alfa-tripsina isoforma X3	-2,53	< 0,05
24958	Similar à calbindina-32 isoforma X1	2,63	< 0,05
24960	Similar à desidrogenase de glicose [FAD, quinona]	-2,58	< 0,05
24962	Similar à protease degradadora de vitelina	3,74	< 0,05
24968	Similar à aminopeptidase N isoforma X1	2,58	< 0,05
25008	Similar à proteína de resistência nasal para fluoxetina 6	-2,55	< 0,05
25010	Provável redutase de acil-coa de ácido graxo CG5065	-3,89	< 0,05
25011	Similar à protease de serina stubble	4,23	< 0,05
25018	Proteína de baixa qualidade: similar à proteína madd-4	2,88	< 0,05
25020	Similar à proteína homóloga de ligação a fosfatidiletanolamina F40A3.3	-2,63	< 0,05
25022	Proteína de baixa qualidade: homólogo da proteína UBASH3A	-3,02	< 0,05
25026	Similar à mutase de fosfoacetilglucosamina	2,39	< 0,05
25034	Provável proteína de defesa 3	2,70	< 0,05
25039	Similar à aldo-ceto redutase AKR2E4	2,23	< 0,05
25045	Similar à oxidoreductase não caracterizada TM_0325	-3,33	< 0,05
25046	Similar à proteína de parede celular vegetativa gp1	3,31	< 0,05
25048	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1	-5,33	< 0,05
25050	Similar à proteína cuticular 8 isoforma X1	8,67	< 0,05
25054	Similar ao ativador transcricional GLI3	8,49	< 0,05
25056	Similar à glicoproteína de vesícula sináptica 2B isoforma X1	4,75	< 0,05
25057	Similar à desaturase acil-coa 1	6,95	< 0,05
25060	Similar à lipase 3 isoforma X1	6,39	< 0,05
25070	Similar ao membro 1 do receptor scavenger classe B	2,70	< 0,05
25080	Similar à proteína relacionada à lipase pancreática 2	-3,44	< 0,05
25084	Provável isomerase de hidroxipiruvato	-2,73	< 0,05
25085	Similar à proteína transportadora de cátions orgânicos	2,28	< 0,05
25089	Similar à pirrolina-5-carboxilato redutase isoforma X1	-2,18	< 0,05
25108	Similar à pro-resilina	6,27	< 0,05
25109	Similar à esterase FE4	-2,08	< 0,05
25120	Similar à proteína cuticular de larva/pupa H1C	5,44	< 0,05
25130	Similar à lipase membro I isoforma X1	2,65	< 0,05
25136	Similar à proteína contendo domínio de dioxygenase de coa de phytanoyl 1	2,24	< 0,05
25140	Similar à proteína controlada pelo relógio circadiano daywake	4,29	< 0,05
25152	Similar ao antígeno CD63	2,02	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
25163	Similar à sintase de ceramida 6	-4,50	< 0,05
25165	Provável cisteína sintase inativa 2	-4,40	< 0,05
25172	Similar à mucina-5AC	3,75	< 0,05
25176	Similar à transferase de coenzima A de succinil-coa:3-cetoácido 1, mitocondrial	-2,14	< 0,05
25178	Similar à proteína de homeostase de piridoxal fosfato	-3,05	< 0,05
25188	Similar à tripsina-3	4,93	< 0,05
25194	Similar à enzima 2-O-sulfotransferase tubular de heparan sulfato	3,84	< 0,05
25197	Similar à proteína de transferência de alfa-tocoferol	3,57	< 0,05
25200	Similar ao fator 2 ativador da fenoloxidase	-7,32	< 0,05
25210	Similar ao antígeno linfocitário 75	-2,31	< 0,05
25212	Similar ao receptor 2 de polipeptídeo intestinal vasoativo	-4,79	< 0,05
25213	Similar à subunidade RPA49 da RNA polimerase I dirigida ao DNA	5,80	< 0,05
25214	Similar à proteína de transferência de alfa-tocoferol	5,47	< 0,05
25216	Similar à proteína ativadora de Rho ligante à actina	-4,85	< 0,05
25226	Similar à proteína apneia	9,87	< 0,05
25227	Proteína de baixa qualidade: similar à subunidade 4 do fator C de replicação, parcial	-3,53	< 0,05
25228	Similar à fosfatase de fosfolípido 2 isoforma X1	2,49	< 0,05
25238	Similar à proteína rica em leucina associada à diferenciação de melanócitos isoforma X1	2,31	< 0,05
25243	Similar à proteína controlada pelo relógio circadiano daywake	-2,83	< 0,05
25263	Similar à proteína letal (2) essencial para a vida	-3,59	< 0,05
25279	Similar à proteína anon-37Cs isoforma X1	-4,13	< 0,05
25283	Similar à desidrogenase de sorbitol	-3,02	< 0,05
25285	Provável transportador de aminoácidos catiônicos isoforma X1	2,30	< 0,05
25289	Similar à apolipoproteína D	2,92	< 0,05
25291	Similar à desidrogenase de aldeído, citosol 1	-5,31	< 0,05
25294	Similar à proteína twinkle, mitocondrial	2,68	< 0,05
25302	Similar à redutase wat acil-coa de ácido graxo	-8,97	< 0,05
25303	Similar à esterase FE4	-4,13	< 0,05
25308	Similar à proteína de alongação de ácidos graxos de cadeia muito longa	-2,45	< 0,05
25312	Similar à proteína de cinetina KIF18A	4,10	< 0,05
25314	Proteína de baixa qualidade: provável citocromo P450 6a17	6,59	< 0,05
25327	Provável transportador facilitado de próton-acoplado de folato	2,82	< 0,05
25336	Similar à proteína não caracterizada de 30.3 kda isoforma X1	2,74	< 0,05
25349	Similar à cadeia alfa-1(I) do colágeno	5,08	< 0,05
25356	Similar ao membro 1 da família 22 de carregadores de soluto	4,02	< 0,05
25360	Similar à proteína takeout	6,10	< 0,05
25368	Similar à desidrogenase de farnesol	2,12	< 0,05
25371	Similar à desidrogenase de retinol 12	5,82	< 0,05
25379	Similar à deacetilase de proteína Sirt6 dependente de NAD	-4,83	< 0,05
25385	Provável citocromo P450 304a1	3,18	< 0,05
25392	Similar à tripsina CFT-1	4,32	< 0,05
25399	Similar à esterase FE4	-6,80	< 0,05
25408	Similar à neprilisa-4 isoforma X1	2,22	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
25424	Similar à quimotripsina-1	5,56	< 0,05
25427	Similar à desidrogenase D-arabinitol 1	-5,03	< 0,05
25440	Similar ao receptor beta-1R de octopamina	2,55	< 0,05
25442	Similar à proteína de canal de sódio Nach isoforma X1	-2,14	< 0,05
25443	Similar à hidrolase de epóxido de hormônio juvenil	6,56	< 0,05
25447	Similar ao transportador de monocarboxilato acoplado a sódio 2	-2,52	< 0,05
25451	Similar à proteína letal (2) essencial para a vida	-2,67	< 0,05
25452	Similar à proteína cuticular 16.5	4,64	< 0,05
25457	Similar à desaturase acil-coa Delta(11)	-3,80	< 0,05
25460	Similar à ribonuclease H1	2,41	< 0,05
25499	Similar à luciferina sulfotransferase	-6,54	< 0,05
25507	Similar à subunidade beta da 2-oxoisovalerato desidrogenase, mitocondrial	-2,13	< 0,05
25521	Similar à decarboxilase de ácido cisteico sulfínico	5,44	< 0,05
25532	Similar à caltractina	4,50	< 0,05
25535	Similar à glicosilceramidase ácida lisossomal	2,20	< 0,05
25541	Similar à galectina-9	-2,27	< 0,05
25544	Proteína de baixa qualidade: similar à esterase E4	6,38	< 0,05
25549	Similar à adenosil-homocisteinase 1 isoforma X7	2,19	< 0,05
25551	Similar à proteína síndrome de Bardet-Biedl 2	-4,13	< 0,05
25553	Provável citocromo P450 49a1	6,35	< 0,05
25560	Similar à protease de serina snake	-2,83	< 0,05
25567	Similar à desidrogenase de glicose [FAD, quinona]	4,09	< 0,05
25576	Similar à proteína mpv17 2	-3,55	< 0,05
25577	Provável peptídeo salivar secretado	-2,07	< 0,05
25582	Similar à subfamília G do transportador de ATP ligado à cassete de membrana 1	3,34	< 0,05
25597	Similar à tripsina-1 isoforma X1	10,84	< 0,05
25598	Similar à proteína de membrana lisossômica glicosilada A	2,18	< 0,05
25604	Similar à proteína de repetição F-box/LRR 20 isoforma X1	2,08	< 0,05
25619	Similar à fator associado a PCNA	3,13	< 0,05
25633	Similar à gliadina gama	-5,05	< 0,05
25647	Similar ao receptor de dopamina D2	3,92	< 0,05
25654	Similar ao transportador de trealose facilitado homólogo Tret1	-3,37	< 0,05
25665	Provável peptídeo secretado salivar	6,41	< 0,05
25667	Similar à proteoglicano 4 isoforma X1	7,49	< 0,05
25671	Similar à citoglobina-1 isoforma X1	-2,98	< 0,05
25678	Similar à neurotrofina 1	5,73	< 0,05
25685	Similar à parapinopsina	3,95	< 0,05
25704	Similar à proteína de ligação ao DNA 3 contendo domínio tipo Myb/SANT	2,46	< 0,05
25707	Proteína de baixa qualidade: similar à sulfotransferase 1E1	-2,26	< 0,05
25715	Similar à proteína com domínio de somatomedina-B e trombospondina tipo-1	4,77	< 0,05
25725	Homólogo de bombyxin A-3	2,29	< 0,05
25733	Similar à helicase de RNA dependente de ATP glh-1	6,79	< 0,05
25749	Similar à tripsina alcalina A	4,53	< 0,05
25755	Similar ao transportador de monocarboxilato 1	-4,27	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
25762	Provável redutase de acil-coa de ácido graxo CG5065	6,71	< 0,05
25764	Proteína de baixa qualidade: similar à acetiltransferase de histona p300	8,69	< 0,05
25781	Similar à proteína de membrana integral de 23 kda	3,62	< 0,05
25787	Similar à proteína extensina rica em repetições ricas em leucina específica de pólen 3	-2,05	< 0,05
25795	Similar à catepsina O	-3,32	< 0,05
25801	Proteína de baixa qualidade: similar à subunidade 2 da decaprenil-difosfato sintase	4,36	< 0,05
25806	Similar à UDP-glicuroniltransferase 1-8	-4,32	< 0,05
25810	Similar à extensina	5,61	< 0,05
25821	Similar à redutase fabg de 3-oxoacil-[proteína carregadora de acila]	-2,95	< 0,05
25834	Similar à proteína <i>takeout</i>	-4,67	< 0,05
25843	Similar à fosfolipase A1	3,85	< 0,05
25851	Provável histona- lisina N-metiltransferase set-23	-2,96	< 0,05
25871	Similar à lorocrina	-3,48	< 0,05
25873	Similar à tricohialina	-5,93	< 0,05
25878	Similar à UDP-glicuroniltransferase 2B1	3,44	< 0,05
25917	Similar ao fator 6 associado ao receptor de fator de necrose tumoral	-3,27	< 0,05
25918	Similar à proteína UNC93	2,19	< 0,05
25930	Similar à oxidoreductase não caracterizada SSP0419	5,76	< 0,05
25948	Provável palmitoiltransferase ZDHHC11	2,04	< 0,05
25968	Similar à proteína contendo domínio de fosfatase tirosina 1	-3,57	< 0,05
25983	Similar à proteína contendo repetições ricas em leucina 39	2,65	< 0,05
25987	Similar à carboxilesterase-6 de veneno	3,33	< 0,05
25990	Similar à transportador de aminoácidos neutros acoplado a sódio B(0)AT3	-4,49	< 0,05
26016	Similar à transportador de trealose facilitado homólogo Tret1	-3,57	< 0,05
26026	Similar à lachesina isoforma X1	2,68	< 0,05
26040	Similar à álcool desidrogenase do tipo zinco SERP1785	-2,35	< 0,05
26064	Similar à β-1,3-galactosiltransferase 5	2,61	< 0,05
26078	Similar à E3 ubiquitina-proteína ligase RNF13 isoforma X1	2,33	< 0,05
26088	Similar à proteína de dedo de zinco homeobox 4 isoforma X1	2,55	< 0,05
26115	Similar à transportador de cátions orgânicos	6,75	< 0,05
26127	Similar à colinesterase 1	-2,17	< 0,05
26152	Similar ao antígeno de superfície de leucócitos CD53	2,30	< 0,05
26153	Similar à mucina-5AC	-5,92	< 0,05
26158	Similar à fosfolipase A1 vest1.02	4,40	< 0,05
26185	Similar à proteína de membrana integral de 23 kda isoforma X3	2,62	< 0,05
26186	Similar à proteína takeout	6,21	< 0,05
26188	Similar à aldo-ceto redutase AKR2E4	-2,69	< 0,05
26189	Similar à proteína CREG1 isoforma X1	-2,77	< 0,05
26192	Similar à cinurenina 3-monoxygenase	-4,63	< 0,05
26209	Similar à proteína drebrina B	2,02	< 0,05
26211	Similar à serpina E3	-9,48	< 0,05
26218	Similar ao citocromo P450 6B5	-4,13	< 0,05
26221	Similar à dupla oxidase isoforma X1	2,62	< 0,05
26225	Similar à peroxidase do córion	-2,08	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
26236	Similar à desaturase de colesterol 7	2,68	< 0,05
26244	Similar à subfamília G do transportador de ATP ligado à cassete de membrana 1	2,12	< 0,05
26246	Provável redutase de acil-coa de ácido graxo CG5065	-2,02	< 0,05
26250	Similar ao transportador de trealose facilitada homólogo Tret1 isoforma X2	3,02	< 0,05
26252	Provável citocromo P450 6a14	10,03	< 0,05
26260	Similar à exonuclease de reparo de três primeiras bases 2	3,52	< 0,05
26272	Provável cotransportador de fosfato inorgânico	-2,37	< 0,05
26282	Similar ao transportador de trealose facilitada Tret1 isoforma X1	2,78	< 0,05
26288	Similar à delta-1-pirrolina-5-carboxilato sintase isoforma X1	-2,36	< 0,05
26334	Similar ao citocromo P450 6k1	-2,35	< 0,05
26352	Similar à proteína homóloga do fator de transcrição SPT20	8,62	< 0,05
26353	Similar ao componente de lipoamida aciltransferase do complexo desidrogenase de alfa-cetoácidos de cadeia ramificada, mitocondrial	-2,20	< 0,05
26358	Similar à proteína de transporte intracelular USO1	2,83	< 0,05
26363	Similar à proteína contendo domínio macro rsc0334	-2,03	< 0,05
26371	Similar à protease de serina snake	-2,77	< 0,05
26385	Similar à fosfolipase A1 membro A	7,92	< 0,05
26388	Similar ao retinol desidrogenase 11	-4,15	< 0,05
26400	Similar à protease de veneno	-4,86	< 0,05
26409	Similar à prostaglandina redutase 1	-2,50	< 0,05
26410	Similar à proteína <i>Yellow</i>	8,83	< 0,05
26420	Similar à proteína relacionada à modificação da cromatina EAF-1	5,27	< 0,05
26421	Similar ao transportador de cátions orgânicos	2,11	< 0,05
26423	Similar ao citocromo P450 4C1	-3,01	< 0,05
26426	Similar à quimotripsina-1	-5,29	< 0,05
26428	Similar à lipase 3	7,88	< 0,05
26439	Similar ao transportador monocarboxilato acoplado a sódio 1	5,74	< 0,05
26459	Similar à fosfatase alcalina, isoenzima não tecido-específica	5,23	< 0,05
26460	Similar à proteína associada a cílios e flagelos 36	-2,45	< 0,05
26461	Similar à proteína não caracterizada de 30,3 kda	3,24	< 0,05
26466	Provável tubulina poliglutamilase ttl-15 isoforma X3	5,09	< 0,05
26467	Similar à sulfurase do cofator de molibdênio isoforma X1	2,04	< 0,05
26471	Similar à proteína transmembrana rica em repetições de leucina FLRT3	2,11	< 0,05
26473	Similar à proteína de malha isoforma X1	2,31	< 0,05
26474	Similar à mucina-3A	6,34	< 0,05
26478	Similar à glicoproteína estrutural endocuticular sgabd-5 isoforma X1	-4,63	< 0,05
26487	Similar à fibroína pesada	2,36	< 0,05
26492	Similar à proteína de parede celular DAN4	2,01	< 0,05
26494	Similar à hialuronidase	2,37	< 0,05
26509	Similar à proteína de parede celular vegetativa gp1	8,90	< 0,05
26516	Similar à proteína do locus de serendipidade alfa	-2,25	< 0,05
26520	Similar à proteína apenas de caixa-F 32 isoforma X1	4,36	< 0,05
26523	Similar à proteína de vesícula sináptica glicoproteína 2C	-5,43	< 0,05
26534	Similar à fitanil-coa dioxygenase peroxissomal isoforma X1	-5,33	< 0,05
26543	Similar à aquaporina	2,12	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
26554	Similar à disintegrina A e metaloproteinase com motif de trombospondina adt-2 isoforma X1	2,65	< 0,05
26560	Similar à proteína integral de membrana de 23 kda	2,18	< 0,05
26566	Similar à proteína de elongação de ácidos graxos de cadeia muito longa isoforma X2	-2,01	< 0,05
26569	Similar à proteína locus neurogenico delta isoforma X1	11,13	< 0,05
26572	Similar à xantina desidrogenase	-3,74	< 0,05
26587	Similar ao canal de potássio ATP-sensível para dentro da célula 15 isoforma X2	-3,75	< 0,05
26596	Similar à desidrogenase de glicose [FAD, quinona]	8,74	< 0,05
26601	Similar à proteoglicano 4	3,68	< 0,05
26602	Similar ao transportador de trealose facilitado homólogo Tret1	-2,60	< 0,05
26615	Similar à alfa-N-acetilgalactosaminidase	6,28	< 0,05
26616	Similar ao transportador de trealose facilitado homólogo Tret1	4,28	< 0,05
26621	Provável transportador de amônio 2	5,24	< 0,05
26622	Similar à serina protease transmembrana 9	8,46	< 0,05
26623	Similar à proteína controlada pelo relógio circadiano daywake isoforma X1	5,38	< 0,05
26626	Similar à extensina	11,10	< 0,05
26636	Similar à transportador de carcinina isoforma X1	2,45	< 0,05
26646	Similar à transportador de cátions orgânicos	-3,24	< 0,05
26655	Similar à 4-coumarato-coa ligase 1	-2,32	< 0,05
26673	Similar ao citocromo P450 9e2	-4,63	< 0,05
26674	Similar à proteína PE_PGRS16 da família PE-PGRS	7,26	< 0,05
26681	Similar à desidrogenase de glicose [FAD, quinona]	7,11	< 0,05
26701	Similar à proteína de membrana de neurônio sensorial 2	-2,30	< 0,05
26714	Similar à proteína específica do bulbo ejaculatório 3	-2,30	< 0,05
26727	Similar à UDP-glicuroniltransferase 2B15	-3,35	< 0,05
26729	Similar à U-scoloptoxina (01)-Cw1a	9,69	< 0,05
26736	Similar à <i>masquerade</i> isoforma X2	5,90	< 0,05
26742	Similar à proteína cuticular 16.8	-2,31	< 0,05
26747	Similar à disintegrina A e metaloproteinase com motifs de trombospondina 16 isoforma X1	3,33	< 0,05
26752	Similar à proteína geral de ligação odorante 70	3,25	< 0,05
26762	Similar à proteína contendo domínio tripartido 45	3,93	< 0,05
26772	Similar à desidrogenase de glicose [FAD, quinona]	6,33	< 0,05

(conclusão)

Apêndice E. Genes diferencialmente expressos anotados entre os tratamentos Sf-ss e Tef-sel de *S. frugiperda*.

