Table 3. Sequences of peptides eluted from HLA-DR

Gene symbol	Peptide sequence -3 -2 -1 **1** 2 3 **4** 5 **6** 7 8 **9** +1 +2 +3	Entrez gene ID	Score	Rank
HLA-A	**F** V R **F** D **S** D A **A** S Q R	3105	28	1/256
	F V R **F** D **S** D A **A** S Q R M E	3105		
	Q **F** V R **F** D **S** D A **A** S Q R M E	3105		
	T Q **F** V R **F** D **S** D A **A** S Q	3105		
	T Q **F** V R **F** D **S** D A **A** S Q R	3105		
	T Q **F** V R **F** D **S** D A **A** S Q R M	3105		
	T Q **F** V R **F** D **S** D A **A** S Q R M E P	3105		
	D T Q **F** V R **F** D **S** D A **A** S Q	3105		
	D T Q **F** V R **F** D **S** D A **A** S Q R	3105		
	D T Q **F** V R **F** D **S** D A **A** S Q R M	3105		
	D T Q **F** V R **F** D **S** D A **A** S Q R M E	3105		
	D T E **F** V R **F** D **S** D A **A** S Q R M E	3105		
	D T Q **F** V R **F** D **S** D A **A** S Q R M E P	3105		
	D T E **F** V R **F** D **S** D A **A** S Q R M E P	3105		
	D T E **F** V R **F** D **S** D A **A** S Q R Mo E P	3105		
	D T Q **F** V R **F** D **S** D A **A** S Q R M E P R	3105		
	D T Q **F** V R **F** D **S** D A **A** S Q R M E P R A P	3105		
	D D T **Q** F V **R** F **D** S D **A** A S Q R	3105		
	D D T Q **F** V R **F** D **S** D A **A** S Q R M E	3105		
	D D T Q **F** V R **F** D **S** D A **A** S Q R M E P	3105		
	D D T Q **F** V R **F** D **S** D A **A** S Q R M E P R	3105		
	V D D T Q **F** V R **F** D **S** D A **A** S Q R	3105		
	V D D T Q **F** V R **F** D **S** D A **A** S Q R M	3105		
	V D D T Q **F** V R **F** D **S** D A **A** S Q R M E P	3105		
	V D D T Q **F** V R **F** D **S** D A **A** S Q R M E P R	3105		
	V D D T Q **F** V R **F** D **S** D A **A** S Q R M E P R A P	3105		
	V D D T Q **F** V R **F** D **S** D A **A** S Q R M E P R A P W	3105		
	V D D T Q **F** V R **F** D **S** D A **A** S Q R M E P R A P W I E	3105		
	V D D T **E** **F** V R **F** D **S** D A **A** S Q R	3105		
	T T K H K **W** E A **A** H **V** A E **Q** L R	3105	22	5/256
	K H K **W** E A **A** H **V** A E **Q** L R	3105		
HLA-B	T L **F** V R **F** D **S** D A **T** S P	3106	28	1/362
	D T L **F** V R **F** D **S** D A **T** S P R K E P R A P	3106		
	V D D T L **F** V R **F** D **S** D A **T** S P R K E P R A P	3106		
	L S S **W** T A **A** D **T** A A **Q** I T	3106		
	L S S **W** T A **A** D **T** A A **Q** I T Q	3106		
	L S S **W** T A **A** D **T** A A **Q** I T Q R	3106		
	L S S **W** T A **A** D **T** A A **Q** I T Q R K W	3106		
	L S S **W** T A **A** D **T** A A **Q** I T Q R K W E	3106		
	L S S **W** T A **A** D **T** A A **E** I T E R K W E	3106		
	D L S S **W** T A **A** D **T** A A **Q** I T	3106		
	D L S S **W** T A **A** D **T** A A **Q** I T Q	3106		
	D L S S **W** T A **A** D **T** A A **Q** I T Q R	3106		
	D L S S **W** T A **A** D **T** A A **Q** I T Q R K W	3106		
	D L S S **W** T A **A** D **T** A A **Q** I T Q R K W E	3106		
	D L S S **W** T A **A** D **T** A A **Q** I T Q R K W E A A	3106		
	D L S S **W** T A **A** D **T** A A **Q** I T Q R K W E A A R V A	3106		
	E D L S S **W** T A **A** D **T** A A **Q** I T Q R	3106		
	E D L S S **W** T A **A** D **T** A A **Q** I T	3106		
	E D L S S **W** T A **A** D **T** A A **Q** I T Q R K W	3106		
	E D L S S **W** T A **A** D **T** A A **Q** I T Q R K W E	3106		
	E D L S S **W** T A **A** D **T** A A **Q** I T Q R K W E A A R V A	3106		
	N E D L S S **W** T A **A** D **T** A A **Q** I T Q R K W	3106		
	L N E D L S S **W** T A **A** D **T** A A **Q** I T Q R K W E	3106		
	K D Y I A **L** N E **D** L **S** S W **T** A	3106	26	4/362
	G P E Y **W** D R **E** T **Q** I S **K** T N	3106	28	1/362

Gene symbol	Peptide sequence -3 -2 -1 **1** 2 3 **4** 5 **6** 7 8 **9** +1 +2 +3	Entrez gene ID	Score	Rank
HLA-B	**L**RW**E**P**S**SQ**S**TVPIVGIVAG	3106	26	4/362
HLA-C	**F**VQ**F**D**S**DA**A**SPRGEP	3107	28	1/366
	TQ**F**VQ**F**D**S**DA**A**SPR	3107		
	TQ**F**VQ**F**D**S**DA**A**SPRGEPR	3107		
	DTQ**F**VQ**F**D**S**DA**A**SPR	3107		
	DTQ**F**VQ**F**D**S**DA**A**SPRG	3107		
	DTQ**F**VQ**F**D**S**DA**A**SPRGEPR	3107		
	DTQ**F**VQ**F**D**S**DA**A**SPRGEPRAP	3107		
	DDTQ**F**VQ**F**D**S**DA**A**SPR	3107		
	VDDTQ**F**VQ**F**D**S**DA**A**SPRGEPR	3107		
	VDDTQ**F**VQ**F**D**S**DA**A**SPRGEPRAP	3107		
	YVDDTQ**F**VQ**F**D**S**DA**A**SPRGEPRAP	3107		
	DYI**A**L**N**ED**L**RSWT	3107	18	35/366
	DYI**A**L**N**ED**L**RSWTA	3107		
	K**D**YI**A**L**N**ED**L**RSWTA	3107		
	K**D**YI**A**L**N**ED**L**RSWT	3107		
	K**D**YI**A**L**N**ED**L**RSW	3107		
	GK**D**YI**A**L**N**ED**L**RSWT	3107		
	GK**D**YI**A**L**N**ED**L**RSWTA	3107		
	DGK**D**YI**A**L**N**ED**L**RSWT	3107		
	DGK**D**YI**A**L**N**ED**L**RSWTA	3107		
	DGK**D**YI**A**L**N**ED**L**RSWTAA	3107		
	GRLLRG**Y**NQ**F**A**Y**DG**K**	3107	22	8/366
HLA-E	LRS**W**TA**V**D**T**AA**Q**IS	3133	28	1/358
	LRS**W**TA**V**D**T**AA**Q**ISEQ	3133		
	DLRS**W**TA**V**D**T**AA**Q**ISEQ	3133		
IGHMBP2	EPRR**Y**GS**A**A**A**LP**S**	3508	22	27/993
CLN5	G**H**LK**I**M**H**DA**I**GFR	1203	18	45/407
	LG**H**LK**I**M**H**DA**I**GFR	1203		
HLA-DRB1	**Y**VR**F**D**S**DV**G**EY	3123	22	6/266
	QEE**Y**VR**F**D**S**DV**G**EYR	3123		
	HQEE**Y**VR**F**D**S**DV**G**EYR	3123	22	6/266
	HQEE**Y**VR**F**D**S**DV**G**EYRA	3123		
	HQEE**Y**VR**F**D**S**DV**G**EYRAV	3123		
	GAGL**F**IY**F**R**N**QK**G**HS	3123	22	6/266
HLA-DRA	AQGA**L**AN**I**A**V**DK**A**NLEI	3122	20	13/254
	IQAEFY**L**NP**D**Q**S**GE**F**	3122	20	13/254
HLA-DQB1	DVE**V**YR**A**V**T**PL**G**PPD	3119	20	9/229
HLA-DPB1	NREE**F**VR**F**D**S**DV**G**EFR	3115	22	1/58
	REE**F**VR**F**D**S**DV**G**EFR	3115		
B2M	**Y**TE**F**T**P**TE**K**DEY	567	22	4/119
	Y**Y**TE**F**T**P**TE**K**DEY	567		
	LLY**Y**TE**F**T**P**TE**K**	567		
	LLY**Y**TE**F**T**P**TE**K**D	567		
	LLY**Y**TE**F**T**P**TE**K**DE	567		
	LLY**Y**TE**F**T**P**TE**K**DEY	567		
	LLY**Y**TE**F**T**P**TE**K**DEYA	567		
	YLLY**Y**TE**F**T**P**TE**K**	567		
	YLLY**Y**TE**F**T**P**TE**K**D	567		
	YLLY**Y**TE**F**T**P**TE**K**DE	567		
	YLLY**Y**TE**F**T**P**TE**K**DEY	567		
	YLLY**Y**TE**F**T**P**TE**K**DEYA	567		
	FYLLY**Y**TE**F**T**P**TE**K**D	567		
	FYLLY**Y**TE**F**T**P**TE**K**DEY	567		
	FYLLY**Y**TE**F**T**P**TE**K**DEYA	567		
HLA-G	VDDTQ**F**VR**F**D**S**DS**A**CPRMEP	3135	28	1/338

Gene symbol	Peptide sequence	Entrez gene ID	Score	Rank
	-3 -2 -1 **1** 2 3 **4** 5 **6** 7 8 **9** +1 +2 +3			