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
28	Similar à luciferina 4-monoxigenase	-5,50	< 0,05
54	Proteína de baixa qualidade: provável ligase 1 de 4-cumarato-coa	-2,16	< 0,05
92	Similar à hemocitina	-2,22	< 0,05
106	Proteína de baixa qualidade: similar ao precursor da hidrolase de ácidos graxos acil-coa, cadeia média, parcial	-5,30	< 0,05
108	Similar à desidrogenase de retinol 12	-3,43	< 0,05
119	Similar à proteína de parede celular DAN4	9,13	< 0,05
143	Similar à redutase de ácidos graxos acil-coa wat	8,96	< 0,05
189	Similar à proteína derivada do elemento transponível piggybac 3	-3,12	< 0,05
195	Similar à proteína rica em glicina DOT1	-3,23	< 0,05
223	Similar à proteína de parede celular DAN4	6,96	< 0,05
232	Similar ao membro 4 da família de transportadores de soluto 12	2,50	< 0,05
249	Homólogo do fator de transcrição SPT20	6,78	< 0,05
250	Similar à colina O-acetiltransferase	3,72	< 0,05
252	Similar à enzima pró-coagulante	4,72	< 0,05
253	Similar ao regulador de sinalização de proteína G rgs-2 isoforma X1	2,14	< 0,05
270	Similar à galactocinase	-2,87	< 0,05
278	Similar à proteína torso isoforma X1	2,13	< 0,05
285	Similar às proteínas de ligação de cálcio sarcoplásmicas I, III e IV	-3,52	< 0,05
289	Similar à proteína associada à queratina 6-2	4,11	< 0,05
306	Similar ao icor	9,56	< 0,05
322	Similar ao membro 6 do transportador de glicose facilitado da família 2	-3,61	< 0,05
331	Similar à proteína de resistência nasal para fluoxetina 6	4,55	< 0,05
335	Similar à histona-lisina N-metiltransferase SETMAR	-4,13	< 0,05
364	Similar à proteína contendo o domínio EF-hand 1	4,91	< 0,05
365	Similar à proteína homeobox Mohawk	2,35	< 0,05
367	Similar à UDP-glicuronosiltransferase 2B15	-3,35	< 0,05
374	Similar ao alérgeno Tha p 1, isoforma X1	3,61	< 0,05
397	Similar à proteína efetora rxlr secretada isoforma X1	2,04	< 0,05
405	Similar à proteína obstrutora-E	2,64	< 0,05
414	Similar à isomerase de glicose-6-fosfato	-2,74	< 0,05
432	Similar à proteína contendo o domínio somatomedina-B e trombospondina tipo-1	3,43	< 0,05
443	Similar à adesina rica em serina para plaquetas	2,62	< 0,05
458	Similar à hemicentin-1	-2,03	< 0,05
460	Similar à proteína de resistência nasal para fluoxetina 6	-5,09	< 0,05
469	Similar ao citocromo P450 6j1	3,20	< 0,05
477	Similar ao receptor nuclear específico para fotorreceptor	3,95	< 0,05
480	Similar ao polipeptídeo médio de neurofilamento	3,09	< 0,05
497	Similar à proteína da família rutc UK114 isoforma X1	-2,12	< 0,05
507	Similar à espinha, isoforma X1	5,84	< 0,05
518	Similar à proteína rica em prolina, ácido glutâmico e leucina 1	2,38	< 0,05
567	Similar à proteína cuticular	8,42	< 0,05

(continua)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
574	Similar à proteína de ligação a RNA 33	13,42	< 0,05
575	Similar à espidroína-2	6,19	< 0,05
577	Similar ao transportador do tipo facilitador principal sort	3,72	< 0,05
580	Similar à proteína de resistência nasal para fluoxetina 6	3,41	< 0,05
589	Similar à titina	4,51	< 0,05
595	Similar à desidrogenase de glicose [FAD, quinona]	6,29	< 0,05
651	Similar à proteína cuticular 16,5	5,65	< 0,05
687	Similar à esfingomielina fosfodiesterase, isoforma X2	2,47	< 0,05
691	Similar à proteína contendo o domínio de citocromo b5 1	4,15	< 0,05
692	Proteína de baixa qualidade: controlada pelo relógio circadiano daywake	5,87	< 0,05
699	Proteína de baixa qualidade: similar ao receptor de histamina H2	2,41	< 0,05
704	Provável mediador da subunidade 29 da transcrição da RNA polimerase II, isoforma X1	4,08	< 0,05
709	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1	2,12	< 0,05
712	Similar à proteína biossintética trifuncional de purina adenosina-3 isoforma X1	-2,16	< 0,05
734	Similar à proteína cuticular 8	5,98	< 0,05
737	Similar à proteína de alongação de ácidos graxos de cadeia muito longa 7, isoforma X1	4,93	< 0,05
748	Similar à proteína de montagem da linha M do músculo unc-89	4,52	< 0,05
758	Similar à proteína cuticular	9,00	< 0,05
762	Similar à peroxidase	-4,15	< 0,05
767	Similar à proteína rica em histidina e glicoproteína	5,77	< 0,05
786	Similar à UDP-glicuronosiltransferase 2B19	-2,96	< 0,05
810	Similar à proteína branca, isoforma X2	-2,31	< 0,05
840	Proteína contendo o domínio C3 e PZP-like alpha-2-macroglobulin 8	2,20	< 0,05
848	Similar à proteína de ligação a ommocromo, isoforma X1	-3,01	< 0,05
877	Similar à citoglobina-1, isoforma X3	-2,87	< 0,05
882	Similar à helicase de RNA dependente de ATP glh-1	7,26	< 0,05
884	Similar à catepsina L1	2,10	< 0,05
918	Similar à oxidoreductase não caracterizada TM_0325	-2,10	< 0,05
927	Similar à proteína homeobox Hox-A1	2,61	< 0,05
934	Similar à proteína cinosina KIF23	-2,10	< 0,05
938	Similar à proteína chaoptin, isoforma X1	2,10	< 0,05
964	Similar à lipase membro H-B	3,77	< 0,05
968	Similar à UDP-glicuroniltransferase 2B15	-2,48	< 0,05
969	Similar à alfa-manosidase 2	-2,38	< 0,05
986	Similar à aminometiltransferase mitocondrial	-2,32	< 0,05
987	Similar à melanotransferrina	-3,11	< 0,05
1002	Similar à fosfatase de tirosina proteína cdc-14 isoforma X1	4,15	< 0,05
1003	Similar à N-acetilneuramato liase isoforma X2	-5,51	< 0,05
1010	Similar à carboxipeptidase B	5,16	< 0,05
1029	Homólogo similar à bombyxina A-1	2,27	< 0,05
1038	Similar à proteína extensina rica em leucina específica de pólen 4	10,60	< 0,05
1051	Similar à proteína cuticular 16.5	8,94	< 0,05
1052	Similar à proteína rica em histidina ligadora de cálcio do retículo sarcoplasmático	8,80	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
1064	Similar à luciferina 4-monooxigenase	-4,57	< 0,05
1072	Similar à proteína de reconhecimento de peptidoglicano 2 isoforma X1	2,55	< 0,05
1075	Similar à proteína cuticular 8 isoforma X1	8,30	< 0,05
1084	Similar à proteína relacionada a LA 6	5,49	< 0,05
1104	Similar à proteína de flocculação FLO11 isoforma X1	3,24	< 0,05
1109	Similar à maltase 2	2,01	< 0,05
1111	Similar à proteína estrutural de parede celular rica em glicina	2,59	< 0,05
1114	Similar à proteína de glicoproteção de estruturação de gelo	6,08	< 0,05
1124	Similar à proteína de reconhecimento de peptidoglicano SC2 isoforma X5	2,30	< 0,05
1138	Similar à mucina-22 isoforma X1	-2,24	< 0,05
1147	Similar à esterase de hormônio juvenil	-2,67	< 0,05
1158	Similar à redutase de 3-hidroxi-3-metilglutaril-coenzima A	2,07	< 0,05
1181	Similar à peroxidase de heme 2 de baixa qualidade	2,53	< 0,05
1192	Similar à desidrogenase de glicose [FAD, quinona]	3,52	< 0,05
1196	Similar à <i>nubbin</i>	2,03	< 0,05
1207	Homólogo ao fator de transcrição SPT20 isoforma X2	6,81	< 0,05
1245	Similar à protease serina modular	-3,37	< 0,05
1248	Similar à proteína com domínio ubiquitina similar à ubiquitina residente no retículo endoplasmático, responsiva à homocisteína 2	2,06	< 0,05
1250	Provável quitinase 10	2,05	< 0,05
1261	Similar à proteína derivada do elemento transponível piggybac 3	-2,54	< 0,05
1287	Homólogo ao componente B" do fator de transcrição TFIIB isoforma X1	-2,40	< 0,05
1289	Similar à proteína derivada do elemento transponível piggybac 4	-2,39	< 0,05
1296	Homólogo ao receptor de hormônio 4 isoforma X4	8,01	< 0,05
1305	Similar à proteína controlada pelo relógio circadiano daywake	2,52	< 0,05
1356	Similar à proteína contendo domínios MATH e LRR PFE0570w	4,40	< 0,05
1367	Similar à proteína contendo domínio abhidrolase não caracterizada	10,37	< 0,05
1367	DDB_G0269086 isoforma X3		
1460	Similar à adenilato ciclase tipo 2 isoforma X2	2,05	< 0,05
1478	Similar à proteína estrutural de parede celular rica em glicina	6,18	< 0,05
1484	Similar ao fator de iniciação da tradução IF-2 isoforma X1	5,08	< 0,05
1485	Similar à proteína relacionada a lipase pancreática 2	4,27	< 0,05
1491	Similar à glutatona S-transferase 1 de baixa qualidade	-5,68	< 0,05
1498	Similar à lipase membro H-A isoforma X1	4,70	< 0,05
1525	Similar à sintase de óxido nítrico	-2,01	< 0,05
1562	Similar à proteína <i>Yellow</i>	3,70	< 0,05
1563	Similar à proteína granzima 1	-2,48	< 0,05
1568	Similar à fosfatase ácida prostática	-2,69	< 0,05
1577	Provável tirosina-proteína quinase Wsck	-2,08	< 0,05
1580	Similar à proteína de susceptibilidade ao câncer de mama tipo 2	-2,26	< 0,05
1591	Similar à proteína <i>Yellow</i> isoforma X1	4,88	< 0,05
1620	Similar à proteína rica em glicina, alanina e asparagina	4,90	< 0,05
1630	Similar à proteína do tipo dedo de zinco MYM 1	3,14	< 0,05
1641	Similar ao citocromo P450 4C1	-3,27	< 0,05
1665	Similar à proteína relacionada a lipase pancreática 3 isoforma X1	3,63	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
1678	Similar à fosfolipase A1	3,02	< 0,05
1687	Similar à proteína da zona de gravidez	2,29	< 0,05
1700	Provável transportador svop-1	-4,22	< 0,05
1710	Similar à anidrase carbônica 7	-2,40	< 0,05
1718	Similar à proteína relacionada à vesícula sináptica 2 isoforma X1	-4,32	< 0,05
1733	Similar à desidrogenase	-3,01	< 0,05
1734	Similar à neurexina-4 de baixa qualidade	-2,22	< 0,05
1766	Similar à mucina-5AC	3,15	< 0,05
1777	Similar à proteína semelhante a O-acyltransferase	3,26	< 0,05
1803	Similar à mono-ADP-ribosiltransferase de proteína PARP16	-7,17	< 0,05
1815	Similar à protease de serina transmembrana 9	5,88	< 0,05
1817	Similar à carboxipeptidase B	2,01	< 0,05
1847	Similar à cotransportador de sódio/nucleosídeo 2 isoforma X1	3,24	< 0,05
1861	Similar ao receptor de polipeptídeo intestinal vasoativo 2	-2,77	< 0,05
1863	Similar à proteína <i>Yellow</i>	4,08	< 0,05
1875	Similar à desidrogenase de glicose [FAD, quinona]	5,96	< 0,05
1892	Similar à proteína homóloga 2 de ligação a reticulócitos a	2,43	< 0,05
1910	Similar à proteína homóloga 49 de resistência a múltiplas drogas	2,78	< 0,05
1923	Similar à tirosina 3-monooxigenase	3,82	< 0,05
1941	Similar à subunidade 3 do complexo integrador homólogo	4,36	< 0,05
1946	Similar à provável citocromo P450 301a1, mitocondrial	6,67	< 0,05
1956	Similar ao citocromo P450 6B6	-6,30	< 0,05
1971	Similar à proteína semelhante a inativa hidroxisteroide desidrogenase 1	2,13	< 0,05
1992	Similar à proteína semelhante a enzima pró-coagulante isoforma X1	6,14	< 0,05
1998	Similar à proteína cuticular larval LCP-17	-4,41	< 0,05
2031	Similar à aciltransferase beta de 1-acil-sn-glicerol-3-fosfato	-2,39	< 0,05
2035	Similar à proteína cuticular 3	9,31	< 0,05
2073	Receptor acoplado à proteína G provável semelhante a Mth 1	2,20	< 0,05
2074	Similar à proteína da subfamília G do transportador ABC de ligação de ATP 1	3,13	< 0,05
2090	Similar à subunidade 11 do fator de iniciação da transcrição TFIID isoforma X1	-3,87	< 0,05
2102	Similar à proteína cuticular 19	4,77	< 0,05
2128	Similar à desidrogenase de farnesol	-3,26	< 0,05
2148	Similar à ligase 4-cumarato-coa 5	3,13	< 0,05
2152	Similar à proteína de ligação de ommocromo isoforma X1	-2,67	< 0,05
2177	Similar à proteína semelhante a sprint isoforma X1	2,10	< 0,05
2182	Similar à neuroigin-4, semelhante a X, isoforma X3	2,02	< 0,05
2193	Similar à triocinase/FMN ciclase	-5,01	< 0,05
2247	Similar à proteína zonadhesina	4,46	< 0,05
2248	Similar à proteína de ligação a odorantes 59a	-2,15	< 0,05
2274	Similar à subunidade 1 da sintase de difosfato de decaprenil	2,55	< 0,05
2288	Similar à proteína rica em histidina e glicoproteína	10,57	< 0,05
2292	Similar à glicoproteína estrutural da endocutícula ABD-4	4,74	< 0,05
2293	Similar à proteína da família de redutase aldo-ceto 1 membro B1	-6,84	< 0,05
2297	Similar à proteína controlada pelo relógio circadiano daywake	-4,37	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
2301	Similar à fosfolipase B1, associada à membrana	6,07	< 0,05
2303	Similar à proteína homóloga 18 de fidelidade na transmissão cromossômica	-2,25	< 0,05
2323	Similar à proteína enzima pró-coagulante isoforma X1	5,07	< 0,05
2324	Similar à proteína de resistência nasal para fluoxetina 6	6,29	< 0,05
2325	Similar à proteína transferência de alfa-tocoferol isoforma X2	4,56	< 0,05
2331	Similar à proteína krueppel isoforma X1	2,30	< 0,05
2337	Similar à proteína central da proteoglicana de heparan sulfato específica da membrana basal isoforma X1	5,55	< 0,05
2362	Proteína de baixa qualidade: similar à desidrogenase de glicose [FAD, quinona]	2,08	< 0,05
2363	Similar à tautomerase L-dopacromo amarelo-f2	3,39	< 0,05
2389	Proteína de baixa qualidade: similar à proteína contactina	-2,69	< 0,05
2401	Proteína neuralizada isoforma X1	2,37	< 0,05
2409	Similar à proteína reguladora da citocinese 1	-2,09	< 0,05
2420	Similar à proteína estabilizadora de interação de MAPK e fuso	4,71	< 0,05
2436	Similar ao transportador de aminoácidos catiônicos de alta afinidade 1	2,06	< 0,05
2445	Similar à proteína de ligação a GTP REM 1	5,46	< 0,05
2446	Similar à proteína myb F isoforma X1	7,06	< 0,05
2454	Similar à proteína semelhante a estromelina-3 isoforma X1	2,77	< 0,05
2466	Similar à tripsina alcalina B	3,28	< 0,05
2498	Similar à aminotransferase de serina-piruvato, mitocondrial	3,79	< 0,05
2501	Similar ao receptor de polipeptídeo intestinal vasoativo 2	-2,13	< 0,05
2572	Similar à glutationa S-transferase 1	-5,35	< 0,05
2602	Similar à proteína vasorina isoforma X1	5,65	< 0,05
2609	Similar à proteína fosfatase de dupla especificidade MPK-4	-2,23	< 0,05
2634	Similar à lipase de triacilglicerol pancreática isoforma X1	2,82	< 0,05
2637	Similar à proteína da família 4 de domínio lectina C tipo E	3,59	< 0,05
2640	Similar à sintase de C-1-tetrahidrofolato, citoplasmática isoforma X2	-3,65	< 0,05
2642	Similar à proteína derivada do elemento transponível piggybac 3	-4,15	< 0,05
2671	Similar à proteína de ligação a retinaldeído 1	2,92	< 0,05
2689	Provável cotransportador de fosfato inorgânico isoforma X1	2,57	< 0,05
2692	Similar à glutationa S-transferase 1, isoforma X1	-2,42	< 0,05
2698	Similar à desidrogenase de glicose [FAD, quinona]	7,46	< 0,05
2708	Similar à innexina semelhante a inx7	3,29	< 0,05
2730	Similar à helicase de DNA dependente de ATP PIF1	-3,02	< 0,05
2733	Similar ao citocromo P450 4d2	-2,38	< 0,05
2797	Similar à proteína rica em histidina e glicoproteína	10,67	< 0,05
2798	Similar à lipase 1	-2,02	< 0,05
2800	Similar à proteína rica em histidina e glicoproteína	11,83	< 0,05
2828	Similar ao receptor de neuropeptídeo sifamida	3,82	< 0,05
2831	Similar à redutase fabg de 3-oxoacil-[proteína carregadora de acila]	-2,48	< 0,05
2846	Similar à proteína relacionada a T	2,90	< 0,05
2870	Similar à proteína contendo o domínio HORMA 1	2,65	< 0,05
2871	Similar à glicoproteína estrutural da endocutícula sgabd-8	7,47	< 0,05
2873	Similar à proteína 25 com repetição de tetratricopeptídeo	5,11	< 0,05
2889	Similar à lacase-1, isoforma X2	5,42	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
2897	Similar ao transportador de cátions orgânicos/carnitina 7	-3,25	< 0,05
2905	Similar à proteína relacionada à ovalbumina X	-4,24	< 0,05
2915	Provável serina/treonina-proteína quinase clka	-2,37	< 0,05
2916	Similar ao antígeno CD109	-3,16	< 0,05
2927	Similar à nicalina-1	2,07	< 0,05
2930	Similar ao fator ativador da fenoloxidase 2	-2,54	< 0,05
2937	Similar à proteína estrutural da parede celular rica em glicina 1	8,07	< 0,05
2973	Similar à alfa-N-acetilgalactosaminidase, isoforma X2	2,72	< 0,05
2996	Similar à lisozima	3,79	< 0,05
3005	Similar à homogentisato 1,2-dioxigenase	-4,14	< 0,05
3017	Similar à carboxipeptidase A 1 de zinco, isoforma X1	2,20	< 0,05
3027	Similar à beta-ureidopropionase	-4,53	< 0,05
3039	Similar à proteína semelhante ao transportador de aminoácidos acoplado a prótons patético	2,91	< 0,05
3048	Similar à proteína PAN1 do complexo regulador do citoesqueleto de actina	8,94	< 0,05
3062	Similar à proteína do anel de Balbiani 3, isoforma X1	2,45	< 0,05
3064	Similar à proteína tipo dedo de zinco MYM 1	4,27	< 0,05
3095	Similar à fator de transcrição relacionado com Doublesex e mab-3 A2 isoforma X1	2,01	< 0,05
3109	Similar ao alérgeno Tha p 1	-2,37	< 0,05
3124	Similar à proteína cuticular específica para adultos ACP-20	5,53	< 0,05
3132	Similar à quitina deacetilase 1	2,48	< 0,05
3144	Similar à queratina tipo II citoesquelética 2 epitelial	-2,02	< 0,05
3146	Similar à proteína de alongamento de ácidos graxos de cadeia muito longa AAEL008004	-3,08	< 0,05