HLA-G	Y V D D T Q **F** V R **F** D **S** D S **A** C P R M E P R A P	3135		
HLA-DMA	F G P T **F** V S **A** V **D** G L **S** F Q	3108	22	5/257
ENO1	K E K **Y** G K **D** A **T** N V **G** D E G G	2023	22	9/433
	I K E K **Y** G K **D** A **T** N V **G** D E G G	2023		
	I K E K **Y** G K **D** A **T** N V **G** D E G	2023		
	V I K E K **Y** G K **D** A **T** N V **G** D E G G	2023		
	G V P L **Y** R H **I** A **D** L A **G** N	2023	16	66/433
	G V P L **Y** R H **I** A **D** L A **G** N S E V	2023		
	V P L **Y** R H **I** A **D** L A **G** N S E V I	2023		
	V P L **Y** R H **I** A **D** L A **G** N S E V	2023		
	V P L **Y** R H **I** A **D** L A **G** N S E	2023		
	V P L **Y** R H **I** A **D** L A **G** N	2023		
GM2A	G N **Y** R I **E** S **V** L S **S** S G	2760	22	2/193
	G N **Y** R I **E** S **V** L S **S** S G K	2760		
	T G N **Y** R I **E** S **V** L S **S** S G	2760		
	T G N **Y** R I **E** S **V** L S **S** S G K	2760		
	T G N **Y** R I **E** S **V** L S **S** S G K R	2760		
	T T G N **Y** R I **E** S **V** L S **S** S G	2760		
	T T G N **Y** R I **E** S **V** L S **S** S G K	2760		
	L G C **I** K **I** A A **S** L K G I	2760	20	6/193
	R **L** G C **I** K **I** A A **S** L K G I	2760		
SLC2A14	V P M **Y** I G **E** I **S** P T **A** L R	144195	28	1/497
MIF	S P D R V Y I **N** Y Y **D** M **N** A A **N**	4282	20	5/114
	V P D G **F** L S **E** L **T** Q Q **L** A Q	4282	28	1/114
	V P D G **F** L S **E** L **T** Q Q **L** A Q A	4282		
TFRC	C P S D **W** K T **D** S **T** C R **M** V T	7037	28	1/760
	C P S D **W** K T **D** S **T** C R **M** V T S	7037		
	C P S D **W** K T **D** S **T** C R **M** V T S E	7037		
	F T Y **I** N **L** D K **A** V L G T S N	7037	22	19/760
	Y V A **Y** S K **A** A **T** V T **G** K L	7037	22	19/760
	N S Q **L** L S **F** V R D L N Q Y R A D I	7037	26	5/760
DHX34	I R **F** V V **D** S **G** K V **K** E M	9704	22	21/576
RAD23B	L **L** Q Q **I** S **Q** H Q **E** H F	5887	20	15/409
TUBB1	A K **F** W E **V** I **S** D E **H** G I D P T	7280	22	17/444
TUBB5	E P **Y** N A **T** L **S** V H **Q** L	10382	22	17/444
	E P **Y** N A **T** L **S** V H **Q** L V E	10382		
EEF1A1	**I** E K **F** E **K** E A A **A** E M G K G	1917	20	18/463
	I E K **F** E **K** E A A **A** E M G K G S	1917		
	I E K **F** E **K** E A A **A** E M G K G S F	1917		
	T **I** E K **F** E **K** E A A **A** E M G K G S F	1917		
	S K Y **Y** V T **I** I **D** A P **G** H R D	1917	16	60/462
HSPA5	V P T K K S Q **I** F S **T** A **S** D N **Q** P T V T	3309	20	29/654
	V M R **I** I N **E** P **T** A A A **A** I A Y G	3309	26	5/654
HSPA6	G E R A **M** T K **D** N **N** L L **G** R F E	3310	20	23/643
HSPA1B	R **I** I N **E** P **T** A A **A** I A	3303	26	5/641
	R **I** I N **E** P **T** A A **A** I A Y G	3303		
	V L R **I** I N **E** P **T** A A **A** I A	3303		
	V L R **I** I N **E** P **T** A A **A** I A Y	3303		
	V L R **I** I N **E** P **T** A A **A** I A Y G	3303		
	N V L R **I** I N **E** P **T** A A **A** I A	3303		
	N V L R **I** I N **E** P **T** A A **A** I A Y	3303		
	N V L R **I** I N **E** P **T** A A **A** I A Y G	3303		
HSPA8	E G E R A **M** T K **D** N **N** L L **G** K F E	3312	20	15/646
	G E R A **M** T K **D** N **N** L L **G** K F E	3312		
	G E R A **M** T K **D** N **N** L L **G** K F E L	3312		
	E R A **M** T K **D** N **N** L L **G** K F E	3312		

Gene symbol	Peptide sequence -3 -2 -1 **1** 2 3 **4** 5 **6** 7 8 **9** +1 +2 +3	Entrez gene ID	Score	Rank
HSPA8	E R A **M** T K **D** N **N** L L **G** K F E L	3312		
	R A **M** T K **D** N **N** L L **G** K F E	3312		
	G **I** L N **V** S **A** V D **K** S T G K E	3303	20	21/646
IL27RA	V P **Y** R I **T** V **T** A V **S** A S G	9466	22	9/636
	V G V P **Y** R I **T** V **T** A V **S** A S G	9466		
AHSG	I S R A Q **F** V P **L** P **V** S V **S** V E	280988	22	6/359
SYNGR2	N P K D V **L** V G **A** D **S** V R **A** A I T F	9144	26	3/224
MS4A1	S G P **K** P L **F** R **R** M S **S** L V G P T Q S F	931	18	41/297
	S G P **K** P L **F** R **R** M S **S** L V G P T Q S	931		
	G P **K** P L **F** R **R** M S **S** L V G P T Q S	931		
	G P **K** P L **F** R **R** M S **S** L V G P T	931		
	G P **K** P L **F** R **R** M S **S** L V G P	931		
	G P **K** P L **F** R **R** Mox S **S** L V G P	931		
RAB6B	L I P S **Y** I R **D** S **T** V A **V** V V	51560	28	1/208
RAB7	F P E P **I** K L **D** K **N** D R **A** K A S A	7879	26	2/207
CTSC	D H N **F** V K **A** I **N** A I **Q** K S W	1075	28	1/463
	Y D H N **F** V K **A** I **N** A I **Q** K	1075		
	Y D H N **F** V K **A** I **N** A I **Q** K S	1075		
	Y D H N **F** V K **A** I **N** A I **Q** K S W	1075		
	Y D H N **F** V K **A** I **N** A I **Q** K S W T	1075		
	K Y D H N **F** V K **A** I **N** A I **Q** K S W T	1075		
	S G M D **Y** W I **V** K **N** S W **G** T G W G	1075	22	11/463
	K V **V** V Y **L** Q **K** L D **T** A Y D	1075	20	30/463
CTSC	K K V **V** V Y **L** Q **K** L D **T** A Y D D L G	1075		
TF	**F** V K **D** Q **T** V I **Q** N T D	7018	28	1/704
	D V A **F** V K **D** Q **T** V I **Q** N T D	7018		
	D V A **F** V K **D** Q **T** V I **Q**	7018		
	G D V A **F** V K **D** Q **T** V I **Q**	7018		
	G D V A **F** V K **D** Q **T** V I **Q** N T D	7018		
CNDP2	L A K **W** V A **I** Q **S** V S **A** W P E	55748	28	1/475
WBSCR1	D I D A **I** F K **D** L **S** I R **S** V R	7458	26	1/248
GEF2	A I F L F V **D** K T **V** P **Q** S S **L** T	11345	18	17/117
	A I F L F V **D** K T **V** P **Q** S S **L**	11345		
	A I F L F V **D** K T **V** P **Q** S S	11345		
	F V **D** K T **V** P Q S S **L**	11345		
	L P S E K A I F **L** F V **D** K T V P **Q** S S	11345	26	2/117
	L P S E K A I F **L** F V **D** K T V P **Q** S S	11345		
M17S2	S G T Q **F** V C **E** T **V** I R **S** L	4077		22/966
	S G T Q **F** V C **E** T **V** I R **S** L T	4077		
	S G T Q **F** V C **E** T **V** I R **S** L T L D	4077		
RAP1A	T E Q **F** T A **M** R **D** L Y **M** K N	5906	16	30/184
CTSZ	G T E **Y** W I **V** R **N** S W **G** E P W	1522	22	6/303
LGMN	V P K D **Y** T G **E** D **V** T P **Q** N	5641	22	11/433
	G V P K D **Y** T G **E** D **V** T P **Q** N	5641		
GAPD	L Q N **I** I P **A** S **T** G A **A** K A V G	2597	26	4/334
DKFZp4340032.1	L **L** Q K **L** I **L** W R **V** L		20	24/415