3149	Similar à proteína ligante CCAAT/aumentadora de enhancer	4,54	< 0,05
3152	Similar ao transportador de zinco 1	3,69	< 0,05
3157	Similar à proteína semelhante a kielin/chordin, isoforma X2	4,04	< 0,05
3177	Similar à dessaturase de estearoil-coa 5	3,11	< 0,05
3178	Similar à endoquitinase A, isoforma X1	7,28	< 0,05
3187	Similar à proteína semelhante a capon, isoforma X1	-2,18	< 0,05
3217	Similar à proteína cuticular larval LCP-22	4,30	< 0,05
3219	Similar à poli(A) polimerase tipo 3, parcial	-4,72	< 0,05
3221	Similar à quitinase provável 10	2,28	< 0,05
3223	Similar à glicoproteína estrutural da endocutícula sgabd-5	-2,02	< 0,05
3232	Similar à galectina-4	-3,23	< 0,05
3247	Similar à caspase-1	2,29	< 0,05
3255	Similar à proteína cuticular de pupa C1B de baixa qualidade	8,63	< 0,05
3265	Similar à proteína semelhante à proteína regulada pelo gene 1 de p63 em tumor, isoforma X1	2,14	< 0,05
3266	Similar à proteína cuticular 8	10,67	< 0,05
3267	Similar à proteína homóloga de reparo de DNA RAD51 3	-2,34	< 0,05
3300	Similar ao receptor ryamida	2,48	< 0,05
3304	Similar à protease serina transmembrana 9	6,55	< 0,05
3313	Similar ao citocromo P450 6B2 isoforma X1	2,33	< 0,05
3315	Similar à provável desidrogenase de 3-hidroxiisobutirato, mitocondrial	-2,40	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
3317	Similar à proteína semelhante a spaetzle-4, isoforma X1	4,90	< 0,05
3343	Similar à proteína semelhante a yippee CG15309, isoforma X3	2,67	< 0,05
3347	Similar à sintase de fosforibosilformilglicinamida	-2,91	< 0,05
3348	Similar à tiolase de 3-cetoacil-coa, semelhante à mitocondrial	-2,81	< 0,05
3349	Similar à efrina-b2a	-2,54	< 0,05
3352	Similar à lipase endotelial provável, isoforma X1	2,98	< 0,05
3362	Provável receptor nuclear de hormônio HR3 isoforma X1	6,85	< 0,05
3374	Similar à proteína regulada por p53 e dano de DNA 1	-2,52	< 0,05
3412	Similar à lipase pancreática de triacilglicerol, isoforma X1	-3,19	< 0,05
3420	Similar à proteína da matriz de placa adesiva	3,76	< 0,05
3457	Similar à aminopeptidase N, isoforma X2	-2,07	< 0,05
3459	Similar à mirosinase 1	3,29	< 0,05
3477	Similar à proteína semelhante a tripsina de baixa qualidade	2,96	< 0,05
3508	Similar à mucina-19, isoforma X2	-2,53	< 0,05
3515	Similar à tioredoxina, semelhante à mitocondrial, isoforma X1	2,16	< 0,05
3537	Similar à apolipoporfirina-3	-2,84	< 0,05
3541	Similar à queratina tipo I citoesquelética 10	9,34	< 0,05
3557	Similar à proteína semelhante a piccolo	6,12	< 0,05
3565	Similar ao citocromo P450 4V2, isoforma X1	-3,00	< 0,05
3613	Similar à desidrogenase de glicose [FAD, quinona]	3,56	< 0,05
3619	Similar à fosfatase 1 de polifosfato de inositol múltiplo	3,33	< 0,05
3633	Similar à proteína quinase de serina/treonina STE20	2,60	< 0,05
3674	Similar à proteína semelhante a takeout	8,28	< 0,05
3678	Similar à carboxipeptidase de serina do veneno	-2,73	< 0,05
3680	Similar à prisilquina-39	9,45	< 0,05
3691	Similar à cadeia L da classe 3 da desidrogenase de álcool	-3,76	< 0,05
3696	Similar à liase de adenylosuccinato	-2,07	< 0,05
3710	Similar à oxidação de lathosterol, isoforma X1	-2,24	< 0,05
3718	Similar à sulfotransferase 1E1	2,94	< 0,05
3738	Similar à provável oxidase de aldeído gad-3	-3,09	< 0,05
3752	Similar à mirosinase 1	3,35	< 0,05
3759	Similar à proteína rica em histidina e glicoproteína	9,25	< 0,05
3774	Provável proteína transportadora de metabólitos csbc	2,70	< 0,05
3779	Similar à proteína cuticular larval LCP-14	-4,00	< 0,05
3797	Similar à proteína controlada pelo relógio circadiano daywake	-2,12	< 0,05
3827	Similar à desidrogenase de glicose [FAD, quinona]	-2,65	< 0,05
3833	Similar à pro-resilina	9,11	< 0,05
3862	Similar à proteína da vesícula sináptica glicoproteína 2C	-4,85	< 0,05
3875	Similar à provável redutase de acil-coa gordo CG5065	-2,29	< 0,05
3876	Similar ao membro 1 da superfamília de enolase mitocondrial	-2,61	< 0,05
3887	Similar à canal de potássio ativado por proteína G de retificação para dentro 4	2,06	< 0,05
3896	Similar à proteína de reparo de desajuste de DNA provável Msh6, isoforma X1	-2,78	< 0,05
3947	Similar à helicase provável mov-10-B.1	3,01	< 0,05
3974	Similar à proteína cuticular larval 16/17	-2,98	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
3984	Similar à peroxidase, isoforma X1	4,75	< 0,05
3993	Similar à ceramidase neutra	4,78	< 0,05
4001	Similar à proteína receptor de adiponectina	2,05	< 0,05
4004	Similar à esterase alvo de neuropatia sws, isoforma X1	3,32	< 0,05
4013	Similar à (2R)-3-sulfolactato desidrogenase (NADP(+))	-5,51	< 0,05
4037	Similar à proteína de resistência nasal para fluoxetina 6	2,94	< 0,05
4052	Similar à helicase provável mov-10-B.1	3,16	< 0,05
4058	Similar à UDP-glucuronosiltransferase 2B13	2,52	< 0,05
4067	Similar à 1-acil-glicerol-3-fosfato beta aciltransferase	3,24	< 0,05
4078	Similar à proteína cuticular larval 1	-2,25	< 0,05
4127	Similar à miosina 4 isoforma X4	3,17	< 0,05
4131	Similar à UDP-glucuronosiltransferase 2B19	-3,40	< 0,05
4137	Similar à proteína ALP1	-7,72	< 0,05
4144	Similar à redutase putatita de ácido graxo acil-coa	4,83	< 0,05
4176	Homólogo de proteína <i>jerky</i>	-9,17	< 0,05
4195	Similar à ceramida sintase 6	-2,82	< 0,05
4203	Similar à papilina	-2,90	< 0,05
4216	Similar ao estabilizador de microtúbulos axonemais 1	4,22	< 0,05
4228	Similar à proteína 10 contendo domínio START	4,66	< 0,05
4246	Similar à proteína generalista ligante de odorantes	-5,50	< 0,05
4265	Similar à proteína de transferência de alfa-tocoferol	2,69	< 0,05
4282	Similar à lipase 1	3,89	< 0,05
4291	Proteína de baixa qualidade: similar à acetilcolinesterase	2,42	< 0,05
4315	Provável citocromo P450 305a1 isoforma X2	3,52	< 0,05
4328	Similar à proteína contendo domínio fumarilacetoacetato hidrolase 2	-3,08	< 0,05
4352	Similar à proteína contendo domínio CUB e sushi 3 isoforma X1	6,09	< 0,05
4357	Similar à protease de mastócito 3	-2,93	< 0,05
4358	Similar à desidrogenase	-2,21	< 0,05
4360	Similar à glicoproteína endocuticular estrutural sgabd-8	7,80	< 0,05
4389	Similar à inseticianina B	-2,53	< 0,05
4396	Similar à proteína cuticular 18.6	7,22	< 0,05
4424	Possível glicerol quinase 5	2,49	< 0,05
4451	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona] Similar à proteína de alongação de ácidos graxos de cadeia muito longa	-6,53	< 0,05
4460	AAEL008004	-2,66	< 0,05
4465	Similar à adesina rica em serina para plaquetas	-2,03	< 0,05
4468	Similar à fosfolipase A1	3,13	< 0,05
4469	Homóloga da proteína HGH1	-4,98	< 0,05
4506	Similar à UDP-glucuronosiltransferase 1-2	-4,62	< 0,05
4515	Similar à proteína alcachofra	3,18	< 0,05
4519	Similar à delta(24)-esterol redutase	-3,57	< 0,05
4532	Similar à serina proteinase stubble	3,13	< 0,05
4536	Similar à proteína obstructor-E isoforma X1	3,10	< 0,05
4564	Similar à diamina acetiltransferase 2	2,07	< 0,05
4617	Similar à proteína <i>croquemort</i>	2,65	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
4662	Similar à UDP-glucuronosiltransferase 2B15	-2,56	< 0,05
4680	Similar à proteína de polaridade de asa similar à protocaderina Stan isoforma X1	-2,02	< 0,05
4684	Similar à helicase de RNA dependente de ATP de fator de splicing de pré-mrna PRP16	10,53	< 0,05
4693	Similar à D-3-fosfoglicerato desidrogenase	-2,10	< 0,05
4710	Similar à proteína relacionada à ras Rab-18	2,05	< 0,05
4713	Similar à proteína rica em prolina 4	7,72	< 0,05
4740	Similar à cadeia de colágeno alfa-1(I) isoforma X1	3,33	< 0,05
4746	Similar à proteína dedo de zinco 112	4,23	< 0,05
4748	Similar à subunidade beta-2 da atpase de transporte de sódio/potássio	-2,39	< 0,05
4782	Similar à proteína não caracterizada PE_PGRS10 da família PE-PGRS, isoforma X2	-5,28	< 0,05
4806	Similar à regucalcina	-2,42	< 0,05
4811	Similar à proteína rolling stone	2,44	< 0,05
4830	Similar à transportador de folato acoplado a prótons	2,08	< 0,05
4860	Similar à proteína TANC2, isoforma X3	3,21	< 0,05
4863	Similar à desidrogenase	4,77	< 0,05
4899	Similar à proteína efetora rxlr secretada 161	-6,95	< 0,05
4909	Similar à proteína contendo ácido transformante coiled-coil 3	-2,15	< 0,05
4931	Similar à proteína spaetzle 3	2,24	< 0,05
4943	Similar à proteína cuticular pupal PCP52	-5,35	< 0,05
4951	Similar à serina protease gd, isoforma X2	-3,70	< 0,05
4961	Similar à proteína derivada do elemento transponível piggybac 1	-2,80	< 0,05
4973	Proteína de baixa qualidade: deacetilase N-acetilglucosamina-6-fosfatase	2,76	< 0,05
4977	Similar à papilina	-3,41	< 0,05
4979	Similar à proteína de 125 kda relacionada com gelsolina	-3,83	< 0,05
4997	Similar à gloverina	-3,14	< 0,05
5007	Similar ao citocromo P450 4c21	4,20	< 0,05
5038	Similar à enzima ativadora de fenoxidase, isoforma X1	-2,60	< 0,05
5052	Similar à proteína obstrutora-E	3,20	< 0,05
5064	Similar à proteína transportadora de cáion orgânico	2,54	< 0,05
5083	Similar à proteína cuticular larval A2B	4,55	< 0,05
5084	Similar à miosina 11	2,81	< 0,05
5136	Similar à proteína cuticular pupal 20	8,63	< 0,05
5149	Similar à proteína contendo domínio SET smyda-8	2,04	< 0,05
5161	Similar à serina protease filzig	10,20	< 0,05
5166	Similar ao carreador de glutamato mitocondrial 1	4,81	< 0,05
5215	Similar à proteína de membrana de neurônio sensorial 2	2,62	< 0,05
5248	Similar à drebrina	3,34	< 0,05
5281	Similar à alquil diidroxiaçetona fosfato sintase	4,31	< 0,05
5310	Similar à U-escoloptoxina(19)-Sm1a	2,00	< 0,05
5351	Similar à proteína rolling stone, isoforma X1	3,45	< 0,05
5359	Similar ao citocromo P450 4c3	2,16	< 0,05
5394	Similar à lipase membro I	7,78	< 0,05
5404	Provável serina/treonina quinase clka, isoforma X1	-2,89	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
5445	Similar à enzima conversora de peptídeo natriurético atrial	3,44	< 0,05
5448	Similar à proteína homóloga GDAP2 isoforma X1	2,06	< 0,05
5455	Similar à proteína cuticular pupal	2,63	< 0,05
5459	Similar à gelsolina	-2,54	< 0,05
5468	Similar à proteína dedo de zinco 395	3,39	< 0,05
5473	Provável citocromo P450 6a14	8,63	< 0,05
5481	Similar à Acil-coa desidrogenase mitocondrial específica para cadeia curta/ramificada	-2,03	< 0,05
5490	Similar ao fator de degradação I da RNA polimerase	7,04	< 0,05
5507	Similar à proteína homeobox ortopedia, isoforma X1	2,07	< 0,05
5513	Similar à lipase membro H	7,27	< 0,05
5514	Similar à lisoplasmalogenase	2,43	< 0,05
5541	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	-2,43	< 0,05
5587	Similar à proteína relacionada à angiopoietina 2	2,56	< 0,05
5612	Similar à proteína estrutural de parede celular rica em glicina 1	7,75	< 0,05
5617	Similar ao citocromo P450 4c21	2,08	< 0,05
5621	Similar à proteína relacionada à lipase pancreática 2	6,47	< 0,05
5637	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	-3,94	< 0,05
5648	Similar à luciferina 4-monooxigenase	-4,91	< 0,05
5660	Similar à proteína singles bar	4,68	< 0,05
5693	Similar à sintase de glicogênio [amido], isoforma X1	-3,61	< 0,05
5698	Similar ao proteoglicano 4	2,70	< 0,05
5704	Similar à transportador de trealose facilitado homólogo Tret1-2	4,08	< 0,05
5705	Similar à mucina 2	-2,59	< 0,05
5720	Homóloga à proteína 2 da síndrome de Bardet-Biedl	-4,36	< 0,05
5748	Similar à proteína derivada de elemento transponível piggybac 4	2,76	< 0,05
5760	Similar à zonadesina, isoforma X1	2,16	< 0,05
5761	Similar à proteína derivada de elemento transponível piggybac 4	2,18	< 0,05
5768	Similar ao citocromo P450 709B2	-7,30	< 0,05
5775	Proteína de baixa qualidade: similar à caderina 89D	7,75	< 0,05
5791	Similar à metaloprotease seminal 1	3,35	< 0,05
5815	Similar à SCO-spondina	-2,06	< 0,05
5825	Similar à arilsulfatase J	2,63	< 0,05
5828	Similar à proteína de alongamento de ácidos graxos de cadeia muito longa AAEL008004	-3,85	< 0,05
5839	Similar à antiqumotripsina 1, isoforma X1	-3,47	< 0,05
5845	Similar à hemicentina 1	-2,48	< 0,05
5864	Similar à U-scopotoxina(19)-Sm1a	5,84	< 0,05
5882	Similar à receptor de hormônio liberador de tireotropina isoforma X2	2,07	< 0,05
5926	Similar à carboxilesterase 5A	-2,47	< 0,05
5929	Similar à proteína de resistência nasal a fluoxetina 6	-4,12	< 0,05
5946	Similar à proteína do forkhead box I2	2,86	< 0,05
5959	Similar à triquinase/FMN ciclase	-3,26	< 0,05
6027	Similar à proteína estrutural da parede celular rica em glicina 1.8	9,93	< 0,05
6043	Similar à mucina 2	5,23	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
6054	Proteína de baixa qualidade: similar ao receptor de lipoproteína de baixa densidade	2,21	< 0,05
6059	Similar à histona-lisina N-metiltransferase SETMAR	-3,38	< 0,05
6068	Proteína de baixa qualidade: semelhante à vilina de codorna	2,94	< 0,05
6110	Semelhante à ceramidase	2,42	< 0,05
6115	Similar ao fator de iniciação de translação eucariótico	2,68	< 0,05
6124	Similar à adenosina deaminase 2	3,94	< 0,05
6136	Similar à glutationa S-transferase 1	-3,73	< 0,05
6138	Similar à proteína pancreática relacionada com a lipase 2	2,21	< 0,05
6146	Similar à exonuclease de reparação de três terminações 2	3,01	< 0,05
6150	Similar à serina protease específica do cérebro 4, isoforma X1	5,92	< 0,05
6155	Similar à proteína derivada do elemento transponível piggybac 3	2,65	< 0,05
6164	Similar à subunidade STT3A da glicosiltransferase de oligossacarídeos de difosfato de doliquil	-2,06	< 0,05
6170	Similar à alaserpina, isoforma X1	-2,08	< 0,05
6189	Similar à proteína de transporte intraflagelar 172 homóloga	2,06	< 0,05
6226	Similar ao fator de regulação de hipoxia indutível 1	5,42	< 0,05
6232	Similar à catalase	4,13	< 0,05
6236	Similar ao fator de leucemia hepático, isoforma X11	2,32	< 0,05
6258	Similar à proteína Rab-28 relacionada a ras	-3,94	< 0,05
6314	Similar à mucina-17, isoforma X2	5,32	< 0,05
6342	Similar à proteína homóloga ao receptor neurogênico Notch 3, isoforma X1	-2,83	< 0,05
6347	Similar ao transportador carcinina	-4,06	< 0,05
6360	Similar à proteína membranar integral de 23kda	2,36	< 0,05
6384	Homólogo da midnolina	7,87	< 0,05
6403	Similar ao receptor scavenger classe B, isoforma X2	3,03	< 0,05
6414	Similar à endoquitinase	5,53	< 0,05
6423	Possível serina protease K12H4.7	2,83	< 0,05
6433	Similar à redutase de acil-coa de ácido graxo wat, isoforma X1	-6,23	< 0,05
6434	Similar à proteína de transferência alfa-tocoferol, isoforma X1	3,92	< 0,05
6457	Similar à proteína de alongamento de ácidos graxos de cadeia muito longa AAEL008004	2,71	< 0,05
6477	Similar à pirofosfoquinase ribose-fosfato 2	-4,61	< 0,05
6502	Similar à pequena subunidade 2 do transportador de aminoácidos grande neutro	-2,37	< 0,05
6508	Similar à chaoptina, isoforma X4	2,14	< 0,05
6520	Similar à otoferlina isoforma X1	-2,06	< 0,05
6524	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	5,39	< 0,05
6525	Similar ao antígeno CD109	-2,92	< 0,05
6533	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	-6,25	< 0,05
6561	Similar à exonuclease de reparação de três terminações 2	5,10	< 0,05
6575	Similar à lipase de triacilglicerol pancreática isoforma X1	-2,03	< 0,05
6585	Similar à proteína eaf 1 relacionada com a modificação de cromatina	4,99	< 0,05
6609	Proteína de baixa qualidade: similar à adenosina kinase	-2,82	< 0,05
6613	Similar ao membro 1 da família 22 de carregadores de soluto	2,55	< 0,05
6614	Similar à alfa-(1,3)-fucosiltransferase C	-3,37	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
6629	Similar à ninjurina 2, isoforma X3	3,48	< 0,05
6632	Similar à helicase de RNA dependente de ATP DHX30	2,09	< 0,05
6633	Similar à proteína cuticular larval A2B	14,29	< 0,05
6642	Similar ao transportador de carcinica	-3,38	< 0,05
6646	Similar à zonadesina	5,86	< 0,05
6662	Similar à proteína obstructor-E	6,04	< 0,05
6679	Similar à nicalina-1	2,02	< 0,05
6694	Similar à neplilisina 2, isoforma X3	2,58	< 0,05
6705	Similar ao citocromo P450 4d2	-2,61	< 0,05
6734	Similar ao UDP-glucuronosiltransferase 2C1	-2,73	< 0,05
6735	Similar à anon-37Cs isoforma X1	-2,16	< 0,05
6740	Provável nuclease harbl1	-3,95	< 0,05
6757	Similar ao UDP-glucuronosiltransferase 2C1	4,89	< 0,05
6786	Similar à redutase wat de ácido graxo de acil-coa	4,36	< 0,05
6805	Similar à apolipoforinas, isoforma X2	-3,90	< 0,05