HIST1H2BL	V N D I F E R **I** A S **E** A **S** R L **A** H Y N	8340	26	2/125
	V N D I F E R **I** A S **E** A **S** R L **A**	8340		
	D I F E R **I** A S **E** A **S** R L **A** H Y N	8340		
	D I F E R **I** A S **E** A **S** R L **A** H Y	8340		
	D I F E R **I** A S **E** A **S** R L **A** H	8340		
	D I F E R **I** A S **E** A **S** R L **A**	8340		
	D I F E R **I** A S **E** A **S** R L	8340		
APOB	S A S **Y** K A **D** T **V** A K **V** Q G			

Gene symbol	Peptide sequence	Entrez gene ID	Score	Rank
	-3 -2 -1 **1** 2 3 **4** 5 **6** 7 8 **9** +1 +2 +3			
APOB	S A S **Y** K A **D** T **V** A K **V** Q G T			
	S A S **Y** K A **D** T **V** A K **V** Q G T E			
SCAMP2	S S R T **F** H R **A** A **S** S A **A** Q G A F	10066	28	1/329
	S S R T **F** H R **A** A **S** S A **A** Q G A	10066		
	S R T **F** H R **A** A **S** S A **A** Q G A	10066		
	R T **F** H R **A** A **S** S A **A** Q G A F	10066		
SCAMP3	Y G S **Y** S T **Q** A **S** A A **A** A T	10067	22	13/347
	Y G S **Y** S T **Q** A **S** A A **A** A T A	10067		
	Y G S **Y** S T **Q** A **S** A A **A** A T A E	10067		
DPP7	**L** P F **G** A **Q** S T **Q** R G H T E	29952	20	23/492
IFITM1	D R K **M** V G **D** V **T** G A **Q** A Y A	8519	26	2/125
	D R K **M** V G **D** V **T** G A **Q** A Y	8519		
	L G F **I** A F **A** Y **S** V K **S** R D	8519	26	2/125
	V P **D** H V **V** W **S** L F **N** T L	8519	18	25/125
SORL1	**K** P G **I** Y **R** S N **M** D G S A A Y	6653	18	231/2214
	R H P I N E Y **Y** I A **D** A **S** E D **Q** V F	6653	28	1/2214
UBE2L3	N P P Y D K G A **F** R I **E** I **N** F P **A** E Y P F K P P	7332		
	P P Y D K G A **F** R I **E** I **N** F P **A** E Y P F K P P	7332		
Unnamed protein	G P P **I** G S **F** T **L** I D **S** E V S Q L		20	37/626
DNPEP	**F** E L **F** P **S** L S **H** N L L V D	23549	22	12/475
PON2	S P D D K **Y** I Y **V** A **D** I L **A** H E I H	5445	22	8/354
GDI2	E P I E Q K **F** V S **I** S **D** L L **V** P K	2665	22	14/445
SLC1A5	V A A V F **I** A Q **L** S **Q** Q S **L** D F V K	6510	26	4/541
D4ST1	**L** P K **Y** I **L** D F **S** L	113189	14	73/376
	D V **L** P K **Y** I **L** D F **S** L	113189		
SIAT1	G **I** L I **V** W **D** P S **V** Y H S D I P	6480	20	18/406
ABCC4	A P **V** L F **F** D **R** N P **I** G R I L	10257	26	19/1325
MMS19L	L V A **F** R I **V** H **D** L I **S** R D Y S	64210	22	38/1030
LARGE	N P L H **F** H L **I** A **D** S I **A** E Q I L	9215	22	18/756
PPFIBP1	**M** E L **P** D **Y** V L **L** T A T	8496	14	193/1005
RNASET2	S L E L **Y** R E **L** D **L** N S **V** L L	8635	22	3/256
ITGA4	I D I S **F** L L **D** V **S** S L **S** R A E	3676	28	1/1038
	I D I S **F** L L **D** V **S** S L **S** R A E E	3676		
GNA13	L N I **F** E T **I** V **N** N R **V** F S	10672	28	1/377
TIP120A	L E A L D **I** Mox A **D** M **L** S R **Q** G G	55832	20	65/1230
	L E A L D **I** M A **D** M **L** S R **Q** G	55832		
ITGB7	L F F F L **V** E D **D** A **R** G T **V**	3695	26	10/798
PGK1	R V V **M** R V **D** F **N** V P **M** K N	5230	26	4/417
	G P V G V **F** E W **E** A **F** A R **G** T	5230	16	63/417
ATIC	L **V** E F **A** R **N** L T **A** L G L N L V	471	26	6/592
RPS13	L P P N **W** K Y **E** S **S** T A **S** A	6207	28	1/150
RPS10	D **R** D T **Y** R **R** S A **V** P P G A D	6204	12	31/165
	A D **R** D T **Y** R **R** S A **V** P P G A D	6204		
	R D T **Y** R **R** S A **V** P P G A D	6204		
CTSD	**L** S R **D** P **D** A Q **P** G G E	1509	14	88/412
	I F S **F** Y L **S** R **D** P D **A** Q P G	1509	16	75/412
NAPB	D Y **Y** K G **E** E **S** N S **S** A N K	63908	28	1/298
CCT2	S L M **V** T N **D** G **A** T I **L** K N	10576	20	24/535
CPD	V P G T Y K **I** T A **S** A **R** G Y **N**	1362	20	72/1380
	V P G T Y K **I** T A **S** A **R** G Y **N** P V	1362		
SLAMF6	D T G S **Y** R A **Q** I **S** T K **T** S A K	114836	22	6/331
KIAA1691	G S S **Y** G S **E** T **S** I P **A** A A H	80727	28	1/558
CPNE3	V A R **F** A A **A** A **T** Q Q **Q** T A	8895	28	1/537
LY6E	K P T **I** C S **D** Q **D** N Y **C** V T	4061	14	25/131

Gene symbol	Peptide sequence -3 -2 -1 **1** 2 3 **4** 5 **6** 7 8 **9** +1 +2 +3	Entrez gene ID	Score	Rank
LY6E	L K P T **I** *C* S **D** Q **D** N Y **C** V T *C*	4061		
PSAP	G P S **Y** W C **Q** N **T** E T **A** A Q	5660	22	8/524
C19orf10	T E E **F** E V **T** K **T** A V **A** H R P G	56005	22	5/173
NEDD4L	D G R T **F** Y I **D** H **N** S K **I** T Q	23327	28	1/854
UBQLN1	N P D T **L** S A **M** S **N** P R **A** M Q	29979	20	16/589
ALDOA	A P G K G I **L** A A **D** E **S** T G **S** I A	226	26	2/363
TNFAIP3	E I **I** H K **A** L **I** D R **N** I Q	7128	20	38/790
IMPA1	Y P S H S **F** I G **E** E **S** V A **A** G E K	3612	28	1/227
VDAC2	A A K **Y** Q L **D** P **T** A S **I** S A	7417	28	1/347
PPGB	L P G **L** A K **Q** P **S** F R **Q** Y S G	5476	20	30/480
COCH	R R **F** N L **Q** K **N** F V **G** K V A	1690	16	84/550
	G Q R R **F** N L **Q** K **N** F V **G** K V A	1690		
	I G Q R R **F** N L **Q** K **N** F V **G** K V A L	1690		
TAX1BP1	H K G E **I** R G **A** S **T** P F **Q** F R	8887	26	2/789
SEMA7A	I S I **Y** S S **E** R **S** V L **Q**	8482	28	1/666
STX6	N P R K **F** N L **D** A **T** E L **S** I R	10228	28	1/255
	N P R K **F** N L **D** A **T** E L **S** I R K	10228		
	N P R K **F** N L **D** A **T** E L **S** I R K A	10228		
PTPRC	S P G E P Q **I** I F **C** R **S** E A **A** H Q G	5788	20	65/1304
	S P G E P Q **I** I F **C** R **S** E A **A** H Q G V I	5788		
IGLC1	K S Y **S** C Q **V** T **H** E G **S** T	3537	18	9/105
	K S Y **S** C Q **V** T **H** E G **S** T V	3537		
	S H K S Y **S** C Q **V** T **H** E G **S** T	3537		
	S H K S Y **S** C Q **V** T **H** E G **S** T V	3537		
	S H K S Y **S** C Q **V** T **H** E G **S** T V E K T	3537		
	K S Y **S** C Q **V** T **H** E G **S** T V E K	3537		
	K S Y **S** C Q **V** T **H** E G **S** T V E	3537		
	H K S Y **S** C Q **V** T **H** E G **S** T V	3537		
	H K S Y **S** C Q **V** T **H** E G **S** T V E	3537		
	S H K S Y **S** C Q **V** T **H** E G **S** T V E	3537		
	K S H K S Y **S** C Q **V** T **H** E G **S** T V E	3537		
	T P E Q W K S H K S Y **S** C Q **V** T **H** E G **S** T V E	3537		
IGHM	G P T **T** Y K **V** T **S** T L **T** I K	3507	18	44/454
	G P T **T** Y K **V** T **S** T L **T** I K E	3507	18	44/454