6814	Similar à proteína de ligação de odorante geral 70	4,15	< 0,05
6855	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1	4,91	< 0,05
6866	Similar à lipase ativada por sais biliares	-2,31	< 0,05
6904	Similar à proteína de 16kda regulada por ecdisteróides	3,20	< 0,05
6941	Provável serina/treonina quinase nek3	6,40	< 0,05
6949	Similar à lisozima	-2,50	< 0,05
6962	Similar à peroxidase de córion	3,44	< 0,05
6965	Similar à proteína 7 de elongação de ácidos graxos de cadeia muito longa, isoforma X1	3,74	< 0,05
6978	Similar ao transportador de zinco 1, isoforma X2	2,76	< 0,05
6984	Proteína de baixa qualidade: similar ao receptor nuclear de hormônio FTZ-F1	4,11	< 0,05
6986	Similar à desidrogenase retinal 1	-3,64	< 0,05
6993	Similar ao tubo 2-O-sulfotransferase de sulfato de heparana	2,95	< 0,05
7006	Similar à redutase de poliprenol	2,06	< 0,05
7008	Similar ao membro 3 da família 22 de carreadores de soluto	2,20	< 0,05
7030	Similar à proteína cuticular larval A2B	11,16	< 0,05
7034	Similar à lacase	2,09	< 0,05
7052	Similar à proteína rica em prolina 4	8,29	< 0,05
7067	Similar à proteína cuticular larval A3A	7,94	< 0,05
7079	Similar à hidratase-desidrogenase-epimerase peroxisomal	3,50	< 0,05
7086	Similar à mucina 17	2,44	< 0,05
7137	Similar à glicoproteína rica em histidina	5,48	< 0,05
7139	Similar à proteína inibidora de crescimento relacionada à ras e regulada por estrógeno	3,43	< 0,05
7152	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	3,40	< 0,05
7193	Similar à tirosina-proteína fosfatase corkscrew isoforma X1	2,22	< 0,05
7211	Similar à cadeia alfa de colágeno formadora de fibrilas	3,33	< 0,05
7217	Similar à histona-lisina N-metiltransferase, específica lisina-79 H3, isoforma X1	2,49	< 0,05
7221	Similar à pro-resilina	8,84	< 0,05
7244	Similar à proteína cuticular pupal	3,71	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
7277	Similar à glicoproteína rica em histidina	10,46	< 0,05
7283	Similar à glicoproteína rica em histidina	8,59	< 0,05
7290	Similar à proteína cuticular	5,21	< 0,05
7303	Similar à proteína cuticular	7,07	< 0,05
7306	Similar ao receptor do peptídeo cardioaceleratório	2,73	< 0,05
7309	Proteína de baixa qualidade: similar à glicoproteína rica em histidina	10,08	< 0,05
7312	Similar à glicoproteína rica em histidina	7,00	< 0,05
7314	Similar à glicoproteína rica em histidina	9,36	< 0,05
7323	Similar à proteína cuticular 19	5,44	< 0,05
7326	Similar à aminoacilase 1	-2,97	< 0,05
7359	Similar à proteína inibidora metaloproteinase indutível	-5,13	< 0,05
7362	Similar à glicoproteína estrutural endocuticular sgabd-5	2,52	< 0,05
7363	Similar à glicoproteína estrutural da endocutícula sgabd-5	10,25	< 0,05
7366	Similar ao membro 3 da família 46 de carreadores de soluto	2,32	< 0,05
7374	Similar à peroxidase	4,31	< 0,05
7377	Similar à glicoproteína estrutural endocuticular ABD-4	2,64	< 0,05
7381	Proteína de baixa qualidade: similar à decaprenila-difosfato sintase subunidade 2	4,21	< 0,05
7382	Similar à proteína da banda 7 AGAP004871, isoforma X2	3,56	< 0,05
7384	Similar à proteína cuticular 8	8,60	< 0,05
7394	Similar à proteína derivada de elemento transponível piggybac 3	2,51	< 0,05
7397	Similar à glutationa S-transferase 1	-2,43	< 0,05
7398	Similar à glutationa S-transferase 1	-3,49	< 0,05
7400	Similar à glutationa S-transferase 1	3,61	< 0,05
7405	Similar à proteína da banda 7 AGAP004871, isoforma X2	4,32	< 0,05
7407	Similar à proteína cuticular 8	9,13	< 0,05
7415	Similar à proteína de elon	3,33	< 0,05
7420	Similar à proteína cuticular 19	5,50	< 0,05
7424	Similar à proteína cuticular zonadhesin	3,30	< 0,05
7425	Similar à proteína zonadular	2,23	< 0,05
7431	Similar à proteína cuticular histidine	7,22	< 0,05
7434	Similar ao cuticular protein ACP-20 do peptídeo adult-speleratório	10,85	< 0,05
7440	Similar à proteína cuticular cytochrome	-2,83	< 0,05
7445	Similar à proteína proteular 5	2,38	< 0,05
7450	Similar à proteína cuticular 7	9,76	< 0,05
7451	Similar à proteína cuticular 19	11,15	< 0,05
7452	Similar à proteína cuticular 8	9,21	< 0,05
7456	Similar à proteína cuticular 7	9,62	< 0,05
7465	Similar à proteína 7 de elongação de ácidos graxos de cadeia muito longa	2,70	< 0,05
7481	Similar à proteína AAEL008004 de elongação de ácidos graxos de cadeia muito longa	-2,26	< 0,05
7502	Similar à proteína de expressão paternal do gene 3	6,22	< 0,05
7517	Similar à neurotropina 1	4,70	< 0,05
7519	Similar à proteína cuticular 8	8,02	< 0,05
7520	Similar à proteína rica em histidina PFHRP-II	7,57	< 0,05
7522	Similar à proteína cuticular adulto-específica ACP-20	10,39	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
7536	Similar à catalase	7,37	< 0,05
7537	Similar à catalase	3,37	< 0,05
7538	Similar à catalase	5,33	< 0,05
7558	Similar à proteína ligante 1-B de topoisomerase 2 de DNA	-2,59	< 0,05
7584	Similar à proteína takeout	2,12	< 0,05
7613	Proteína de baixa qualidade: similar à subunidade mu-2 do complexo AP-3	-2,75	< 0,05
7631	Similar ao ativador de RNA do receptor de esteroides 1	-2,88	< 0,05
7633	Similar à lipase triacilglicerol pancreática	-3,18	< 0,05
7641	Similar à proteína dedo de zinco gastrula xlcgf57.1	-2,25	< 0,05
7644	Proteína de baixa qualidade: similar à subunidade 4 do fator de replicação C	-2,15	< 0,05
7675	Similar à proteína multifuncional ADE2	-2,09	< 0,05
7696	Similar ao fator de replicação C subunidade 1	-2,52	< 0,05
7730	Similar à proteína de resistência nasal para fluoxetina 6	3,63	< 0,05
7732	Similar ao mediador da subunidade 12 da transcrição da RNA polimerase II	-3,24	< 0,05
7740	Similar ao retinol desidrogenase 11	-2,99	< 0,05
7755	Provável nuclease HARBI1	-2,72	< 0,05
7763	Provável nucleosidase de uridina 2 isoforma X1	-4,01	< 0,05
7791	Similar à innexina inx7	2,20	< 0,05
7811	Similar ao citocromo P450 6B6	-6,93	< 0,05
7852	Similar ao peptidil-prolil cis-trans isomerase 3	-3,27	< 0,05
7856	Similar à exonuclease de reparo de três terminações 2	4,12	< 0,05
7888	Similar à lipase 3	3,47	< 0,05
7889	Similar à sarcoosina desidrogenase, mitocondrial	-3,18	< 0,05
7923	Proteína de baixa qualidade: similar à proteína 1 de ligação a topoisomerase de DNA 2	-2,39	< 0,05
7940	Proteína de baixa qualidade: similar à N-acetiltransferase 9	-5,08	< 0,05
7959	Similar à colinesterase 1	-2,10	< 0,05
7961	Provável nuclease harbl1	-3,29	< 0,05
7982	Similar ao transportador de tiamina 2	-2,74	< 0,05
7998	Similar ao citocromo P450 6B6	-7,56	< 0,05
8000	Provável nuclease harbl1	-2,46	< 0,05
8019	Similar à proteína de resistência nasal para fluoxetina 6	4,21	< 0,05
8043	Similar ao citocromo P450 6B6	-5,33	< 0,05
8044	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	4,21	< 0,05
8046	Similar à proteína do ecdisônio induzido 74EF, isoforma X4	4,04	< 0,05
8052	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	4,28	< 0,05
8055	Similar à extensina	6,30	< 0,05
8059	Similar à adenylyl cyclase 78C	-3,59	< 0,05
8075	Similar à esterase para-nitrobenzila	-2,36	< 0,05
8077	Similar ao citocromo P450 6B6	-7,18	< 0,05
8086	Similar à proteína contendo repetições ricas em leucina 40, isoforma X2	3,03	< 0,05
8103	Similar ao citocromo P450 6k1	-2,97	< 0,05
8140	Similar à U-scoloptoxina (19)-Sm1a	2,55	< 0,05
8182	Provável arginina -- rnat ligase, mitocondrial	-2,01	< 0,05
8191	Proteína de baixa qualidade: similar ao complexo promotor da anáfase subunidade 4	-3,34	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
8198	Similar à neplisina 4	3,37	< 0,05
8201	Similar à glicina N-metiltransferase	-3,07	< 0,05
8209	Similar à trimetil-lisina dioxigenase, mitocondrial	-2,68	< 0,05
8221	Similar à neplisina 4	4,06	< 0,05
8268	Similar à proteína acopladora de prótons transportadora de aminoácidos CG1139 isoforma X1	3,06	< 0,05
8288	Similar à proteína contendo domínio CRAL-TRIO C3H8.02	-2,76	< 0,05
8289	Similar à proteína contendo domínio CRAL-TRIO C3H8.02	-3,45	< 0,05
8304	Similar ao transportador monocarboxilato 9	-2,34	< 0,05
8322	Similar à proteína membro 3 da família transportadora de solutos 22	2,67	< 0,05
8326	Similar à proteína de alongação de ácidos graxos de cadeia muito longa 4	2,45	< 0,05
8338	Similar à proteína relacionada à vesícula sináptica 2 isoforma X1	-4,02	< 0,05
8348	Similar à proteína de captação de cobre de alta afinidade 1	2,22	< 0,05
8349	Similar à proteína de captação de cobre de alta afinidade 1	2,12	< 0,05
8367	Similar à U-scoloptoxina (01) -Cw1a	8,50	< 0,05
8372	Similar à tripsina-3	5,06	< 0,05
8389	Similar à transportador de zinco 1	2,04	< 0,05
8406	Similar à lipase membro H-B	4,15	< 0,05
8411	Similar à U-scoloptoxina (01) -Cw1a	7,03	< 0,05
8434	Proteína pathetic semelhante a transportadora de aminoácidos acoplada a prótons	2,15	< 0,05
8438	Similar à proteína de resistência nasal para fluoxetina 6	2,02	< 0,05
8446	Proteína de baixa qualidade: similar à proteína contendo domínio de repetição de anquirina, SAM e alça básica de leucina zipper 1	-2,13	< 0,05
8461	Similar à tetraspanina-2A	2,50	< 0,05
8472	Similar à proteína acopladora de prótons transportadora de aminoácidos CG1139 isoforma X1	2,93	< 0,05
8494	Similar à proteína de alongação de ácidos graxos de cadeia muito longa 4	2,70	< 0,05
8513	Similar à molécula de adesão da junção	-4,00	< 0,05
8535	Proteína de baixa qualidade: similar à proteína homóloga de células XP-C complementando a reparação de DNA	-3,29	< 0,05
8559	Similar à proteína yellow	6,32	< 0,05
8563	Similar ao transportador de cátions orgânicos	2,02	< 0,05
8567	Similar à redutase de poliprenol	2,04	< 0,05
8568	Similar à glicoproteína 2C da vesícula sináptica	-2,32	< 0,05
8581	Similar à tripsina 3A1	2,37	< 0,05
8591	Similar à glicoproteína 2C da vesícula sináptica	-2,49	< 0,05
8611	Similar à desidrogenase de álcool 1	-4,72	< 0,05
8612	Similar à 15-hidroxiprostaglandina desidrogenase [NAD(+)]	-4,10	< 0,05
8623	Similar à proteína cuticular pupal 20	7,93	< 0,05
8626	Similar à proteína cuticular pupal 20	4,34	< 0,05
8627	Similar à proteína cuticular pupal 20, isoforma X1	4,16	< 0,05
8655	Similar à peroxidase do córion	2,91	< 0,05
8669	Similar à desidrogenase de álcool 1	-3,32	< 0,05
8676	Similar à proteína associada à espermatogênese 20 isoforma X1	-2,21	< 0,05
8699	Similar à proteína dedo de zinco 271	-2,01	< 0,05
8724	Similar à UNC93 proteína MFSD11	2,93	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
8756	Provável nuclease HARBI1	-2,63	< 0,05
8782	Similar à UNC93 proteína MFSD11	2,76	< 0,05
8797	Similar ao fator de indução da apoptose nuclear 1	-4,28	< 0,05
8823	Similar à sulfotransferase membro da família D1	-3,30	< 0,05
8870	Similar ao receptor de manose tipo C	-2,54	< 0,05
8876	Similar à desidrogenase de glicose [FAD, quinona]	-3,99	< 0,05
8880	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	-3,47	< 0,05
8883	Similar à desidrogenase D-citronato	-4,68	< 0,05
9008	Similar ao transportador de ânion de sulfato de sódio independente	-2,24	< 0,05
9016	Similar à desidrogenase D-citronato	-4,49	< 0,05
9057	Similar à proteína contendo repetições ácidas	9,10	< 0,05
9064	Similar à proteína interaptina, isoforma X1	2,76	< 0,05
9065	Similar à proteína interaptina, isoforma X1	2,21	< 0,05
9068	Similar à galactoquinase	-2,69	< 0,05
9070	Similar à proteína cuticular 7	5,74	< 0,05
9076	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	-2,84	< 0,05
9094	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1	-2,26	< 0,05
9109	Similar à proteína 5 contendo repetições de IAP baculoviral	-3,87	< 0,05
9117	Similar à prostaglandina redutase 1	-5,56	< 0,05
9146	Similar à DNA helicase pif1 dependente de ATP	-3,07	< 0,05
9165	Provável nuclease HARBI1	2,40	< 0,05
9196	Similar à desaturase de acil-coa Delta(11)	-4,10	< 0,05
9197	Similar à proteína apnoia	8,92	< 0,05
9217	Similar ao membro A de fosfolipase A1	4,57	< 0,05
9222	Similar à cadeia pesada de dineína 2, axonemal	5,13	< 0,05
9224	Similar à cadeia pesada de dineína 2, axonemal	5,12	< 0,05
9250	Similar à proteína dedo de zinco 311	-2,77	< 0,05
9256	Similar à sintase de ácido graxo	6,11	< 0,05
9259	Similar à proteína da família PE-PGRS não caracterizada PE_PGRS54	-5,40	< 0,05
9260	Similar à UDP-glicuronosiltransferase 2B1	2,04	< 0,05
9263	Similar à proteína relacionada a gelsolina de 125 kda	-4,37	< 0,05
9264	Similar à ceramidase neutra	2,62	< 0,05
9267	Similar à plectina	-4,88	< 0,05
9277	Similar à proteína ftsk de translocação de DNA, isoforma X1	2,38	< 0,05
9280	Similar à proteína 3 de herança alterada de mitocôndrias	5,25	< 0,05
9318	Similar à lisozima	5,34	< 0,05
9440	Similar à proteína derivada de elemento transponível piggybac 3	2,34	< 0,05
9443	Similar ao citocromo P450 6j1	3,02	< 0,05
9469	Similar à redutase de ácidos graxos de coa 1	-2,33	< 0,05
9475	Similar à proteína de alta massa molecular de citoadesão 3	5,39	< 0,05
9491	Similar à succinato desidrogenase subunidade b560, mitocondrial	-4,37	< 0,05
9509	Glicoproteína rica em histidina	10,65	< 0,05
9525	Glicoproteína rica em histidina	12,13	< 0,05
9531	Similar à fosfolipase A1 vest1.02	3,33	< 0,05
9567	Similar à triocinase/FMN ciclase	-4,05	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
9584	Similar à integrina alfa-PS3	-2,06	< 0,05
9589	Similar à ftsk de translocação de dnaisoforma X1	3,26	< 0,05
9606	Provável reductase de ácidos graxos de coa de cadeia longa CG5065	4,62	< 0,05
9610	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	-5,11	< 0,05
9640	Similar à glicoproteína 2C da vesícula sináptica	-5,47	< 0,05
9644	Similar ao inibidor da tirosina quinase de Bruton	-2,33	< 0,05
9651	Similar à calfotina	3,57	< 0,05
9662	Similar à proteína específica do bulbo ejaculatório 3	-3,38	< 0,05
9665	Similar à proteína específica do bulbo ejaculatório 3	-2,29	< 0,05
9672	Provável fosfatidato fosfatase putativa	-2,89	< 0,05
9715	Similar à antiqumotripsina-1 isoforma X1	-3,26	< 0,05
9724	Similar à ciclólase de 5-formiltetrahidrofolato	-3,17	< 0,05
9740	Proteína de baixa qualidade: similar à midasina	-2,19	< 0,05
9745	Similar à proteína de ligação CABYR de bainha fibrosa	2,92	< 0,05
9746	Similar à metiltransferase específica de N(6)-adenina METTL4 isoforma X1	-3,14	< 0,05
9751	Similar à proteína cuticular pupal 36a isoforma X2	7,54	< 0,05
9753	Similar à proteína cuticular pupal 36	3,67	< 0,05
9756	Similar à proteína cuticular pupal 36	-2,44	< 0,05
9757	Similar à proteína cuticular pupal 27	-3,79	< 0,05
9758	Similar à proteína cuticular 3	6,59	< 0,05
9762	Similar à proteína <i>dead ringer</i>	2,01	< 0,05
9769	Similar à mucina-19 isoforma X2	-3,58	< 0,05
9776	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	-3,36	< 0,05
9812	Similar à proteína estrutural da parede celular rica em glicina	3,58	< 0,05
9816	Similar ao transportador de folato por acoplamento de prótons	2,99	< 0,05
9819	Similar à proteína contendo dedo de zinco GATA 7	4,19	< 0,05
9820	Similar à cadeia alfa-1(I) do colágeno	2,13	< 0,05
9822	Provável serina/treonina-proteína quinase clka	7,05	< 0,05
9823	Similar à proteína cuticular pupal 36a	6,76	< 0,05
9839	Similar à proteína de membrana peroxissomal 11B	-2,81	< 0,05
9840	Similar à proteína cuticular pupal 36	4,14	< 0,05
9844	Similar à proteína reguladora transcricional LGE1	-5,62	< 0,05
9876	Similar à proteína contendo repetições ricas em leucina 15 isoforma X1	2,11	< 0,05
9887	Similar à proteína GINS do complexo de replicação de DNA PSF3	-3,67	< 0,05
9893	Similar à proteína específica do bulbo ejaculatório 3	-4,04	< 0,05
9894	Similar ao alergênico Tha p 1 isoforma X1	3,80	< 0,05
9896	Similar à proteína específica do bulbo ejaculatório 3	-2,16	< 0,05
9899	Similar à proteína específica do bulbo ejaculatório 3	-2,24	< 0,05
9900	Similar à proteína cuticular pupal 27	-5,29	< 0,05
9917	Similar à esterase de hormônio juvenil isoforma X1	2,75	< 0,05
9924	Similar à proteína de resistência nasal para fluoxetina 6	-2,69	< 0,05
9925	Similar à esterase E4	2,49	< 0,05
9984	Similar à proteína GINS do complexo de replicação de DNA PSF3	-5,60	< 0,05
10003	Similar à 3-cetoacil-coa tiolase mitocondrial	-2,25	< 0,05
10007	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	-3,35	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
10017	Similar à desidrogenase	3,56	< 0,05