	S G P T **T** Y K **V** T **S** T L **T** I K	3507		
	S G P T **T** Y K **V** T **S** T L **T** I K E S D W L	3507		
	E S G P T **T** Y K **V** T **S** T L **T** I K E S D W L	3507		
IGH@	Y L Q **M** N S **L** K **T** E D **T**	3492	26	1/33
	T L Y L Q **M** N S **L** K **T** E D	3492		
	T L Y L Q **M** N S **L** K **T** E D **T**	3492		
	T L Y L Q **M** N S **L** K **T** E D **T** A	3492		
	N T L Y L Q **M** N S **L** K **T** E D **T**	3492		
	N T L Y L Q **M** N S **L** K **T** E D **T** A	3492		
	K N T L Y L Q **M** N S **L** K **T** E D **T** A	3492		
UBA52	S D Y N **I** Q K **E** S **T** L H **L** V	7311	26	1/76
	D Y N **I** Q K **E** S **T** L H **L** V L R	7311		
ACLY	Y P E E A **Y** I A **D** L **D** A K **S** G A S	47	22	24/1001
HTGN29	R G **Y** M E **I** E **Q** S V **K** S F K	56951	28	1/265
WDR1	A P S G **F** Y I **A** S **G** D V **S** G K L R	9948	22	12/606
	A P S G **F** Y I **A** S **G** D V **S** G K L	9948		
ATP1A1	I V V **Y** T G **D** R **T** V M **G** R I A T	476	22	31/1023
	I V V **Y** T G **D** R **T** V M **G** R I A	476		
CTSS	G K E **Y** W L **V** K **N** S W **G** H N	1520	22	6/331
	T T A F **Q** Y I **I** D **N** K G **I** D	1520	18	40/331
	T T A F **Q** Y I **I** D **N** K G **I** D S D	1520		

Gene symbol	Peptide sequence	Entrez gene ID	Score	Rank
	-3 -2 -1 **1** 2 3 **4** 5 **6** 7 8 **9** +1 +2 +3			
CTSS	K N L K F V M L H **N** L E **H** S M	1520	22	6/331
CLTCL1	L E K **I** V L **D** N **S** V F **S** E H R N	8218	26	17/1640
RNF13	I P S V **F** I G **E** S **S** A N **S** L K D	11342	28	1/381
MTP18	I P I I **I** H P **I** D **R** S V **D**	51537	20	9/206
LAPTM5	L P S **Y** E E **A** L **S** L P **S** K T P	7805	28	1/262
	L P S **Y** E E **A** L **S** L P **S** K T P E	7805		
	L P S **Y** E E **A** L **S** L P **S** K T P E G	7805		
	G **Y** L R **I** A **D** L I **S** S F	7805	22	12/262
	V V L P S **Y** E E **A** L **S** L P **S** K T P E	7805	28	1/262
TPI1	**L** K P **E** F **V** D I **I** N A K Q	7167	20	10/248
YWHAE	R A S **W** R I **I** S **S** I E **Q** K E E	7531	28	1/255
GLG1	K V N **L** L K **I** K **T** E L **C** K K E V	2734	20	36/1179
	V N **L** L K **I** K **T** E L **C** K K E V	2734		
	D P E L D Y T **L** M R **V** C **K** Q M **I** K	2734	20	36/1179
	L G K **W** C S **E** K **T** E T **G** Q E	2734	22	20/1179
PPIA	V S F E **L** F A **D** K **V** P K **T** A E N	5478	20	6/164
CCR7	**I** A Y **D** V **T** Y S **L** A C V R	1236	26	6/378
	N **I** A Y **D** V **T** Y S **L** A C V R	1236		
PTGFRN	V P G **F** A D **D** P **T** E L **A** C R V	5738	28	1/879
SLC3A2	T G A **L** Y R **I** G **D** L Q **A** F Q G H G	6520	20	26/529
ALB	S P D **L** P K **L** K **P** D P **N** T L C D E F	280717	20	30/607
RAB4A	G A L **L** V Y **D** I **T** S R **E** T Y N	5867	20	19/213
CCT7	A T Q **Y** F A **D** R **D** M F **C** A G R V P	10574	16	106/543
	V A T Q **Y** F A **D** R **D** M F **C** A G R V P	10574		
GPC4	V T R A **F** V A **A** R **T** F A **Q** G L	2239	28	1/556
MAP1LC3B	T P **I** S E **V** Y **E** S E **K** D E D G F L	81631	20	11/124
	T P **I** S E **V** Y **E** S E **K** D E D G F L Y	81631		
TNFSF9	G P L S **W** Y S **D** P **G** L A **G** V S	8744	16	84/254
VCP	Q L I Y I P **L** P D **E** K **S** R V **A**	7415	26	5/806
MAN2B1	**V** D Y **F** L **N** V A **T** A Q G R Y Y	4125	26	7/1010
	H P P E **L** L F **S** A **S** L P **A** L G	4125	20	68/1010
	H P P E **L** L F **S** A **S** L P **A** L G F S	4125		
	H P P E **L** L F **S** A **S** L P **A** L G F S T	4125		
CLSTN3	N P P L **F** A L **D** K **D** A P **L** R Y	9746	22	21/956
Dlc2	M E K **Y** N I **E** K **D** I A **A** Y I K	140735	22	3/89
LNPEP	D V R K L **Y** W L **M** K **S** S L **N** G D N	4012	22	28/1025
ANXA2	V P K **W** I S **I** M **T** E R **S** V P H	302		28/338
	D V P K **W** I S **I** M **T** E R **S** V P H L	302		
	D V P K **W** I S **I** M **T** E R **S** V P H L Q	302		
C10orf128	T G K T P G A E I D **F** K Y **A** L **I** G T **A** V G V A	170371	22	3/155
C6orf211	**I** P W **F** V **S** D T **T** I H D F N	79624	26	4/441
IL6ST	I E V **W** V E **A** E **N** A L **G** K V T	3572	22	24/918
CD74	M H H W **L** L F **E** M **S** R H **S** L E	972	26	2/296
	A T P L **L** M Q **A** L **P** M G **A** L P Q G P	972	20	14/296
DDX1	G **Y** L P **N** Q **L** F R **T** F	1653		
CREG	**W** G A **L** A **T** I S **T** L E A V R	8804	28	1/220
VPS35	D P D P E D **F** A D **E** Q **S** L V **G** R F I	55737	22	31/796
HPCL2	A I P F V **I** E K **A** V **R** S S **I** Y	26061	26	2/578
	A I P F V **I** E K **A** V **R** S S **I** Y G			
ACAA1	L K P A **F** K K **D** G **S** T T **A** G N	30	28	1/424
KIAA0494	**F** S Q **F** L **G** D P **V** E K A A Q	9813	22	13/495
APOD	Q E **L** R A **D** G **T** V N **Q** I E G			
CD38	R D M **F** T L **E** D **T** L L **G** Y L A D	952	22	7/300
	R D M **F** T L **E** D **T** L L **G**	952		
	R D M **F** T L **E** D **T** L	952		
	V Q R D M **F** T L **E** D **T** L	952		

Gene symbol	Peptide sequence -3 -2 -1 **1** 2 3 **4** 5 **6** 7 8 **9** +1 +2 +3	Entrez gene ID	Score	Rank
ACTG1	W I S K **Q** E Y **D** E **S** G P **S** I V H R K C F	71	18	40/375
	T D Y **L** M K **I** L **T** E R **G** Y S	71	20	20/375
	T D Y **L** M K **I** L **T** E R **G** Y S F	71		
	T D Y **L** M K **I** L **T** E R **G** Y S F T	71		
	R D L T D Y **L** M K **I** L **T** E R **G** Y S	71		
	G R D L T D Y **L** M K **I** L **T** E R **G** Y S	71		
RAB8	A **F** F T **L** A **R** D I **K** A K M D	4218	28	1/207
	N A **F** F T **L** A **R** D I **K** A K M D	4218		
AGRN	G R S **F** L A **F** P **T** L R **A** Y H T	375790	28	1/2026
	G R S **F** L A **F** P **T** L R **A** Y H T L	375790		
	E G R S **F** L A **F** P **T** L R **A** Y H T L	375790		
	P V P A F E G R S **F** L A **F** P **T** L R **A** Y H T L	375790		
	A P V P A F E G R S **F** L A **F** P **T** L R **A** Y H T L	375790		
IGF2R	L I T **F** L C **D** R **D** A G **V** G F P E	3482	22	43/2491
	L I T **F** L C **D** R **D** A G **V** G F P	3482		
UBE2L3	K G A **F** R I **E** I **N** F P **A** E Y P F K P P	7332	28	1/154
	D K G A **F** R I **E** I **N** F P **A** E Y P F K P P	7332		

Peptides are arranged according to their HLA-DR4 binding motive (www.syfpeithi.de), indicated by score and rank. Anchor amino acids are printed bold.