10020	Similar ao fosfolípídeo fosfatase 3 isoforma X1	-2,27	< 0,05
10048	Similar à alfa-N-acetilgalactosaminidase	3,73	< 0,05
10056	Similar à proteína reparadora de complementação cruzada de raio-X 6	-2,00	< 0,05
10076	Similar ao transportador de prótons acoplados de folato	3,21	< 0,05
10079	Similar ao inibidor da tirosina quinase de Bruton	-2,61	< 0,05
10086	Provável serina/treonina-proteína quinase nek3	6,72	< 0,05
10101	Similar à proteína clássica contendo domínio de zinco de arabinogalactana 9	6,38	< 0,05
10144	Similar à oxidoreductase não caracterizada yjmc	-3,82	< 0,05
10153	Proteína de baixa qualidade: similar à acetilcolinesterase	3,05	< 0,05
10154	Similar ao alergênico Tha p 1	-3,12	< 0,05
10155	Similar à proteína 4 contendo domínio de bromo	7,35	< 0,05
10159	Similar à desidrogenase (NADP (+)) (2R) -3-sulfolactato	-4,29	< 0,05
10160	Similar à proteína de resistência nasal para fluoxetina 6	6,70	< 0,05
10163	Similar à proteína de resistência nasal para fluoxetina 6	-2,52	< 0,05
10165	Similar à proteína da família PE-PGRS PE_PGSR16	5,31	< 0,05
10168	Similar ao transportador de prótons acoplados de folato	-2,75	< 0,05
10175	Similar à proteína cuticular pupal 36	-2,65	< 0,05
10177	Provável fosfatidato fosfatase putativa	-3,31	< 0,05
10179	Similar à queratina-3, tipo I citoesquelética 51 kda	-3,47	< 0,05
10183	Similar à alfa-N-acetilgalactosaminidase	5,82	< 0,05
10248	Similar à proteína 3 contendo domínio Patched	2,44	< 0,05
10368	Similar à proteína Tob1	2,05	< 0,05
10384	Similar à proteína 1 da síndrome de Bardet-Biedl	-3,15	< 0,05
10419	Similar ao receptor de manose do tipo C 2 isoforma X3	-5,35	< 0,05
10447	Similar à subunidade pequena da primase de DNA isoforma X1	-2,28	< 0,05
10472	Similar à proteína derivada do elemento transponível piggybac 3	2,86	< 0,05
10473	Similar à redutase fabg de 3-oxoacil-[proteína carregadora de acil]	-3,76	< 0,05
10480	Similar à quinurenina 3-monoxigenase	-2,41	< 0,05
10495	Proteína de baixa qualidade: similar ao citocromo P450 18a1	2,68	< 0,05
10496	Similar à proteína white isoforma X2	-2,47	< 0,05
10530	Similar à proteína derivada do elemento transponível piggybac 4	3,35	< 0,05
10539	Similar à caspase-1	3,64	< 0,05
10586	Homólogo da ester hidrolase c11orf54	-3,21	< 0,05
10656	Similar à oxidase de indol-3-acetaldeído	-2,63	< 0,05
10684	Similar à proteína crooked neck	-2,50	< 0,05
10685	Similar à subunidade catalítica da ribonuclease P mitocondrial	-2,28	< 0,05
10703	Provável metilmalonato-semialdeído desidrogenase	-2,23	< 0,05
10720	Similar à proteína delta locus neurogênico isoforma X1	7,77	< 0,05
10730	Similar à quimotripsina-2	-2,22	< 0,05
10739	Similar à sintase de ácido graxo	9,50	< 0,05
10742	Similar à ctenidina-3	3,83	< 0,05
10745	Provável nuclease HARBI1	-2,09	< 0,05
10748	Similar à componente 6 do complexo de gama-tubulina	-2,21	< 0,05
10758	Similar ao ativador desgrenhado associado à morfogênese 1 isoforma X2	2,31	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
10759	Similar ao ativador desgrenhado associado à morfogênese 1 isoforma X1	2,11	< 0,05
10764	Provável poliglutamilase de tubulina ttl-15 isoforma X2	2,20	< 0,05
10765	Provável poliglutamilase de tubulina ttl-15	2,15	< 0,05
10776	Similar à subunidade 1 do complexo promotor de anáfase	-2,15	< 0,05
10782	Similar à quimotripsina-1	2,06	< 0,05
10785	Similar à proteína tetra-peptídeo homeobox 1	11,89	< 0,05
10789	Similar à desidrogenase xantina	-4,71	< 0,05
10792	Similar à oxidase de indol-3-acetaldeído	-2,84	< 0,05
10803	Similar à UDP-glicuronosiltransferase 2C1	2,29	< 0,05
10818	Similar à proteína rica em glicina	6,98	< 0,05
10819	Similar à sialidase	7,48	< 0,05
10830	Similar à brachyurin	-2,72	< 0,05
10854	Similar ao carreador de 2-oxodicarboxilato mitocondrial	-2,10	< 0,05
10863	Similar à redutase de ácidos graxos de coa wat	-2,83	< 0,05
10873	Similar à desidrogenase xantina	4,11	< 0,05
10879	Similar à mioneurina	-2,58	< 0,05
10880	Similar ao proteoglicano 4 isoforma X1	4,66	< 0,05
10884	Similar à desidrogenase de trans-1,2-di-hidrobenzeno-1,2-diol	4,05	< 0,05
10887	Similar à quimotripsina-1	-2,78	< 0,05
10897	Similar à proteína associada a queratina 19-2	3,56	< 0,05
10900	Similar à proteína associada a queratina 19-2	3,68	< 0,05
10928	Similar à proteína serina protease transmembranar 9	2,41	< 0,05
10946	Similar à proteína de parece delular vegetativa gp1	4,85	< 0,05
10951	Similar à 4-coumarato-coa ligase 1	-2,24	< 0,05
10952	Similar à ligase 1 de 4-cumarato-coa	-2,68	< 0,05
10954	Similar à conectina	-2,11	< 0,05
10973	Similar à desidrogenase xantina	-5,81	< 0,05
10974	Similar à quimotripsina-1	2,97	< 0,05
10981	Similar à desidrogenase xantina	4,16	< 0,05
11017	Proteína de baixa qualidade: similar à histona acetiltransferase p300	6,72	< 0,05
11036	Similar à família 1 do transportador de peptídeo isoforma X2	2,19	< 0,05
11046	Similar à lipase 3	5,67	< 0,05
11048	Similar ao potencializador de migração e invasão 1	-2,38	< 0,05
11055	Similar à proteína relacionada a citocromo b5	-3,28	< 0,05
11058	Similar à proteína relacionada a citocromo b5 isoforma X1	-2,20	< 0,05
11096	Provável proteína de defesa 3	2,95	< 0,05
11115	Provável citocromo P450 304a1	2,54	< 0,05
11157	Similar ao alergênico de veneno 5.02	3,35	< 0,05
11158	Similar à fasciclina 1 isoforma X1	-2,47	< 0,05
11161	Similar à fasciclina 1 isoforma X1	-2,35	< 0,05
11167	Similar à arilsulfatase J	2,35	< 0,05
11168	Similar ao aril-sulfato B	2,65	< 0,05
11171	Similar ao alergênico de veneno 5.02	2,31	< 0,05
11173	Similar à arilsulfatase J	2,56	< 0,05
11203	Similar à lipase 3	4,72	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
11217	Provável citocromo P450 304a1	2,03	< 0,05
11218	Similar ao homólogo da proteína jerky	3,64	< 0,05
11221	Provável transportador multivitamínico dependente de sódio isoforma X2	-2,21	< 0,05
11258	Similar à proteína relacionada a citocromo b5	-2,68	< 0,05
11260	Similar à girdina isoforma X1	-3,75	< 0,05
11267	Similar à proteína relacionada a citocromo b5	-2,43	< 0,05
11268	Similar à UDP-glucuronosiltransferase 2B15	-2,17	< 0,05
11269	Similar à mucina-5AC isoforma X1	7,15	< 0,05
11276	Similar ao inibidor de crescimento regulado por estrogênio e relacionado a ras	4,69	< 0,05
11277	Similar à proteína relacionada a citocromo b5	-3,00	< 0,05
11296	Similar à fosfolipase B1, associada à membrana	4,12	< 0,05
11298	Similar à fosfolipase B1, associada à membrana	4,08	< 0,05
11308	Similar à desidrogenase retinal 1	-2,60	< 0,05
11327	Similar à hidrolase de amido de ácido graxo 2-B	2,24	< 0,05
11329	Proteína de baixa qualidade: similar à xaa-Pro aminopeptidase 1	-2,26	< 0,05
11377	Similar à mucina-5AC	-3,06	< 0,05
11382	Provável proteína defensiva 3	4,85	< 0,05
11399	Similar à arilsulfatase B	3,38	< 0,05
11423	Provável nuclease HARBI1	-2,74	< 0,05
11466	Similar à proteína 1 do complexo de subunidades redutoras de epóxido de vitamina K isoforma 1	-2,79	< 0,05
11548	Similar à proteína 1 do complexo de subunidades redutoras de epóxido de vitamina K isoforma 1	-2,64	< 0,05
11586	Provável fator de transcrição básico de zíper leucina S	2,85	< 0,05
11587	Proteína de baixa qualidade: similar ao transportador de trealose facilitado Tret1	2,43	< 0,05
11588	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1 isoforma X1	2,71	< 0,05
11624	Similar à dioxigenase de 4-hidroxifenilpiruvato	-5,14	< 0,05
11656	Similar à proteína GVQW3	2,43	< 0,05
11668	Similar à proteína estrutural rica em glicina da parede celular	10,19	< 0,05
11728	Similar à dioxigenase de 4-hidroxifenilpiruvato	-5,67	< 0,05
11737	Similar à desaturase de acil-coa Delta (11)	11,50	< 0,05
11760	Similar à aminotransferase serina-piruvato, mitocondrial	-2,05	< 0,05
11761	Similar à aminotransferase serina-piruvato, mitocondrial	2,67	< 0,05
11779	Similar à proteína GVQW3	2,09	< 0,05
11862	Similar à UDP-glucuronosiltransferase 2B19	-2,06	< 0,05
11899	Similar à titina	9,09	< 0,05
11915	Similar à proteína da superfície celular 1 isoforma X1	2,94	< 0,05
11919	Similar à fosfatase alcalina, isozima não tecidual	4,05	< 0,05
11941	Similar à dioxigenase 4-hidroxifenilpiruvato	2,09	< 0,05
11997	Similar ao solúvel guanilato ciclase 89Db	3,04	< 0,05
12048	Similar à subunidade 6 da proteína prefoldina	-2,68	< 0,05
12073	Similar à proteína CREG1 isoforma X2	-3,19	< 0,05
12080	Similar ao inibidor de protease de serina de veneno isoforma X1	-2,03	< 0,05
12082	Proteína de baixa qualidade: similar à tripsina	5,17	< 0,05
12141	Similar à desidrogenase de glutamato, mitocondrial	-4,82	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
12152	Similar à desidrogenase de glutamato, mitocondrial	-5,11	< 0,05
12179	Similar à sacaropina desidrogenase oxidoreductase	-3,23	< 0,05
12181	Similar à sacaropina desidrogenase oxidoreductase	-2,79	< 0,05
12203	Hormônio de eclosão	6,30	< 0,05
12210	Similar aoinibidor de protease de serina de veneno	-5,34	< 0,05
12216	Similar à desaturase de acil-coa	13,44	< 0,05
12220	Similar à peroxidase isoforma X1	3,60	< 0,05
12226	Proteína de baixa qualidade: similar à caderina 89D	6,73	< 0,05
12240	Similar à pro-resilina	6,22	< 0,05
12249	Similar à protease transmembranas serina 12	4,21	< 0,05
12290	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1	-5,00	< 0,05
12409	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1	-3,79	< 0,05
12428	Similar à regulador de compensação de dosagem isoforma X1	-2,33	< 0,05
12437	Similar à subunidade C da sintase de micosubtilina	4,82	< 0,05
12443	Similar à subunidade C da sintase de microsubtilina	2,24	< 0,05
12483	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1	6,97	< 0,05
12485	Similar ao citocromo P450 4C1	3,07	< 0,05
12488	Similar ao citocromo P450 4V2	-8,32	< 0,05
12491	Similar ao citocromo P450 4V2 isoforma X2	-6,69	< 0,05
12501	Similar à proteína ribossomal L35 39s, mitocondrial	2,61	< 0,05
12510	Similar à aminopeptidase	2,98	< 0,05
12546	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1	3,04	< 0,05
12547	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1	4,16	< 0,05
12548	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1	2,62	< 0,05
12581	Similar ao transportador de monocarboxilato acoplado ao sódio 1	4,00	< 0,05
12609	Similar à membro E da família de domínio de lectina C tipo 4	-3,10	< 0,05
12677	Similar ao receptor acoplado à proteína G Mth2 isoforma X1	-4,85	< 0,05
12692	Similar à sulfotransferase 1C4	-2,20	< 0,05
12718	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1	3,76	< 0,05
12805	Similar ao receptor acoplado à proteína G Mth2 isoforma X1	-4,83	< 0,05
12817	Similar ao retinol desidrogenase 14	3,79	< 0,05
12822	Similar ao citocromo P450 4C1 isoforma X2	-2,07	< 0,05
12823	Similar à proteína derivada do elemento transponível piggybac 4	2,33	< 0,05
12824	Similar à cadeia pesada de fibroína	5,50	< 0,05
12846	Similar ao citocromo P450 4c3	-4,07	< 0,05
12848	Similar à mirosinase 1 isoforma X1	2,47	< 0,05
12852	Similar ao citocromo P450 4C1	2,03	< 0,05
12870	Similar à proteína Skeletor, isoformas D/Eisoforma X1	3,41	< 0,05
12887	Similar à cadeia pesada de fibroína	5,62	< 0,05
12929	Similar ao citocromo P450 4V2	-6,81	< 0,05
12943	Similar ao inibidor de carboxilesterase-6 de veneno isoforma X1	-2,06	< 0,05
12946	Proteína de baixa qualidade: provável nuclease HARBI1	2,13	< 0,05
12977	Similar à proteína contendo domínio BED de zinco 1	-2,71	< 0,05
13042	Proteína de malha isoforma X1	2,33	< 0,05
13143	Similar à redutase fabg de 3-oxoacil-[proteína carregadora de acil]	-2,38	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
13204	Provável citocromo P450 301a1, mitocondrial	2,59	< 0,05
13228	Similar ao homólogo 1 de proteína nuclear ribonucleoproteica A2	7,13	< 0,05
13268	Similar à proteína contendo repetições ricas em leucina 24	3,06	< 0,05
13274	Similar à proteína contendo domínio BED de zinco 1	-2,91	< 0,05
13335	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	5,76	< 0,05
13345	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	4,79	< 0,05
13381	Provável nuclease HARBI1	-2,28	< 0,05
13382	Similar ao fator nuclear indutor de apoptose 1	-2,26	< 0,05
13403	Similar à zonadhesina	4,33	< 0,05
13426	Similar ao transportador de cátions orgânicos	-2,83	< 0,05
13455	Similar ao citocromo P450 4V2	-3,77	< 0,05
13529	Similar à glutationa S-transferase 2	-2,70	< 0,05
13550	Similar ao inibidor de protease de serina swm-1 isoforma X2	2,92	< 0,05
13583	Similar à tripsina	5,28	< 0,05
13591	Similar à carboxipeptidase B	7,36	< 0,05
13597	Proteína de baixa qualidade: similar à hidrolase de ácido graxo acil-coa precursora, cadeia média, parcial	4,89	< 0,05
13598	Similar ao fator de transcrição hamlet	2,28	< 0,05
13603	Similar ao inibidor de protease de serina swm-1	7,08	< 0,05
13620	Similar ao transportador de monocarboxilato 4 isoforma X1	2,89	< 0,05
13628	Similar à desidrogenase de retinol epidérmico 2 isoforma X1	2,68	< 0,05
13630	Similar à carboxipeptidase B	7,52	< 0,05
13653	Similar ao transportador de monocarboxilato 4 isoforma X1	3,16	< 0,05
13668	Similar ao fumarilacetoacetase	-2,95	< 0,05
13681	Proteína homóloga ao domínio G patch e anquirina repetição 1	-2,06	< 0,05
13704	Similar à desacetilase de quitina 1	6,71	< 0,05
13736	Proteína de baixa qualidade: similar à hidrolase de acil-coa de ácido graxo, precursor de cadeia média, parcial	-2,40	< 0,05
13750	Similar à proteína transportadora de cátions orgânicos	-2,52	< 0,05
13790	Similar ao inibidor de protease de serina swm-1	6,29	< 0,05
13805	Similar à proteína de ligação de cálcio sarcoplásmico 1 isoforma X1	-2,71	< 0,05
13812	Similar à proteína adaptadora do receptor de lipoproteína de baixa densidade 1-B	5,57	< 0,05
13866	Similar à proteína mpv17	2,52	< 0,05
13874	Similar ao citocromo P450 6B2	-2,08	< 0,05
13881	Similar à proteína cuticular 16.5	3,51	< 0,05
13882	Similar à spidroína	-2,10	< 0,05
13884	Similar à calphotin	-2,64	< 0,05
13891	Similar à colinesterase 1	-3,00	< 0,05
13901	Similar ao retinol desidrogenase 11	2,13	< 0,05
13905	Similar à proteína 1 de alongação de ácidos graxos de cadeia muito longa	9,94	< 0,05
14049	Similar à proteína cuticular pupal C1B	9,45	< 0,05
14050	Similar à proteína rica em prolina 27	5,47	< 0,05
14067	Similar à proteína da parede celular vegetativa gp1	12,61	< 0,05
14103	Similar à proteína cuticular 63	9,89	< 0,05
14110	Similar à proteína <i>kelch-2</i>	-2,34	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
14122	Similar à descarboxilase de ácido cisteíno sulfínico	4,25	< 0,05
14130	Similar à proteína kelch-2	-2,24	< 0,05
14140	Similar à proteína cuticular LPCP-23	2,98	< 0,05
14168	Similar à proteína cuticular 16.5	9,87	< 0,05
14227	Similar à subunidade 1 do complexo ativador de sinal co-integrador 1 isoforma X2	2,64	< 0,05
14242	Similar à proteína alcachofra	-2,43	< 0,05
14290	Similar à lipase pancreática de triacilglicerol	-2,34	< 0,05
14312	Similar à lipase membro H	-2,04	< 0,05
14377	Similar à proteína contendo o domínio TRIM45	2,75	< 0,05
14389	Similar à primase de DNA, subunidade grande	-2,13	< 0,05
14422	Proteína de baixa qualidade: similar à redutase de carbonila	-2,93	< 0,05
14428	Similar à proteína cuticular 21 isoforma X1	2,45	< 0,05
14429	Similar à proteína cuticular rígida larval / pupal 66	3,41	< 0,05
14455	Similar à proteína de transferência de alfa-tocoferol isoforma X1	2,36	< 0,05
14464	Similar à proteína transportadora de alfa-tocoferol isoforma X2	4,15	< 0,05
14499	Provável nuclease HARBI1 isoforma X2	-2,13	< 0,05
14502	Provável nuclease HARBI1	-2,36	< 0,05
14517	Similar à proteína rígida da cutícula larval/pupal 66	-2,83	< 0,05
14536	Similar à desacetilase de quitina 1 isoforma X2	2,10	< 0,05
14560	Similar à proteína estrutural rica em glicina 1.8 isoforma X1	-2,84	< 0,05
14599	Similar ao antígeno associado a espermatozoides 6	-3,11	< 0,05
14608	Similar à proteína reguladora de exocitose de membrana sináptica 2 isoforma X1	-2,60	< 0,05
14618	Similar à calphotin	3,50	< 0,05
14621	Similar à proteína cuticular 16.5	3,20	< 0,05
14622	Similar à proteína cuticular 65	-3,22	< 0,05
14623	Similar à proteína da parede celular vegetativa gp1	11,46	< 0,05
14628	Similar à proteína rica em prolina 27	5,53	< 0,05
14629	Similar à proteína cuticular 16.5	13,33	< 0,05
14630	Similar à proteína cuticular 16.5	7,83	< 0,05
14631	Similar à proteína cuticular 63	10,68	< 0,05
14638	Proteína de baixa qualidade: similar à mucina-3A	3,97	< 0,05
14700	Similar à mucina-5AC	3,40	< 0,05
14706	Proteína da família PE-PGRS não caracterizada semelhante a PE_PGRS36	-3,39	< 0,05
14732	Similar à protease serina snake	-2,55	< 0,05
14743	Similar à proteína transportadora de alfa-tocoferol	2,55	< 0,05
14745	Similar à beta-ureidopropionase	-2,89	< 0,05
14748	Similar ao retinol desidrogenase 12	4,93	< 0,05
14765	Similar ao receptor solúvel scavenger de proteína contendo domínio rico em cisteína SSC5D	3,02	< 0,05
14770	Similar ao citocromo P450 6B1	4,61	< 0,05
14788	Similar à proteína cuticular 18.6	10,40	< 0,05
14805	Similar à desidrogenase de sorbitol	-2,99	< 0,05
14819	Similar ao citocromo P450 6a9	-3,55	< 0,05
14835	Similar à proteína estrutural rica em glicina 1.8	-2,83	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
14856	Similar à proteína associada à membrana do sistema límbico	2,64	< 0,05
14869	Similar à proteína específica do bulbo ejaculatório 3	3,17	< 0,05
14879	Similar ao citocromo P450 6k1	-2,27	< 0,05
14882	Similar à proteína associada à queratina 19-2	4,00	< 0,05
14915	Similar à proteína de ligação a RNA 33	10,87	< 0,05
15005	Similar à luciferina 4-monooxigenase	-5,53	< 0,05
15014	Similar à queratina 10 do tipo I do citoesqueleto	-2,99	< 0,05
15017	Similar à queratina I do tipo I do citoesqueleto	4,07	< 0,05
15061	Similar à cadeia pesada de fibroína	5,78	< 0,05
15097	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	3,74	< 0,05
15098	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	7,30	< 0,05
15099	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona] isoforma X1	7,76	< 0,05
15100	Similar à desidrogenase de glicose [FAD, quinona]	2,09	< 0,05
15101	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	-3,65	< 0,05
15102	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	-2,21	< 0,05
15104	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	5,80	< 0,05
15107	Similar à frutose-bifosfato aldolase	-2,12	< 0,05
15154	Similar à proteína de ponto de verificação do ciclo celular RAD1	-2,41	< 0,05
15157	Similar à proteína de transferência de alfa-tocoferol	-4,18	< 0,05
15163	Similar à proteína de transferência de alfa-tocoferol	3,66	< 0,05
15181	Similar ao citocromo P450 4C1	2,35	< 0,05
15188	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	4,58	< 0,05
15201	Similar à glucose desidrogenase [FAD, quinona]	5,07	< 0,05
15209	Similar à protease de serina gd isoforma X1	-3,40	< 0,05
15215	Similar à calmodulina isoforma X1	-2,33	< 0,05
15230	Similar à proteína homóloga a fosfatidiletanolamina de ligação F40A3.3	-4,12	< 0,05
15231	Similar à luciferin 4-monooxigenase	-7,22	< 0,05
15236	Similar à metalo-proteína de zinco nas-4 isoforma X1	2,51	< 0,05
15259	Similar à glucosilceramidase ácida lisossomal	2,92	< 0,05
15267	Probável serina / treonina-proteína quinase tsua	-2,57	< 0,05
15282	Similar à proteína de transferência de alfa-tocoferol	2,07	< 0,05
15285	Similar à fosfolipase A2	6,46	< 0,05
15297	Similar à proteína transportadora de alfa-tocoferol	3,31	< 0,05
15303	Proteína de baixa qualidade: similar à proteína de ponto de verificação do ciclo celular RAD1	-2,27	< 0,05
15306	Similar à sintase de ácido graxo	8,94	< 0,05
15344	Similar à redutase 3-oxoacil-[acil-carrier-proteína] fabg	-2,68	< 0,05
15358	Similar à sintase de ácido graxo	4,45	< 0,05
15393	Similar à proteína transportadora de alfa-tocoferol	5,40	< 0,05
15402	Similar à aldolase de frutose-bifosfato	-3,60	< 0,05
15411	Similar à proteína transportadora de alfa-tocoferol	2,89	< 0,05
15419	Similar à aldolase de frutose-bifosfato	-4,02	< 0,05
15422	Similar à oxidoreductase não caracterizada TM_0325	-2,84	< 0,05
15428	Similar à proteína somatomedina-B e trombospondina tipo-1	2,39	< 0,05
15451	Similar à proteína da subunidade 3 do complexo de partículas de tráfego	2,25	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
15453	Similar à proteína transportadora de alfa-tocoferol isoforma X1	5,47	< 0,05
15465	Similar à proteína D3	-5,70	< 0,05
15505	Similar à glicoproteína estrutural endocuticular ABD-5	13,62	< 0,05
15543	Similar à proteína associada a queratina 10 do tipo I	-3,43	< 0,05
15594	Similar à insectocianina-A	-2,25	< 0,05
15608	Similar à zonadhesina isoforma X1	3,56	< 0,05
15612	Similar à proteína kelch repeat e BTB domain-containing 2	-2,59	< 0,05
15695	Similar à cadeia pesada de fibroína	5,49	< 0,05
15723	Similar à beta-manosidase	-2,40	< 0,05
15738	Similar ao inibidor de carboxilesterase de veneno-6	3,77	< 0,05
15759	Similar à proteína de ligação a ácido graxo	5,20	< 0,05
15764	Similar à proteína derivada do elemento transponível piggybac 4	3,77	< 0,05
15769	Similar à lipase ativada por sais biliares	2,16	< 0,05
15785	Similar à proteína cuticular adulta específica ACP-20	10,20	< 0,05
15791	Similar à proteína quinexina KIF18A	5,85	< 0,05
15820	Similar à proteína reguladora do crescimento celular com domínio de dedo RING 1	2,15	< 0,05
15842	Similar à quinase dependente de ciclina 1 isoforma X4	2,07	< 0,05
15849	Similar à liase de N-acetilneuraminato isoforma X1	-3,38	< 0,05
15859	Similar ao dióxigeno de fitanoil-coa, peroxissomal	-4,13	< 0,05
15879	Subunidade lábil de ácido do complexo de proteína de ligação a fator de crescimento similar à insulina	2,42	< 0,05
15890	Similar à proteína neuropeptídeo 31	-2,54	< 0,05
15915	Similar à neuroligin-4, ligada ao X	-2,29	< 0,05
15979	Similar à mucina-5AC	3,37	< 0,05
15983	Similar à proteína cuticular larval / pupal H1C	5,71	< 0,05
15984	Similar à proteína associada à queratina 19-2	6,55	< 0,05
16014	Similar ao canal de potássio subfamília K membro 1 isoforma X1	-2,15	< 0,05
16030	Similar à proteína inturned	-2,18	< 0,05
16054	Similar à esterase FE4	-6,06	< 0,05
16055	Similar à esterase de hormônio juvenil	-2,68	< 0,05
16078	Similar ao homólogo 1 de ribonucleoproteína nuclear heterogênea A2	7,39	< 0,05
16100	Similar à proteína daywake regulada pelo relógio circadiano	7,15	< 0,05
16139	Similar à proteína letal (2) essencial para a vida	-3,96	< 0,05
16143	Similar à proteína de ligação a hormônio juvenil	-2,59	< 0,05
16148	Similar à proteína transportadora de cátions orgânicos	-2,25	< 0,05
16190	Similar à proteína daywake regulada pelo relógio circadiano	-5,29	< 0,05
16202	Similar à proteína takeout	-3,03	< 0,05
16242	Similar à pro-resilina	5,08	< 0,05
16323	Similar à pro-resilina	5,34	< 0,05
16348	Similar à pro-resilina	6,67	< 0,05
16351	Similar à pro-resilina	7,01	< 0,05
16366	Similar à cadeia A de alfa-cristalina	4,05	< 0,05
16368	Similar à oxidoreductase do tipo GMC não caracterizada semelhante a Mb1310	-5,05	< 0,05
16389	Proteína de baixa qualidade: similar à desidrogenase de glicose	2,09	< 0,05
16394	Similar à proteína de ligação a PDZ rica em cisteína	2,00	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
16410	Similar à subunidade 3 da DNA polimerase epsilon	-2,46	< 0,05
16427	Similar à pro-resilina isoforma X1	5,77	< 0,05
16450	Similar à pro-resilina	6,44	< 0,05
16473	Similar ao mediador da subunidade 15 da transcrição da RNA polimerase II isoforma X1	11,54	< 0,05
16499	Similar ao mediador da subunidade 15 da transcrição da RNA polimerase II	9,08	< 0,05
16503	Similar à pro-resilina	3,40	< 0,05
16536	Similar à pro-resilina	2,54	< 0,05
16541	Similar à esferulina-2A	-2,55	< 0,05
16577	Similar à redutase 3-oxoacil-[acil-carrier-proteína] fabg	-2,66	< 0,05
16616	Cadeia A de alfa-cristalina-símile	4,25	< 0,05
16647	Provável peptídeo secretado da saliva	7,21	< 0,05
16648	Provável peptídeo secretado da saliva	6,36	< 0,05
16795	Similar à L-ligase malonato-coa ACSF3, mitocondrial	-2,00	< 0,05
16803	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1	-4,27	< 0,05
16884	Similar ao inibidor de serina protease dipetalogastina isoforma X1	5,19	< 0,05
16897	Fosfoenolpiruvato carboxicinase	-2,62	< 0,05
16928	Similar à holotricin-3	-2,48	< 0,05
16931	Similar ao inibidor de serina protease dipetalogastina isoforma X1	4,82	< 0,05
16939	Similar à esterase B1	-2,27	< 0,05
16947	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1	-3,54	< 0,05
16948	Similar à proteína transmembrana 14C	-2,30	< 0,05
16949	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1	-2,88	< 0,05
16989	Similar à miosinase 1	3,46	< 0,05
16994	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1	-2,40	< 0,05
16995	Similar à fosfolipase A1	3,33	< 0,05
16997	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1	-3,92	< 0,05
17003	Provável proteína de transporte de metabólitos csbc	-2,28	< 0,05
17005	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1-2 homólogo	-3,55	< 0,05
17019	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1-2 homólogo	-3,73	< 0,05
17021	Similar à miosinase 1	2,24	< 0,05
17100	Similar à proteína transcetolase 2	-2,12	< 0,05
17108	Similar à quitinase A	6,24	< 0,05
17141	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1	3,46	< 0,05
17158	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1	5,00	< 0,05
17166	Similar à UDP-glicuronosiltransferase 2B19	-2,46	< 0,05
17167	Similar à proteína cuticular 16.5	8,01	< 0,05
17168	Similar à loritrina	-3,69	< 0,05
17174	Similar à proteína de ligação a RNA rica em glicina 2	-2,37	< 0,05
17175	Similar à tripsina CFT-1 isoforma X1	2,50	< 0,05
17188	Similar à proteína masquerade isoforma X1	3,88	< 0,05
17197	Similar à proteína derivada do elemento transponível piggybac 3	4,38	< 0,05
17206	Similar à proteína cuticular 19.8	10,67	< 0,05
17208	Similar à proteína cuticular 7	9,55	< 0,05
17209	Similar à proteína cuticular larval A3A	8,61	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
17211	Similar ao fator de transcrição stalky	3,16	< 0,05
17215	Similar à proteína scarlet	-2,68	< 0,05
17271	Similar à acantoscurreina-2	-3,33	< 0,05
17291	Similar à mucina-3A	4,39	< 0,05
17321	Similar à tripsina alcalina C, isoforma X1	-2,28	< 0,05
17356	Fator de transcrição homólogo SPT20	6,94	< 0,05
17364	Homólogo da proteína de ligação NGFI-A	4,26	< 0,05
17378	Similar à queratina, tipo I citoesquelética 9	-4,14	< 0,05
17409	Similar à proteína da família PE-PGRS não caracterizada PE_PGRS36	-3,61	< 0,05
17437	Similar à proteína neuralizada	5,22	< 0,05
17496	Similar à protease de serina modular	-2,82	< 0,05
17497	Similar à protease de serina modular	-2,25	< 0,05
17507	Similar à subunidade de baixo peso molecular da glutenina	2,52	< 0,05
17508	Similar à subunidade de baixo peso molecular da glutenina	5,28	< 0,05
17536	Similar à dioxygenase de clivagem do anel extradiol	-2,47	< 0,05
17572	Provável alfa-1,2-glucosiltransferase Dol-P-Glc: Glc (2) Man (9) glcnac (2) - PP-Dol	-2,50	< 0,05
17588	Similar à protease de serina de cobra	-3,89	< 0,05
17636	Similar à dioxygenase de clivagem de anel extra-diol	-2,10	< 0,05
17665	Similar à serina protease de cobra	-4,64	< 0,05
17676	Similar à protease de serina de cobra	-2,80	< 0,05
17687	Similar à protease de serina de cobra	-2,15	< 0,05
17718	Similar à glicoproteína estrutural da endocutícula ABD-4	2,63	< 0,05
17740	Similar à proteína substrato da tirosina quinase regulada pelo fator de crescimento de hepatócitos	4,40	< 0,05
17753	Similar ao fator 2 ativador de fenoxidase isoforma X2	-2,25	< 0,05
17757	Similar à proteína TEX261	-2,10	< 0,05
17766	Similar à gama-gliadina	-5,13	< 0,05
17796	Similar à glicoproteína estrutural da endocutícula ABD-4	3,07	< 0,05
17801	Similar à protease de serina de cobra	-3,89	< 0,05
17813	Similar à proteína derivada do elemento transponível piggybac 4	3,43	< 0,05
17828	Similar à UDP-glucuronosiltransferase 2B15	-2,95	< 0,05
17845	Similar à proteína GILT 1 isoforma X1	2,04	< 0,05
17855	Similar ao domínio RING BRCA1 associado à proteína 1	-2,07	< 0,05
17887	Similar à protease de veneno isoforma X2	-3,74	< 0,05
17914	Similar à proteína hemolin	2,24	< 0,05
17949	Similar ao fator de transcrição relacionado a Myb, parceiro da profilina	-2,05	< 0,05
17972	Similar à serina protease transmembrana 9	2,16	< 0,05
17975	Similar ao transportador sináptico de aminas vesiculares	4,11	< 0,05
17992	Similar à glicoproteína de superfície celular 1	2,77	< 0,05
18022	Similar à serpina I2	-4,81	< 0,05
18045	Similar à hialuronidase	2,92	< 0,05
18049	Similar à proteína derivada do elemento transponível tigger 4	-3,60	< 0,05
18072	Similar à proteína cuticular larval A3A	7,53	< 0,05
18109	Similar o fator de indução de hipoxia 1	3,57	< 0,05
18146	Similar à proteína de montagem de linha M muscular UNC-89	3,91	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
18162	Similar à proteína relacionada à ovalbumina X	-2,61	< 0,05
18170	Similar à hidrolase de epóxido de hormônio juvenil	-2,30	< 0,05
18178	Similar à NADPH oxidase 5	2,17	< 0,05
18183	Similar à helicase de DNA dependente de ATP PIF1	-4,22	< 0,05
18191	Similar à proteína vanina 2	-2,84	< 0,05
18200	Similar à desidrogenase de glicose	2,38	< 0,05
18205	Similar à titina	8,66	< 0,05
18209	Similar à desidrogenase de glicose	4,44	< 0,05
18212	Similar à aminotransferase de cinurenina/alfa-aminoadipato, mitocondrial	-2,12	< 0,05
18217	Similar ao canal de potássio retificador interno sensível a ATP 1	3,96	< 0,05
18227	Similar à proteína O-aciltransferase	-3,61	< 0,05
18277	Similar à proteína dedo de zinco 91	-3,01	< 0,05
18367	Provável helicase de DNA TDRD12 dependente de ATP	-2,10	< 0,05
18387	Similar proteína de cutícula de pupa PCP52	-2,89	< 0,05
18388	Similar à proteína cuticular 16,5	4,06	< 0,05
18389	Similar à proteína cuticular 16,5	4,05	< 0,05
18413	Similar à serina protease filzig	7,62	< 0,05
18471	Similar à serina proteinase stubble	4,89	< 0,05
18543	Similar à subunidade 2 da sintase de decaprenil-difosfato	5,12	< 0,05
18546	Provável receptor nuclear de hormônio HR3 isoforma X2	7,22	< 0,05
18550	Similar à subunidade 2 da sintase de decaprenil-difosfato	4,51	< 0,05
18563	Similar à proteína homeobox Hox-A1	2,49	< 0,05
18564	Similar à proteína reguladora TFPI andrógeno-dependente	-3,05	< 0,05
18570	Provável transportador de amônio 2	3,34	< 0,05
18577	Similar à fibro-hexamerina	2,87	< 0,05
18584	Similar à serina proteinase stubble	4,17	< 0,05
18588	Similar à proteína reguladora TFPI andrógeno-dependente	-3,64	< 0,05
18592	Similar à proteína reguladora TFPI andrógeno-dependente	-2,21	< 0,05
18608	Similar à serina proteinase stubble	3,31	< 0,05
18634	Proteína de baixa qualidade: similar à aldo-ceto redutase AKR2E4	-3,04	< 0,05
18667	Similar à U-scoloptoxina (01) -Cw1a	4,75	< 0,05
18673	Similar à U-scoloptoxina (01) -Cw1a	6,59	< 0,05
18719	Similar ao inibidor de tripsina	3,26	< 0,05
18724	Provável quitinase 2	2,36	< 0,05
18738	Similar à serina protease filzig	7,55	< 0,05
18745	Similar à mucina-22 isoforma X1	-2,22	< 0,05
18763	Similar à plasminogênio semelhante isoforma X2	4,01	< 0,05
18771	Similar à fibro-hexamerina, isoforma X2	2,36	< 0,05
18819	Similar à helicase de DNA dependente de ATP pif1	-3,90	< 0,05
18820	Similar à lachesin	-2,00	< 0,05
18821	Similar ao D-arabinitol desidrogenase 1	-4,51	< 0,05
18826	Provável redutase de acil-coa graxo CG5065	4,99	< 0,05
18839	Provável redutase de acil-coa graxo CG5065	4,41	< 0,05
18842	Similar à proteína transportadora de cátion orgânico	6,99	< 0,05
18850	Similar à redutase de ácido graxo acil-coa wat	3,91	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
18893	Similar à helicase de DNA dependente de ATP PIF1	-2,61	< 0,05
18912	Similar à lachesin	-2,02	< 0,05
18913	Similar ao D-arabinitol desidrogenase 1	-3,80	< 0,05
18914	Provável redutase de acil-coa graxo CG5065 isoforma X1	3,77	< 0,05
18918	Provável redutase de acil-coa graxo CG5065	4,76	< 0,05
18929	Similar à redutase de ácido graxo acil-coa wat	-3,24	< 0,05
18930	Similar à redutase de ácido graxo acil-coa wat	4,25	< 0,05
18963	Similar à proteína transportadora de cátions orgânicos	6,26	< 0,05
18991	Provável redutase de acil-coa graxo CG5065	2,29	< 0,05
18992	Similar à trealose	-3,74	< 0,05
19077	Similar à proteína 3 contendo domínio de ligação a DNA tipo myb / SANT	-3,99	< 0,05
19079	Similar ao ativador transcricional semelhante a GLI3	5,66	< 0,05
19081	Similar à redutase de ácido graxo acil-coa wat	7,31	< 0,05
19092	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1	-2,08	< 0,05
19096	Similar à proteína letal (2) essencial para a vida	-2,25	< 0,05
19134	Similar à proteína contendo repetições ácidas	-2,25	< 0,05
19198	Similar à adesina rica em serina para plaquetas	2,31	< 0,05
19239	Similar à histona lisina N-metiltransferase 2D	6,35	< 0,05
19262	Proteína de baixa qualidade: similar à catenina alfa	2,28	< 0,05
19268	Similar à proteína contendo domínio BED de zinco 879	-2,68	< 0,05
19276	Similar à tautomerase de L-dopacromo amarelo-f2	-5,34	< 0,05
19278	Similar à tautomerase amarela L-dopacromo f2	-2,30	< 0,05
19284	Similar à inativa peptidil-prolil cis-trans isomerase shutdown	-2,19	< 0,05
19286	Similar à serina protease de cobra	-2,04	< 0,05
19302	Similar à proteína calmodulina 4	2,16	< 0,05
19318	Similar à proteína relacionada a Ras Rab-24	2,39	< 0,05
19326	Similar à 7-desaturase de colesterol	2,55	< 0,05
19413	Similar à tautomerase amarela L-dopacromo f2	-3,40	< 0,05
19414	Similar à tautomerase de L-dopacromo amarelo-f2	-2,06	< 0,05
19458	Similar ao antígeno WAG22	2,02	< 0,05
19468	Similar à gelsolina	-2,10	< 0,05
19473	Similar ao citocromo P450 307a1	-3,12	< 0,05
19563	Similar à proteína paternalmente expressa do gene 3	6,24	< 0,05
19588	Similar à proteína cuticular 8	4,36	< 0,05
19596	Similar à proteína cuticular 8	10,39	< 0,05
19611	Similar à proteína cuticular 8	13,11	< 0,05
19623	Similar à proteína cuticular 7	9,00	< 0,05
19632	Similar à proteína cuticular 7	10,05	< 0,05
19650	Similar à proteína cuticular 8	9,60	< 0,05
19672	Similar à proteína cuticular 19	6,67	< 0,05
19679	Provável nuclease HARBI	-2,38	< 0,05
19762	Similar ao componente de lipoamida acetiltransferase do complexo desidrogenase alfa-cetoácido de cadeia ramificada, mitocondrial	-2,12	< 0,05
19787	Similar à desidrogenase de glicina (descarboxilante), mitocondrial	-2,54	< 0,05
19804	Similar à proteína de alto peso molecular de citoadesão 3	4,95	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
19811	Similar à proteína de translocação de DNA ftsk isoforma X1	2,56	< 0,05
19814	Similar à proteína da família PE-PGRS não caracterizada PE_PGRS46	4,31	< 0,05
19815	Similar à queratina, tipo II citoesquelética I	3,07	< 0,05
19818	Similar ao citocromo P450 4C1	2,92	< 0,05
19882	Similar ao citocromo P450 4V2	-3,22	< 0,05
19920	Similar à proteína contendo repetições ácidas	7,81	< 0,05
19942	Similar ao dióxido de fitanoil-coa, peroxissomal	-5,38	< 0,05
20002	Similar à quitinase A	5,48	< 0,05
20016	Similar à desidrogenase de retinol 11	2,82	< 0,05
20044	Similar à proteína dedo de zinco 431	3,19	< 0,05
20141	Similar ao peptídeo venenoso ctap Isoforma X1	-2,95	< 0,05
20145	Similar à proteína de elongação de ácidos graxos muito longos AAEL008004	-2,15	< 0,05
20181	Similar à tautomerase amarela L-dopacromo f2	3,07	< 0,05
20182	Homólogo de cristalina lambda	-2,34	< 0,05
20184	Similar à peroxidase	-2,05	< 0,05
20189	Similar ao peptídeo venenoso ctapi isoforma X1	-4,99	< 0,05
20200	Similar à proteína cuticular 6	2,28	< 0,05
20202	Similar à proteína cuticular 8 isoforma X1	7,05	< 0,05
20212	Similar à proteína cuticular 8	3,84	< 0,05
20213	Similar ao receptor de peptídeo cardioaceleratório isoforma X1	4,53	< 0,05
20214	Similar ao citocromo P450 4V2	-4,60	< 0,05
20219	Similar ao proteoglicano 4	3,78	< 0,05
20221	Similar à glicoproteína estrutural da endocutícula sgabd-8	5,81	< 0,05
20222	Similar à proteína cuticular 8	5,30	< 0,05
20224	Similar à glicoproteína estrutural da endocutícula sgabd-5 isoforma X3	-2,22	< 0,05
20225	Similar à glicoproteína estrutural da endocutícula sgabd-5	-2,81	< 0,05
20235	Similar à glicoproteína estrutural da endocutícula ABD-5	7,06	< 0,05
20236	Similar à proteína de elongação de ácidos graxos muito longos 7	6,54	< 0,05
20238	Similar ao citocromo P450 4C1	-3,38	< 0,05
20241	Similar à proteína de elongação de ácidos graxos muito longos 7	6,60	< 0,05
20245	Provável quinase de serina/treonina-proteína kinx isoforma X2	6,98	< 0,05
20256	Provável quinase de serina/treonina-proteína kinx isoforma X2	5,40	< 0,05
20257	Similar à glicoproteína estrutural da endocutícula sgabd-5	6,15	< 0,05
20266	Similar à proteína cuticular 19	5,28	< 0,05
20269	Similar à helicase de DNA dependente de ATP pif1	-4,61	< 0,05
20275	Similar à catalase	8,08	< 0,05
20624	Similar à proteína derivada do elemento transponível piggybac 3	-6,08	< 0,05
20648	Similar à mucina-5AC	-2,76	< 0,05
20716	Proteína de baixa qualidade: similar à mucina-3A	4,16	< 0,05
20745	Similar ao fator de transcrição relacionado a Myb, parceiro de profilina, parcial	4,72	< 0,05
20750	Similar à proteína específica do bulbo ejaculatório 3	2,30	< 0,05
20824	Similar ao fator de transcrição relacionado a Myb, parceiro de profilina, parcial	3,39	< 0,05
20853	Similar ao citocromo P450 6B5	-2,63	< 0,05
20864	Similar ao regulador de cromatina dependente de actina associado à matriz relacionado a SWI/SNF, subfamília B, membro 1-A isoforma X1	-2,51	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
20908	Similar à proteína associada ao citoesqueleto regulada pela atividade 1	-3,69	< 0,05
20980	Similar à desidrogenase	-3,64	< 0,05
21051	Similar à proteína antagonista à proteína 1 do heterocromatina isoforma 1	-2,12	< 0,05
21075	Similar ao fator de transcrição relacionado a Myb, parceiro de profilina, parcial	4,34	< 0,05
21116	Provável quinase de serina/treonina-proteína clka isoforma X1	-4,81	< 0,05
21164	Similar à kalicreína-8	-3,14	< 0,05
21317	Similar à proteína associada à quinase de fase S 2 isoforma X1	4,12	< 0,05
21354	Similar à proteína do tipo MYM com dedo de zinco 1	5,05	< 0,05
21367	Similar à proteína efetora rxlr secretada 161	2,31	< 0,05
21369	Similar à proteína do tipo MYM com dedo de zinco 1	6,66	< 0,05
21544	Proteína de baixa qualidade: provável nuclease HARBI1	5,18	< 0,05
21654	Similar à proteína derivada do elemento transponível piggybac 3	2,63	< 0,05
21693	Similar à subunidade de baixo peso molecular da proteína glutenina	-5,79	< 0,05
21701	Similar à sintase de ácido graxo	-5,03	< 0,05
21722	Provável homólogo de proteína de processamento de rrna EBP2	-4,53	< 0,05
21767	Similar à proteína derivada do elemento transponível piggybac 3	3,12	< 0,05
21793	Similar à proteína derivada do elemento transponível tigger 4	-3,36	< 0,05
21798	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1	-2,79	< 0,05
21844	Similar à proteína antagonista à proteína 1 da heterocromatina isoforma X1	-2,13	< 0,05
21885	Similar à proteína ALP1	4,99	< 0,05
21922	Similar à helicase de DNA dependente de ATP pif1	-2,06	< 0,05
22181	Similar à proteína associada ao citoesqueleto regulada pela atividade 1	-2,67	< 0,05
22207	Similar ao receptor de polipeptídeo intestinal vasoativo 2	-3,75	< 0,05
22208	Similar ao receptor de polipeptídeo intestinal vasoativo 2	-3,74	< 0,05
22209	Similar ao receptor de polipeptídeo intestinal vasoativo 2	-3,02	< 0,05
22210	Similar ao receptor de polipeptídeo intestinal vasoativo 2	-4,12	< 0,05
22263	Similar à kallikrein-8	-2,05	< 0,05
22342	Similar à aminopeptidase Apep de xaa-Pro	5,15	< 0,05
22697	Similar à peroxidase	6,63	< 0,05
22774	Similar ao fator de transcrição relacionado a Myb, parceiro de profilina, parcial	4,12	< 0,05
22880	Similar à 15-hidroxi-prostaglandina desidrogenase [NAD(+)]	-5,10	< 0,05
22882	Similar à álcool desidrogenase 1	-4,88	< 0,05
22885	Similar ao proteoglicano de condroitina 2	-3,88	< 0,05
22940	Similar à proteína associada ao citoesqueleto regulada pela atividade 1	-2,48	< 0,05
23014	Provável nuclease HARBI1	2,04	< 0,05
23111	Similar à cadeia pesada de dineína 2, axonemal	5,17	< 0,05
23112	Similar à cadeia pesada de dineína 2, axonemal	4,91	< 0,05
23113	Similar à cadeia pesada de dineína 2, axonemal	4,67	< 0,05
23114	Similar à cadeia pesada de dineína 2, axonemal	4,19	< 0,05
23118	Similar ao fator de transcrição relacionado a Myb, parceiro de profilina, parcial	2,46	< 0,05
23122	Similar à proteína derivada do elemento transponível piggybac 3	-5,76	< 0,05
23187	Similar à proteína derivada do elemento transponível piggybac 3	-7,52	< 0,05
23211	Similar à proteína derivada do elemento transponível piggybac 3	5,16	< 0,05
23349	Similar à proteína que contém o domínio dedo de zinco GATA 7	4,02	< 0,05
23359	Similar à proteína regulatória da transcrição algp	-2,64	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
23366	Similar à proteína regulatória da transcrição <i>algp</i>	-3,16	< 0,05
23397	Similar à redutase <i>fabg</i> de 3-oxoacil-[proteína carregadora de acila]	-3,69	< 0,05
23409	Similar à kaliceína-8	-2,06	< 0,05
23459	Similar à proteína antagonista à proteína 1 da heterocromatina isoforma X1	-2,09	< 0,05
23561	Provável nuclease <i>HARBI1</i>	4,51	< 0,05
23702	Similar ao transportador de translocase de proteína isoforma X1	5,24	< 0,05
23809	Similar à helicase de DNA dependente de ATP <i>pif1</i>	2,05	< 0,05
23955	Similar à <i>hyphancin-3E</i>	-2,18	< 0,05
24003	Similar ao fator de transcrição relacionado a <i>Myb</i> , parceiro de <i>profilina</i> , parcial	6,18	< 0,05
24094	Similar à proteína relacionada a <i>mionitularina 6</i> isoforma X1	2,15	< 0,05
24162	Similar ao citocromo <i>P450 9e2</i>	5,79	< 0,05
24165	Similar à proteína de resistência nasal para <i>fluoxetina 6</i>	-4,59	< 0,05
24174	Similar à proteína transportadora de cátions orgânicos	2,14	< 0,05
24185	Similar à proteína contendo domínio de dedo de zinco <i>GATA 7</i>	8,13	< 0,05
24193	Similar à aldo-ceto redutase <i>AKR2E4</i>	-3,37	< 0,05
24202	Similar à <i>laccase-2</i>	2,51	< 0,05
24205	Similar à proteína <i>takeout</i>	4,72	< 0,05
24209	Homólogo do transportador de <i>trealose</i> facilitado <i>Tret1-2</i>	-4,16	< 0,05
24216	Similar à proteína <i>Rab-24</i> relacionada à <i>ras</i>	3,34	< 0,05
24217	Similar à proteína <i>artichoke</i>	2,50	< 0,05
24223	Similar à desidrogenase de <i>retinol 14</i>	5,33	< 0,05
24225	Similar à <i>iodotirosina</i> <i>deiodinase 1</i>	2,28	< 0,05
24239	Similar à <i>colinesterase 1</i> isoforma X5	2,23	< 0,05
24250	Similar à <i>monooxigenase</i> de <i>alquilglicerol</i>	-2,33	< 0,05
24255	Similar ao <i>NADPH oxidase 5</i>	2,90	< 0,05
24274	Similar à proteína <i>ribossomal S6 kinase delta-1</i> isoforma X1	3,03	< 0,05
24278	Similar à <i>protease</i> de <i>serina stubble</i>	7,70	< 0,05
24282	Similar ao transportador de <i>trealose</i> facilitado <i>Tret1</i>	2,45	< 0,05
24284	Similar à <i>UDP-glicuroniltransferase 2B10</i> isoforma X1	-2,90	< 0,05
24287	Similar à desidrogenase de <i>aldeído</i> , <i>mitocondrial</i>	-2,19	< 0,05
24290	Similar ao citocromo <i>P450 4C1</i>	3,27	< 0,05
24292	Similar à <i>UDP-glicuroniltransferase 1-9</i>	3,92	< 0,05
24311	Similar à <i>neuroglobina</i>	2,54	< 0,05
24329	Provável proteína de transporte de <i>metabólitos csbc</i>	-2,70	< 0,05
24341	Proteína de baixa qualidade: similar à <i>sintase</i> de <i>pirofosfato</i> de <i>geranilgeranil</i>	2,31	< 0,05
24346	Similar à <i>monooxigenase</i> de <i>luciferina 4</i> isoforma X1	-3,09	< 0,05
24349	Similar à <i>L-sorbose 1-desidrogenase</i>	3,54	< 0,05
24369	Similar ao transportador facilitado de <i>folato</i>	-2,38	< 0,05
24388	Similar à <i>tripsina</i>	6,21	< 0,05
24392	Provável redutase de <i>acil-coa</i> de <i>ácido graxo CG5065</i>	5,40	< 0,05
24395	Similar à <i>lipase 3</i>	6,97	< 0,05
24396	Similar à <i>neprilisina-4</i>	4,12	< 0,05
24403	Semelhante a proteína de <i>transferência</i> de <i>alfa-tocoferol</i>	2,83	< 0,05
24405	Similar à proteína <i>peste</i> isoforma X1	3,12	< 0,05
24427	Similar ao fator de transcrição <i>stakey</i>	4,18	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
24429	Similar à dioxigenase de trimetil-lisina, mitocondrial	-2,90	< 0,05
24439	Similar à tetraspanina-33	2,57	< 0,05
24458	Similar à quitina deacetilase 1	6,41	< 0,05
24465	Similar à proteína específica do bulbo ejaculatório 3	5,94	< 0,05
24488	Similar ao transportador de monocarboxilato 9	-2,77	< 0,05
24490	Similar ao citocromo P450 4c3	-5,09	< 0,05
24491	Similar à proteína escarlate	-3,16	< 0,05
24502	Similar à helicase de RNA 3'-5' YTHDC2 isoforma X2	2,14	< 0,05
24512	Similar à E3 ubiquitina-proteína ligase MARCHF5 isoforma X1	2,22	< 0,05
24517	Similar à homeobox 2 do sistema visual isoforma X6	2,71	< 0,05
24541	Similar à desidrogenase de colina, mitocondrial	3,14	< 0,05
24549	Similar à aminopeptidase N isoforma X1	-2,40	< 0,05
24562	Similar à glutationa S-transferase 1	3,52	< 0,05
24573	Similar à desidrogenase retinal 1 isoforma X1	-3,53	< 0,05
24575	Similar ao inibidor de protease de serina 88Ea	4,26	< 0,05
24578	Proteína de baixa qualidade: similar à semaforina-5A	2,37	< 0,05
24585	Similar ao membro da família G do transportador ABC 23	3,60	< 0,05
24588	Similar à subunidade 15 do mediador da transcrição da RNA polimerase II isoforma X1	10,42	< 0,05
24594	Similar à proteína letal (2) essencial para a vida	-3,68	< 0,05
24598	Similar ao receptor ionotrópico 25a	2,18	< 0,05
24609	Similar à subunidade 2 da sintase de decaprenil-difosfato	6,01	< 0,05
24618	Similar à proteína cuticular 19	6,93	< 0,05
24630	Similar à proteína transportadora de malato/2-oxoglutarato mitocondrial	-2,10	< 0,05
24633	Similar à proteína de dedo de zinco 2	2,15	< 0,05
24634	Similar à proteína contendo repetição rica em leucina 24	3,33	< 0,05
24635	Similar à lisil oxidase homóloga 2	2,07	< 0,05
24638	Similar à hemicentin-1	2,19	< 0,05
24644	Similar à carboxilesterase-6 de veneno isoforma X1	5,07	< 0,05
24654	Proteína de baixa qualidade: similar à ornitina carbamoiltransferase	6,21	< 0,05
24655	Similar à proteína relacionada à lipase pancreática 2	2,61	< 0,05
24692	Similar à protease de serina transmembrana 12	4,48	< 0,05
24711	Similar à desidrogenase de retinol epidérmica 2 isoforma X1	3,71	< 0,05
24713	Similar à proteína cuticular 7	5,69	< 0,05
24714	Similar à redutase de acil-coa de ácido graxo 1	2,95	< 0,05
24715	Similar à proteína de resistência nasal para fluoxetina 6	6,61	< 0,05
24717	Similar à aminoacilase-1	-3,42	< 0,05
24723	Similar à glucose-1-fosfatase	-2,45	< 0,05
24729	Similar ao receptor de peptídeo cardioaceleratório isoforma X1	3,79	< 0,05
24730	Similar à desidrogenase de glicose [FAD, quinona]	-3,13	< 0,05
24731	Similar à redutase fabg de 3-oxoacil-[proteína carregadora de acila]	-2,36	< 0,05
24758	Similar à esterase FE4	-2,75	< 0,05
24763	Similar à subunidade C da sintase de microsubtilina	6,81	< 0,05
24780	Similar à hidrolase de epóxido de hormônio juvenil	-2,23	< 0,05
24781	Proteína de baixa qualidade: similar ao citocromo P450 18a1	4,32	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
24785	Similar ao inibidor de protease de serina	3,23	< 0,05
24786	Similar à proteína ativadora de gtpase rac 1	-2,73	< 0,05
24800	Similar à desidrogenase de glicose [FAD, quinona]	6,53	< 0,05
24802	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1	-2,57	< 0,05
24807	Similar ao membro 3 da família de transportadores solúveis 46	4,53	< 0,05
24809	Similar à proteína de transferência de alfa-tocoferol	-2,45	< 0,05
24811	Similar à proteína transportadora de cátions orgânicos isoforma X1	2,97	< 0,05
24812	Similar à proteína contendo o domínio BTB e o repeat kelch 2	-2,80	< 0,05
24819	Similar à proteína transportadora de aminoácidos próton-coplada CG1139 isoforma X1	2,30	< 0,05
24822	Similar à serina carboxipeptidase veneno	-2,18	< 0,05
24825	Similar à glicina N-metiltransferase	-2,58	< 0,05
24834	Similar à desidrogenase de retinol 11	3,46	< 0,05
24844	Similar à tripsina-1	6,48	< 0,05
24856	Provável subunidade 1 do complexo de ribonucleoproteína H/ACA	-4,99	< 0,05
24862	Similar à UDP-glicuronosiltransferase 1-9 soforma X2	2,85	< 0,05
24863	Similar à proteína controlada pelo relógio circadiano daywake	-5,57	< 0,05
24878	Similar à aldo-ceto redutase AKR2E4 isoforma X1	-2,24	< 0,05
24884	Similar à proteína bifuncional de biossíntese de purina ATIC	-2,37	< 0,05
24888	Similar à proteína cuticular 19.8	10,52	< 0,05
24898	Similar à helicase de DNA dependente de ATP DDX11	-3,31	< 0,05
24903	Similar à proteína glicoproteica da vesícula sináptica 2C	-5,15	< 0,05
24913	Similar à uridina fosforilase 1	2,72	< 0,05
24918	Similar ao receptor de octopamina Oamb	-2,07	< 0,05
24922	Similar à desidrogenase de glicose [FAD, quinona]	2,24	< 0,05
24925	Similar à oxidase de espermina	-2,82	< 0,05
24935	Similar à UDP-glicuroniltransferase 2B31	2,62	< 0,05
24936	Similar à pro-resilina	8,65	< 0,05
24939	Similar à ribonuclease H1	-3,65	< 0,05
24951	Similar à proteína dedo de zinco 585B	2,12	< 0,05
24956	Similar à cadeia pesada H4 do inibidor inter-alfa-tripsina isoforma X3	-2,59	< 0,05
24958	Similar à calbindina-32 isoforma X1	2,59	< 0,05
24960	Similar à desidrogenase de glicose [FAD, quinona]	-2,37	< 0,05
24962	Similar à protease degradadora de vitelina	2,95	< 0,05
24968	Similar à aminopeptidase N isoforma X1	2,39	< 0,05
25008	Similar à proteína de resistência nasal para fluoxetina 6	-3,89	< 0,05
25010	Provável redutase de acil-coa de ácido graxo CG5065	-2,92	< 0,05
25011	Similar à protease de serina stubble	3,71	< 0,05
25014	Similar à acetilcolinesterase	2,24	< 0,05
25018	Proteína de baixa qualidade: similar à proteína madd-4	3,02	< 0,05
25020	Similar à proteína homóloga de ligação a fosfatidiletanolamina F40A3.3	-3,72	< 0,05
25022	Proteína de baixa qualidade: homólogo da proteína UBASH3A	-2,78	< 0,05
25026	Similar à mutase de fosfoacetilglucosamina	2,24	< 0,05
25034	Provável proteína de defesa 3	2,83	< 0,05
25039	Similar à aldo-ceto redutase AKR2E4	2,09	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
25045	Similar à oxidoreductase não caracterizada TM_0325	-2,54	< 0,05
25046	Similar à proteína de parede celular vegetativa gp1	3,52	< 0,05
25048	Similar ao transportador de trealose facilitado Tret1	-4,83	< 0,05
25050	Similar à proteína cuticular 8 isoforma X1	8,05	< 0,05
25054	Similar ao ativador transcricional GLI3	8,27	< 0,05
25056	Similar à glicoproteína de vesícula sináptica 2B isoforma X1	4,12	< 0,05
25057	Similar à desaturase acil-coa 1	7,15	< 0,05
25060	Similar à lipase 3 isoforma X1	5,13	< 0,05
25070	Similar ao membro 1 do receptor scavenger classe B	2,79	< 0,05
25080	Similar à proteína relacionada à lipase pancreática 2	-2,22	< 0,05
25094	Similar ao transportador de aminoácidos excitatórios isoforma X1	-2,19	< 0,05
25108	Similar à pro-resilina	6,72	< 0,05
25109	Similar à esterase FE4	-3,01	< 0,05
25120	Similar à proteína cuticular de larva/pupa H1C	5,33	< 0,05
25130	Similar à lipase membro I isoforma X1	3,21	< 0,05
25136	Similar à proteína contendo domínio de dioxygenase de coa de phytanoyl 1	2,29	< 0,05
25140	Similar à proteína controlada pelo relógio circadiano daywake	4,38	< 0,05
25152	Similar ao antígeno CD63	2,03	< 0,05
25163	Similar à sintase de ceramida 6	-3,77	< 0,05
25165	Provável cisteína sintase inativa 2	-3,82	< 0,05
25167	Similar à proteína estrutural da endocutícula ABD-4	2,39	< 0,05
25172	Similar à mucina-5AC	4,17	< 0,05
25176	Similar à transferase de coenzima A de succinil-coa:3-cetoácido 1, mitocondrial	-2,35	< 0,05
25178	Similar à proteína de homeostase de piridoxal fosfato	-2,65	< 0,05
25183	Provável quitinase 10	3,13	< 0,05
25188	Similar à tripsina-3	4,83	< 0,05
25194	Similar à enzima 2-O-sulfotransferase tubular de heparan sulfato	3,53	< 0,05
25197	Similar à proteína de transferência de alfa-tocoferol	3,70	< 0,05
25200	Similar ao fator 2 ativador da fenoloxidase	-4,55	< 0,05
25212	Similar ao receptor 2 de polipeptídeo intestinal vasoativo	-4,81	< 0,05
25213	Similar à subunidade RPA49 da RNA polimerase I dirigida ao DNA	6,16	< 0,05
25214	Similar à proteína de transferência de alfa-tocoferol	5,36	< 0,05
25216	Similar à proteína ativadora de Rho ligante à actina	-4,87	< 0,05
25226	Similar à proteína apneia	8,63	< 0,05
25227	Proteína de baixa qualidade: similar à subunidade 4 do fator C de replicação, parcial	-4,28	< 0,05
25228	Similar à fosfatase de fosfolipídio 2 isoforma X1	2,71	< 0,05
25232	Similar à proteína oxidoreductase não caracterizada yoxd	-2,68	< 0,05
25238	Similar à proteína rica em leucina associada à diferenciação de melanócitos isoforma X1	2,44	< 0,05
25243	Similar à proteína controlada pelo relógio circadiano daywake	-2,44	< 0,05
25263	Similar à proteína letal (2) essencial para a vida	-2,40	< 0,05
25265	Similar à heme oxigenase 1	-2,29	< 0,05
25279	Similar à proteína anon-37Cs isoforma X1	-4,21	< 0,05
25283	Similar à desidrogenase de sorbitol	-2,56	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
25285	Provável transportador de aminoácidos catiônicos isoforma X1	2,37	< 0,05
25289	Similar à apolipoproteína D	2,80	< 0,05
25290	Similar à proteína dedo de zinco OZF	-2,58	< 0,05
25291	Similar à desidrogenase de aldeído, citosol 1	-4,05	< 0,05
25294	Similar à proteína twinkle, mitocondrial	2,83	< 0,05
25302	Similar à redutase wat acil-coa de ácido graxo	-7,55	< 0,05
25303	Similar à esterase FE4	-7,76	< 0,05
25308	Similar à proteína de alongação de ácidos graxos de cadeia muito longa	-2,92	< 0,05
25312	Similar à proteína de cinetina KIF18A	3,98	< 0,05
25314	Proteína de baixa qualidade: provável citocromo P450 6a17	6,03	< 0,05
25327	Provável transportador facilitado de próton-acoplado de folato	2,67	< 0,05
25330	Similar ao transportador monocarboxilato 14	2,08	< 0,05
25349	Similar à cadeia alfa-1(I) do colágeno	5,56	< 0,05
25356	Similar ao membro 1 da família 22 de carregadores de soluto	3,71	< 0,05
25360	Similar à proteína takeout	5,99	< 0,05
25371	Similar à desidrogenase de retinol 12	6,51	< 0,05
25379	Similar à deacetilase de proteína Sirt6 dependente de NAD	-4,86	< 0,05
25385	Provável citocromo P450 304a1	2,90	< 0,05
25392	Similar à tripsina CFT-1	4,11	< 0,05
25399	Similar à esterase FE4	-7,20	< 0,05
25408	Similar à neprilissina-4 isoforma X1	2,25	< 0,05
25421	Similar à ceramidase neutra	2,30	< 0,05
25424	Similar à quimotripsina-1	5,66	< 0,05
25427	Similar à desidrogenase D-arabinitol 1	-4,51	< 0,05
25442	Similar à proteína de canal de sódio Nach isoforma X1	-3,76	< 0,05
25443	Similar à hidrolase de epóxido de hormônio juvenil	6,78	< 0,05
25446	Proteína de baixa qualidade: similar à acil-coa delta (11) desaturase	-3,14	< 0,05
25457	Similar à desaturase acil-coa Delta(11)	-5,25	< 0,05
25460	Similar à ribonuclease H1	2,78	< 0,05
25485	Similar à proteína helix-loop-helix 1	3,58	< 0,05
25499	Similar à luciferina sulfotransferase	-5,70	< 0,05
25509	Similar à meckelin	2,33	< 0,05
25521	Similar à decarboxilase de ácido cisteico sulfínico	6,21	< 0,05
25532	Similar à caltractina	5,42	< 0,05
25535	Similar à glicosilceramidase ácida lisossomal	2,20	< 0,05
25541	Similar à galectina-9	-4,84	< 0,05
25544	Proteína de baixa qualidade: similar à esterase E4	5,66	< 0,05
25553	Provável citocromo P450 49a1	6,01	< 0,05
25560	Similar à protease de serina snake	-2,52	< 0,05
25563	Similar à dioxygenase de 4-hidroxifenilpiruvato	2,50	< 0,05
25582	Similar à subfamília G do transportador de ATP ligado à cassete de membrana 1	3,64	< 0,05
25597	Similar à tripsina-1 isoforma X1	10,29	< 0,05
25598	Similar à proteína de membrana lisossômica glicosilada A	2,21	< 0,05
25611	Similar à tautomerase de L-dopacromo amarelo-f2	-5,77	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
25619	Similar à fator associado a PCNA	3,20	< 0,05
25633	Similar à gliadina gama	-5,88	< 0,05
25647	Similar ao receptor de dopamina D2	4,21	< 0,05
25654	Similar ao transportador de trealose facilitado homólogo Tret1	-3,88	< 0,05
25659	Similar à extensina	2,21	< 0,05
25665	Provável peptídeo secretado salivar	6,58	< 0,05
25666	Similar à proteína de fator ribosilação de ADP 16	4,49	< 0,05
25667	Similar à proteoglicano 4 isoforma X1	7,36	< 0,05
25671	Similar à citoglobina-1 isoforma X1	-2,61	< 0,05
25678	Similar à neurotrofina 1	5,57	< 0,05
25685	Similar à parapinopsina	4,35	< 0,05
25707	Proteína de baixa qualidade: similar à sulfotransferase 1E1	-2,48	< 0,05
25711	Similar ao receptor de neuropeptídeos capa isoforma X1	2,94	< 0,05
25715	Similar à proteína com domínio de somatomedina-B e trombospondina tipo-1	4,37	< 0,05
25733	Similar à helicase de RNA dependente de ATP glh-1	7,68	< 0,05
25751	Similar à proteína homeobox engrailed-2-B	2,68	< 0,05
25755	Similar ao transportador de monocarboxilato 1	-4,24	< 0,05
25762	Provável redutase de acil-coa de ácido graxo CG5065	6,58	< 0,05
25764	Proteína de baixa qualidade: similar à acetiltransferase de histona p300	7,64	< 0,05
25781	Similar à proteína de membrana integral de 23 kda	3,63	< 0,05
25795	Similar à catepsina O	-2,23	< 0,05
25801	Proteína de baixa qualidade: similar à subunidade 2 da decaprenil-difosfato sintase	4,21	< 0,05
25810	Similar à extensina	4,39	< 0,05
25821	Similar à redutase fabg de 3-oxoacil-[proteína carregadora de acila]	-2,43	< 0,05
25825	Similar à aminotransferase de kynurenina/alfa-aminoadipato, mitocondrial	-2,25	< 0,05
25834	Similar à proteína takeout	-4,30	< 0,05
25843	Similar à fosfolipase A1	4,16	< 0,05
25851	Provável histona- lisina N-metiltransferase set-23	-3,10	< 0,05
25871	Similar à lorícina	-3,11	< 0,05
25873	Similar à tricoialina	-6,71	< 0,05
25878	Similar à UDP-glicuroniltransferase 2B1	2,74	< 0,05
25906	Similar à proteína transportadora de cátions orgânicos	2,38	< 0,05
25917	Similar ao fator 6 associado ao receptor de fator de necrose tumoral	-3,17	< 0,05
25918	Similar à proteína UNC93	2,17	< 0,05
25930	Similar à oxidoreductase não caracterizada SSP0419	5,35	< 0,05
25983	Similar à proteína contendo repetições ricas em leucina 39	2,65	< 0,05
25987	Similar à carboxilesterase-6 de veneno	3,44	< 0,05
25990	Similar à transportador de aminoácidos neutros acoplado a sódio B(0)AT3	-3,80	< 0,05
25991	Similar ao transportador de folato acoplado a prótons	2,11	< 0,05
26016	Similar à transportador de trealose facilitado homólogo Tret1	-2,88	< 0,05
26026	Similar à lachesina isoforma X1	2,76	< 0,05
26040	Similar à álcool desidrogenase do tipo zinco SERP1785	-2,36	< 0,05
26052	Similar à tripsina alcalina C	-2,09	< 0,05
26064	Similar à β-1,3-galactosiltransferase 5	2,04	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
26078	Similar à E3 ubiquitina-proteína ligase RNF13 isoforma X1	2,39	< 0,05
26080	Similar ao transportador de zinco foi	2,37	< 0,05
26088	Similar à proteína de dedo de zinco homeobox 4 isoforma X1	2,50	< 0,05
26115	Similar à transportador de cátions orgânicos	8,15	< 0,05
26127	Similar à colinesterase 1	-2,57	< 0,05
26152	Similar ao antígeno de superfície de leucócitos CD53	2,30	< 0,05
26153	Similar à mucina-5AC	-4,81	< 0,05
26158	Similar à fosfolipase A1 vest1.02	4,77	< 0,05
26185	Similar à proteína de membrana integral de 23 kda isoforma X3	2,78	< 0,05
26186	Similar à proteína takeout	6,02	< 0,05
26188	Similar à aldo-ceto redutase AKR2E4	-2,91	< 0,05
26189	Similar à proteína CREG1 isoforma X1	-2,50	< 0,05
26192	Similar à cinurenina 3-monooxigenase	-3,71	< 0,05
26211	Similar à serpina E3	-7,21	< 0,05
26218	Similar ao citocromo P450 6B5	-3,98	< 0,05
26221	Similar à dupla oxidase isoforma X1	2,50	< 0,05
26236	Similar à desaturase de colesterol 7	2,89	< 0,05
26244	Similar à subfamília G do transportador de ATP ligado ao cassete de membrana 1	2,19	< 0,05
26250	Similar ao transportador de trealose facilitada homólogo Tret1 isoforma X2	2,89	< 0,05
26252	Provável citocromo P450 6a14	10,20	< 0,05
26260	Similar à exonuclease de reparo de três primeiras bases 2	3,37	< 0,05
26267	Similar à aldo-ceto reductase AKR2E4	2,12	< 0,05
26282	Similar ao transportador de trealose facilitada Tret1 isoforma X1	3,60	< 0,05
26288	Similar à delta-1-pirrolina-5-carboxilato sintase isoforma X1	-2,37	< 0,05
26352	Similar à proteína homóloga do fator de transcrição SPT20	8,14	< 0,05
26358	Similar à proteína de transporte intracelular USO1	2,71	< 0,05
26363	Similar à proteína contendo domínio macro rsc0334	-2,06	< 0,05
26371	Similar à protease de serina snake	-2,59	< 0,05
26377	Similar à lachesin	-2,22	< 0,05
26385	Similar à fosfolipase A1 membro A	7,54	< 0,05
26388	Similar ao retinol desidrogenase 11	-4,65	< 0,05
26400	Similar à protease de veneno	-5,20	< 0,05
26409	Similar à prostaglandina redutase 1	-2,09	< 0,05
26410	Similar à proteína <i>Yellow</i>	8,74	< 0,05
26420	Similar à proteína relacionada à modificação da cromatina EAF-1	5,52	< 0,05
26421	Similar ao transportador de cátions orgânicos	2,07	< 0,05
26423	Similar ao citocromo P450 4C1	-2,26	< 0,05
26426	Similar à quimotripsina-1	-6,62	< 0,05
26428	Similar à lipase 3	7,44	< 0,05
26439	Similar ao transportador monocarboxilato acoplado a sódio 1	5,98	< 0,05
26459	Similar à fosfatase alcalina, isoenzima não tecido-específica	5,35	< 0,05
26460	Similar à proteína associada a cílios e flagelos 36	-2,27	< 0,05
26461	Similar à proteína não caracterizada de 30,3 kda	3,05	< 0,05
26466	Provável tubulina poliglutamilase tll-15 isoforma X3	4,72	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log ₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
26471	Similar à proteína transmembrana rica em repetições de leucina FLRT3	2,13	< 0,05
26473	Similar à proteína de malha isoforma X1	2,40	< 0,05
26474	Similar à mucina-3A	6,25	< 0,05
26478	Similar à glicoproteína estrutural endocuticular sgabd-5 isoforma X1	-3,23	< 0,05
26487	Similar à fibroína pesada	2,88	< 0,05
26494	Similar à hialuronidase	2,10	< 0,05
26505	Provável anidrase carbônica 5	-2,47	< 0,05
26509	Similar à proteína de parede celular vegetativa gp1	8,86	< 0,05
26520	Similar à proteína apenas de caixa-F 32 isoforma X1	4,18	< 0,05
26523	Similar à proteína de vesícula sináptica glicoproteína 2C	-5,91	< 0,05
26534	Similar à fitanil-coa dioxygenase peroxissomal isoforma X1	-5,16	< 0,05
26537	Similar ao transportador monocarboxilato 7	2,12	< 0,05
26543	Similar à aquaporina	2,14	< 0,05
26554	Similar à disintegrina A e metaloproteinase com motivos trombospondina adt-2 isoforma X1	2,49	< 0,05
26560	Similar à proteína integral de membrana de 23 kda	2,43	< 0,05
26566	Similar à proteína de alongação de ácidos graxos de cadeia muito longa isoforma X2	-2,15	< 0,05
26569	Similar à proteína locus neurogenico delta isoforma X1	11,06	< 0,05
26572	Similar à xantina desidrogenase	-3,87	< 0,05
26587	Similar ao canal de potássio ATP-sensível para dentro da célula 15 isoforma X2	-2,77	< 0,05
26596	Similar à desidrogenase de glicose [FAD, quinona]	8,59	< 0,05
26601	Similar à proteoglicano 4	4,70	< 0,05
26602	Similar ao transportador de trealose facilitado homólogo Tret1	-2,93	< 0,05
26615	Similar à alfa-N-acetilgalactosaminidase	6,23	< 0,05
26616	Similar ao transportador de trealose facilitado homólogo Tret1	3,83	< 0,05
26621	Provável transportador de amônio 2	5,75	< 0,05
26622	Similar à serina protease transmembrana 9	8,64	< 0,05
26623	Similar à proteína controlada pelo relógio circadiano daywake isoforma X1	5,37	< 0,05
26626	Similar à extensina	10,79	< 0,05
26636	Similar à transportador de carcinina isoforma X1	2,81	< 0,05
26646	Similar à transportador de cátions orgânicos	-3,14	< 0,05
26673	Similar ao citocromo P450 9e2	-6,67	< 0,05
26674	Similar à proteína PE_PGERS16 da família PE-PGRS	6,71	< 0,05
26681	Similar à desidrogenase de glicose [FAD, quinona]	6,72	< 0,05
26691	Similar à apirase	-2,29	< 0,05
26700	Similar à alfa-1,3-glucosiltransferase de Man9GlcNAc2 pirofosfato de doliquil	-2,09	< 0,05
26701	Similar à proteína de membrana de neurônio sensorial 2	-2,05	< 0,05
26714	Similar à proteína específica do bulbo ejaculatório 3	-2,24	< 0,05
26727	Similar à UDP-glicuroniltransferase 2B15	-3,61	< 0,05
26729	Similar à U-scoloptoxina (01)-Cw1a	9,02	< 0,05
26736	Similar à <i>masquerade</i> isoforma X2	5,36	< 0,05
26742	Similar à proteína cuticular 16.8	-2,09	< 0,05
26743	Homólogo ao transportador de aminoácidos neutros acoplado a sódio 9, isoforma X1	2,21	< 0,05

(continuação)

ID	Descrição	Log₂ da expressão relativa	p-valor ajustado
26747	Similar à disintegrina A e metaloproteinase com motivos trombospondina 16 isoforma X1	3,47	< 0,05
26752	Similar à proteína geral de ligação a odorante 70	3,43	< 0,05
26762	Similar à proteína contendo domínio tripartido 45	4,24	< 0,05
26772	Similar à desidrogenase de glicose [FAD, quinona]	6,44	< 0,05

(conclusão)